



Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Universidad del Perú. Decana de América

Dirección General de Estudios de Posgrado

Facultad de Farmacia y Bioquímica

Unidad de Posgrado

“Los cariotipos de las llamas (*Lama glama*) y alpacas (*Vicugna pacos*) de Junín y Huancavelica muestran al menos dos mutaciones estructurales”

TESIS

Para optar el Grado Académico de Doctor en Farmacia y

Bioquímica

AUTOR

Ricardo Jaime DESCAILLEAUX DULANTO

ASESOR

Fernando G. QUEVEDO GANOZA

Lima, Perú

2018



Reconocimiento - No Comercial - Compartir Igual - Sin restricciones adicionales

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>

Usted puede distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir del documento original de modo no comercial, siempre y cuando se dé crédito al autor del documento y se licencien las nuevas creaciones bajo las mismas condiciones. No se permite aplicar términos legales o medidas tecnológicas que restrinjan legalmente a otros a hacer cualquier cosa que permita esta licencia.

Referencia bibliográfica

Descailleaux R. “Los cariotipos de las llamas (*Lama glama*) y alpacas (*Vicugna pacos*) de Junín y Huancavelica muestran al menos dos mutaciones estructurales” [Tesis de doctorado]. Lima: Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Farmacia y Bioquímica / Unidad de Posgrado; 2018.

13 p. R.
128 p. A.



Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Universidad del Perú. Decana de América

Facultad de Farmacia y Bioquímica

UNIDAD DE POSGRADO



**ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS PARA OPTAR
AL GRADO ACADÉMICO DE DOCTOR EN FARMACIA Y BIOQUÍMICA**

Siendo las **11:00 hrs. del 17 de julio de 2018** se reunieron en el auditorio Maestro Juan de Dios Guevara de la Facultad de Farmacia y Bioquímica de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, el Jurado Examinador y Calificador de tesis, presidido por la Dra. Luisa Pacífica Negrón Ballarte e integrado por los siguientes miembros: Dr. Fernando Gilbert Quevedo Ganoza (Asesor), Dr. Eduardo Flores Juárez, Dra. Doris Virginia Huerta Canales de Miranda y la Dra. Fanny Elizabeth Lazo Manrique; para la sustentación oral y pública de la tesis intitulada: **“LOS CARIOTIPOS DE LAS LLAMAS (*Lama glama*) Y ALPACAS (*Vicugna pacos*) DE JUNÍN Y HUANCAVELICA MUESTRAN AL MENOS DOS MUTACIONES ESTRUCTURALES”**, presentada por el Magíster en Ciencias - Biología **RICARDO JAIME DESCAILLEAUX DULANTO**.

Acto seguido se procedió a la exposición de la tesis, con el fin de optar al Grado Académico de Doctor en Farmacia y Bioquímica. Formuladas las preguntas, éstas fueron absueltas por el graduando.

A continuación el Jurado Examinador y Calificador de tesis procedió a la calificación, la que dio como resultado el siguiente calificativo:

Dieciocho (18) Muy bueno

Luego, la Presidenta del Jurado recomienda que la Facultad proponga que se le otorgue al Magíster en Ciencias - Biología **RICARDO JAIME DESCAILLEAUX DULANTO**, el Grado Académico de Doctor en **Farmacia y Bioquímica**.

Siendo las **13:30** hrs. se levanta la sesión.

Se extiende el acta en Lima, a las **13:30** hrs. del 17 de julio de 2018.

.....
Dra. Luisa Pacífica Negrón Ballarte (P.P., D.E.)
Presidenta

.....
Dr. Fernando Gilbert Quevedo Ganoza
Miembro - Asesor

.....
Dr. Eduardo Flores Juárez (P.P., T.C.)
Miembro

.....
Dra. Doris Virginia Huerta Canales de Miranda (P.P., D.E.)
Miembro

.....
Dra. Fanny Elizabeth Lazo Manrique (P.P., D.E.)
Miembro

Observaciones:

..... Jr. Puno. 1002 - Lima 1
Apartado Postal 4559 Lima 1

..... Teléfono: 619-7000 anexo 4812
Email: upg.farmacia@unmsm.edu.pe

AGRADECIMIENTOS

Al Dr. Fernando QUEVEDO GANOZA por aceptar ser el Asesor de mi Tesis, las valiosas recomendaciones y sugerencias planteadas durante la realización del trabajo y la paciencia demostrada durante todo el proceso de redacción e interpretación de los resultados.

A los criadores de llamas y alpacas de Junín y Huancavelica que accedieron voluntariamente a nuestro requerimiento para estudiar sus rebaños.

Al VRIPP de la UNMSM por el apoyo financiero brindado al Laboratorio de Genética Humana a través de la aprobación de los siguientes proyectos:

2015

“Determinación del patrón de bandas G en los cromosomas metafásicos de llamas (*Lama glama*) y alpacas (*Vicugna pacos*) procedentes de Puno y Huancayo e identificación de los cromosomas portadores de las Regiones Organizadoras de Nucléolo (NOR)”

Nº 151 001 301

2016

“Caracterización del patrón de bandas de alta resolución (HRB) en los cromosomas prometafásicos de llamas (*Lama glama*) y alpacas (*Vicugna pacos*)”

Nº 161 001 241

2017

“Aplicación de las técnicas de diferenciación longitudinal del cromosoma para verificar la existencia de dos cariotipos diferentes en llamas y alpacas”

20B 171 014 11

Proyecto de Equipamiento

“Adquisición de un microscopio para tomas fotográficas con contraste de fases a 100X”

Registro: 03.04.2017

2018

“Aplicación de la técnica de Intercambio de Cromátides Hermanas (SCE) en los linfocitos de alpacas (*Vicugna pacos*) provenientes de Junín y Huancavelica para detectar la presencia de productos ambientales con actividad genotóxica y/o mutagénica”

B18100481

Al RECTORADO de la UNMSM

PROYECTO ESPECIAL 2015

“Evaluación del efecto citotóxico del extracto acuoso de *Physalis peruviana* (Aguaymanto) en linfocitos humanos”

Todos los proyectos fueron obtenidos por la modalidad de “Fondos Concursables”

A mis colegas del Laboratorio de Genética Humana, Facultad de Ciencias Biológicas de la UNMSM:

Margarita VELÁSQUEZ

Jesús CÓRDOVA SANTA GADEA

Dora VALENCIA SALAS

Ana María GARCÍA

A todos los integrantes del Grupo de Investigación: “Genes, Cromosomas y Genomas de Mamíferos”

A los tesisistas y estudiantes del Laboratorio de Genética Humana:

Mariella ABARCA
 Paty GARCIA
 Claudia BARLETTA
 Mariella RAMOS
 Dalia CHURAMPI
 Celes INGA
 Vania IBERICO
 Liza LINARES
 Josmar CHAVEZ
 Andrea SANCHEZ

A mis Profesores de la UPG de la Facultad de Farmacia y Bioquímica: 1995-1996

A mis colegas de otras Unidades Académicas

Ricardo FUJITA
 María Luisa GUEVARA
 Luis Alberto RODRIGUEZ
 Wilfredo HUANCA
 Miguel CASTILLO
 Desiderio COTOS
 Gladys MELGAREJO
 Oscar CASTILLO SAYÁN

A todos mis colegas de la Facultad de Ciencias Biológicas – UNMSM

A todas las Instituciones que en algún momento nos apoyaron financieramente:

OEA	OMS	CONCYTEC
PLAMIRH	IFS	UNESCO
CEDRO	FORD FOUNDATION	PNUD
OIEA		
ACADEMIA DE CIENCIAS DEL TERCER MUNDO		
MINISTERIO DE RELACIONES EXTERIORES DE FRANCIA		

DEDICATORIAS

A MI FAMILIA ADORADA

Esposa e hijos	Luz, Ricardo y Lucesita
Padres	Juan DESCAILLEAUX y Juana Rosa DULANTO
Abuelos	Luis DESCAILLEAUX y Angélica LOREDO Félix DULANTO y Alfonsa VALDIVIESO
Bisabuelos	Jean Baptiste DESCAILLEAUX y Juana MONTOYA
Hermanos	Herlinda y Juan, Herbert, Hugo e Isabel (el modelo a seguir), La Nena y Vicente, Ada, Juanita y Juan Olga y Jorge, Lucho y Amelia, Carlos y Angélica, Juanillo, Consuelo y Alberto
Sobrinos	DESCAILLEAUX, MONTEVERDE y DULANTO
Primos	Todos
a mis Sobrinos nietos	Todos (aunque creo que todavía se pueden contar)

A MIS PROFESORES DE LA UNMSM

FACULTAD DE CIENCIAS	Eduardo SOUZA PEIXOTO
FACULTAD FARMACIA Y BIOQUÍMICA	Juan de Dios GUEVARA Gonzalo GURMENDI Tomás OLCESE Simón PEREZ ALVA
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS	Luz SARMIENTO Ramón FERREYRA Hernando DE MACEDO Oscar TOVAR Estela CASTILLO

DE LA UNIVERSIDAD DE SAO PAULO (1967 – 1970)

Oswaldo FROTA PESSOA (Mi asesor) 1967 - 1970

Crodovaldo PAVAN

Antonio BRITO DA CUNHA

Renato BASILE

Luis Edmundo de MAGALHAES

Luiz Carlos GOMES SIMOES

Bernardo BEIGUELMAN

Francisco SALZANO

Antonio Netto CESTARI

Norma MAGNELLI

Yatiyo YONENAGA

Denisse PECCININI

Iris FERRARI

DE LA UNIVERSIDAD DE PARIS V (1980 – 1981)

Bernard DUTRILLAUX (Mi orientador)

Jerome LEJEUNE

Marguerite PRIEUR

Marie Odile RETHORÉ

Jean LAFOURCADE

Alan AURIAS

Jean DE GROUCHY

Evani VIEGAS-PEQUINOT

Jerome COUTURIER

Françoise LEMEUNIER

**A MIS COLEGAS DEL LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA
UNMSM**

Margarita VELÁSQUEZ
Jesús CÓRDOVA SANTA GADEA
Dora VALENCIA

**A MI PROMOCIÓN DE LA FACULTAD DE FARMACIA Y BIOQUÍMICA
UNMSM (1963)** “Tomás OLCESE”

A MI PROMOCIÓN DEL DOCTORADO 1995 - 1996

PADRINOS Fernando QUEVEDO GANOZA
Bertha PAREJA PAREJA

A MIS MAESTROS DE

Escuela Primaria

Chancay (1947)

Lima EF N° 448 (1948)

Sayán EF N° 427

1949

1950

1951

1952

Sr. Camilo (1947)

Srta. Univazo

Sra. Ruth IPINZE

Maestro Escalante

Maestro Ramirez

Maestro Nicho

Educación Secundaria

Colegio GUADALUPE (1953 – 1957) A todos mis Profesores

A MI PROMOCIÓN G – 57 “José GÁLVEZ BARRENECHEA”

“In Memoriam”

Caleen TAVARA HUERE

ÍNDICE GENERAL

RESUMEN	1
ABSTRACT	2
CAPÍTULO 1: INTRODUCCIÓN	3
a.- Situación problemática	3
b.- Formulación del problema: Aspectos biológicos de llamas y alpacas	6
1.- Sobre la génesis de los camélidos	6
2.- Los géneros <i>Lama</i> y <i>Vicugna</i> en América del Sur	9
3.- Aspectos taxonómicos de la familia Camelidae	9
4.- La Biología reproductiva de llamas y alpacas	11
5.- Híbridos inter específicos fértiles	11
6.- Aspectos citogenéticos de la familia Camelidae	13
i.- Generalidades	13
ii.- Algunos hallazgos controversiales en la Citogenética de camélidos	15
a.- La morfología del cromosoma Y	16
b.- El brazo corto del cromosoma 1	18
c.- La morfología de los cromosomas 34 y 35	19
iii.- La dificultad de tener 74 cromosomas	20
c.- Justificación teórica	21
d.- Justificación práctica	23
e.- Objetivos	24
1.- Objetivo general	24
2.- Objetivos específicos	25
CAPÍTULO 2: MARCO TEÓRICO	26
a.- Marco filosófico ó epistemológico de la investigación en el área de la Genética	26

	ix
b.- La Genética como disciplina científica	26
1.- El hombre es un genetista innato	27
c.- La Genética como Ciencia y el paradigma de Khun	28
d.- Las bases físicas de la herencia	30
1.- ¿Cómo se transmite el material hereditario?	32
2.- ¿Cuál es la estructura química del material hereditario?	32
3.- ¿Cuáles son los mecanismos que regulan la expresión génica?	33
e.- La Citogenética Humana y las técnicas de diferenciación longitudinal del cromosoma: La Citogenética Molecular	33

CAPÍTULO 3: METODOLOGÍA 37

a.- Población estudiada	37
b.- Muestra biológica	37
1.- Obtención de la sangre periférica en el campo	37
2.- Transporte de la sangre al Laboratorio de Genética Humana	38
c.- El cultivo de linfocitos	38
1.- Siembra	38
2.- Preparación citológica	39
i.- Adición de la colchicina	39
ii.- Hipotonización	39
iii.- Fijación	39
iv.- Preparación de láminas	39
d.- Coloración	40
e.- Observación al microscopio	40
f.- La impresión fotográfica de las metafases seleccionadas para el análisis	40
g.- El análisis citogenético	41
h.- Estimativa de la LR de cada cromosoma	41
i.- Estimativa del IC y la morfología del cromosoma según Levan <i>et al.</i> (1964)	42
j.- La confección del cariotipo de llamas y alpacas basados en la LR	43

CAPÍTULO 4: RESULTADOS	44
a.- Presentación de los resultados	44
b.- Sobre la LR y el IC de los cromosomas de llamas y alpacas	45
c.- Figuras del 7 al 10, de 4 metafases y cariotipos de llamas y alpacas de ambos sexos	48
d.- Tabla N° 2.- Estimativas promedio de la LR y del IC en 5 metafases de una alpaca del sexo masculino	52
e.- La morfología de los cromosomas sexuales de llamas y alpacas	53
1.- La morfología del cromosoma X	53
2.- La morfología del cromosoma Y	53
3.- La morfología del cromosoma Y de llamas y alpacas con el tratamiento GTG	54
f.- Sobre la morfología diferencial de los cromosomas 34 y 35 en llamas y alpacas	55
g.- Comparación de la morfología del cromosoma 34 de llamas y alpacas tratados con diferentes metodologías citogenéticas	56
1.- Comparación del cromosoma 34 de llamas y alpacas aplicando la técnica CBG	57
2.- La técnica RHG aplicada en el cromosoma 34 de llamas y alpacas	58
h.- Aplicación de las técnicas CBG, RHG y GTG sobre el cromosoma 35 de llamas y alpacas	59
i.- El polimorfismo del cromosoma 1p en llamas y alpacas	62
j.- Variables del cromosoma 1p de alpacas y llamas con el tratamiento GTG	62
k.- Distribución del heteromorfismo del 1p en alpacas y llamas	63
l.- El cromosoma 1p tratado con la técnica RHG	65
m.- El heteromorfismo del cromosoma 1 en alpacas	66
n.- El homomorfismo del cromosoma 1 en llamas	67

CAPÍTULO 5: DISCUSIÓN	68
a.- El cariotipo de los camélidos sudamericanos	68
b.- La morfología diferencial de los cromosomas 34 y 35 en llamas y alpacas	70
c.- Sobre el cromosoma 1 de llamas y alpacas	71
d.- La morfología de los cromosomas sexuales de llamas y alpacas	72
e.- El aislamiento reproductivo, la especiación y los cromosomas de la familia Camelidae	73
1.- Las variables del brazo corto del cromosoma 1	74
2.- Las variables morfológicas del “cromosoma 35	74
3.- El cromosoma 1 de llamas	76
CAPÍTULO 6: IMPACTOS	77
CAPÍTULO 7: CONCLUSIONES	78
CAPÍTULO 8: RECOMENDACIONES	79
CAPÍTULO 9: REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	80
ANEXOS	88
Lista de figuras	88
Figura N° 1.- Ruta migratoria probable de la familia Camelidae	8
Figura N° 2.- Taxonomía de la familia Camelidae	11
Figura N° 3.- Cruzamientos inter-específicos registrados entre los CSA	13
Figura N° 4.- Morfología del cromosoma Y según diferentes autores	17
Figura N° 5.- Diferenciación longitudinal del tipo GTG en 1p	19
Figura N° 6.- Morfología de los cromosomas 34 y 35 de alpacas (A) y llamas (B)	19
Figura N° 7.- Metafase de alpaca ♂ coloración Giemsa y el cariotipo	48
Figura N° 8.- Metafase de alpaca ♀ coloreada con Giemsa y el cariotipo	49
Figura N° 9.- Metafase de una llama ♀ coloreada con Giemsa y cariotipo	50
Figura N° 10.- Metafase de llama ♂ coloreada con Giemsa y cariotipo	51
Figura N° 11.- Los cromosomas X en una llama del sexo femenino	53
Figura N° 12.- El cromosoma Y de llamas y alpacas coloreado con Giemsa	54
Figura N° 13.- La técnica GTG y el cromosoma Y de alpacas y llamas	54
Figura N° 14.- El cromosoma 34 de alpacas y llamas coloreado con Giemsa	57

Figura N° 15.- El cromosoma 34 de alpacas y llamas tratado con la técnica CBG	58
Figura N° 16.- El cromosoma 34 de alpacas y llamas tratado por la técnica RHG	59
Figura N° 17.- El cromosoma 35 de alpacas y llamas coloreado con Giemsa	60
Figura N° 18.- Morfología comparativa del cromosoma 35 en alpacas y llamas aplicando la técnica CBG	60
Figura N° 19.- El cromosoma 35 de alpacas y llamas tratado por la técnica GTG	61
Figura N° 20.- Comparación de la morfología del cromosoma 35 de llamas y alpacas tratado por la técnica RHG	61
Figura N° 21.- Tipos de cromosoma 1 observados en alpacas y llamas con el tratamiento GTG	63
Figura N° 22.- Distribución heteromórfica del cromosoma 1p con la técnica GTG en alpacas	64
Figura N° 23.- Distribución homomórfica del cromosoma 1p en llamas con la técnica GTG	64
Figura N° 24.- Tipos de cromosoma 1 con el tratamiento RHG	65
Figura N° 25.- El par 1 de 5 alpacas de ambos sexos tratados con la técnica RHG	66
Figura N° 26.- El par 1 en 3 llamas con tratamiento RHG	66
Figura N° 27.- Metafase y cariotipo de alpaca ♂ coloreado con Giemsa	88
Figura N° 28.- Metafase y cariotipo de alpaca ♂ coloreado con Giemsa	89
Figura N° 29.- Metafase y cariotipo de alpaca ♂ coloreado con Giemsa	90
Figura N° 30.- Cariotipo de una llama del sexo ♂ coloreado con Giemsa	91
Figura N° 31.- Cariotipo de una llama del sexo ♀ coloreada con Giemsa	92
Figura N° 32.- Metafase y cariotipo de alpaca ♀ tratada con la técnica CBG	93
Figura N° 33.- Metafase y cariotipo de llama ♂ usando la técnica CBG	94
Figura N° 34.- Metafase y cariotipo de una alpaca ♀ tratado con la técnica RHG	95
Figura N° 35.- Metafase y cariotipo de una alpaca ♂ tratado con la técnica RHG	96
Figura N° 36.- Metafase y cariotipo de llama hembra ♀ tratado con la técnica RHG	97
Figura N° 37.- Metafase y cariotipo de llama ♂ tratado con la técnica RHG	98
Figura N° 38.- Metafase y cariotipo de llama ♂ tratado con la técnica GTG	99
Figura N° 39.- Metafase y cariotipo de llama ♀ tratado con la técnica GTG	100

Lista de tablas:

Tabla N° 1.- Morfología cromosómica según los valores del IC de Levan <i>et al.</i> (1964)	42
Tabla N° 2.- Estimativa promedio de la LR y del IC en 5 metafases de una alpaca del sexo masculino	52
Tabla N° 3.- Valores de LR, IC y morfología cromosómica para los pares 34 y 35 de llamas y alpacas	55
Tabla N° 4.- Morfología cromosómica en alpacas según valores del IC	55
Tabla N° 5.- Morfología cromosómica en llamas según valores del IC	55
Tabla N° 6.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♂	101
Tabla N° 7.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♀	103
Tabla N° 8.- Medidas de los cromosomas de una metafase de alpaca ♂	105
Tabla N° 9.- Medidas de los cromosomas de una metafase de alpaca ♀	107
Tabla N° 10.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♂	109
Tabla N° 11.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♂	111
Tabla N° 12.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♂	113
Tabla N° 13.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♂	115
Tabla N° 14.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♂	117
Tabla N° 15.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♀	119
Tabla N° 16.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♀	121
Tabla N° 17.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♀	123
Tabla N° 18.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♀	125
Tabla N° 19.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♀	127

RESUMEN

Se reporta el resultado del análisis citogenético realizado en el Laboratorio de Genética Humana de la Facultad de Ciencias Biológicas de la UNMSM, en 21 llamas (*Lama glama*) y 26 alpacas, (*Vicugna pacos*) procedentes de Huari (Huancavelica) y Acopampa (Junín), con edades entre 4 - 8 años, aparentemente sanos y de ambos sexos.

En las dos especies se encontró un número diploide de 74 cromosomas ($2n = 74$) y la misma morfología en todos los cromosomas, excepto en el par 35 que es metacéntrico en llamas y subtelocéntrico en alpacas y a la fecha es la diferencia cromosómica más notable reportada entre todas las especies de la familia Camelidae.

Los cromosomas sexuales son metacéntricos, siendo el X el metacéntrico de mayor Longitud Relativa (LR) y constituye aproximadamente el 5% del genoma, mientras que el Y es el metacéntrico más pequeño del cariotipo y representa alrededor del 0.9% del genoma de llamas y alpacas.

Para determinar la ubicación de cada par cromosómico en el cariotipo, estimamos la LR de cada uno en concordancia con Levan *et al.* (1964), mientras que la morfología fue determinada a partir del Índice Centromérico (IC). La distribución de la heterocromatina constitutiva es centromérica ó pericentromérica en casi todos los cromosomas, pero en algunos de los más pequeños se extiende hasta la región telomérica del brazo corto (p).

Nuestros resultados sustentan una diferencia morfológica en el par 35 de llamas y alpacas, adicionalmente, encontramos un heteromorfismo en el p del cromosoma 1 de alpacas que determina 2 tipos de cromosomas 1: 1a y 1b, ampliamente distribuidos en las poblaciones de alpacas analizadas, pero no en las de llamas que son homomórficas para el cromosoma 1 del tipo b: (1b1b). Ambas variables podrían haberse originado a consecuencia de una inversión pericéntrica.

Palabras clave: Camélidos sudamericanos, cariotipo, cromosomas, aislamiento reproductivo, especiación.

ABSTRACT

Cytogenetic analysis results in 21 llamas (*Lama glama*) and 26 alpacas (*Vicugna pacos*) from Huari (Huancavelica), Acopampa (Junín) and Melgar (Puno), of both sexes, between 4 and 8 years old and apparently healthy, made in the Laboratory of Human Genetics, Biology Science Faculty of San Marcos University is reported.

Both karyotypes shows the same chromosome number ($2n = 74$), and the morphology of each pair is identical in all cases, except for the pair 35 which is subtelocentric in alpaca and metacentric in llamas, and it is the most remarkable morphological difference between both species.

The sex chromosomes are metacentric in the two species, where the X is the metacentric greater relative length and represents approximately 5% of the genome of both species, while the Y chromosome is the littlest metacentric chromosome and represents approximately 0.9% of the genome in both species.

The CBG technique allows us to analyze the pericentromeric constitutive heterochromatin in almost all of the chromosomes, but in smaller chromosomes extends up to the telomeric region of the short arm (p).

To estimate the position of each chromosome pair in the karyotype, we determine the Relative Length (LR) of each chromosome, while the chromosome morphology was determined with the value of the Index Centromeric (IC), in accordance with the criteria of Levan *et al.* (1964).

Our results support a morphological difference in the 35 chromosome pair of llamas and alpacas and heteromorphism in 1p, both can be explained if we imagine the occurrence of an inversion on the ancestral chromosome, and to date represents the morphology difference more remarkable reported among the karyotypes of the Camelidae family.

Key words: Sudamerican camelids, karyotype, chromosomes, reproductive isolation, speciation.

CAPÍTULO 1: INTRODUCCIÓN

a.- Situación problemática.- La elección del tema de estudio como materia experimental en una Tesis es una decisión principal y requiere de un análisis muy reflexivo.

Al iniciar la redacción de mi Tesis Doctoral he considerado pertinente explicar la razón por la cual en el Laboratorio de Genética Humana de la Facultad de Ciencias Biológicas de la UNMSM, se decidió hace varios años, trabajar con los cromosomas de los camélidos sudamericanos (CSA), eligiendo para este efecto a la alpaca (*Vicugna pacos*) y la llama (*Lama glama*), Linneo (1758), Cabrera (1932), Kadwell *et al.* (2001), Gentry *et al.* (2004), ambas especies domesticadas, y aunque la pregunta nunca fue planteada en esos términos, todos los integrantes del Laboratorio coincidimos en la importancia que encierra la especie biológica a elegir como material experimental, especialmente, por los atributos que debe contener desde dos puntos de vista: el primero se refiere a la posibilidad de resolver un problema biológico trascendente para las especies mencionadas y que, naturalmente el laboratorio está en condiciones de trabajar y el segundo, al significado socio-económico que dichas especies representan para las poblaciones peruanas, que en este caso corresponden específicamente a las alto-andinas dedicadas a su crianza.

El aspecto científico a tratar se relaciona con algunas características de los CSA, que a la fecha constituyen un enigma, se trata de un problema estructural y fisiológico no totalmente explicado y que se refiere al hecho de haberse registrado en la literatura el “mismo cariotipo” numérica ($2n = 74$ cromosomas) y morfológicamente para todas las especies de la familia Camelidae, incluyendo a los camélidos del antiguo continente. (Samman *et al.* 1992).

Esta situación nos conduce directamente a considerar algunos de los problemas más fascinantes de las Ciencias Biológicas, como son la “génesis” y la “evolución” de los seres vivos, que involucran a su vez a los mecanismos de especiación y de aislamiento reproductivo y su relación con la estructura cromosómica, considerando que es a éste nivel donde se organiza la unidad biológica moduladora y efectora de

los mecanismos genéticos relacionados con la duplicación, combinación, recombinación, segregación, transmisión y expresión del material hereditario en todos los seres vivos.

Adicionalmente a los atributos de las especies elegidas como tema de estudio, es posible encontrar en la naturaleza y algunos centros de crianza, individuos “híbridos inter específicos y fértiles” Calle (1982), hallazgo que nos plantea una dificultad adicional para la interpretación de algunos conceptos biológicos un tanto clásicos, como son el “aislamiento reproductivo” y la “especiación”, y del mismo modo el significado biológico que representan las mutaciones cromosómicas para la Evolución de los seres vivos. Dutrillaux (1979), Córdova y Lamas (1997), Robinson (2001), Córdova y Descailleaux (2005), Robinson y Yang (2012).

La segunda condición a considerar en la elección, está referida a la importancia socio-económica que representan las llamas y las alpacas por conformar las especies ganaderas más importantes para un sector de la población peruana alto-andina, la cual ha sido estimada en aproximadamente 1500000 habitantes. De Los Ríos (2006), Fernández Baca (2005). Estos organismos son los mayores proveedores de lana, carne y cuero, Montes (2007), habiendo sido utilizados también como un medio de transporte en aquellas regiones andinas carentes de vías de comunicación motorizadas hasta la actualidad y que, en el Perú son numerosas.

Las primeras experiencias del Laboratorio de Genética Humana con los cromosomas de los CSA datan de fines de la década del 80, están representadas por el análisis citogenético realizado en algunas alpacas que registraron un buen crecimiento linfocitario, permitiéndonos establecer nuestros primeros contactos con los cromosomas metafásicos de los CSA y reconocer las enormes dificultades que encierra su identificación inequívoca, sin embargo por razones no académicas debimos postergar la continuidad de nuestro trabajo que intentaba responder a las enormes interrogantes que encierran y a las cuales esperamos hacerlo ahora, subsisten a la fecha algunas dificultades de infraestructura y presupuesto que lentamente se van superando, siendo la parte más alentadora de ésta primera etapa el éxito obtenido en el cultivo de linfocitos que nos permitió reconocer algunas de las características citogenéticas de la especie como el número diploide de 74

cromosomas, Hsu y Benirschke (1967, 1974) y la distribución centromérica ó pericentromérica de la heterocromatina constitutiva en todos o casi todos los cromosomas, Larramendy *et al.* (1984), Bunch *et al.* (1985), Bianchi *et al.* (1986) y que en algunos casos alcanzaba a cubrir gran parte del brazo corto de los cromosomas más pequeños.

Actualmente en la problemática genética y citogenética de las llamas y alpacas, viene trabajando un número importante de investigadores en diferentes Universidades del país y del extranjero, es claro que el apoyo logístico y económico en el exterior suele ser mayor al que podemos acceder los investigadores peruanos, no obstante estamos convencidos que la solución a los problemas de los CSA en general debe llegar principalmente por la vía de los científicos peruanos y/o de los países que cuentan con poblaciones naturales como son: Bolivia, Romero Peña (2016), Argentina, Bustamante *et al.* (2006) y Chile, Marín *et al.* (2007). Sin embargo, la manera como entiende el gobierno peruano el desarrollo científico nacional y los criterios que los organismos rectores utilizan para alcanzar estos objetivos, muestran claramente que los gobernantes de turno, aún no logran entender la importancia que encierra el desarrollo de la “ciencia básica” para que el país pueda convertirse en “creador de conocimientos” y aspirar a alcanzar el bienestar de las poblaciones humanas.

b.- Formulación del problema: Aspectos biológicos de llamas y alpacas

Con la finalidad de brindar una breve sinopsis acerca de la Biología de llamas y alpacas, intentaré referirme a algunas de las características biológicas de ambas especies que faciliten la comprensión de las razones que hacen de estos mamíferos organismos muy especiales para los estudios biológicos, en nuestro caso particular, los relativos a la Citogenética, la Evolución y la Sistemática de los seres vivos, convirtiendo a la familia Camelidae en un grupo taxonómico con características particularmente apreciadas por los científicos.

1.- Sobre la génesis de los camélidos

Las evidencias arqueo-zoológicas de los camélidos no son muy abundantes pero las pocas que han sido publicadas, coinciden en sugerir que los camélidos actuales se habrían originado en Norte América durante el Eoceno, aproximadamente 45 millones de años atrás, y su antecesor habría sido *Protilopus petersoni*, una especie pequeña de aproximadamente 30 cm de alzada y cuyo esqueleto ha sido descrito como similar a los camélidos actuales, Harrison (1979), Stanley *et al.* (1994), Heitzman (2015), pero con una contextura muscular aparentemente más desarrollada, De Lamo (2011).

Protilopus petersoni habría originado a *Poebetherium wilsoni*, especie que vivió durante el Oligoceno medio hace aproximadamente 25 - 30 millones de años, habiendo sido considerado como el camello ancestral por ser muy similar al guanaco actual, De Lamo (2011), *P. wilsoni* muestra los espacios inter-incisivos, inter-caninos, e inter-premolares adaptados para triturar la vegetación más dura del ambiente y poseía también dos dedos en cada pata. Hasta hace unos 20 millones de años, los precursores de los camélidos actuales dominaban las zonas planas de Norte América, habiéndose reconocido 4 grupos principales: Titanotylopus, Paracamelus, Megatylopus y Hemiauchenia, considerándose a Hemiauchenia como el “ancestro común” de los CSA. Stanley *et al.* (1994), De Lamo (2011). Ver figura 1.

El análisis de la secuencia nt del mtDNA en los camélidos actuales (*C. bactrianus ferus* y *Lama pacos*) sugiere que el proceso de diferenciación entre las tribus Camelini y Lamini, se habría iniciado muy precozmente en Norte América, en una época que correspondería a 20 – 25 millones de años atrás (Mioceno precoz) Cui *et al.* (2007), mientras que el análisis de los restos óseos sugieren que la división entre Camelini y Lamini habría ocurrido en Norte América hace aproximadamente 11 millones de años, Harrison (1979), Webb (1965), Webb y Meachen (2004).

La tribu de los Lamini habría estado representada por fósiles del género *Pliauchenia*, el mismo que se habría originado hace 9 a 11 millones de años, al oeste de Norte América, Harrison (1979). A partir de *Pliauchenia* los autores consideran que surgió el género *Hemiauchenia*, aproximadamente 10 millones de años atrás. Webb (1965), Webb y Meachen (2004), Bravo-Cuevas *et al.* (2012).

Algunas especies del género *Hemiauchenia*, habrían migrado hacia América del Sur durante la transición del Plioceno al Pleistoceno, alrededor de 3 millones de años atrás, coincidiendo con la formación del istmo de Panamá, evento que ha sido considerado como aparentemente “recíproco y simétrico” para los mamíferos terrestres. (Marshall *et al.* 1982, Wheeler 1995), (Ver fig. 1).

Por esa misma época, los antecesores de la tribu Camelini representados por *Paracamelus*, habrían migrado al Asia a través del actual estrecho de Behring, originando las tres especies actuales: Al camello *Camelus bactrianus*, al dromedario *Camelus dromedarius*, ambas especies actualmente domesticadas, Pinto *et al.* (2010); y también al *Camelus ferus Przewalski*, 1878, Hare (1997, 2008) especie silvestre considerada en peligro de extinción y que habita en la actualidad en cuatro zonas desérticas de la China, Dochindorj *et al.* (2006), Silbermayer *et al.* (2010), Chuluunbat *et al.* (2014), Almathen *et al.* (2016). El análisis comparativo de las secuencias nucleotídicas del DNA mitocondrial realizado en las especies del viejo continente, ha mostrado que *Camelus ferus*, no es la forma ancestral de las especies domésticas actuales como inicialmente se había interpretado, todo indica que las tres especies serían descendientes de especies ancestrales diferentes y desaparecidas en la actualidad. Ji *et al.* (2008), Jirimutu *et al.* (2012).

Es muy importante mencionar que los problemas sufridos por las poblaciones de los CSA en Sudamérica, se han registrado también en los camélidos del viejo continente, con algunos matices que resultan propios del medio ambiente específico, pero que finalmente para las características de temperaturas extremas, tierras infértiles, escasez de agua y alimentos, la familia Camelidae ha mostrado una gran capacidad adaptativa para sobrevivir en un medio ambiente muy severo y donde muy pocas especies han podido adaptarse y sobrevivir. Bustinza (1989), Sumar (2005), Yadamsuren *et al.* (2010), Yacobacchio y Vilá (2010),



Figura N° 1.- Ruta migratoria probable de la familia Camelidae.- Las evidencias arqueo-zoológicas sugieren que la familia Camelidae habría aparecido al oeste de América del Norte durante el Mioceno, los antecesores de la tribu Camelini habrían migrado al viejo continente a través del estrecho de Behring, hace aproximadamente 3 millones de años, originando a los camélidos actuales del Viejo Mundo. Por la misma época los antecesores de la tribu Lamini (*Hemiauchenia*), se habrían dirigido hacia América del Sur después de la formación del istmo de Panamá, dando origen a los CSA de la actualidad. *Fuente:* Información tomada de Pinto *et al.* (2010).

2.- *Los géneros Lama y Vicugna en América del Sur*

Mientras que en América del Norte *Hemiauchenia* se diversificaba, coincidentemente con la formación del istmo de Panamá los antecesores de los CSA inician la colonización de Sudamérica conjuntamente con muchas otras especies, en el marco del gran intercambio americano a inicios del pleistoceno, Marshall *et al.* (1982).

Varios autores estiman que la separación entre los géneros *Lama* y *Vicugna* ocurrió hace dos millones de años, y que el proceso de domesticación se habría iniciado en la región correspondiente a la puna de los Andes centrales del Perú, específicamente en las alturas de Junín, entre 6500 y 6000 años AC. Wheeler (1991), Wheeler (1995), Wheeler (2003), De Lamo (2011). No obstante, indicios adicionales muestran domesticación en la zona Sur de los Andes peruanos sobre los 3000 msnm, y del mismo modo, se ha encontrado también evidencias de domesticación de CSA en la costa norte del Perú, todo lo cual sugiere que el proceso de domesticación de los CSA ha estado relacionado con su utilización para la obtención de carne, lana, piel, e igualmente como animales de carga. Uzawa (2008), Goepfert *et al.* (2013).

Adicionalmente, se ha registrado evidencias de domesticación de los CSA en los Andes centrales y en el sur de Chile, Gallardo y Yacobaccio (2007), así como en el Noroeste de Argentina, Yacobachio y Vilá (2012), las mismas que habrían ocurrido muchos años después de la registrada en la región central de los Andes peruanos en varios sitios de la puna de Junín, que oscilan entre los 9000 y 2500 AC, y a una altitud de 4000 msnm. Wheeler (1995).

3.- *Aspectos taxonómicos de la familia Camelidae*

La familia Camelidae pertenece a la clase de los Mamíferos, al orden Artiodactyla y al suborden Tylopoda, comprende dos tribus: Camelini en el viejo Continente y Lamini en Sudamérica, Camelini cuenta con un solo género que es *Camelus* y Lamini con dos géneros que son *Lama* y *Vicugna*. Pinto *et al.* (2010), (Ver figura 2).

La familia Camelidae actualmente cuenta con 7 especies, 3 de ellas se encuentran en el Viejo Continente y son el camello (*Camelus bactrianus*) que habita en el este de Asia, el dromedario (*Camelus dromedarius*) que lo hace en el norte de Africa y el sudoeste asiático, ambas especies son domesticadas. A las dos anteriores se debe adicionar a *Camelus ferus*, que a la fecha es la única especie silvestre de la tribu Camelini, habita actualmente en las áreas desérticas del Asia central, encontrándose restringido a tres enclaves desérticos separados en China (Gashun Gobi, Lop Nur, y Taklamakan) y uno en Mongolia (Great Gobi-SPA) y con una población estimada en 1600 individuos. Hare (1997), Hare (2008), Reading *et al.* (2005), Dochindorj *et al.* (2006), Ji *et al.* (2009), Adiya *et al.* (2010), Silbermayr *et al.* (2010), Jirimutu *et al.* (2012), Kasensky *et al.* (2014), Chuluunbat *et al.* (2014), Almathen *et al.* (2016). Con la inclusión de *Camelus ferus* la familia Camelidae pasa a contar con 7 especies, siendo 3 de ellas propias del Viejo Continente. (Ver fig N° 2).

Las 4 especies restantes habitan en Sudamérica y conforman el grupo de los CSA. La llama (*Lama glama*), el guanaco (*Lama guanicoe*), la vicuña (*Vicugna vicugna*) y la alpaca (*Vicugna pacos*) son propias del continente sudamericano y se encuentran distribuidas entre los 3000 y 5000 msnm. Linnaeus (1758), Molina (1782), Marín *et al.* (2007a y 2007b), Marín *et al.* (2012). La llama y la alpaca son especies domesticadas, mientras que la vicuña y el guanaco permanecen aún en estado silvestre. Wheeler (1986), Vidal Rioja *et al.* (1994), Wheeler (1995), Wheeler (2003).

La vicuña (*Vicugna vicugna*) y la alpaca (*Vicugna pacos*) conforman el género *Vicugna*, mientras que el guanaco (*Lama guanicoe*) y la llama (*Lama glama*) conforman el género *Lama*; ambos géneros conforman la tribu Lamini. Wheeler (2012), Jimenez *et al.* (2010), Marín *et al.* (2007a). En todos los casos los autores han considerado a la especie doméstica como la especie derivada, en concordancia con los postulados de Gentry *et al.* (2004).

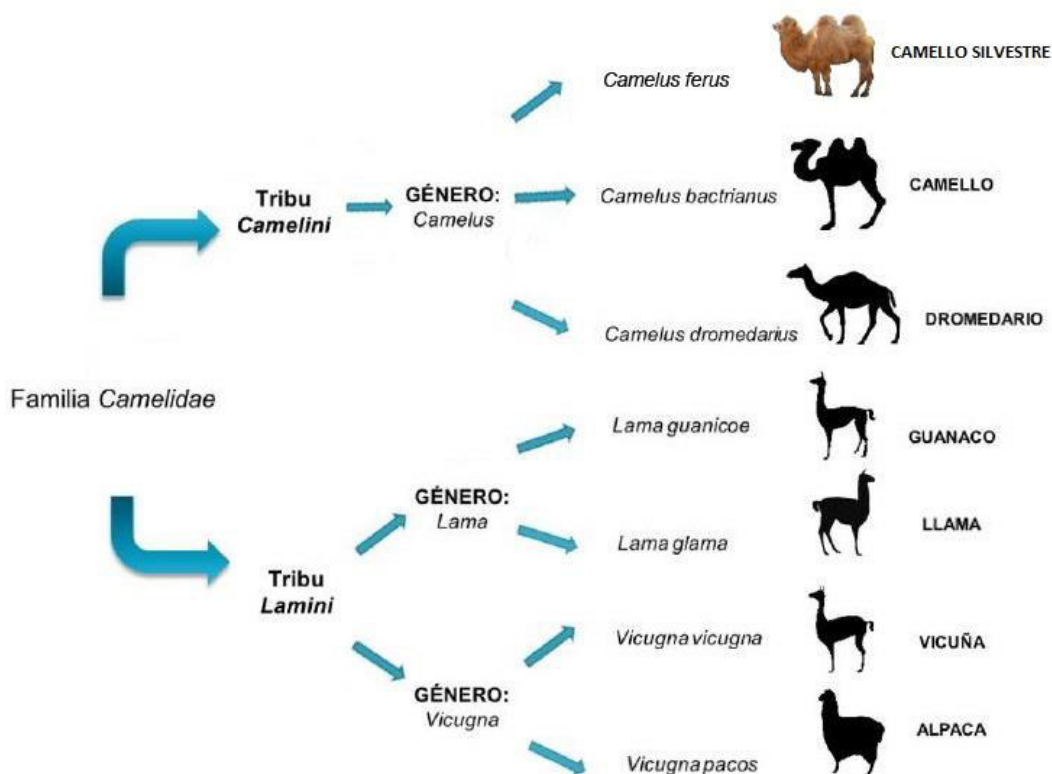


Fig. N° 2.- Taxonomía de la familia Camelidae.- En éste esquema se ha incluido a nuestra iniciativa, a la especie del Viejo Continente *Camelus ferus* Przewalski, 1878, especie silvestre del género *Camelus* actualmente en peligro de extinción. (Hare, 2008). *Fuente:* Imagen tomada de Pinto *et al.* 2010 y modificada por nosotros.

4.- *La Biología reproductiva de llamas y alpacas*

La vida reproductiva de llamas y alpacas tiene un promedio de 14 años, aunque algunos ejemplares pueden alcanzar algo más de 20, son animales poliéstricos, de ovulación inducida y su gestación en promedio dura 340 días, es decir algo más de 11 meses, registrando una única cría por parto. Las hembras pueden ser fecundadas desde los dos años y en los centros de crianza por lo general son destinadas a la reproducción cuando alcanzan el 60% de su peso adulto. (Montes 2007) igualmente es frecuente verificar en los criaderos la asignación de 2 machos por cada 20 hembras para garantizar los programas reproductivos.

5.- *Híbridos inter específicos fértiles*

La existencia de híbridos inter-específicos tanto en la naturaleza como en algunos centros de crianza de CSA, es conocida desde tiempos remotos, adicionándose que biológicamente es extraño que el híbrido resultante tenga capacidad reproductiva. Este híbrido inter-específico puede ser generado en cruzamientos que involucran la participación de las cuatro especies de CSA con ejemplares de ambos sexos, sin embargo, en algunos tipos de cruzamiento la participación de la especie ocurre únicamente a través de las hembras y en otros únicamente con el macho. (Ver figura 3). Ocasionalmente algunos centros de crianza han propiciado determinados cruzamientos en la búsqueda hasta la fecha infructuosa, de resultados beneficiosos en la calidad de fibra y/o carne. Calle (1982), Bustinza (1989), Wheeler *et al.* (1992).

De manera análoga, entre los camélidos del Viejo Continente, el cruzamiento de un camello macho con una hembra de dromedario o viceversa, genera el nacimiento de híbridos inter-específicos fértiles. Gray (1972), Skidmore *et al.* (1999), Winblad von Walter *et al.* (2015), Wani *et al.* (2017).

Los citogenetistas han intentado explicar esta cualidad de los híbridos, como una consecuencia de exhibir las cuatro especies el “mismo cariotipo”, característica que ha llevado a plantear que en el “proceso de especiación” de los CSA y aún de la familia Camelidae, no se ha logrado alcanzar aún el “aislamiento reproductivo” y por lo tanto, tampoco el status de “especie plena”. Baker *et al.* (2006), Balmus *et al.* (2007).

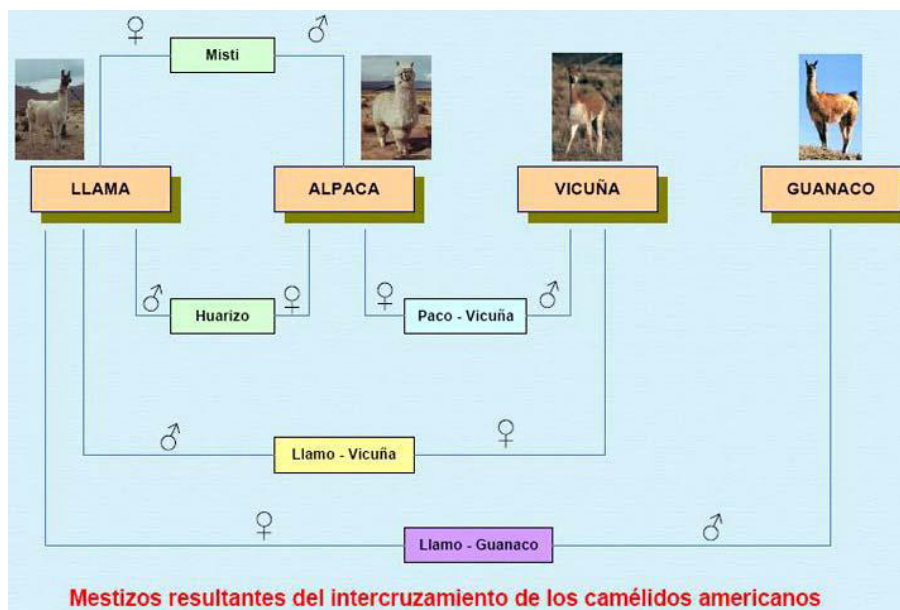


Figura N° 3.- Cruzamientos inter-específicos registrados entre los CSA. Se puede apreciar los diferentes tipos de cruzamientos inter específicos e inter genéricos registrados entre las 4 especies de camélidos sudamericanos. Observando el sexo de los progenitores en cada tipo de cruzamiento se puede verificar que, la hembra del guanaco no registra apareamiento con el macho de las otras especies, mientras que el macho del guanaco registra apareamiento únicamente con la hembra de la llama. *Fuente:* Imagen tomada de Calle (1982).

Adicionalmente, en algunos criaderos de camélidos con el apoyo de los laboratorios de “Biotecnología reproductiva”, se ha reportado la obtención de híbridos “inter-genéricos” como producto del cruce entre un macho de “dromedario” *Camelus dromedarius*, (Viejo Continente) y una hembra de “guanaco” *Lama guanicoe* (CSA), generando el nacimiento de una “hembra híbrida inter genérica”. Sin embargo, la biopsia gonadal practicada detectó la existencia de algunas malformaciones ováricas que vaticinaban una incapacidad para formar gametos viables y fértiles, es decir se trataba de un ejemplar “híbrido inter - genérico estéril”. Skidmore *et al.* (1999).

6.- Aspectos citogenéticos de la familia Camelidae

i.- Generalidades

En los organismos eucarióticos, los cromosomas representan la estructura organizativa y fisiológica del genoma nuclear, por tanto contienen toda o casi toda la información genética de un individuo, la expresión “casi toda” hace referencia a la

existencia del genoma mitocondrial, constituyen por tanto las estructuras celulares que los citogenetistas, genetistas y citólogos utilizan clásicamente para el estudio de las características genéticas de los seres vivos, siendo visibles únicamente durante la división mitótica.

Conceptualmente por “cariotipo” los citogenetistas entendemos el arreglo sistematizado de los cromosomas de una célula en división, y está conformado por el conjunto diploide de los cromosomas de un individuo, los mismos que han sido ordenados sistemáticamente según las normas establecidas por los Comités de Nomenclatura Internacional y puede ser representativo de la célula, del individuo y aún de la especie. ISCN (1978), ISCN (2013).

El cariotipo de los organismos eucarióticos encierra en su estructura organizativa el genoma nuclear y es analizado a partir del conjunto de los cromosomas metafásicos, debemos anotar que el arreglo sistematizado de los cromosomas de una metafase, nos permite conocer el cariotipo, el cual considera algunos criterios actualmente clásicos y que han sido de gran utilidad en el desarrollo metodológico de la Citogenética Humana y son los siguientes: 1.- La estimativa de la “Longitud Relativa (LR) del cromosoma” permite determinar la “posición” o lugar que le corresponde a cada cromosoma en el cariotipo, en un sistema de ubicación de mayor a menor LR, correspondiéndole ser el “cromosoma número uno” al cromosoma de mayor LR, el cromosoma número dos, al que le sigue en LR, y así sucesivamente, siendo que en el caso del cromosoma 22 humano, “teóricamente es el cromosoma autosómico más pequeño del cariotipo”.

Otro criterio de gran valor para los citogenetistas es el Índice Centromérico (IC), que es un parámetro que define la morfología del cromosoma y se determina también por la estimativa de un índice, donde $IC = p/p+q$, siendo p = brazo pequeño y q = brazo largo. (Levan *et al.* 1964). Los valores del IC que permiten definir la morfología cromosómica se pueden apreciar en la tabla N° 1 que aparece en la página 42.

Desde los albores de la Citogenética humana, los citogenetistas humanos han mostrado un enorme interés por el conocimiento de los cariotipos de mamíferos, y los camélidos no han sido la excepción, al inicio de la década del 60 se describió un

cariotipo con 72 cromosomas para los camélidos de ambos continentes por autores de dos laboratorios diferentes: la primera descripción fue realizada por Capanna & Civitelli (1965) y la segunda por Hungerford y Snyder (1966), ambos fueron rápidamente corregidos por varios autores: Hsu TC & Benirschke K (1967), Taylor *et al.* (1968), y nuevamente Hsu TC y Benirschke K en 1974; quienes determinaron el número diploide actual de $2n = 74$ cromosomas para las 6 especies, con un mecanismo de determinación sexual del tipo XX/XY, con la particularidad de que el cariotipo descrito era numérica y morfológicamente el mismo para las 6 especies que conformaban la familia Camelidae.

La aplicación de las técnicas de diferenciación longitudinal del cromosoma aparecidas en la década del 70 (Caspersson *et al.* 1970 y Dutrillaux & Lejeune 1971) en los CSA y del viejo continente, mostró una gran similitud en la distribución de los patrones de marcación cromosómica en todas las especies analizadas, y varios autores concluyeron que en las 6 especies estudiadas de la familia Camelidae, se encontraba el mismo patrón de diferenciación longitudinal del cromosoma (GTG) y la misma distribución pericentromérica de la heterocromatina constitutiva (CBG), las regiones organizadoras de nucléolo (NOR) igualmente mostraban número y patrón de distribución semejante, y obviamente el mismo número cromosómico, es decir, existía una extraordinaria similitud en los cariotipos de las 6 especies, reforzando la idea de que estábamos en presencia de un único cariotipo en toda la familia Camelidae, siendo calificado como un “cariotipo extraordinariamente conservado” Larramendy *et al.* (1984), Bunch *et al.* (1985), Bianchi *et al.* (1986).

ii.- Algunos hallazgos controversiales en la Citogenética de camélidos

Realizando una breve revisión de los estudios citogenéticos de la familia Camelidae publicados a la fecha, hemos podido apreciar que en algunos casos los autores han informado de resultados un tanto inesperados y que escapan un poco a las interpretaciones de “uniformidad cariotípica” generalmente encontradas y se refieren principalmente a los siguientes cromosomas:

a.- La morfología del cromosoma Y

La identificación del cromosoma Y en mamíferos generalmente no exhibe mayores dificultades puesto que, al carecer de homólogo en el sexo masculino, el Y es un “cromosoma único” y por lo general es el “cromosoma de menor tamaño en todo el cariotipo”. En la familia Camelidae, el cromosoma Y ha sido descrito por algunos autores como siendo el más pequeño del cariotipo y de morfología metacéntrica: Koulischer *et al.* (1971), Bunch *et al.* (1985), Di Berardino *et al.* (2006) en alpacas, Ramos (2014) en alpacas y llamas, Samman *et al.* (1992) lo describieron también como metacéntrico pero de dimensiones mayores. Mientras que otros como Larramendy *et al.* (1984), Bunch *et al.* (1985), Bianchi *et al.* (1986) y Marin *et al.* (2007a) lo han descrito como siendo del tipo acrocéntrico.

La interpretación a esta heterogeneidad descriptiva para el cromosoma Y podría ser explicada como una consecuencia de la existencia real de un cromosoma Y verdaderamente dimórfico, o caso contrario, a una conclusión errada en la identificación del cromosoma Y, probablemente por ser un cromosoma muy pequeño, de muy difícil individualización y erróneamente se hubiera señalado como Y a cromosomas diferentes, siendo ésta la causa de la descripción heterogénea de la morfología del cromosoma Y. (Ver fig 4).

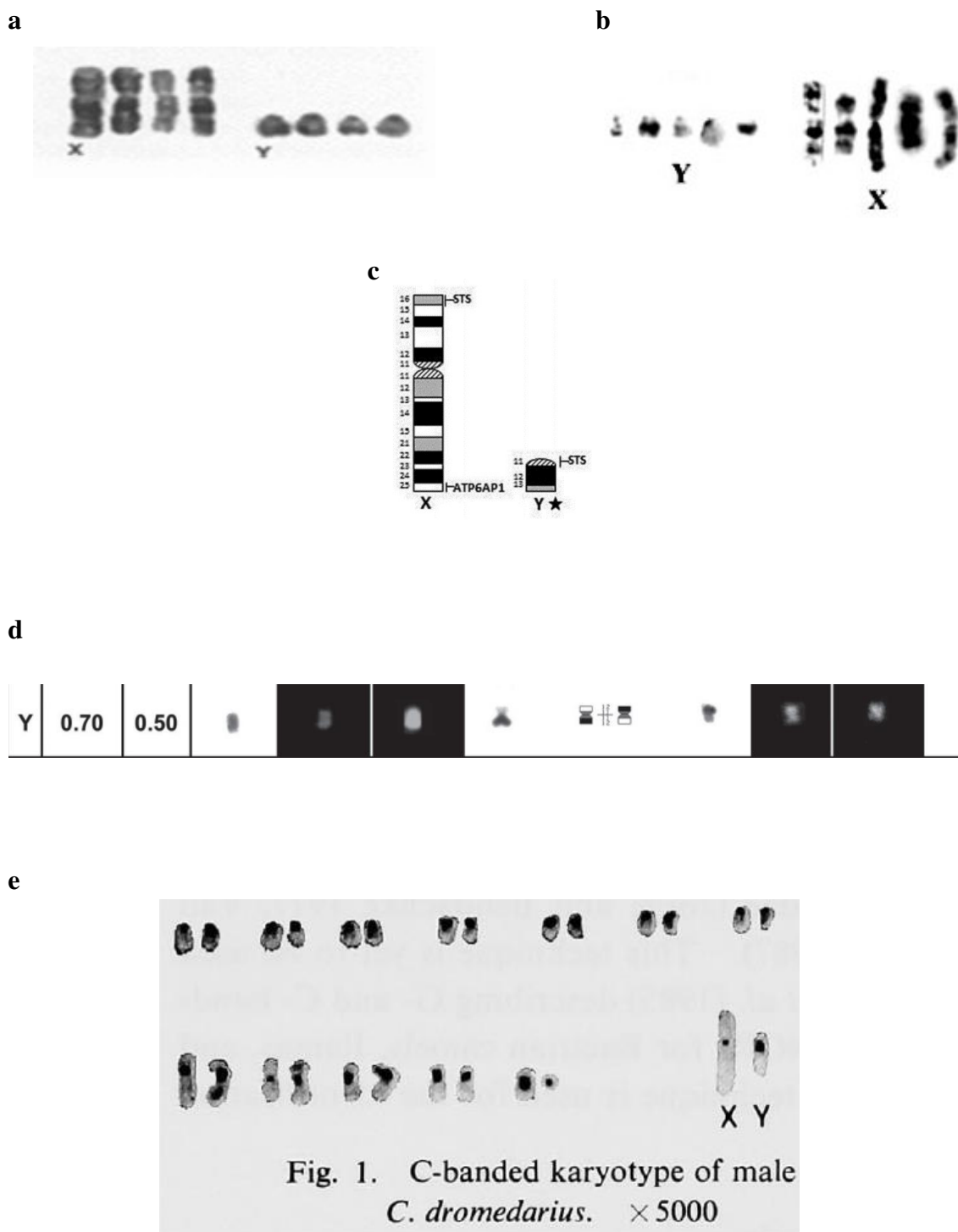


Figura N° 4.- Morfología del cromosoma Y según diferentes autores: Fuente: **a:** Bianchi *et al.* (1986), **b:** Marín *et al.* (2007a), **c:** Iannuzzi y Di Bernardino (2008). **d.-** Avila *et al.* (2012). **e.-** Sammamn *et al.* (1992). Los tres primeros autores muestran al cromosoma Y de las cuatro especies de CSA como acrocéntrico, en **d** y **e** se aprecia la morfología del Y de alpacas coloreado con diferentes técnicas de coloración y en ambas aparece como metacéntrico, pero en **e**, el Y del dromedario es metacéntrico pero muy grande y diferente al Y de las llamas y alpacas.

b.- El brazo corto del cromosoma 1 en los CSA.

Al cromosoma 1 le corresponde por definición, ser el cromosoma de mayor Longitud Relativa del cariotipo, su identificación por tanto no reviste de mayores dificultades, en los CSA y en toda la familia Camelidae es acrocéntrico, habiendo sido reportado por Marín *et al.* (2007a) como heteromórfico para el brazo corto. Ver figura N° 5.

Las imágenes de Marín *et al.* (2007a), permiten apreciar en alpacas y vicuñas una banda G positiva proximal (1p12), mientras que en llamas y guanacos dicha banda G positiva es de posición terminal (1p13).

Este resultado no ha sido confirmado por otros autores hasta la fecha, sin embargo, es muy probable que, de confirmarse, sea el producto de una inversión paracéntrica en 1p.

Nosotros presentaremos nuestros hallazgos en relación al 1p que confirman parcialmente las comunicaciones de Marín *et al.* (2007a).

Adicionalmente, la existencia de una banda G positiva en el 1pter (banda telomérica en el brazo corto del cromosoma 1) de llamas y guanacos, sugieren que ambas especies serían filogenéticamente muy próximos, y del mismo modo, la ausencia de dicha banda en alpacas y vicuñas, las relaciona estrechamente y fortalece la existencia de 2 clados filogenéticos. En ambos casos los autores concuerdan con el criterio de Gentry *et al.* (2003) para considerar a las especies silvestres como las ancestrales.

Una revisión a las publicaciones previas a la de Marín *et al.* (2007a) nos muestra que dicha diferencia posicional de la banda G positiva situada en 1p proximal ó terminal, ha sido fotografiada 21 años antes por Bianchi *et al.* (1986), por tanto, ambos resultados muestran el mismo patrón de bandas G reportado por Marín en el 2007a, y que le ha permitido sugerir las relaciones de parentesco entre la alpaca y la vicuña e igualmente entre la llama y el guanaco, sugerencia que ha sido reforzada con los hallazgos del mtDNA. (Ver fig. 5).

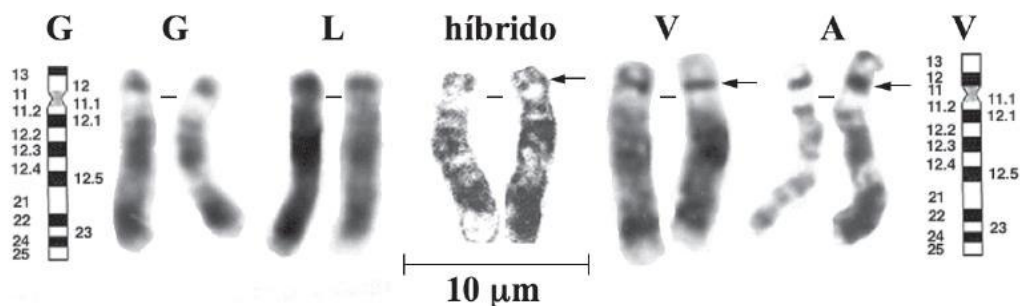


Figura N° 5.- Diferenciación longitudinal del tipo GTG en 1p.- Las imágenes muestran el dimorfismo de la banda G positiva ubicada en el brazo corto del cromosoma 1 de los CSA. Se puede apreciar que la banda G+ es centromérica en vicuñas y alpacas, mientras que en la llama y el guanaco es terminal, Adicionalmente, los autores muestran el par 1 perteneciente a un individuo híbrido resultante de un cruce entre una llama y una alpaca. *Fuente:* Marín *et al.* (2007a)

c.- La morfología de los cromosomas 34 y 35

Recientemente Mariela Ramos (2014) al sustentar su Tesis de Maestría, mostró por primera vez que en llamas los cromosomas 34 y 35 son submetacéntricos y metacéntricos respectivamente, mientras que en alpacas ambos cromosomas son subtelocéntricos, confirmando adicionalmente, qué en ambas especies los cromosomas sexuales X e Y son metacéntricos, correspondiéndole al X ser el metacéntrico de mayor longitud relativa del cariotipo, y al Y ser el cromosoma más pequeño del cariotipo y morfológicamente metacéntrico, tanto en llamas como en alpacas. (Ver figura 6)



Figura N° 6.- Morfología de los cromosomas 34 y 35 de llamas (A) y alpacas (B). La diferencia más nítida se puede apreciar en el par 35, que aparece como sub metacéntrico en alpacas y como metacéntrico en llamas. Coloración con Acridine orange, *Fuente:* Tesis de Maestría de Ramos (2014)

En el Laboratorio de Genética Humana consideramos que el dimorfismo del cromosoma 35 entre llamas y alpacas, es crucial para diferentes tópicos de la Biología de los CSA, que involucran aspectos variados con posibilidades enormes de repercusión tanto en el área de la Citogenética y Evolución Molecular, como en el inicio de la elaboración de un mapa físico determinador de las regiones cromosómicas de réplica precoz del DNA o secuencias nucleotídicas marcadoras, con miras a optimizar la performance reproductiva y/o aspectos de salubridad de ambas especies y mejorar la economía de la población andina. Naturalmente que la respuesta a esta problemática involucra la participación de diferentes disciplinas biológicas que comprenden a Laboratorios especializados de Citogenética Molecular, Reproducción y Crianza, Biología Evolutiva, Sistemática, etc.

Adicionalmente, la diferencia morfológica encontrada en el cromosoma 35 de llamas y alpacas estaría reforzando la clasificación de ambas especies en géneros diferentes, a pesar de la aparente similitud (homeología) en los otros pares de cromosomas, sin embargo la existencia de cruzamientos inter específicos (Llama x alpaca) con el nacimiento de híbridos fértiles, levanta una interrogante acerca de los mecanismos cromosómicos que garantizan la producción de gametos viables, capaces de conformar cigotos igualmente viables y cromosómicamente balanceados. Este comportamiento reproductivo levanta la pregunta acerca del *status* evolutivo de los CSA y también de los del viejo continente, que adicionalmente lo confieso, me fascina la idea de algún día poder realizar el estudio citogenético de algunas de sus especies.

iii.- La dificultad de tener 74 cromosomas

Por otro lado, es importante y debe repararse que la presencia de 74 cromosomas en el núcleo de una célula linfocítica de aproximadamente 6 mm de diámetro, representa un número muy elevado de cromosomas, los cuales se distribuyen ordenadamente en un espacio muy pequeño como es el que corresponde a las dimensiones del núcleo celular.

Como un punto referencial es importante recordar que el *Homo sapiens* tiene como número diploide $2n = 46$ cromosomas, y que el incremento del número diploide se

obtiene generalmente por rearrreglos del tipo de las fisiones céntricas, las que determinan la aparición de 2 nuevos cromosomas de dimensiones menores al original y la génesis de al menos un neo-centrómero, sin alteración significativa de la cantidad total del DNA nuclear, pero que representan finalmente un grado de dificultad adicional para el análisis citogenético, siendo este incremento del número cromosómico a nuestro entender, la causa más probable para que los autores hayan registrado algunas imprecisiones en la identificación de los cromosomas de camélidos, especialmente entre los más pequeños.

Por otro lado, la variabilidad encontrada en el número diploide de los mamíferos es bastante grande y algunos autores han reportado un número cromosómico tan pequeño como en la hembra del *Muntiacus muntjac*, con un $2n = 6$, y tan grande como en la vizcacha roja (*Tympanoctomys barrerae*), con un $2n = 102$, Scherthan (2012). Es verdad que estos números representan los valores extremos del número cromosómico reportado en mamíferos, siendo muy probable que los números intermedios sean los más estudiados por los citogenetistas porque representan a los mamíferos más fácilmente encontrados y por lo tanto, estudiados.

Respecto a los mecanismos cromosómicos involucrados en el incremento del número cromosómico de las especies, las fisiones registradas en las regiones cromosómicas alejadas de los centrómeros o de las regiones pericentroméricas, suelen representar secuencias nucleotídicas carentes de información vital, y en el caso de los cromosomas humanos representan regiones cromosómicas con un registro significativo de rearrreglos cromosómicos.

c.- Justificación teórica

La *raison d'être* de la Universidad es la “creación del conocimiento”, y éste se sustenta en la investigación básica, la Universidad también puede formar profesionales tal como lo hacen los Institutos Tecnológicos ó Politécnicos, pero como una actividad complementaria de la primera.

Está suficientemente claro que una Universidad que no implementa sus programas de investigación, no puede “crear” conocimiento y sus aulas muy pronto se convertirán en entes “meramente repetitivos del conocimiento ajeno”, que ha sido “aprendido” por los profesores que no hacen investigación, a partir de la “lectura de los libros de texto”, carece de capacidad creativa y muy pronto dejará de ser Universidad.

Las razones para justificar nuestra elección de estudiar las características estructurales y fisiológicas de los cromosomas de llamas y alpacas de Junín y Huancavelica, se sustentan en los resultados de investigaciones desarrolladas por numerosos investigadores que previamente han mostrado la importancia de conocer los aspectos biológicos que regulan la vida de los CSA,

La comprensión de los mecanismos biológicos (genético, citogenético, reproductivo, fisiológico, y evolutivo) que regulan la salud y la reproducción de los CSA, es un proceso paulatino y necesario, pero también es un pre requisito para elaborar mejores programas de mejoramiento genético en dichos mamíferos, que capaciten a los criadores y los especialistas para la obtención de una mejor calidad de sus productos y de ésta forma posibilitar el mejor desarrollo de las comunidades alto-andinas.

No obstante, es indispensable que los responsables de la crianza de llamas y alpacas reciban el apoyo y asesoramiento del estado peruano, los cuales deberían ser canalizados a través de las Instituciones responsables de cautelar el desarrollo de las poblaciones peruanas, está claro que la Universidad cuenta con los recursos humanos más capacitados para esta misión, así como también con los laboratorios mejor equipados, y adicionalmente los alumnos más interesados en trabajar estos problemas biológicos porque finalmente sus resultados serán el sustento de sus Tesis de pre y/o pos grado, por tanto deberían brindar los mejores programas orientados a los criadores de los CSA a fin de resolver los problemas de crianza, reproducción y salud en llamas y alpacas.

Adicionalmente quisiera expresar que, en relación a la elección del cromosoma como material de estudio biológico, éste representa un nivel superior de organización estructural de las moléculas químicas, involucradas directamente en los aspectos conformacionales y fisiológicos del “material hereditario” y es muy probable que

cuando entendamos integralmente al cromosoma, logremos comprender algunos de los aspectos más complicados de la evolución de los seres vivos.

Esta “ubicación y arreglo” de las moléculas responsables por la transmisión y regulación de la expresión de los caracteres hereditarios de los seres vivos, representa finalmente la conformación de “unidades biológicas” de un nivel organizativo superior de los seres vivos, que se hace evidente cuando se le compara por ejemplo con los genes individuales (mendelianos) que representan unidades discretas de menor jerarquía organizacional, y por tanto con potencialidad menor para determinar un rol en los mecanismos biológicos responsables por la génesis de las especies.

d.- Justificación práctica

El material hereditario de todos los seres vivos está representado por los ácidos nucleicos, el DNA en eucariotes y procariotes, y el RNA en algunos virus y fagos. En el caso de los eucariotes, el DNA se ubica en los cromosomas que es una estructura nuclear de una organización compleja que le posibilita cumplir eficientemente con las funciones biológicas indispensables para asegurar la duplicación y transmisión del material hereditario.

El ordenamiento sistematizado de los cromosomas metafásicos de los seres vivos recibe el nombre de cariotipo, y cada cromosoma puede ser considerado como una estructura celular que se expresa, duplica y se transmite actuando e interactuando en un medio celular complejo que ha sido preservado por la naturaleza desde el inicio de la vida en el planeta hasta nuestros días. El cariotipo de una célula es representativo de la célula, del individuo y aún de la especie. ISCN (1978), ISCN (2013).

Los parámetros citogenéticos resultan básicos para cualquier programa de mejoramiento genético que se intente implementar en las poblaciones naturales y en cautiverio de los CSA, y a pesar de las enormes dificultades que representan la implementación de tales programas, consideramos que los criterios citogenéticos

juegan un rol determinante en el proceso de aislamiento reproductivo y especiación biológica, y en el caso de los CSA requieren una atención preferencial.

Por otro lado, quisiera remarcar que en la evolución de las especies los conceptos referentes al aislamiento reproductivo de naturaleza biológica basado en una diferenciación cromosómica, representa un mecanismo biológico central para la especiación y el aislamiento reproductivo, especialmente a través de la producción de individuos híbridos generados a partir de dos poblaciones en vías de especiación. Malet (2007).

En la naturaleza se registran muchos casos de aislamiento reproductivo por causales de índole cromosómica, y algunos han sido reportados en las poblaciones naturales, una proporción importante se registra en los mamíferos, especialmente en el grupo de los primates, tanto del tipo de los Catarrhini como de los Platyrrhini, por ejemplo con 46 cromosomas tenemos el cariotipo del hombre (*Homo sapiens*) y con 48 el del chimpancé (*Pan paniscus*), orangután (*Pan troglodita*) y gorila (*Gorilla gorilla*) las cuatro especies exhiben una similitud cromosómica casi total y registran claras evidencias de aislamiento reproductivo. De Grouchy *et al.* (1978), Dutrillaux (1979), Yunis & Prakash. (1982).

De manera antagónica en el género *Aotus* (Platyrrhini) se han registrado al menos 10 especies diferentes y cada especie registra un cariotipo específico, la variabilidad cariotípica encontrada oscila entre 46 hasta 58 cromosomas como números diploides, Arenas *et al.* (2012) y con aislamiento reproductivo en la mayoría de las especies, pero con evidencias de producción de híbridos naturales fértiles inter poblacionales de manera aleatoria. Descailleaux *et al.* (1990).

e.- Objetivos

Los objetivos propuestos son de dos tipos:

1.- Objetivo General

Verificar la existencia de una diferencia cariotípica generada por la morfología de los pares cromosómicos 34 y 35 en los cariotipos de llamas y alpacas.

2.- *Objetivos específicos*

- a.-** Estimar la longitud relativa (LR) de cada cromosoma del cariotipo de llamas y alpacas, y determinar su ubicación cariotípica en concordancia con los criterios de Leván *et al.* (1964), Morton *et al.* (1991), ISCN (1978), ISCN (2013).
- b.-** Estimar el Índice centromérico (IC) de los cromosomas de llamas y alpacas y determinar el tipo morfológico según *Levan et al.* (1964).
- c.-** Describir el cariotipo de llamas y alpacas en concordancia con los resultados de la LR de cada cromosoma.
- d.-** Utilizando las técnicas de diferenciación longitudinal del cromosoma analizar comparativamente la morfología de los cromosomas X, Y, 1, 34 y 35 de llamas y alpacas.

CAPÍTULO 2: MARCO TEÓRICO

a.- Marco Filosófico o epistemológico de la investigación en el área de la Genética

En este capítulo intentaré enfocar la problemática cromosómica de los CSA, en el marco de la “creación del conocimiento” a través de la actividad de investigación científica, modalidad que se realiza rutinariamente en las unidades académicas de la UNMSM como es la Facultad de Ciencias Biológicas.

Haré referencia específica al LGH de la Facultad de Ciencias Biológicas, pero quiero dejar claramente establecido que la labor es extensiva a todos los Laboratorios de investigación de la UNMSM, para lograrlo intentaré desarrollar el Capítulo dividiéndolo en los 4 temas siguientes:

b.- La Genética como disciplina científica

La Genética es una ciencia relativamente “joven”, pudiendo afirmarse que “oficialmente” nace a inicios del siglo XX, con el “redescubrimiento” del trabajo de Mendel por 3 científicos europeos que, casi simultáneamente publicaron sus resultados experimentales de hibridización de plantas en 1900, las experiencias fueron realizadas individualmente por Correns, De Vries y Tschermak, las referencias indican que los tres científicos tuvieron el gesto hidalgo de reconocer que varias décadas antes que ellos, Mendel en 1865, había obtenido resultados idénticos, había llegado a las mismas conclusiones y tenía un número de datos experimentales analizados, mucho mayor que los tres juntos. Moore (1985).

El nombre para la nueva disciplina científica llega en 1905, cuando Bateson, Biólogo de origen inglés, brillante defensor e impulsor del trabajo de Mendel, propuso la palabra “Genética” para denominar a la “ciencia” que había nacido a la luz de los resultados experimentales de Mendel, y que a partir de esta fecha intentará definir específicamente los campos que le competen estudiar y que algunos años más tarde

los genetistas intentaron identificar en base a la respuesta formulada a tres preguntas fundamentales que podríamos resumir así: 1: Cómo se transmite el material hereditario? 2:Cuál es la naturaleza química del material genético? 3:Cuál ó cuáles son los mecanismos que regulan la expresión del gen? L. E. de Magalhães (1968, comunicación personal), Moore (1985).

1.- El hombre es un “genetista innato”.- Por otro lado, es importante recordar que en la naturaleza existe un buen número de evidencias mostrando que el hombre desde su aparición en la tierra, fue un “genetista innato”, no es difícil mostrar que en todas o en “casi todas” las culturas humanas, el hombre aplicó los principios de la “Genética experimental” para obtener mejores resultados en el cultivo de las plantas y animales que había “seleccionado” para su alimentación, obtener ayuda en su trabajo rutinario, remediar los males y enfermedades que aquejaban su salud, e igualmente la de los animales y plantas domesticadas, y realizó diversos “cruzamientos” entre los individuos portadores de las mejores características con el fin de “conservar y mejorar” las cualidades seleccionadas. Es importante resaltar que la “selección” realizada por el hombre es un tipo de “selección” adicional a la que la “naturaleza” ha realizado durante toda la vida.

Para ilustrar estas afirmaciones podemos remitirnos a los resultados encontrados en todas o “casi todas” las civilizaciones humanas, pues existen notables evidencias mostrando que “seleccionaron” las variedades de animales y plantas que producían las mejores carnes, leche, frutos, semillas, y las “cruzaron” y/o “hibridizaron” con las variedades que le permitieron obtener “mejores cosechas”, posibilitando la “preservación” y el “mejoramiento” cuali y/o cuantitativo de las mismas, de ésta forma pudieron garantizar el “alimento” de las poblaciones humanas desde los inicios de la civilización hasta los tiempos modernos, y que en la hora actual están representados por un número importante de especies como la papa, el maíz, el arroz el trigo, el ganado vacuno, ovino, porcino, equino, etc, es decir, las “mismas especies” o “casi las mismas” que desde hace varios milenios, se han constituido en los alimentos rutinarios y más consumidos por la humanidad. FAO (2017).

Estas conductas milenarias de “selección” y “cruzamientos” de individuos portadores de las mejores características, también fueron aplicadas para obtener y preservar

plantas que posibilitaran proteger a las poblaciones humanas de las enfermedades más frecuentes, conocimiento acopiado de manera tradicional por las poblaciones humanas y que en el caso de las poblaciones peruanas, están consideradas como poseedoras de una “medicina popular” muy “rica y variada” por haber brindado a la humanidad una de las farmacopeas más prolíficas e interesante del mundo actual. Brack (2003), Cabieses (2007).

Es importante dejar constancia que el *Homo sapiens*, en ésta búsqueda de mejores resultados para su alimentación y salud, también incursionó en la búsqueda de satisfacción de objetivos propios del “ser humano”, como por ejemplo su capacidad para el deleite artístico y que podemos evidenciar al percatarnos de la belleza de plantas ornamentales con flores de colores hermosos y aromas exquisitos, así como también de animales que exhiben formas y desplazamientos armónicos y bellos.

Resulta interesante recordar que el mundo científico “pre mendeliano” aún mostraba la influencia del pensamiento aristotélico, y las ideas “preformistas” acerca de la génesis de la vida continuaban dominando el pensamiento de las clases sociales gobernantes. Este pensamiento fue puesto en tela de juicio por la aparición de la generación de los “experimentadores” representados entre otros por Hertwig y Wolf; quienes habían iniciado una nueva etapa del conocimiento basada en la “experimentación”, implementada principalmente a partir de la “observación” del desarrollo del huevo de aves, este tipo de trabajo permitió a los “experimentadores”, verificar que durante el desarrollo embrionario se había producido algo más que el simple crecimiento de las “partes en miniatura” que, supuestamente se encontraban al interior del huevo de las aves. Hertwig (1895), Vogel y Motulsky (1997).

c.- La Genética como Ciencia y el paradigma de Kuhn

El desarrollo de la Genética como “disciplina científica” es un bello ejemplo para referirme al “paradigma de Kuhn” Kuhn(1962). Antes del redescubrimiento del trabajo de Mendel, los mecanismos de transmisión de las características hereditarias continuaban siendo “misteriosos”, los pensadores y científicos de la época aún “evocaban” las ideas de los filósofos griegos para intentar explicar la herencia de las características hereditarias.

En la segunda mitad del XIX, las ideas más importantes acerca de los mecanismos de transmisión de las características hereditarias, estaban lideradas por la escuela británica representada por Galton y Pearson, que eran dos experimentadores notables interesados en conocer entre otros temas la herencia del “talento y la inteligencia”, habiendo elegido algunas características “continuas” para responder a las interrogantes acerca de su transmisión. Ellos representan el pensamiento “pre mendeliano” y en el esquema de Khun, al “Viejo Paradigma”, que sustentaba sus conceptos en la transmisión de las características hereditarias a través de los “flúidos” o “mezcla de sangre”, como hipótesis para explicar el mecanismo de la “transmisión de los caracteres hereditarios”, y opusieron gran resistencia para aceptar el trabajo mendeliano y defender sus postulados y planteamientos. Vogel y Motulsky (1997).

Comprender el trabajo mendeliano necesitó de los avances registrados en el área de la Citología durante las dos últimas décadas del siglo XIX, especialmente los conceptos acerca de la división celular y el ciclo del cromosoma, que había sido interpretado brillantemente por Fleming, y cuyos resultados fueron determinantes para la comprensión del trabajo de Mendel, su redescubrimiento generó un gran entusiasmo en las nuevas generaciones de científicos, y resulta muy útil para ilustrar el pensamiento paradigmático de Kuhn, en el que representan al “Nuevo Paradigma”. Moore, (1985), Vogel y Motusky, (1997).

Mendel supo elegir muy bien su material experimental, y era un gran conocedor de las características biológicas y reproductivas del *Pisum sativum*, todos los caracteres seleccionados por él fueron del tipo “discontinuo”, y el análisis estadístico realizado fue interpretado asumiendo algunas “presunciones geniales”, que solo pudieron ser entendidas por los citólogos de la época, 35 años después de su publicación, cuando los conceptos acerca de la “división celular” y el “ciclo cromosómico” habían sido interpretados brillantemente por Fleming, posibilitando la comprensión del trabajo mendeliano acerca de la “segregación de los genes alelos” como fundamento físico para la “transmisión de los caracteres hereditarios”.

Algunos años más tarde, los trabajos de Fisher y otros “matemáticos - genetistas” ó “genetistas - matemáticos” mostraron que la Genética mendeliana representando al “nuevo paradigma” y el “viejo paradigma” de Galton y Pearson eran dos caras de la misma moneda, se hacían compatibles, la diferencia quedaba explicada si pensábamos en la acción génica diferencial del “gen sobre el carácter”. En algunos casos el gen determinante del carácter era el único responsable de la manifestación del carácter (Caracteres discontinuos) y en otros el gen actuaba sobre la manifestación del carácter de manera parcial (Herencia cuantitativa); pero los conceptos mendelianos encajaban perfectamente en el análisis de las características discontinuas elegidas para su estudio por Galton y Pearson, es decir en ambos casos los “genes alelos” se comportaban de acuerdo con la primera ley de Mendel, es decir “segregaban”. Fisher (1918).

La “Genética mendeliana” llegó para reemplazar al viejo paradigma representado por la escuela británica Galtoniana, influenciada aún por el pensamiento aristotélico, cuya vigencia había perdurado por casi 20 siglos y se encontraba reflejada en el pensamiento preformista que aún era mayoritario en el mundo “científico” pre-mendeliano, hasta la aparición de la generación de los experimentadores representados por Hertwig y Wolf entre otros, Hertwig (1895).

d.- Las bases físicas de la herencia

Inmediatamente después del redescubrimiento del trabajo de Mendel y la difusión de las nuevas ideas acerca de los mecanismos de transmisión de las características hereditarias, muchos investigadores mostraban su voluntad para incursionar en la nueva disciplina que mostraba sus inmensas posibilidades de trabajar experimentalmente, sin embargo la idea del “gen mendeliano” no lograba aún ser conceptualizada por muchos especialistas, y es que en la época el gen mendeliano era una concepción abstracta que representaba a la “unidad genética” o “factor” postulado por Mendel, del cual se había tomado conocimiento a partir de la “observación de un carácter” que se manifestaba en las plantas pero el “factor responsable” por su manifestación no era materializado, ni visualizado ni tampoco medido. Solo podía ser imaginado.

La solución a esta dificultad llegó con los trabajos de Boveri (1902), un citólogo alemán y Sutton (1903), un estudiante norteamericano, quienes de manera simultánea pero totalmente independiente, estaban trabajando en el análisis del comportamiento de los cromosomas homólogos durante la división celular meiótica, los organismos experimentales fueron el erizo de mar (Equinoderma) en el caso de Boveri, mientras que Sutton trabajaba con el saltamontes (Orthoptera), y ambos observaron que: “Los cromosomas homólogos segregaban durante la división meiótica”.

Enseguida, ambos compararon sus resultados con la primera ley de Mendel, que establecía que: “Los genes alelos segregan”, es decir encontraron una “analogía” en el comportamiento de los “genes alelos” de Mendel y los “cromosomas homólogos” durante la meiosis. Los genes alelos “segregan” y los cromosomas homólogos “también segregan”, basados en esta “analogía de comportamiento” concluyeron que los cromosomas eran el ente físico donde se alojaban los “genes mendelianos”, dando lugar al nacimiento de la “Teoría cromosómica de la herencia”, que nace como una “hipótesis”, pero años más tarde se convertiría en una “teoría”, con la demostración de Morgan de que el gen mutante “ojo blanco” de la *Drosophila*, se encontraba ubicado en el cromosoma X. La verificación experimental convertía a la Hipótesis inicial en una Teoría que fuera denominada: “La Teoría cromosómica de la Herencia”, Crown y Crown (2002).

A partir de ella, muchos científicos comenzaron a trabajar con los cromosomas de muchos organismos vivos, dando lugar al nacimiento de una nueva disciplina científica que fue bautizada como “Citogenética” y que era una conjunción de dos especialidades: La Citología con un recorrido académico importante y la Genética que recién nacía pero que había despertado el interés de muchos científicos.

En la especialidad naciente se privilegió en una primera etapa el desarrollo del análisis cromosómico de algunas especies de insectos que podían ser manipulados fácilmente en el Laboratorio como es el caso de la *Drosophila*, y de algunos vegetales como el maíz, sin embargo a mediados de la década del 50 el estudio de los cromosomas humanos cobró una importancia singular al verificarse que algunas mutaciones cromosómicas estaban relacionadas con la génesis de malformaciones congénitas, retardo mental, problemas de diferenciación sexual, enfermedades

malignas y otras patologías, ocasionando un crecimiento espectacular que fue extensivo al desarrollo de la citogenética de otros mamíferos.

Si quisiéramos ubicarnos en el desarrollo histórico de la Genética, el trabajo de Mendel marca una línea divisoria muy nítida, y es muy fácil e ilustrativo trazar una línea demarcatoria en el desarrollo de la Genética con un “antes” y un “después” de Mendel, de manera resumida podemos referirnos a las respuestas que los genetistas han desarrollado para responder a las preguntas que constituyen el quehacer central de la Genética planteadas línea arriba.

1.- ¿Como se transmite el material hereditario?

Esta pregunta fue respondida brillantemente por Mendel en 1865, al comunicar a la comunidad científica de la época sus resultados experimentales, obtenidos a partir de numerosas experiencias de cruzamientos de variedades de arvejas (*Pisum sativum*), contabilizadas y analizadas estadísticamente, y con una interpretación “genial” que tuvo como autor a Mendel, y hoy la conocemos como la primera ley mendeliana: **“Los genes alelos segregan”**, y que se convirtió en la Ley más “general” de las Ciencias Biológicas. Moore (1985).

2.- ¿Cuál es la estructura química del material hereditario?

La respuesta a ésta pregunta fue brindada por Watson y Crick en 1953 al proponer el modelo estructural de la molécula del DNA y que los hiciera merecedores al premio Nobel de Medicina en 1953, conjuntamente con Wilkins.

A partir de esta fecha la Genética inicia una fase de desarrollo impresionante que de manera resumida podemos sintetizar que se inicia con el nacimiento de un “dogma central” de la Biología que se puede sintetizar con la frase: “DNA – RNA – Proteína”; la misma que debió ser modificada muchas veces, al aparecer numerosas publicaciones mostrando evidencias de reacciones biológicas que escapaban al dogma central no previstos anteriormente, como por ejemplo la posibilidad de obtener DNA a partir de RNA tal como lo mostró el descubrimiento de la transcriptasa reversa en 1969 por Temin y Baltimore. Strachan & Read (2011).

3.- ¿Cuáles son los mecanismos que regulan la expresión génica?

La tercera pregunta está referida a dilucidar los mecanismos de regulación de la expresión génica, en este ítem se pueden encontrar las mayores sorpresas de la Genética y que hasta la fecha a pesar de los grandes avances registrados, sólo exhibe respuestas parciales que involucran a muchos de los organismos estudiados, pero que en el día a día continúa sorprendiendo a los expertos tal como se ha conocido recientemente en la enorme variabilidad reconocida en los tipos y funciones de la molécula del RNA, y que nos recuerda algunas concepciones de brillantes genetistas moleculares de hace algunas décadas tal como el caso de Carl Woese, quien en 1960 propuso al RNA como la estructura más adecuada para representar a la “primera molécula” capaz de haber sido la precursora del DNA en las etapas iniciales de nuestro mundo actual, principalmente porque podía almacenar información y regular su expresión y que recibiera el nombre “El Mundo del RNA”. Woese (1968), Strachan & Read (2011).

e.- **La Citogenética Humana y las técnicas de diferenciación longitudinal del cromosoma: La Citogenética Molecular**

El estudio de los cromosomas humanos se inicia con la publicación de Tjio y Levan de 1956, mostrando que el número diploide del hombre era de 46 cromosomas, y adicionalmente, que el cultivo de células era la metodología adecuada para el análisis citogenético en el hombre. A partir de ésta fecha un buen número de investigadores interesados en la Genética Humana orientarán sus trabajos al análisis de los cromosomas humanos, intentando verificar la hipótesis postulada años atrás por Fleming (1882) y Waarderburg (1932), vistos en Vogel y Motulsky (1997), acerca de la génesis de síndromes malformativos congénitos y/o retardo mental, desbalances de la determinación sexual y enfermedades malignas en las poblaciones humanas a partir de las mutaciones cromosómicas.

En 1959, Lejeune *et al.* (1959). publicaron el primer cariotipo mostrando una mutación cromosómica, la trisomía del cromosoma 21, como agente etiológico de un síndrome específico, denominado “Síndrome de Down”, caracterizado por la

existencia de malformaciones congénitas múltiples y retardo mental, por ser ocasionado por un cromosoma 21 supernumerario se propone la denominación de “síndrome de la trisomía 21” en alusión al agente etiológico, meses después se detectaron otras mutaciones cromosómicas generadoras de síndromes específicos que confirman la relación entre las “mutaciones cromosómicas y la patología humana”. Estas comunicaciones marcan una primera etapa que corresponde a los primeros 11 años del desarrollo de la Citogenética Humana y que despertó enormes expectativas en el mundo científico pero que solo fueron alcanzadas cuando se logró superar algunas limitaciones en el análisis citogenético que fueron superadas con el avance de las metodologías de estudio que aparecieron a partir de la década del 70.

A inicios de la década del 70, Caspersson *et al.* (1970), publicaron los primeros resultados mostrando un patrón específico de “diferenciación longitudinal” de los cromosomas humanos, empleando para tal efecto la mostaza de quinacrina (fluorocromo) y un microscopio de fluorescencia equipado con una lámpara de Hg, filtros de “excitación” y de “bloqueo” para la UV, y una cámara fotográfica, los resultados mostraban que existía un patrón de diferenciación longitudinal del cromosoma, “específico” para cada par, consistente en una secuencia de bandas fluorescentes y bandas no-fluorescentes a lo largo del cromosoma, permitiendo el reconocimiento inequívoco de “cada uno de ellos”, poco después se verificó que el patrón de fluorescencia específico de cada cromosoma se fundamentaba en la “estructura química del cromosoma”. Thompson y Thompson (1985), Holmquist (1992), Therman y Susman (2012). Por haberse utilizado la mostaza de Quinacrina como fluorocromo, el patrón de diferenciación longitudinal fue denominado como “bandas Q”.

Algunos meses más tarde, Dutrillaux y Lejeune (1971), publicaban sus resultados de diferenciación longitudinal del cromosoma utilizando el fluorocromo “Acridine Orange” (AO), que permitía obtener también un patrón de diferenciación longitudinal del cromosoma, pero que resultó ser exactamente “inverso” al patrón obtenido con la quinacrina, razón por la cual la marcación obtenida con el AO fue bautizado como marcación en “bandas R” (reversa).

En ambos casos, la mayor dificultad de los tratamientos era derivada de la fugacidad de la fluorescencia, razón por la cual los cromosomas deberían ser inmediatamente fotografiados, los citogenetistas humanos comenzaron a buscar tratamientos cromosómicos que permitieran la observación permanente del patrón de diferenciación longitudinal y sin los inconvenientes derivados del uso de los fluorocromos. Therman y Susman (1992).

Los resultados no tardaron en llegar y muy rápidamente aparecieron tratamientos diversos que mostraba patrones de diferenciación longitudinal del cromosoma que no eran fugaces y no desaparecían, puesto que se había utilizado el Giemsa como colorante y por tanto podían ser fotografiados algunos días después del tratamiento, Arrighi y Hsu (1971), Drets y Shaw (1972), Drets (2002).

La aparición de estas nuevas metodologías de estudio cromosómico en muy corto tiempo transformó a la Citogenética Humana clásica en una Citogenética Molecular, puesto que las características de diferenciación longitudinal obtenidas era una consecuencia de la estructura química del cromosoma, y cuando observamos cromosomas tratados con la quinacrina o el acridine orange, estábamos observando regiones del cromosoma ricas en un determinado tipo de DNA y con características específicas de replicación del DNA. Holmquist (1992).

Las regiones cromosómicas con bandas Q positivas mostraron ser portadoras de un DNA rico en bases AT, que corresponden a regiones carentes de genes y replican su DNA tardíamente. Mientras que las regiones cromosómicas con bandas R positivas son portadoras de un DNA rico en bases CG, corresponden a regiones cromosómicas ricas en genes y replican su DNA precozmente, durante la fase inicial de "S".

Simultáneamente aparecieron otras técnicas de diferenciación longitudinal del cromosoma, algunas de ellas marcaban regiones específicas del cromosoma, como por ejemplo la técnica CBG que caracteriza la ubicación del DNA altamente repetitivo, cuya ubicación es preferencialmente centromérica o pericentromérica, similarmente, la técnica NOR que utiliza el nitrato de Ag para caracterizar los genes responsables por la síntesis del rRNA activos durante el último ciclo celular. Goodpasture y Bloom (1975).

Es oportuno señalar que hasta esos años la Citogenética Humana tenía apenas 11 años de vigencia en el mundo, y a pesar de la gran difusión por su importancia singular en las poblaciones humanas, los avances registrados no eran de las dimensiones que los expertos habían estimado, la dificultad principal era atribuída a la imposibilidad de reconocer inequívocamente a todos los cromosomas humanos, que a pesar de tratarse apenas de 23 pares, en algunos casos de rrearreglos cromosómicos era imposible reconocer con certeza a los cromosomas que participaban en el rrearreglo. Por tanto, la llegada de las técnicas de diferenciación longitudinal del cromosoma a inicios de la década del 70, tuvieron la virtud de posibilitar este reconocimiento inequívoco de los cromosomas participantes en la mutación y abrieron las puertas al arribo de la Citogenética Molecular.

Casi que simultáneamente, las metodologías de la Citogenética humana fueron transferidas a la citogenética de los mamíferos y de otros vertebrados, principalmente porque la Citogenética Humana inició el estudio de los cromosomas de mamíferos y su traslado metodológico fue relativamente simple permitiendo un desarrollo vertiginoso que se ha extendido con muy pequeñas modificaciones al estudio citogenético de prácticamente todos los seres vivos, sus resultados permiten apreciar que los mecanismos biológicos son idénticos y recientemente en un caso de pérdida embrionaria en alpacas, se ha reportado una delección del cromosoma 36, como agente causal del cuadro patológico. Fellows *et al.* (2012).

En nuestro caso específico, adicionalmente a las estimativas cario-morfo-métricas utilizadas, hemos empleado las técnicas de diferenciación longitudinal del cromosoma para verificar algunas de las características de los cromosomas de los CSA analizados.

Se puede inferir que la Genética como ciencia ha impactado en todos los aspectos y especialidades de las Ciencias Biológicas y en la actualidad se ha convertido en la “disciplina central” que marca el avance registrado por el hombre, siendo innegable que el Proyecto del “Genoma Humano” es el más importante que la humanidad ha desarrollado durante toda su historia, únicamente comparable con el proyecto “Apolo” que llevó al hombre a la superficie lunar.

CAPÍTULO 3: METODOLOGÍA

a- Población estudiada

El total de animales estudiados de ambas especies alcanza el número de 47 individuos, de los cuales 21 son alpacas y 26 son llamas.

Las 21 alpacas estudiadas registran la siguiente procedencia: 12 (8 hembras y 4 machos) eran procedentes del centro poblado de Huari, Distrito de Acoria, Región de Huancavelica 12°03'31.5468" S, 74°59'3.3144" W, y 9 (3 machos y 6 hembras), procedían de la SAIS Tupac Amarú, Distrito de Canchayllo, Provincia de Jauja, Región Junín; 11° 47' 9.9594" S, 75° 43' 4.44"W,

Mientras que las llamas estudiadas fueron 26, siendo: 15 (7 machos y 8 hembras) procedentes de la hacienda Acopalca – Distrito y Provincia de Huancayo, Región Junín, 11°59.11.6664"S, 75°06'9.6588" W. y 11 (2 machos y 9 hembras) eran procedentes del centro poblado de Huari, Distrito de Acoria, Región de Huancavelica 12°03'31.5468" S, 74°59'3.3144" W.

Todos los animales seleccionados eran adultos, con edades entre 4 y 8 años y aparentemente sanos, es importante mencionar que en todos los casos la selección de los ejemplares a estudiar fue realizada por el Médico Veterinario encargado del cuidado de la salud de los animales.

b.- Muestra biológica

1.- *Obtención de la sangre periférica en el campo*

En todos los casos se obtuvo una muestra de sangre periférica de la vena femoral o yugular en condiciones de asepsia, se utilizaron agujas y jeringas estériles del tipo descartables, la sangre obtenida fue recibida directamente en tubos estériles y descartables del tipo vacutainer, conteniendo heparina de Li como anticoagulante. El

tubo fue invertido suavemente varias veces para asegurar la mezcla de la sangre con la heparina.

2.- Transporte de la sangre al Laboratorio de Genética Humana

Con la finalidad de realizar el cultivo de linfocitos en el Laboratorio de Genética Humana de la UNMSM, los tubos heparinizados conteniendo la sangre de los animales seleccionados, fueron colocados de pie en soportes de plástico y acondicionados en cajas térmicas para su transporte a Lima, para tal efecto se utilizaron cubos de hielo que permiten mantener una temperatura entre 4 – 8° C.

Debemos anotar que la operación de transporte de la muestra sanguínea al Laboratorio en Lima, es un paso crucial para obtener divisiones mitóticas de las células linfocíticas, en media se estima que entre la toma de muestra y el sembrado de la sangre periférica el número de días transcurrido no debe ser superior a 3, las experiencias nos indican que a menor tiempo entre la toma de la sangre y el sembrado en el medio de cultivo, la morfología del cromosoma a observar suele ser de mejor calidad.

c.- El cultivo de linfocitos

Se realizó aplicando la técnica rutinaria para el cultivo de linfocitos humanos de nuestro Laboratorio, modificada para los CSA por Ramos (2014), en ningún caso transcurrieron más de 48 h entre la toma de muestra y el inicio del cultivo. Describimos los pasos del cultivo de linfocitos.

1.- Siembra

Utilizamos el medio TC 199 enriquecido con suero bovino fetal, la Concanavalina A como agente mitogénico, los linfocitos fueron incubados a una temperatura de 37° C durante 72 h y se sembraron al menos 2 tubos por cada animal.

2.- Preparación citológica

La preparación citologica es una etapa muy importante del proceso citogenético total y cada uno de los pasos debe ser ejecutado con mucha prolijidad a fin de obtener cromosomas metafásicos ó prometafásicos de muy buena calidad. A priori, podríamos decir que se inicia con la preparación de los linfocitos para su observación durante la metafase, es decir con la adición de la colchicina.

i.- Adición de la colchicina

A las 70 h, se adicionó a cada tubo de cultivo 0.1 ml de una solución de colchicina a una concentración de 4 µg/ml, y en seguida los tubos fueron colocados nuevamente en la estufa a 37° C por 2 horas adicionales.

ii.- Hipotonización

A las 72 h se realizó la hipotonización, utilizando una solución de KCl 0.075M a 37° C por 15 minutos, luego procedimos a centrifugar la muestra para eliminar el sobrenadante. En todos los casos las centrifugaciones fueron programadas a 400 gravedades (g) durante 10 minutos.

iii.- Fijación

Como fijador utilizamos una solución de Carnoy recientemente preparada, en una proporción de 3 de alcohol etílico para 1 de ácido acético glacial, a cada tubo se le aplicó 2 baños sucesivos de 30 minutos cada uno.

iv.- Preparación de láminas

El *pellet* obtenido después de la última fijación es diluído con el fijador Carnoy recientemente preparado, hasta alcanzar un volumen de 0.3 a 0.5 ml de acuerdo a la magnitud del *pellet*, se homogeniza suavemente y se colocan 2 gotas del *pellet* diluído en una lámina porta objetos limpia, lavada previamente y conservada en agua destilada helada en la refrigeradora. Se coloca 1 gota en un extremo de la lámina y la

siguiente gota en la parte media, el extremo de la lámina no utilizado se reserva para colocar el nombre y/o número del animal, fecha, técnica de cultivo y otras anotaciones que permitan reconocer el animal y el proceso utilizado. La lámina se deja secar al medio ambiente, en concordancia con Dutrillaux y Couturier (1981)

d.- Coloración

Se realizó con el colorante Giemsa diluído al 2% en buffer fosfato, a pH 6.8 y por un tiempo de 10 minutos, el lavado de las láminas coloreadas se realiza con agua de caño y se dejan secar al medio ambiente y luego se guardan en cajas de láminas hasta su observación.

e.- Observación al microscopio

Inicialmente se realiza con el objetivo de 10 X que nos permite ubicar las metafases y realizar una primera selección de aquellas sin sobreposiciones cromosómicas, y luego con el objetivo de 100 X para afinar la observación y seleccionar las mejores metafases, con cromosomas numéricamente completas y que serán fotografiadas para ser analizadas.

f.- La impresión fotográfica de las metafases seleccionadas para el análisis

El análisis citogenético se realizó en las metafases fotografiadas que habían sido previamente seleccionadas para la impresión fotográfica por reunir los siguientes criterios de selección:

Número cromosómico completo (74).

Metafase sin sobreposiciones o muy pocas.

Cromosomas uniformemente coloreados.

Morfología cromosómica claramente discernible.

En algunos casos se consideró a las metafases con cromosomas elongados del tipo de los metafásicos precoces ó prometafásicos.

Las fotografías se imprimieron en los microscopios del Laboratorio de Genética Humana, utilizamos el Dialux 20 y el Leica 2000 para las metafases coloreadas con Giemsa, y en el caso de las láminas tratadas por las técnicas RHG, GTG y CBG, el Leica 2500 del Laboratorio especializado que cuenta con la cámara fotográfica y el software *karyotype*.

g.- El análisis citogenético

El análisis citogenético se realizó en las fotografías de las placas metafásicas o pro metafásicas que mostraban 74 cromosomas, elongados y sin sobreposiciones.

A fin de asignar con seguridad la posición de cada par cromosómico en el cariotipo de llamas y alpacas estudiadas, procedimos a estimar las medidas de la Longitud Relativa (LR) y del Índice centromérico (IC) de cada cromosoma en 5 metafases seleccionadas de las llamas y alpacas analizadas. En cada caso se analizó un mínimo de 5 placas metafásicas o pro-metáfásicas por animal. (Ver tabla N° 2 en pag 51)

Los resultados de estas estimativas se ordenaron para cada metafase, habiéndose analizado un mínimo de 5 metafases por cada animal estudiado. (Ver tablas 6 – 19 en pag 101)

h.- Estimativa de la LR de cada cromosoma

Para estimar la LR de cada par cromosómico, se procedió de la siguiente manera:

- 1.- Medir separadamente el “p” y el “q” de ambas cromátides hermanas en cada cromosoma homólogo, desde el centrómero hasta el telómero de cada brazo.
- 2.- Anotar el resultado de la medida en un casillero específico para cada cromosoma homólogo, sus dos cromátides hermanas y ambos brazos cromosómicos (p y q).

3.- La suma de ambos brazos ($p+q$) representa la longitud de cada cromátide hermana.

4.- Las medias de ambas cromátides hermanas representan la LR de cada cromosoma.

5.- La LR estimada para cada cromosoma es comparada con la posición asignada en el cariotipo visualmenet. En caso de duda prevalece la posición estimada con el software Katyotype.

i.- Estimativa del IC y la morfología del cromosoma según Levan *et al.* (1964)

Para estimar el IC de cada cromosoma, aplicamos los criterios de Levan *et al.* (1964), estimando la longitud de cada brazo cromosómico y aplicando la fórmula $IC = p/p+q$, que permite obtener un cuociente para cada cromosoma y verificar su morfología en concordancia con los valores de Levan *et al.* (1964). Ver tablas: N° 1 en èsta pag, N° 2 en pag 51 y del 6 al 19 en pag 101 al 127.

Tabla N° 1.- Morfología cromosómica según los valores del ÍC de Levan *et al.* (1964)

MORFOLOGÍA CROMOSÓMICA	VALORES DEL ÍNDICE CENTROMÉRICO
Metacéntrico	0.50 – 0.38
Sub metacéntrico	0.37 – 0.26
Sub telocéntrico	0.25 – 0.13
Telocéntrico	0.12 – 0.09

j.- La confección del cariotipo de llamas y alpacas basados en la LR

La confección de los cariotipos de llamas y alpacas a partir de las metafases coloreadas con Giemsa, se inicia con la elaboración del cariotipo basados en la apreciación visual, enseguida se procede a la estimativa de la LR y el IC de los cromosomas utilizando el software Karyotype, el cariotipo confeccionado visualmente será verificado con las estimativas de la LR y corregido cuando se encuentra una discordancia.

Esta metodología permite la corrección de los errores de apreciación cometidos involuntariamente, y que de manera general podemos afirmar que fueron muy pocos en las metafases analizadas.

CAPÍTULO IV: RESULTADOS

a.- Presentación de los resultados

Para facilitar la comprensión de nuestros resultados los presentaremos de manera ordenada y sencilla, por esta razón se han organizado temáticamente respetando la secuencia expuesta en la Metodología y tomando como punto referencial los objetivos trazados, haremos énfasis en aquellos que representan una importancia singular para la problemática citogenética de la familia Camelidae en general y específicamente para la genética y evolución de las llamas y alpacas

Presentaremos los resultados en tablas y figuras de manera secuencial, partiendo de la estimativa de la LR y el IC de los cromosomas metafásicos y/o prometafásicos de llamas y alpacas coloreados con Giemsa, continuaremos con las imágenes de las metafases y cromosomas específicamente estudiados con otras metodologías como las técnicas RHG, GTG y/o CBG, y que han brindado una valiosa información.

Hemos dividido los resultados en 4 títulos asignándoles una secuencia que guarda relación con el desarrollo del proyecto y la complejidad de cada uno en el panorama general del significado de las mutaciones cromosómicas en la evolución de las especies estudiadas y de la familia Camelidae en general, con las limitaciones propias de las muestras específicas analizadas.

-Sobre la LR y el IC de los cromosomas de llamas y alpacas.

-La morfología de los cromosomas sexuales de llamas y alpacas y la familia Camelidae.

-Sobre la morfología diferencial de los cromosomas 34 y 35 en llamas y alpacas.

-El polimorfismo del brazo corto del cromosoma 1 de llamas y alpacas.

En todos los casos ilustraremos nuestros resultados con imágenes y tablas que faciliten la comprensión de los mismos.

b.- Sobre la LR y el IC de los cromosomas de llamas y alpacas

Las estimativas de la LR fueron realizadas en las metafases obtenidas a partir del cultivo de linfocitos de llamas y alpacas, y coloreadas con el Giemsa como colorante. Los valores de la LR y el IC de los cromosomas fueron obtenidos a partir de 5 metafases seleccionadas en cada ejemplar estudiado, y en ellas se tomaron las medidas del p y del q de ambas cromátides de cada cromosoma homólogo. En todos los casos las medidas fueron realizadas aplicando los criterios de “selección de metafases” definidos en la Metodología.

Con las estimativas del p y q, se calcularon la LR y el IC de cada cromosoma, los resultados obtenidos se pueden apreciar en las figuras numeradas del 6 al 9 de los “Resultados” (pag 47 – 50), y en las tablas numeradas del 10 al 23 de la sección “Anexos” (pag. 102 – 128), que hacen un total de 14 tablas con las estimativas cromosómicas mencionadas, incluyendo los valores del IC y de la LR obtenidos para cada par cromosómico de las llamas y alpacas analizadas en la tesis, estimamos que las metafases son representativas de ambas especies. La tabla N° 2 (pag. 51) contiene la información correspondiente a la media de las medidas obtenidas en 5 metafases de una alpaca del sexo masculino, indicando que en nuestros archivos guardamos un número mayor de tablas y fotos que pueden ser obtenidas a solicitud.

Aplicando los resultados de la estimativa de la LR y el IC de cada cromosoma, se introdujeron las correcciones necesarias en los cariotipos de llamas y alpacas que previamente habíamos confeccionado considerando únicamente la capacidad visual.

Esta metodología nos brinda la posibilidad de corregir errores involuntariamente cometidos con la seguridad de encontrar la correspondencia entre los cromosomas “homeólogos” (homólogos interespecíficos) de llamas y alpacas, ó procedentes del mismo ancestro según Lacadena, (1996). Es decir una “cierta garantía” de la

identificación de los cromosomas “homólogos” inter-específicos de llamas y alpacas. (Ver figuras del N° 6 al 9 y de las pag. 47 - 50).

Con los valores del IC, los cromosomas de cada especie fueron clasificados morfológicamente de acuerdo a los criterios de Levan *et al.* (1964) y la distribución de cada tipo cromosómico en ambas especies se puede apreciar en las tablas N° 3 y N° 4. (Pag. 55) La comparación de ambas tablas nos permite distinguir claramente que en llamas existe un par cromosómico metacéntrico adicional al que poseen las alpacas, mientras que con respecto a los cromosomas subtelocéntricos, en las llamas existe un par menos que en las alpacas. (Ver tablas N° 3, 4 y 5 en pag 53).

La diferencia en el número de cromosomas subtelocéntricos y metacéntricos entre los cariotipos de llamas y alpacas, es originada en la morfología diferencial del cromosoma 35, que se aprecia como un metacéntrico en llamas y como subtelocéntrico en alpacas, tal como se puede observar en las figuras del 7 al 10 (Pag. 47 - 50), que corresponden a 4 cariotipos provenientes de 2 metafases de cada especie, siendo un individuo de cada sexo, en ambos casos han sido coloreados con Giemsa. En la sección de los “anexos” se podrá encontrar un número mayor de metafases y cariotipos de llamas y alpacas de ambos sexos que permiten apreciar nítidamente la característica morfológica diferencial del cromosoma 35 que se definió como metacéntrico en llamas y subtelocéntrico en alpacas, en la totalidad de las metafases estudiadas.

Adicionalmente, es importante manifestar que los cromosomas sexuales (X e Y) de ambas especies son metacéntricos, correspondiéndole al X ser el “metacéntrico” mayor, y al Y el cromosoma más pequeño del cariotipo e igualmente metacéntrico. En síntesis, podemos afirmar que la estimativa de la LR y el IC en los cromosomas metafásicos y/o prometafásicos de llamas y alpacas coloreados con Giemsa nos ha permitido verificar las siguientes características cariotípicas de ambas especies:

- 1.- Las llamas y las alpacas son portadoras de un cariotipo con 74 cromosomas y un mecanismo de determinación sexual del tipo XX/XY.

- 2.- Ambos cromosomas sexuales son metacéntricos, el X es el cromosoma metacéntrico mayor del cariotipo y representa aproximadamente el 4.7% del genoma, mientras que el Y es el cromosoma metacéntrico menor del cariotipo y representa aproximadamente el 0.7% del genoma en ambas especies.
- 3.- El cromosoma 1 es el de mayor LR y representa aproximadamente el 5.7% del genoma de alpacas y llamas, mientras que el cromosoma 36 es el autosómico de menor LR y representa aproximadamente el 1% del genoma de ambas especies.
- 4.- El cromosoma 35 es subteloecéntrico en alpacas y metacéntrico en llamas.
- 5.- La estimativa de la LR de cada cromosoma, nos permitió determinar la posición inequívoca de cada par en el cariotipo y analizar comparativamente los homeólogos de ambas especies.

A continuación, presentaremos en ésta misma sección, algunas de las metafases y cariotipos de ambas especies y de ambos sexos, a fin de ilustrar una parte de los resultados obtenidos y que corresponden a la coloración con el Giemsa. Ver figuras del N° 7 al N° 10 en las páginas 47 - 50.

En la sección de Anexos (Pag. 88 - 100) presentamos un número adicional de metafases y cariotipos analizados en las dos especies estudiadas, y que nos permiten ilustrar los resultados experimentales obtenidos, utilizando otras metodologías citogenéticas que permiten un análisis del patrón de diferenciación longitudinal de los cromosomas metafásicos y/o prometafásicos de las poblaciones analizadas, mientras que en las páginas 101 al 128 presentamos 14 tablas con las medidas del p y q y las estimativas de la LR y del IC en ambas especies.

c.- Figuras del 7 - 10, de 4 metafases de llamas y alpacas de ambos sexos.

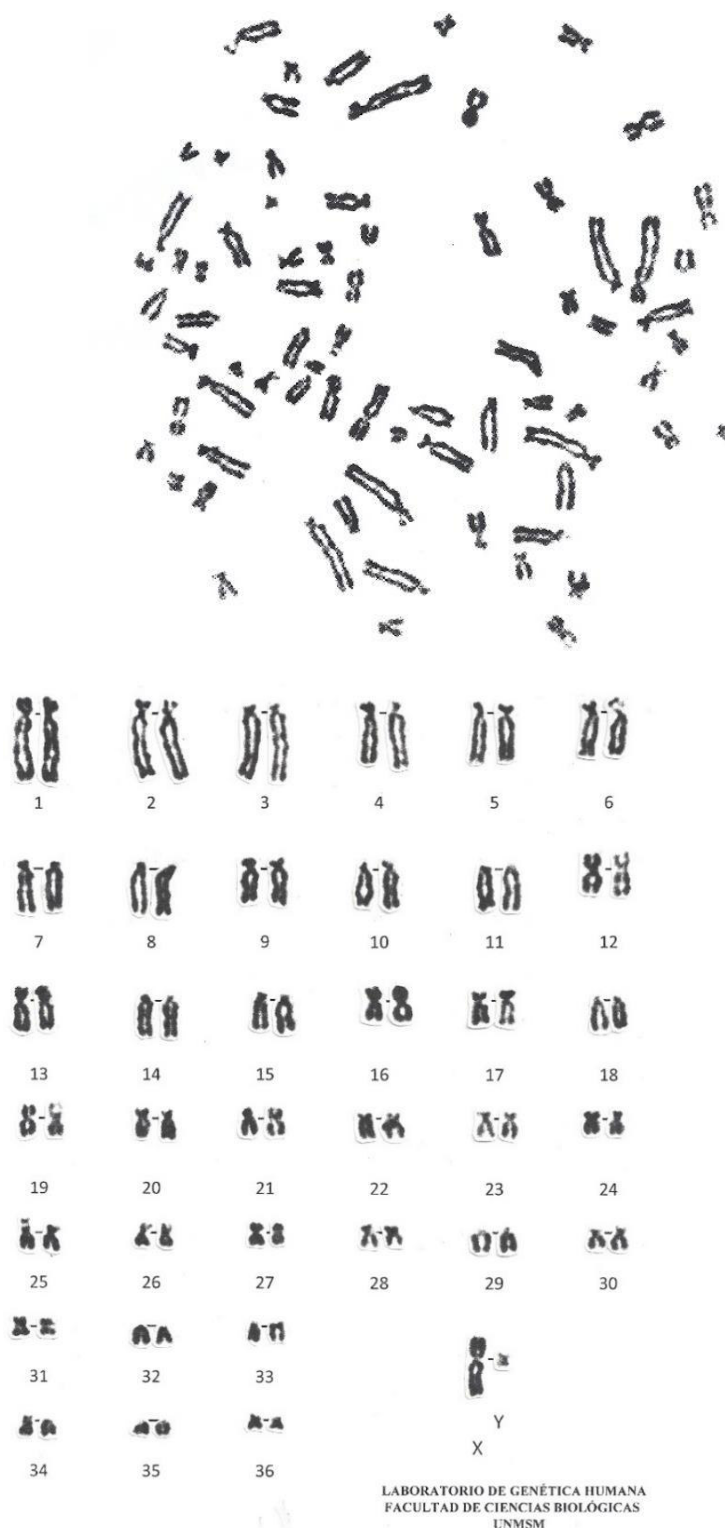


Figura N° 7.- Metafase de alpaca ♂ coloración Giemsa y el cariotipo. Se puede apreciar que la metafase tiene 74 cromosomas, bastante elongados y sin sobreposiciones, siendo relativamente fácil apreciar la ubicación del centrómero en todos los casos. Observar que el Y es el metacéntrico más pequeño del cariotipo de alpacas y también en llamas, mientras que el 34 y el 35 son subteloicéntricos.

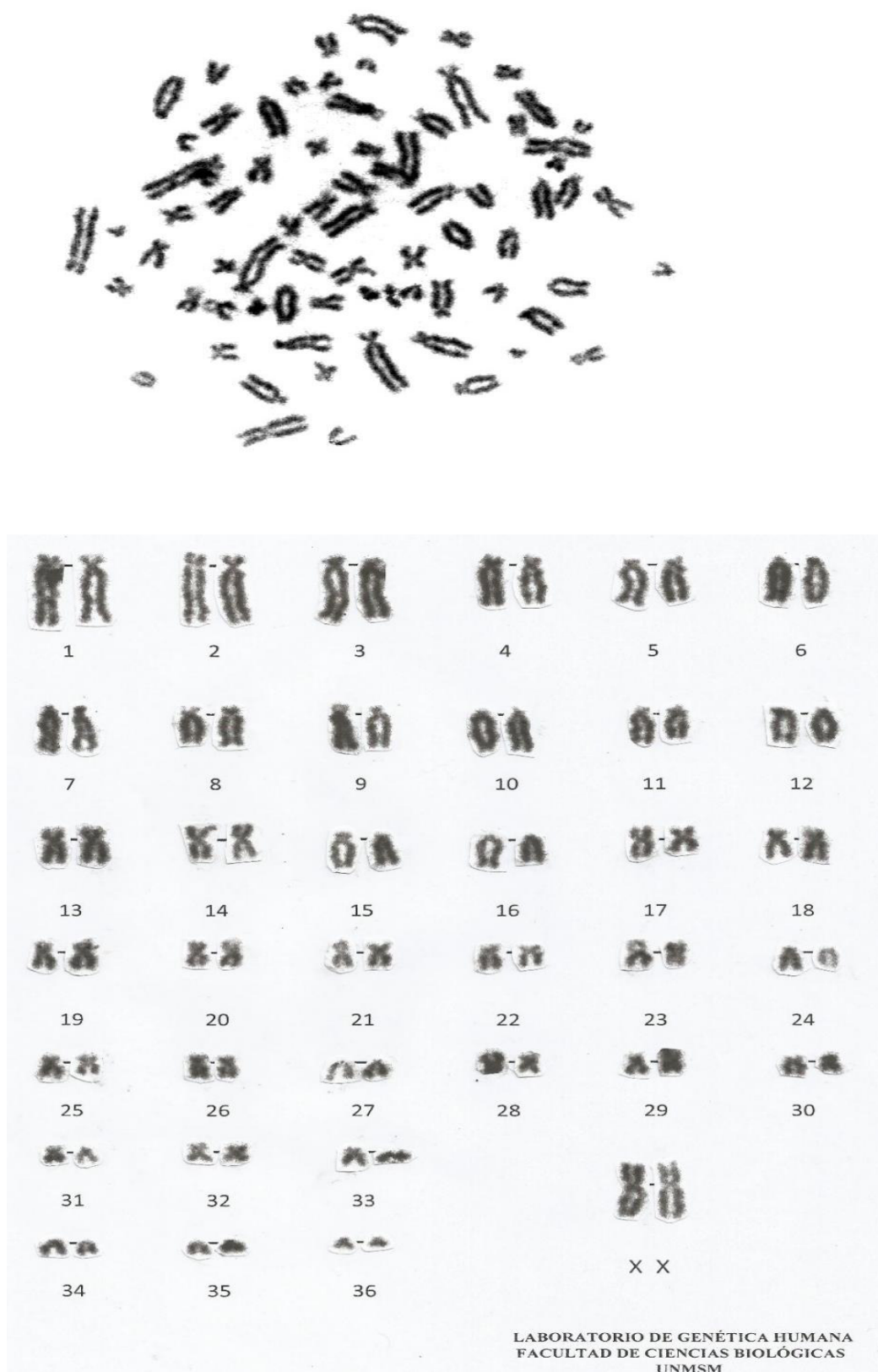
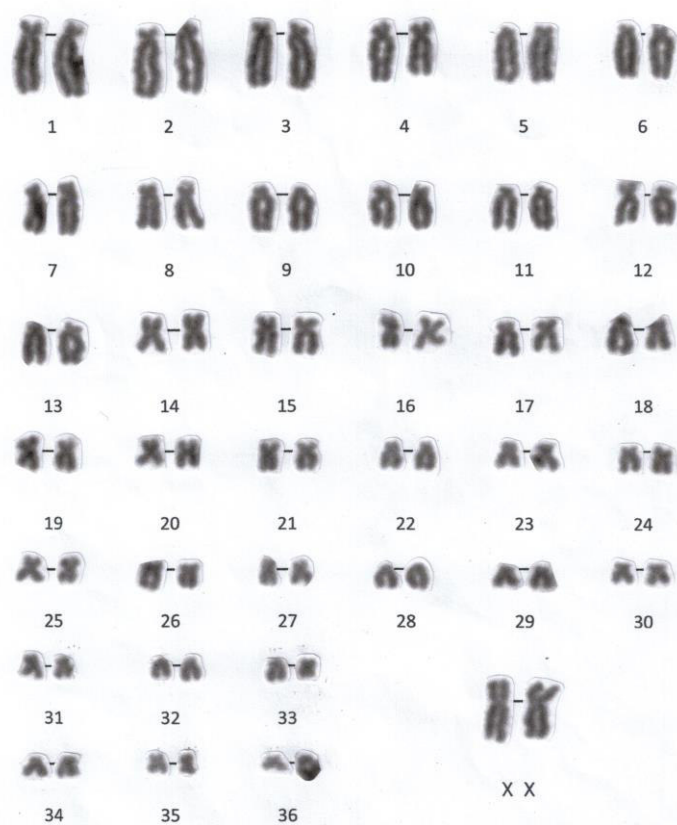
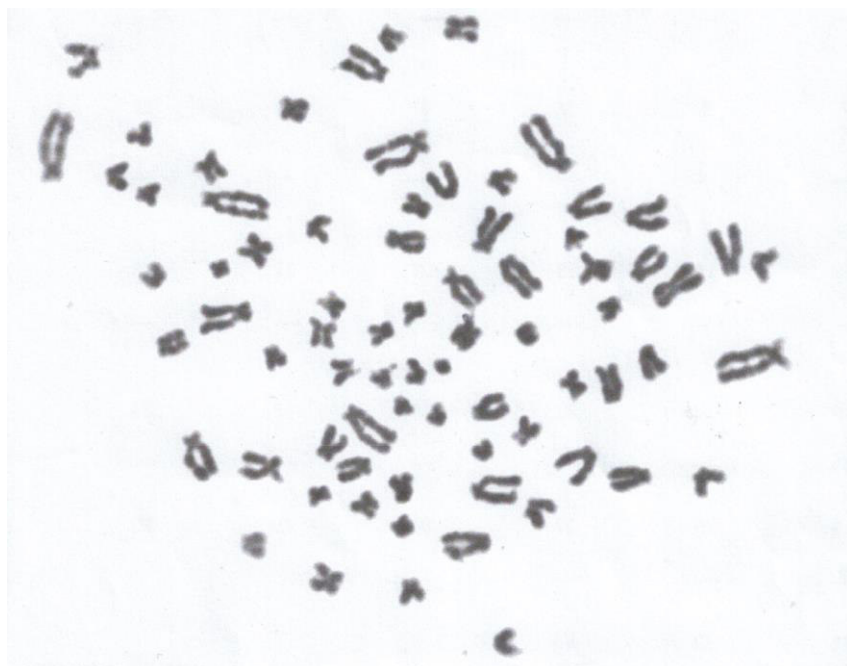


Figura N° 8.- Metafase de alpaca ♀ coloreada con Giemsa y el cariotipo. Observar que el cromosoma 35 es subtelocéntrico.



LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
UNMSM

Fig. N° 9.- Metafase de una llama ♀ coloreada con Giemsa y cariotipo. Apreciarse que en llamas el cromosoma 35 es metacéntrico.

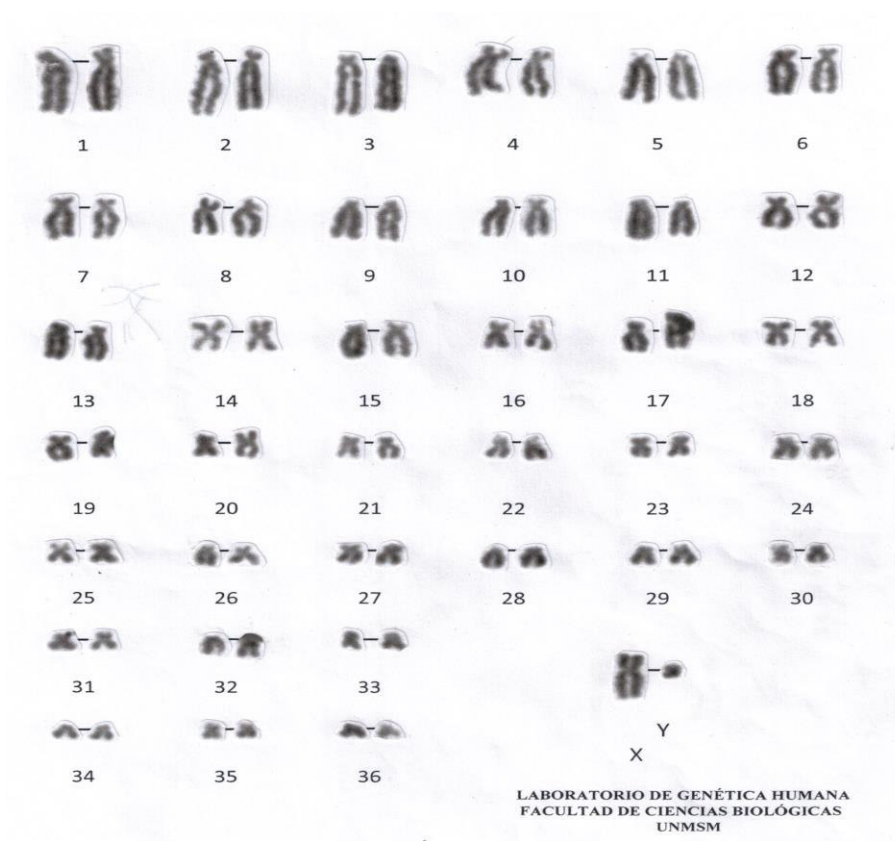


Figura N° 10.- Metafase de llama ♂ coloreada con Giemsa y cariotipo. Observar que en llamas el cromosoma 35 es metacéntrico.

d.- TABLA N° 2.- Estimativas promedio de la LR y del IC en 5 metafases de una alpaca del sexo masculino.

CROMOSOMA N°	LR	IC	MORFOLOGÍA CROMOSÓMICA
1	5.78	0.21	St
2	5.41	0.19	St
3	4.80	0.13	St
4	4.20	0.15	St
5	3.98	0.17	St
6	3.77	0.15	St
7	3.59	0.17	St
8	3.47	0.23	St
9	3.30	0.18	St
10	3.27	0.22	St
11	3.19	0.27	Sm
12	3.12	0.23	St
13	3.00	0.34	Sm
14	2.93	0.29	Sm
15	2.70	0.29	Sm
16	2.59	0.39	M
17	2.55	0.24	St
18	2.45	0.32	Sm
19	2.33	0.20	St
20	2.21	0.26	Sm
21	2.07	0.31	Sm
22	1.96	0.32	Sm
23	1.93	0.37	M
24	1.89	0.32	Sm
25	1.87	0.43	M
26	1.79	0.34	Sm
27	1.71	0.30	Sm
28	1.67	0.37	M
29	1.63	0.39	M
30	1.59	0.25	Sm
31	1.53	0.39	M
32	1.44	0.24	St
33	1.35	0.23	St
34	1.29	0.30	Sm
35	1.19	0.26	Sm
36	1.07	0.21	St
X	4.41	0.40	M
Y	0.98	0.42	M

e.- La morfología de los cromosomas sexuales de llamas y alpacas

1.- La morfología del cromosoma X

El cromosoma X de llamas y alpacas es metacéntrico, y le corresponde ser el cromosoma metacéntrico de mayor LR en ambas especies. (Ver fig. N° 11)



Figura N° 11.- Los cromosomas X en una llama del sexo femenino. La coloración con Giemsa, permite apreciar la morfología metacéntrica del cromosoma X.

Adicionalmente, quisiera recordar que el cromosoma X en el caso de los mamíferos del tipo eutheria, está considerado como el cromosoma “mejor conservado” en términos de secuencias nt y genes funcionales y equivale aproximadamente al 5% del genoma nuclear (Ohno 1967, Morton 1991).

2.- La morfología del cromosoma Y

El cromosoma Y de llamas y alpacas también es morfológicamente metacéntrico, representa al cromosoma más pequeño de todo el cariotipo y es equivalente aproximadamente a un valor algo menor al 1% del genoma nuclear. (Ver figura N° 12).

Su morfología es relativamente de fácil diferenciación, pues al encontrarse en dosis única en los individuos del sexo masculino es el “único” que carece de pareja, es el cromosoma más pequeño del cariotipo a la observación microscópica y las estimativas de la LR y del IC lo han confirmado. Su reconocimiento es posible de ser

realizado en las metafases coloreadas con Giemsa que reúnan los pre requisitos definidos en la Metodología para ser fotografiados.

CROMOSOMA Y	
ALPACA	LLAMA

Figura N° 12.- El cromosoma Y de llamas y alpacas coloreado con Giemsa. En ambas especies el cromosoma Y es nítidamente metacéntrico, de dimensiones equiparables y no deja ninguna duda acerca de la posición central del centrómero.

3.- *La morfología del cromosoma Y de llamas y alpacas con el tratamiento GTG*

Utilizando la coloración GTG el cromosoma Y de llamas y alpacas muestra una morfología nítidamente metacéntrica y adicionalmente, la misma secuencia de diferenciación longitudinal. (Ver fig N° 13)

CROMOSOMA Y	
ALPACA	LLAMA

Figura N° 13.- La técnica GTG y el cromosoma Y de alpacas y llamas.- El tratamiento GTG permite verificar la morfología metacéntrica del cromosoma Y en llamas y alpacas, e igualmente se aprecia la misma secuencia de diferenciación longitudinal del cromosoma.

f.- Sobre la morfología diferencial de los cromosomas 34 y 35 en llamas y alpacas

El análisis de los cariotipos coloreados con Giemsa, mostró la existencia de una correspondencia de la homeología cromosómica “casi total” entre llamas y alpacas, las únicas diferencias morfológicas detectadas están representadas por los pares 34 y 35 siendo éste último par, portador de la más notable de todas ellas, puesto que en llamas él 35 es de “morfología metacéntrica” mientras que en alpacas aparece como un cromosoma “subtelocéntrico”, tal como lo reportara Ramos en su Tesis de Maestría (2014). (Ver figuras del 7 al 10)

En relación al cromosoma 34 de ambas especies, se debe manifestar que no ha sido posible confirmar la existencia de una diferencia morfológica clara como la observada para el cromosoma 35, las estimativas del IC en ambas especies no muestran valores diferentes y no se ha detectado una morfología diferencial con la metodología empleada, pero tampoco podemos negarla, es posible que la diferencia sea tan pequeña que podría caer en el límite de la capacidad resolutive del ojo humano. (Ver Figura N° 6). No obstante, se puede apreciar en las mejores preparaciones una pequeñísima diferencia muy “sutil” entre los cromosomas 34 de ambas especies, con un cromosoma 34 submetacéntrico en llamas y subtelocéntrico en alpacas. y creemos que amerita la aplicación de una metodología de mejor nivel resolutive que podría ser la del FISH (Fluorescence *in situ* hybridization). (Ver figuras del 7 al 10).

En las tablas N° 3, 4 y 5 de la pag. 55, se puede apreciar que el cromosoma 35 en las llamas es del tipo metacéntrico, mientras que en las alpacas es del tipo subtelocéntrico. Por otro lado el cromosoma 34 en ambas especies es del tipo subtelocéntrico.

Tabla N° 3.- Valores de LR, IC y morfología cromosómica para los pares 34 y 35 de llamas y alpacas.

Cromosoma	LR	IC	Morfología
34 de Llamas	1.27	0.06	Sub telocéntrico
34 de Alpacas	1.23	0.06	Subtelocéntrico
35 de Llamas	1.21	0.38	Metacéntrico
35 de Alpacas	1.16	0.06	Subtelocéntrico

Tabla N° 4: Morfología cromosómica en alpacas según los valores del IC.

Tipo cromosómico	N° de pares cromosómicos	TOTAL
Telocéntrico	0	0
Subtelocéntrico	1-11, 13, 15, 17, 28, 30, 34, 35	18
Submetacéntrico	14, 18, 21, 23-26, 32, 33	10
Metacéntrico	12, 16, 19, 20, 22, 27, 31, 36, X,	8A + X + Y

Tabla N° 5.- Morfología cromosómica en llamas según los valores del IC.

Tipo cromosómico	Pares cromosómicos	TOTAL
Telocéntrico	0	0
Subtelocéntrico	1 – 11, 13, 15, 17, 28, 30, 34 ,	17
Submetacéntrico	14, 18, 21, 23 - 26, 29, 32, 33	10
Metacéntrico	12, 16, 19, 20, 22, 27, 31, 35 , X, Y	9A, X, Y

Apreciar que la única diferencia en la morfología cromosómica del cariotipo de llamas y alpacas se encuentra en la comparación morfológica del cromosoma 35 que es metacéntrico en llamas y subtelocéntrico en alpacas.

g.- Comparación de la morfología del cromosoma 34 de llamas y alpacas tratados con diferentes metodologías citogenéticas

En las imágenes que se adjuntan se puede apreciar la morfología del cromosoma 34 de alpacas y llamas con las técnicas de coloración de Giemsa. CBG y RHG. (Ver fig 14, 15 y 16)

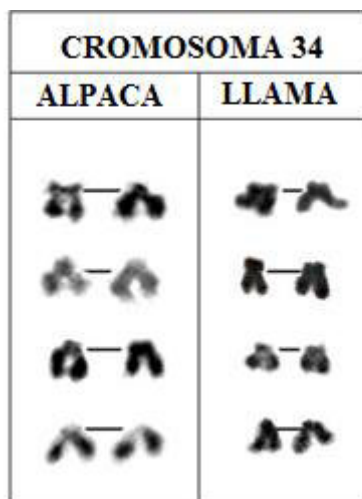


Figura N° 14.- El cromosoma 34 de alpacas y llamas coloreado con Giemsa. Se puede apreciar un ligero esbozo de morfología submetacéntrica del cromosoma 34 de las llamas, mientras que en alpacas claramente es del tipo subtelocéntrico.

1.- Comparación del cromosoma 34 de llamas y alpacas aplicando la técnica CBG

La técnica CBG es específica para localizar la heterocromatina constitutiva y se ha convertido en la metodología de elección para caracterizar a los centrómeros y las regiones pericentroméricas, en algunos casos la marcación positiva es muy clara en las regiones ricas en DNA altamente repetitivo como en el brazo largo del Y, y las constricciones secundarias de los cromosomas 1, 9 y 16 del hombre. En el caso del cromosoma 34 de llamas y alpacas se aprecia una marca muy tenue que indica ser portador de una escasa cantidad de heterocromatina constitutiva, en algunas metafases se puede apreciar una banda positiva centromérica muy discreta en alpacas pero casi inexistente en llamas. Adicionalmente el brazo corto en ambas especies es muy corto y no ha sido posible apreciar una diferencia clara. (Ver fig. 15).

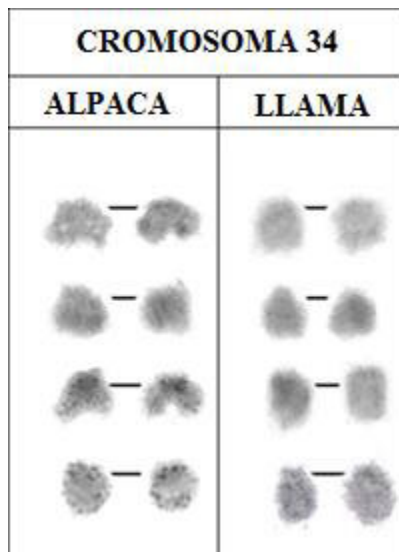


Figura N° 15.- El cromosoma 34 de alpacas y llamas tratados con la técnica CBG. Se puede apreciar que la heterocromatina constitutiva en ambas especies es muy poco abundante y casi inexistente en las regiones centroméricas. Asimismo la morfología del 34 en ambas especies es del tipo subtelocéntrico.

2.- La técnica RHG aplicada en el cromosoma 34 de llamas y alpacas

La aplicación de la técnica RHG muestra la existencia de bandas R terminales positivas en los telómeros de ambos brazos del cromosoma 34 de llamas y alpacas, asimismo se puede apreciar que el brazo corto del 34 es ligeramente más largo en llamas que en alpacas, sin embargo esta diferencia solo se puede apreciar en algunas metafases. (Ver fig. N° 16).

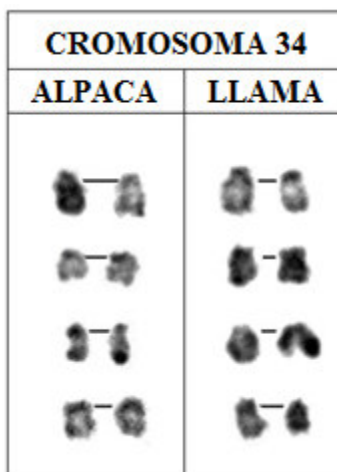


Figura N° 16: El cromosoma 34 de alpacas y llamas tratado por la técnica RHG. La diferencia del brazo corto entre ambos cromosomas es prácticamente inexistente, y la morfología es del tipo subtelocéntrica de observación muy nítida.

h.- Aplicación de las técnicas CBG, RHG y GTG sobre el cromosoma 35 de llamas y alpacas

Los resultados obtenidos sobre la morfología del cromosoma 35 de llamas y alpacas nos permiten afirmar que difieren nítidamente, en alpacas el 35 es subtelocéntrico y en llamas es metacéntrico. Las imágenes que se muestran en las figuras del 7 al 10 sustentan nuestras afirmaciones y han sido obtenidas aplicando la coloración convencional de Giemsa, y adicionalmente las técnicas CBG, GTG y RHG ((Ver figuras N°s. 17, 18, 19 y 20)

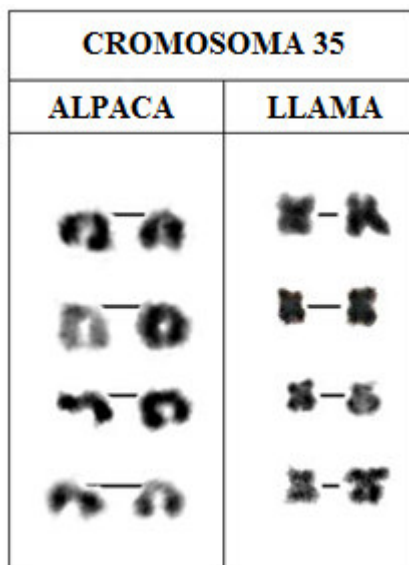


Figura N° 17.- El cromosoma 35 de alpacas y llamas coloreado con Giemsa. Es posible apreciar nítidamente la morfología metacéntrica del cromosoma 35 de llamas, mientras que en las alpacas el 35 es submetocéntrico.

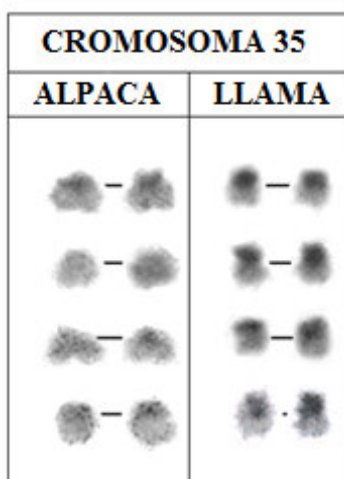


Figura N° 18.- Morfología comparativa del cromosoma 35 en alpacas y llamas aplicando la técnica CBG. En alpacas el cromosoma 35 es submetocéntrico y la heterocromatina constitutiva es muy escasa, mientras que en llamas el cromosoma 35 es metacéntrico y la heterocromatina es algo menos escasa, adicionalmente se puede apreciar que la marca C(+) se extiende cubriendo casi totalmente el p.

Aplicando la técnica GTG, el cromosoma 35 de alpacas y llamas aparece claramente diferenciable, en llamas es metacéntrico y apreciamos una banda G positiva muy nítida en cada brazo, mientras que en las alpacas es submetocéntrico y la banda G positiva aparece en el brazo largo, esta imagen refuerza nuestra interpretación inicial

de la ocurrencia de una inversión pericéntrica que podría haber ocurrido en el ancestro de ambas especies. (Ver fig. N° 19)

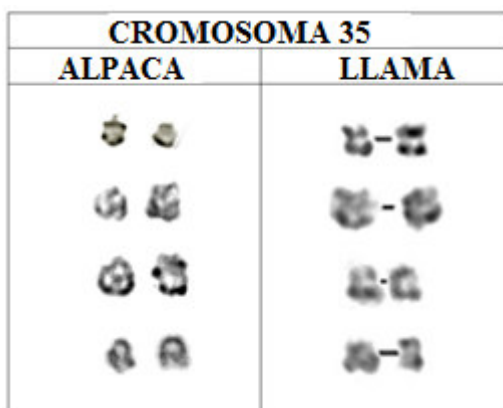


Figura N° 19.- El cromosoma 35 de alpacas y llamas tratado por la técnica GTG. La morfología metacéntrica del 35 en llamas y subtlocéntrica en alpacas es claramente apreciable.

Aplicando la metodología RHG, el análisis comparativo del cromosoma 35 en alpacas y llamas permite apreciar muy nítidamente la morfología metacéntrica en llamas y subtlocéntrica en alpacas, en el cromosoma de llamas se puede apreciar una banda q telomérica muy notable, y una banda mediana en p como la más importante (Ver fig. N° 20).

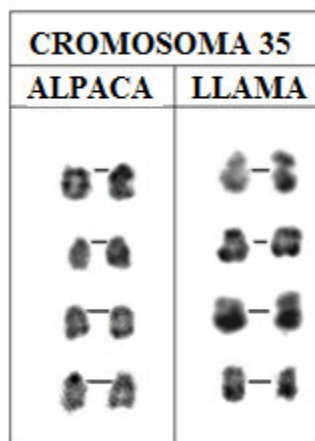


Figura N° 20.- Comparación de la morfología del cromosoma 35 de llamas y alpacas tratados por la técnica RHG, El cromosoma 35 de alpacas es del tipo subtlocéntrico y el de llamas es metacéntrico, morfología que se aprecia claramente en la imagen que se muestra.

i.- El polimorfismo del cromosoma 1p en llamas y alpacas

Los antecedentes acerca del polimorfismo del brazo corto del cromosoma 1 de llamas y alpacas, se remontan a la publicación de Marín *et al* (2007a), en la que basados en la existencia de un dimorfismo de una banda G(+) terminal (telomérica) o centromérica en el brazo corto del 1 y en los resultados del análisis del DNA mitocondrial de los CSA, propusieron una relación filogenética de dos líneas ancestrales que relacionan al guanaco (*Lama guanicoe*) con la llama (*Lama glama*) como integrantes de un grupo parafilético: El Género *Lama*; y a la alpaca (*Vicugna pacos*) con la vicuña (*Vicugna vicugna*) como integrantes del otro grupo ancestral que en este caso corresponde al Género *Vicugna*.

j.- Variables del cromosoma 1p de alpacas y llamas con el tratamiento GTG

Nuestros hallazgos en el análisis del cromosoma 1 de llamas y alpacas con las metodologías GTG y RHG, nos muestra claramente la existencia de dos tipos de cromosomas 1: cromosoma 1 tipo a y cromosoma 1 tipo b. (Ambos tipos cromosómicos son evidentes con el tratamiento GTG y RHG):

El cromosoma 1 “**tipo a**”, presenta una secuencia GTG que se inicia con una banda G(-) en el centrómero, seguida por una banda G(+), luego una banda G(-) y finaliza con una banda G(+) terminal. (Ver fig. N° 21).

Mientras que el cromosoma 1 “**tipo b**”, se inicia con una banda G(-) proximal al centrómero, para terminar con una G(+) ter muy notable, haciendo un total de dos bandas marcadoras. (Ver fig. N° 21). En las mejores preparaciones citológicas las 4 bandas descritas son apreciables nítidamente.





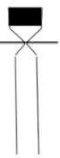
CROMOSOMA 1	ALPACA		ESQUEMA
TIPO : a			
TIPO : b	LLAMA	ALPACA	ESQUEMA
			

Figura N° 21.- Tipos de cromosoma 1 observados en alpacas y llamas con el tratamiento GTG. En alpacas se puede observar ambos tipos de cromosomas 1: **a** y **b**; mientras que en las llamas únicamente se ha encontrado el cromosoma 1 del tipo **b**, lo cual determina que en todos los casos las llamas sean homocigóticas para la variable b del cromosoma 1 (bb)

a partir del análisis de la secuencia de diferenciación longitudinal del brazo corto del cromosoma 1 con ambas técnicas de tratamiento. (Ver Fig. N° 21)

k.- Distribución del heteromorfismo del 1p en alpacas y llamas

En la población de alpacas analizadas hasta la fecha se ha observado ambos tipos de cromosomas 1 (**a** y **b**), mientras que en las llamas de Junín y Huancavelica solo se ha identificado el cromosoma 1 del tipo **b**, es decir, todas las llamas analizadas son homocigóticas (**bb**) para la variable b del cromosoma 1, mientras que las alpacas pueden conformar las tres combinaciones posibles del cromosoma 1: **aa**, **ab** y **bb**, en proporciones aún no determinadas. Ver fig. 22 y 23.




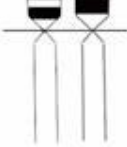
ab	ab	ab	ESQUEMA
			

Figura N° 22.- Distribución heteromórfica del cromosoma 1p con la técnica GTG en alpacas

Se observa el heteromorfismo del cromosoma 1 en alpacas procedentes de Huari; en la figura N° 22 se puede apreciar la conformación heteromórfica del brazo corto del 1 en los animales analizados, mientras que en la última columna se muestra la representación esquemática de la diferenciación GTG.




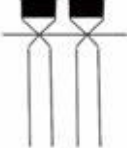
bb	bb	bb	ESQUEMA
			

Figura N° 23.- Distribución homomórfica del cromosoma 1p en llamas con la técnica GTG.

Se observa el homomorfismo para el cromosoma 1 del tipo “b” en una **alpaca**, con ambos homólogos presentando el tipo de marcación “b”, según el esquema.

Teóricamente deberíamos esperar el homomorfismo para la variable cromosómica “a” (aa). A priori podríamos pensar en dos eventualidades: 1. Encontramos la forma “aa”, 2. no encontramos la forma “aa”. En el segundo caso de no encontrarse, la hipótesis más probable de la diferencia de las variables “a” y “b” podría ser que “a” se originó a consecuencia de una delección, la misma que sería inviable en homocigosis.

1.- El cromosoma 1p tratado con la técnica RHG

La técnica RHG tiene la virtud de colorear positivamente las regiones terminales de los cromosomas humanos y de mamíferos, en las figuras 24 y 25 que se adjuntan se puede apreciar el resultado obtenido en las metafases de 3 llamas y 3 alpacas, en las que aparentemente únicamente la alpaca muestra la existencia de un dimorfismo para la banda R (+) terminal del p del cromosoma 1.

Las imágenes permiten apreciar con nitidez que en relación a la secuencia de bandas R, en las llamas existe un único tipo de cromosoma 1, el 1b; por tanto podemos afirmar que en las llamas el par 1 es homomórfico, siendo en todos los casos del tipo 1b1b.

Mientras que en las alpacas el brazo corto del cromosoma, 1 se aprecia con un dimorfismo en la secuencia de bandas R, verificandose ambos tipos de cromosomas 1: el 1a y el 1b, lo que determina que en alpacas el par puede aparecer con los tres tipos posibles de distribución: 1a1a, 1a1b y 1b1b.



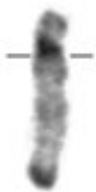
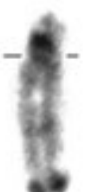
CROMOSOMA 1	ALPACA		ESQUEMA
TIPO a			
TIPO b	LLAMA	ALPACA	ESQUEMA
			

Figura N° 24.- Tipos de cromosoma 1 con el tratamiento RHG. Se puede apreciar dos tipos de cromosoma 1, el tipo **a** muestra una banda R(+) terminal muy notoria y ha sido encontrado únicamente en alpacas, mientras que el tipo **b** muestra una banda R(+) terminal muy fina y una centromérica más notoria, habiendo sido observado tanto en llamas como en alpacas.

El dimorfismo del 1p también se puede advertir en relación a la magnitud de las bandas R positivas que consiste en la “ausencia aparente” de una banda terminal R positiva en uno de los miembros del par (tipo b).

m.- El heteromorfismo del cromosoma 1 en alpacas

En alpacas se ha encontrado ambos tipos de cromosoma 1: 1a y 1b. (Ver fig 25)

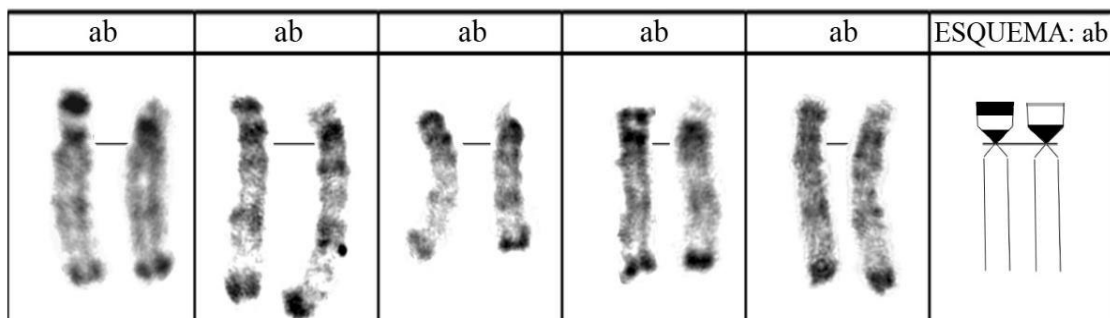


Figura N° 25: El par 1 de 5 alpacas de ambos sexos, tratados con la técnica RHG, los 5 pares muestran la distribución heteromórfica de ambos tipos de cromosoma 1 en todos los individuos analizados. Todos los pares son del tipo ab. El esquema de la secuencia de bandas grafica la distribución de las bandas R(+) y R(-) en el p del cromosoma 1. En los 5 pares del cromosoma 1 que se observan, se puede apreciar que todos son del tipo heteromórficos.

Los 5 pares de cromosomas 1 que se muestran en la figura 25 están conformados por un cromosoma 1 del tipo a, y un cromosoma 1 del tipo b, conformación heteromórfica del par 1 en las 5 metafases analizadas procedentes de 5 alpacas.

Las imágenes permiten apreciar que la banda R(+) terminal (telomérica) es bastante nítida, y concordante con las características de la marcación positiva en las regiones teloméricas de los cromosomas metafásicos.

n.- El homomorfismo del cromosoma 1 en llamas

Debemos indicar que nuestro análisis poblacional aún lo consideramos preliminar, pero a la fecha podemos afirmar que en las llamas de Huari se ha observado un único tipo de cromosoma 1, tal como se indica en el esquema de la figura 24, determinando que todos los individuos de *Lama pacos* analizados en relación al par 1 son del tipo b conformando un par 1 del tipo: 1b1b (homomórfico) en todos los casos.

Somos conscientes de la necesidad de incrementar el número de llamas a analizar, y por tanto nuestros resultados deben ser considerados como preliminares.

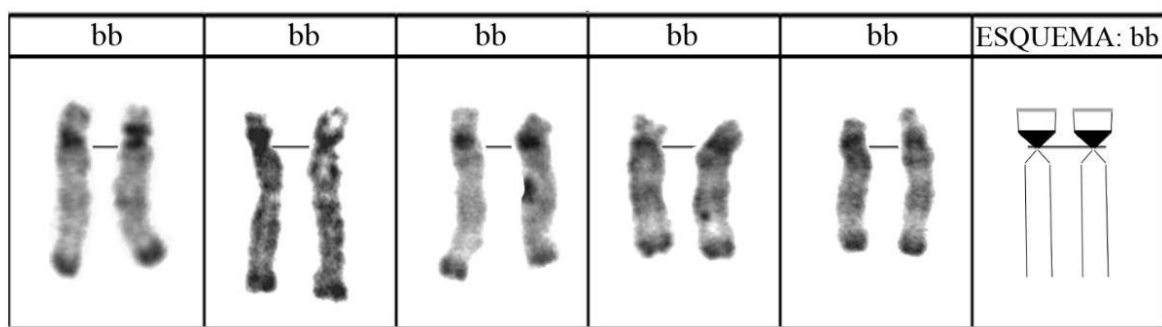


Figura N° 26.- El par cromosómico 1 en 3 llamas con tratamiento RHG. Se puede observar que en todos los casos el par 1 es homomórfico para el tipo 2. En el esquema se puede apreciar la secuencia de las bandas R.

Nuestros resultados en relación al heteromorfismo del 1p nos ha permitido verificar que las metodologías de análisis citogenético RHG y GTG han evidenciado en las especies analizadas la conducta antitética en la diferenciación longitudinal del cromosoma, que en el caso específico está referido al brazo corto del cromosoma 1 de llamas y alpacas.

CAPÍTULO 5: DISCUSIÓN

En este capítulo intentaré enfocar los siguientes aspectos:

- a.- **El cariotipo de los camélidos sudamericanos**
- b.- **La morfología diferencial de los cromosomas 34 y 35 en llamas y alpacas**
- c.- **Sobre el cromosoma 1 de llamas y alpacas**
- d.- **La morfología de los cromosomas sexuales de llamas y alpacas**
- e.- **El aislamiento reproductivo, la especiación y los cromosomas de la familia Camelidae**

a.- **El cariotipo de los camélidos sudamericanos**

En primer lugar, debo manifestar que el cariotipo de los camélidos es un cariotipo difícil de analizar, principalmente por el número elevado de cromosomas que contiene ($2n = 74$), por la morfología similar que exhiben los cromosomas “más pequeños” que mayoritariamente son del tipo subtelocéntricos, y porque adicionalmente muestran una LR con una diferencia muy pequeña entre los pares contiguos, lo que ocasiona que puedan ser muy fácilmente confundidos. La estimativa de la LR es un valioso auxiliar para establecer la posición de cada par cromosómico en el cariotipo en orden decreciente, y se convierte de esta forma en una metodología de gran valor para el análisis citogenético de los CSA y de la familia Camelidae en general.

La coloración convencional con Giemsa nos ha permitido reconocer con bastante precisión la morfología de los cromosomas de llamas y alpacas, principalmente por ser la identificación del centrómero mucho más simple y segura que con los diferentes tratamientos para obtener los patrones de diferenciación longitudinal del cromosoma, que eventualmente podrían alterar algunas regiones del cromosoma, y por tanto dificultar las estimativas de las dimensiones del **p** y del **q**, e indirectamente la definición del IC y la LR de cada par cromosómico.

Conocer los parámetros de la LR de los cromosomas metafásicos, nos ha permitido asignar con “mayor precisión” la ubicación de cada cromosoma en el cariotipo de ambas especies, y en concordancia con la Nomenclatura de la Citogenética Humana, cuyo desarrollo sistemático data de la década del 60 y ha incorporado regularmente los avances metodológicos que han aparecido a lo largo de los años, sirviendo de modelo para las metodologías del análisis citogenético implementado en otros organismos vivos, especialmente en mamíferos y algunos vertebrados. ISCN (1978), ISCN (2013).

Las estimativas de los valores del IC, permiten definir la morfología de cada cromosoma, y con ello poder realizar el análisis morfológico comparativo entre los cariotipos de llamas y alpacas con parámetros confiables. Quisiéramos remarcar que nuestros resultados son los primeros que se realizan incluyendo un estudio comparativo de los cromosomas metafásicos entre dos especies de camélidos sudamericanos, adjuntando información acerca de la LR, el IC y las fotografías de las metafases originales. Es decir, hemos podido ubicar a los pares cromosómicos inter-específicos (cromosomas homeólogos) de ambas especies con una probabilidad mayor de no cometer errores sistemáticos propios de la averiguación.

Por otro lado, quisiera resaltar que algunos de los trabajos publicados sobre los cromosomas de los CSA incluyen únicamente “hemicariotipos”, modalidad que reporta tan solo uno de los cromosomas homólogos de cada par en las especies analizadas, esta modalidad de publicaciones no permite el análisis de la variabilidad al interior de cada par de cromosomas homólogos.

De manera adicional a la metodología de análisis citogenético empleado, hemos utilizado varias metodologías que incluyen las técnicas de diferenciación longitudinal del cromosoma, tales como la coloración RHG, CBG y/o GTG, que han permitido caracterizar los pares cromosómicos con mayor precisión, pues la secuencia de diferenciación longitudinal es coincidente en los cromosomas homólogos y permiten su identificación como pares, mientras que las características morfológicas son apreciadas con mayor nitidez en los cromosomas más elongados, por esta razón hemos privilegiado la obtención de cromosomas pro metafásicos.

b.- La morfología diferencial de los cromosomas 34 y 35 en llamas y alpacas

En relación al análisis comparativo de los cromosomas 34 y 35 de llamas y alpacas, debemos comentar que no ha sido posible confirmar la diferencia morfológica encontrada por Ramos (2014) para el cromosoma 34, pues en las dos especies estudiadas el resultado muestra que el par 34 es del tipo subtelocéntrico, y aunque no podemos negar la sugerencia de Ramos, la diferencia reportada podría ser muy tenue y ocasionada por mutaciones cromosómicas o microcromosómicas que involucran muy pocas bases nt que escapan a la capacidad resolutive del ojo humano y se requiera por tanto, de una metodología de mayor sensibilidad, como es la del FISH (Fluorescence *in situ* hybridization).

Con respecto al cromosoma 35, se ha podido verificar que la morfología difiere nítidamente entre las llamas y alpacas, siendo del tipo “metacéntrico” en llamas y del tipo “subtelocéntrico” en alpacas. Este resultado ha sido encontrado en la totalidad de llamas y alpacas estudiadas en el Laboratorio y no hemos detectado hasta la fecha, una variación de tipo geográfico y/o del tipo de “variable polimórfica” en las alpacas y/o llamas analizadas.

En relación a la génesis del rearrreglo, por el momento no contamos con algún marcador citogenético que pueda brindar alguna señal indicadora, pero como se registra en casos similares, es muy probable que la diferencia haya sido provocada por la ocurrencia de una inversión pericéntrica en la especie ancestral más próxima de ambas, sin embargo, a la fecha no tenemos ninguna evidencia que sustente esta afirmación. Es cierto también por otro lado que aún nos falta analizar los cariotipos de guanacos y vicuñas para poder estimar en qué momento evolutivo podría haberse registrado el rearrreglo.

Quisiéramos manifestar que observando con atención la figura 1 de Marín *et al*, (2007a) se puede apreciar que el cromosoma 35 reportado para llamas, morfológicamente es metacéntrico o sub metacéntrico, sin embargo se debe precisar

que la designación del “cromosoma 35” en el cariotipo confeccionado por Marín *et al.* (2007a), no guarda correspondencia con el nuestro por haber sido elaborado con una metodología diferente, que no considera el criterio de la LR del cromosoma para su ubicación en el cariotipo.

El sistema de clasificación cariotípica utilizado por Marín *et al.* (2007a) no es el sistema utilizado en la Citogenética Humana, (ISCN, 2013), se puede verificar que algunos cromosomas pequeños, con una LR menor, aparecen clasificados en el cariotipo antes que varios cromosomas con valores mayores de LR. Por tanto, no existe posibilidad de comparación entre ambos cariotipos, específicamente en el caso del cromosoma 35 nuestro, con los cromosomas de otros autores, de lo cual se puede deducir la necesidad de utilizar un sistema internacional de nomenclatura citogenética de mamíferos, que posibilite la realización de análisis citogenéticos comparativos entre los diferentes autores y Laboratorios especializados.

c.- Sobre el cromosoma 1 de llamas y alpacas

En el caso del cromosoma 1, debemos manifestar que por tratarse del par cromosómico de “mayor dimensión” en el cariotipo de los CSA, si es posible diferenciarlo en los cariotipos de los autores que no han utilizado la información de la LR para su localización en el cariotipo. En el caso particular del cromosoma 1 quisiéramos comentar algunos aspectos inherentes al cariotipo de los Camélidos.

Respecto a los hallazgos reportados por diferentes autores en relación al patrón de diferenciación longitudinal del cromosoma 1, quisiera referirme en primer lugar al heteromorfismo de la banda 1p12 (brazo pequeño del cromosoma 1) en alpaca y vicuñas reportado por Marín *et al.* (2007a).

La marcación G positiva del 1pter reportada por Marín en el 2007a, se puede apreciar nítidamente en los hemicariotipos publicados por Bianchi *et al* en el año 1985, pero sin hacer referencia a la marcación diferencial de los homólogos, aparentemente con la misma distribución específica, lo que indicaría que la marcación diferencial no fue percibida, nosotros la hemos apreciado tal como indica Marín, pero con alguna diferencia en la distribución específica, y alguna heterogeneidad en la secuencia de

diferenciación observada en las poblaciones de llamas y alpacas que marcan alguna diferencia que nos gustaría comentar.

La génesis de este polimorfismo cariotípico podría encontrarse en la ocurrencia de una inversión paracéntrica en 1p (brazo corto del cromosoma 1), en un individuo ancestral del género de la vicuña, o tal vez de la tribu Lamini.

Nuestros resultados confirman la existencia de un heteromorfismo de una banda R positiva, con ubicación centromérica en alpacas y telomérica en llamas, sin embargo, la distribución poblacional en las alpacas nos muestra la existencia de algunos individuos que son portadores de ambos cromosomas marcadores, lo cual levanta la interrogante acerca de la distribución poblacional y la génesis del heteromorfismo. Como corolario en relación al heteromorfismo del cromosoma 1, nuestros resultados con la marcación RHG nos sugieren la existencia de al menos “2 variables morfológicas del brazo pequeño del cromosoma 1”, sin embargo, la distribución poblacional en las alpacas analizadas, sugiere la existencia de una mayoría de individuos del tipo heterocigoto. La respuesta a esta dificultad estimamos que debe llegar aplicando la metodología FISH, en concordancia con Graphodatsky *et al.* (2011).

d.- La morfología de los cromosomas sexuales de llamas y alpacas

El cromosoma Y es el más pequeño del cariotipo de llamas y alpacas, es metacéntrico y representa algo menos del 1% del material hereditario en ambas especies. El cromosoma Y por ser exclusivo del sexo masculino es relativamente simple de ser identificado, pues es el único que aparece en dosis única, por carecer de homólogo en los individuos del sexo masculino.

En llamas y alpacas se ha podido caracterizar sin ninguna ambigüedad la morfología metacéntrica del cromosoma Y, principalmente por tratarse del cromosoma más pequeño del cariotipo. Los trabajos que señalan al Y como un cromosoma acrocéntrico de dimensiones comparables a los autosómicos menores, podrían haberse originado en la gran dificultad para el reconocimiento e identificación inequívoca de los cromosomas autosómicos más pequeños.

En relación al cromosoma Y metacéntrico o submetacéntrico, pero de mayor LR, reportado para el camello *Camelus Bactrianus* por Sammam *et al* en 1992, no es de fácil interpretación, principalmente porque tan solo se puede observar el cariotipo publicado, pero no se puede observar la metafase de procedencia. Sin embargo, en mi opinión es posible que se pueda haber cometido un error de apreciación en el apareamiento de los cromosomas autosómicos menores y el cromosoma Y señalado, corresponda a un cromosoma autosómico mayor. Es decir, nuestros resultados sustentan como la hipótesis más probable, que el cromosoma Y señalado por Sammam *et al.* (1992), no corresponde realmente al cromosoma Y de llamas y alpacas, que teóricamente, debería ser el mismo en las diferentes especies de la familia Camelidae reportadas hasta la actualidad.

e.- El aislamiento reproductivo, la especiación y los cromosomas de la familia Camelidae

Los hallazgos citogenéticos reportados hasta la fecha para los CSA y la familia Camelidae, son concordantes con un proceso de especiación que se encontraría en una etapa inicial y que exhibe una gran parsimonia aparentemente fuera de lo común. Esta afirmación está sustentada en la existencia del mismo cariotipo en las 6 especies estudiadas citogenéticamente, que exhiben el mismo número diploide ($2n=74$) y una taxa de mutaciones cromosómicas relativamente pequeña, especialmente si la comparamos con la enorme variabilidad cariotípica encontrada en otros taxones de mamíferos, como por ejemplo los primates del Orden Platyrrhini, que muestran gran variabilidad específica, siendo posible encontrar hasta 10 cariotipos diferentes en las 10 especies pertenecientes a un mismo género, tal como se ha registrado en el género *Aotus*, que muestra 10 especies fenotípicamente diferentes y cada una es portadora de un cariotipo propio. Arenas *et al.* (2000), Defler *et al.* (2007).

Por otro lado, el registro de híbridos inter específicos y fértiles, es una evidencia de la ausencia de aislamiento reproductivo, no obstante, no es muy difícil deducir que la capacidad reproductiva de los híbridos inter-específicos y/o inter-genéricos debe ser inferior a la de los organismos parentales, por ser capaces de originar una proporción

de gametos cromosómicamente desbalanceados, en frecuencia relativa mayor que los individuos parentales, principalmente por la ocurrencia de intercambios meióticos en la regiones cromosómicas que registran la mutación estructural y que suelen originar una frecuencia de gametos cromosómicamente desbalanceados.

En relación a la existencia de 2 cariotipos diferentes para llamas y alpacas, a causa de poseer ambas especies 74 cromosomas, pero diferenciados por la morfología del cromosoma 35, estimo que en este caso “a priori” se podría considerar como un proceso “inicial” de diferenciación cariotípica, conducente a un aislamiento reproductivo, al menos en una etapa inicial del proceso, que sería equivalente a la producción de gametos normales en “frecuencia inferior” a la que producen las clases parentales.

Mientras que, en el caso de las variables encontradas en el 1p de llamas y alpacas, consideramos que es altamente probable que se trate de regiones cromosómicas polimórficas para cada especie, adicionalmente se puede sugerir que se trataría de regiones centroméricas o pericentroméricas positivas al tratamiento CBG, es decir son ricas en DNA altamente repetitivo y nos permite predecir que en esta región cromosómica la existencia de genes importantes para la sobrevivencia de la especie no sería abundante (Dobigny *et al*, 2017).

1.- Las variables del brazo corto del cromosoma 1.- Aparentemente sugieren que se trataría de mutaciones cromosómicas capaces de conformar “variables polimórficas” en las especies reportadas de los CSA.

2.- Las variables morfológicas del “cromosoma 35.- En llamas y alpacas, constituyen una mutación proveniente de un rearrreglo capaz de introducir una disminución importante en la capacidad reproductiva de llamas y alpacas. La razón principal “a priori” la encontramos en la capacidad disminuída para la producción de gametos normales, viables y fértiles en los individuos descendientes de un cruzamiento híbrido, y por tanto portador de un cromosoma 35 proveniente de llama (metacéntrico) y el otro de la alpaca (subtelocéntrico) que durante la meiosis registrarán apareamiento no longitudinal de las cromátides hermanas como resultado del rearrreglo que originó ambos cromosomas 35, morfológicamente diferentes

(metacéntrico y subtelocéntrico) y que formarán una “asa” a causa del segmento invertido. Esta variable cromosómica como factor de especiación puede considerarse como un argumento antipódico al planteado por Brown *et al.* (2010) y por Brekke *et al.* (2014).

Si a la fecha la mutación del 35 en llamas y alpacas no ha logrado introducir una condición de aislamiento reproductivo entre los individuos portadores de la mutación, sería a consecuencia en última instancia de la estructura nucleotídica de las regiones cromosómicas involucradas en los rearrreglos.

Sin embargo, las sugerencias deben esperar una confirmación utilizando una metodología analítica a nivel molecular, como es la que representa la técnica del FISH.

Finalmente, quisiera referirme a la existencia de “dos cariotipos diferentes” entre las llamas y alpacas, o quizá tan solo se trataría de un “estado polimórfico” de algunos cromosomas que estarían al inicio de una vía evolutiva que debe conducir a la población a la conformación de cariotipos diferentes capaces de crear una barrera de aislamiento reproductivo, en el seno de una familia que registra el mismo cariotipo, probablemente por un periodo de años que debe exceder la fecha de su migración al Asia vía estrecho de Behring y a Sudamérica vía el istmo de Panamá, pues no hay duda que antes de abandonar Norteamérica, los antecesores de los actuales camélidos ya contaban con el mismo cariotipo ($2n= 74$ cromosomas).

Adicionalmente se puede afirmar que en la población analizada citogenéticamente de alpacas se ha identificado un heteromorfismo del brazo corto del 1 en una proporción importante de los ejemplares analizados.

En las llamas, hasta la fecha el cromosoma 1 encontrado es del tipo homomórfico, Lo que sugiere que aparentemente la mutación cromosómica podría haberse registrado en las alpacas.

Este carácter condiciona un polimorfismo poblacional, que podría haber sido ocasionada por la hibridación inter específica que se registra en las poblaciones de llamas y alpacas peruanas.

3.- El cromosoma 1 de llamas. - Este cromosoma es portador de una banda G positiva en 1pter, mientras que el cromosoma 1 de alpacas es portador de una banda G negativa en 1pter. El carácter dimórfico del cromosoma 1 en llamas y alpacas ha sido señalado como compartido con vicuñas y guanacos (Marín et al. 2007) y sustenta la ancestría postulada para guanaco como ancestral de las llamas y la vicuña como ancestral de las alpacas.

Nosotros pensamos que en los CSA al menos, el nacimiento de híbridos fértiles inter-específicos, debería ser interpretado como el resultado de una similitud cromosómica total o “casi total” en los cariotipos de las cuatro especies, lo que permitiría el apareamiento, combinación, recombinación y segregación normal de los cromosomas “homeólogos” (Lacadena 1996, pag 473) del híbrido durante la gametogénesis, la producción de gametos normales, viables, fértiles con la misma o “casi la misma” probabilidad de fecundación y desarrollo de cigotos igualmente viables y normales.

Nuestra hipótesis es que la variable del cromosoma 35 es una mutación estructural en “vía a” producir un “aislamiento reproductivo” o con mayor probabilidad de llegar a convertirse en “causal de esterilidad”, mientras que la variable del cromosoma 1, aparentemente constituye un tipo de rearrreglo estructural probablemente en una región cromosómica con un contenido importante en DNA altamente repetitivo, lo que la convertiría en una variable polimórfica en el cariotipo de los CSA.

CAPÍTULO 6: IMPACTOS

Quisiéramos indicar que nuestros hallazgos son confirmatorios de una apreciación reportada inicialmente por Ramos al sustentar su Tesis de Maestría en el 2014, respecto a la existencia de 2 cariotipos diferentes para llamas y alpacas. En aquella oportunidad su trabajo incluía el análisis de alpacas nacidas en Italia y la única llama reportada en su trabajo era nacida en Alemania, lo cual levanta una interrogante acerca de su procedencia y sus posibles implicancias poblacionales.

Nuestros resultados nos muestran claramente que la llama y la alpaca son portadores de cariotipos con el mismo número cromosómico ($2n = 74$), pero con una diferencia morfológica en el cromosoma 35, que aparece como metacéntrico en las llamas y subteloicéntrico en alpacas, y por tanto condiciona o está en vía a condicionar 2 cariotipos diferentes en las llamas y alpacas.

Por otro lado, es oportuno recordar que las mutaciones cromosómicas son capaces de provocar un aislamiento reproductivo cuando el rearrreglo es de tal magnitud que impide la formación de gametos y/o cigotos cromosómicamente fértiles y viables en los individuos híbridos.

Sin embargo, algunas mutaciones como las translocaciones robertsonianas y/o las fisiones céntricas o de otra índole, son capaces de afectar parcialmente la capacidad reproductiva de los gametos portadores del cromosoma mutante, en concordancia con las secuencias nucleotídicas ubicadas en el segmento cromosómico rearrreglado.

Nosotros consideramos que la descendencia de un cruce entre la llama y la alpaca será capaz de formar híbridos con un déficit en la capacidad reproductiva porque existe una diferencia morfológica en el par 35.

Por análisis del DNA mitocondrial varios autores han postulado que la alpaca procede de la vicuña y la llama del guanaco, siendo que la alpaca ha sido rebautizada como *Vicugna pacos*, (Marin *et al.* 2007a, Marín *et al.* 2007 b, Wheeler *et al.* 2012.)

CAPÍTULO 7.- CONCLUSIONES

- 1.- El cromosoma 35 es morfológicamente subtelocéntrico en alpacas y metacéntrico en llamas, representa aproximadamente el 1.23 % del genoma y constituye un carácter cromosómico diferencial entre ambas especies.
- 2.- El cromosoma X es el metacéntrico de mayor LR de llamas y alpacas, y representa aproximadamente el 4.63 % del genoma nuclear en ambos casos.
- 3.- El cromosoma Y es el metacéntrico de menor LR de llamas y alpacas, y representa aproximadamente el 0.7% del genoma nuclear de ambas especies.
- 4.- El cromosoma 1 de alpacas y llamas es subtelocéntrico, representa aproximadamente el 5.9% del genoma en ambas especies, y en alpacas la secuencia de bandas GTG y RHG determina 2 tipos de cromosomas 1: 1a y 1b que condiciona un heteromorfismo en alpacas con la siguiente distribución: 1a1a; 1a1b; 1b1b.
- 5.- La distribución de las variables del cromosoma 1 en llamas muestra un único tipo de distribución siendo todas las llamas analizadas homomórficas: 1a1a.
- 6.- A la fecha no se puede afirmar que los cariotipos de llamas y alpacas son dos cariotipos diferentes o solo constituyen variables polimórficas del mismo cariotipo.

CAPÍTULO 8: RECOMENDACIONES

- 1.- Incrementar el número de metafases analizadas por cada animal mediante la adquisición de un software analizador de los cromosomas para su instalación en el fotomicroscopio del Laboratorio de Genética Humana.
- 2.- Complementar los estudios citogenéticos mediante la implementación de un Banco de DNA de los ejemplares utilizados para el análisis citogenético a fin de establecer una correlación entre los cromosomas y las secuencias nt de ambas especies.
3. Aumentar el número de animales estudiados con especímenes de otras áreas del país como son Ayacucho, Nasca, Puno, Cerro de Pasco etc.
- 4.- Coordinar con las Instituciones encargadas de la regulación de la crianza de los CSA para el estudio de las especies silvestres como son las vicuñas y el guanaco.
- 5.- Propiciar el intercambio de experiencias del Laboratorio de Genética Humana mediante la participación activa en los eventos científicos y la suscripción de convenios cooperativos con otras Unidades Académicas de Investigación.
- 6.- Propiciar el equipamiento de un Laboratorio de Citogenética de CSA y de mamíferos en general, con la adquisición de un fotomicroscopio de fluorescencia (FISH) que permita la detección de rearrreglos cromosómicos muy pequeños no detectables con la microscopía clásica.

9.- REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- 1.- Almathen, F., Charruau, P., Mohandesan, E., Mwacharo, J. M., Orozco-terWengel, P., Pitt, D., ... & Magee, P. (2016). Ancient and modern DNA reveal dynamics of domestication and cross-continental dispersal of the dromedary. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(24), 6707-6712.
- 2.- Arenas, S., Giraldo, M. J., Bueno, M. L., Páez, R., Arvey, F., & López Gartner, G. A. (2012). Karyological characterisation of three monkeys *Aotus griseimembra* (PRIMATES: Aotidae) kept in captivity. *Boletín Científico. Centro de Museos. Museo de Historia Natural*, 16(2), 120-132.
- 3.- Arrighi, F. E., & Hsu, T. C. (1971). Localization of heterochromatin in human chromosomes. *Cytogenetic and Genome Research*, 10(2), 81-86.
- 4.- Avila, F., Das, P. J., Kutzler, M., Owens, E., Perelman, P., Rubes, J., ... & Raudsepp, T. (2012). Development and application of camelid molecular cytogenetic tools. *Journal of Heredity*, 105(6), 952-963.
- 5.- Baker, R. J., & Bradley, R. D. (2006). Speciation in mammals and the genetic species concept. *Journal of mammalogy*, 87(4), 643-662.
- 6.- Balmus, G., Trifonov, V. A., Biltueva, L. S., O'Brien, P. C., Alkalaeva, E. S., Fu, B., ... & Ferguson-Smith, M. A. (2007). Cross-species chromosome painting among camel, cattle, pig and human: further insights into the putative Cetartiodactyla ancestral karyotype. *Chromosome research*, 15(4), 499.
- 7.- Bianchi, N. O., Larramendy, M. L., Bianchi, M. S., & Cortes, L. (1986). Karyological conservatism in South American camelids. *Experientia*, 42(6), 622-624.
- 8.- Boveri, T. (1902). On multipolar mitosis as a means of analysis of the cell nucleus. *Foundations of experimental embryology*, 1964, 74-97.
- 9.- Brack Egg, A. (2003). Perú: Diez mil años de domesticación. Ed. Bruño.
- 10.- Bravo-Cuevas, V. M., Jiménez-Hidalgo, E., Cuevas-Ruiz, G. E., & Cabral-Perdomo, M. A. (2012). A small camelid *Hemiauchenia* from the Late Pleistocene of Hidalgo, central Mexico. *Acta Palaeontologica Polonica*, 57(3), 497-508.
- 11.- Brekke, T. D., & Good, J. M. (2014). Parent-of-origin growth effects and the evolution of hybrid inviability in dwarf hamsters. *Evolution*, 68(11), 3134-3148.
- 12.- Brown, J. D., & O'Neill, R. J. (2010). Chromosomes, conflict, and epigenetics: chromosomal speciation revisited. *Annual review of genomics and human genetics*, 11, 291-316.
- 13.- Bunch, T. D., Foote, W. C., & Maciulis, A. (1985). Chromosome banding pattern homologies and NORs for the Bactrian camel, guanaco, and llama. *Journal of Heredity*, 76(2), 115-118.
- 14.- Bustamante, A. V., Maté, M. L., Lamas, H. E., Giovambattista, G., Zambelli, A., & Vidal-Rioja, L. (2006). Análisis de diversidad genética en tres poblaciones de llamas (*Lama glama*) del noroeste argentino. *Revista chilena de historia natural*, 79(2), 175-184.

- 15.- Bustinza, V. (1989). Algunas consecuencias de la agresión cultural en la ganadería Andina. *Crianza de llamas y alpacas en los Andes*. PAL/PRATEC, 115-130.
- 16.- Cabieses, F. (2007). *La salud y los dioses: la medicina en el antiguo Perú*. Universidad Científica del Sur, Fondo Editorial.
- 17.- Cabrera, Á. (1932). Sobre los camélidos fósiles y actuales de América austral. *Revista del Museo de la Plata*, 33, 89-117.
- 18.- Calle Escobar, R. (1982). Producción y mejoramiento de la alpaca.
- 19.- Capanna, E. (1965). The chromosomes of the three species of neotropical Camelidae. *Mammal. Chrom. Newsl.*, 17, 75-79.
- 20.- Caspersson, T., Zech, L., Johansson, C., & Modest, E. J. (1970). Identification of human chromosomes by DNA-binding fluorescent agents. *Chromosoma*, 30(2), 215-227.
- 21.- Chuluunbat, B., Charruau, P., Silbermayr, K., Khorloojav, T., & Burger, P. A. (2014). Genetic diversity and population structure of Mongolian domestic Bactrian camels (*Camelus bactrianus*). *Animal genetics*, 45(4), 550-558.
- 22.- Córdova, J. H., & Descailleaux, J. (2005). El análisis cladístico preliminar de los cariotipos de cinco especies de *Telmatobius* y dos de *Batrachophrynus* no apoya su separación genérica. *Estudios sobre las ranas andinas de los géneros Telmatobius y Batrachophrynus*, 187-218.
- 23.- Córdova J. H. & Lamas G. (1997). Citogenética, Filogenia, clasificaciones naturales y evolución de las especies. *Alma Mater*, 13-14: 95-111. Lima, UNMSM.
- 24.- Crow, E. W., & Crow, J. F. (2002). 100 years ago: Walter Sutton and the chromosome theory of heredity. *Genetics*, 160(1), 1-4.
- 25.- Cui, P., Ji, R., Ding, F., Qi, D., Gao, H., Meng, H., ... & Zhang, H. (2007). A complete mitochondrial genome sequence of the wild two-humped camel (*Camelus bactrianus ferus*): an evolutionary history of camelidae. *BMC genomics*, 8(1), 241.
- 26.- Defler, T. R., & Bueno, M. L. (2007). Aotus diversity and the species problem. *Primate Conservation*, 22(1), 55-70.
- 27.- De Lamo, D. A. (2011). Camélidos sudamericanos: Historia, usos y sanidad animal. *Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria*. Buenos Aires.
- 28.- De Los Ríos, E. (2006). Producción textil de fibras de camélidos sudamericanos en el área altoandina de Bolivia, Ecuador y Perú. Organización de las Naciones Unidas para el Desarrollo Industrial (UNIDO). Disponible en: <https://www.unido.org/file-storage/download>.
- 29.- Descailleaux, J., Fujita, R., Rodríguez, L. A., Aquino, R., Encarnación, F., & Investigaciones Primatólogicas (1973–1985), Proyecto Peruano de Primatología “Manuel Moro Sommo”. (1990). Rearreglos cromosómicos y variabilidad cariotípica del género *Aotus* (Cebidae: Platyrrhini). *La Primatología en el Perú, 1973-1985*.

- 30.- Di Berardino, D., Nicodemo, D., Coppola, G., King, A. W., Ramunno, L., Cosenza, G. F., ... & Rubes, J. (2006). Cytogenetic characterization of alpaca (*Lama pacos*, fam. Camelidae) prometaphase chromosomes. *Cytogenetic and genome research*, 115(2), 138-144.
- 31.- Dobigny, G., Britton-Davidian, J., & Robinson, T. J. (2017). Chromosomal polymorphism in mammals: an evolutionary perspective. *Biological Reviews*, 92(1), 1-21.
- 32.- Drets, M. E., & Shaw, M. W. (1971). Specific banding patterns of human chromosomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 68(9), 2073-2077.
- 33.- Drets, M. E. (2002). Una saga citogenética: El descubrimiento de los métodos de bandeado cromosómico. Significado y proyección bio-médica. *Revista Médica del Uruguay*, 18(2), 107-121.
- 34.- Dutrillaux, B., & Lejeune, J. (1971). A new technic of analysis of the human karyotype. *Comptes rendus hebdomadaires des seances de l'Academie des sciences. Serie D: Sciences naturelles*, 272(20), 2638-2640.
- 35.- Dutrillaux, B. (1975). *Sur la nature et l'origine des chromosomes humains*. Expansion scientifique française.
- 36.- Dutrillaux, B. (1979). Chromosomal evolution in primates: tentative phylogeny from *Microcebus murinus* (Prosimian) to man. *Human genetics*, 48(3), 251-314.
- 37.- Dutrillaux, B., & Couturier, J. (1981). *La pratique de l'analyse chromosomique* (No. 574.87322 D978p). París, FR: Masson.
- 38.- Dutrillaux, B., Descailleaux, J., Viegas-Pequignot, E., & Couturier, J. (1981). Y-autosome translocation in *Cacajao calvus rubicundus* (Platyrrhini). In *Annales de genétique* (Vol. 24, No. 4, p. 197).
- 39.- Fernández Baca, S. (2005). Situación actual de los camélidos sudamericanos en Perú. *Proyecto de Cooperación Técnica en apoyo de la crianza y aprovechamiento de los Camélidos Sudamericanos en la Región Andina TCP/RLA/2914. Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO)*.
- 40.- FAO (2017). El futuro de la alimentación y agricultura . Tendencias y desafíos – versión reducida. Disponible en: www.fao.org/3/a-i6583e.
- 41.- Fellows, E., Kutzler, M., Avila, F., Das, P. J., & Raudsepp, T. (2012). Ovarian dysgenesis in an alpaca with a minute chromosome 36. *Journal of Heredity*, 105(6), 964-968.
- 42.- Fisher, R. A. (1918). The correlation among relatives on the supposition of mendelian inheritance. *Aust. J. Agric. Res.*, 14, 742-757.
- 43.- Gallardo, F., & Yacobaccio, H. (2007). ¿Silvestres o domesticados? Camélidos en el arte rupestre del Formativo Temprano en el desierto de Atacama (norte de Chile). *Boletín del Museo Chileno de Arte Precolombino*, 12(2).
- 44.- Gentry, A., Clutton-Brock, J., & Groves, C. P. (2004). The naming of wild animal species and their domestic derivatives. *Journal of Archaeological Science*, 31(5), 645-651.

- 45.- Goepfert, N., Dufour, E., Gutiérrez, B., & Chauchat, C. (2013). Origen geográfico de camélidos en el periodo mochica (100-800 AD) y análisis isotópico secuencial del esmalte dentario: enfoque metodológico y aportes preliminares. *Bulletin de l'Institut français d'études andines*, (42 (1)), 25-48.
- 46.- Goodpasture, C., & Bloom, S. E. (1975). Visualization of nucleolar organizer regions in mammalian chromosomes using silver staining. *Chromosoma*, 53(1), 37-50.
- 47.- Gray, A. P. (1972). Mammalian hybrids: a check-list with bibliography. *Mammalian hybrids: a check-list with bibliography.*, (2nd edition).
- 48.- Graphodatsky, A. S., Trifonov, V. A., & Stanyon, R. (2011). The genome diversity and karyotype evolution of mammals. *Molecular cytogenetics*, 4(1), 22.
- 49.- Grouchy, J. D., Turleau, C., & Finaz, C. (1978). Chromosomal phylogeny of the primates. *Annual review of genetics*, 12(1), 289-328.
- 50.- Hare, J. (1997). The wild Bactrian camel *Camelus bactrianus fesus* in China: the need for urgent action. *Oryx*, 31(1), 45-48.
- 51.- Hare J, (2008). *Camelus fesus*, Bactrian Camel.- The IUCN Red List of threatened Species. ISSN 2307-8235 (on line). IUCN.
- 52.- Harrison, J. A. (1979). Revision of the Camelinae (Artiodactyla, Tylopoda) and description of the new genus Alforjas. The University of Kansas Paleontological paper 95:1-19.
- 53.- Heintzman, P. D., Zazula, G. D., Cahill, J. A., Reyes, A. V., MacPhee, R. D., & Shapiro, B. (2015). Genomic data from extinct North American Camelops revise camel evolutionary history. *Molecular Biology and Evolution*, 32(9), 2433-2440.
- 54.- Hertwig, O. (1895). *The cell: Outlines of general anatomy and physiology*. Sonnenschein.
- 55.- Holmquist, G. P. (1992). Chromosome bands, their chromatin flavors, and their functional features. *American journal of human genetics*, 51(1), 17.
- 56.- Hsu, T. C., & Benirschke, K. (1967). Mammalian Chromosomes. Vol I. Folio 40, Springer-Verlag. New York.
- 57.- Hsu, T. C., & Benirschke K. (1974). An atlas of mammalian chromosomes. Vol I. Folio 389, Springer-Verlag. New York.
- 58.- <http://mnh.scu.edu.cn/soft/blog/karyotype/>
- 59.- Hungerford, D. A., & Snyder, R. L. (1966). Chromosomes of European wolf (*Canis lupus*) and of a Bactrian camel (*Camelus bactrianus*). *Mamm Chrom Newsl*, 20, 72.
- 60.- Iannuzzi, L., & Di Berardino, D. (2008). Tools of the trade: diagnostics and research in domestic animal cytogenetics. *Journal of applied genetics*, 49(4), 357-366.
- 61.- ISCN (1978): An International System for Human Chromosome Nomenclature. Report of the Standing Committee on Human Cytogenetov Nomenclature. J. Lindsten, HP Klinger J.L. Hamerton.

- 62.- ISCN (2013): An International System for Human Chromosome Nomenclature, L.G. Shaffer, J. Mc Gowan-Jordan, M. Schmid (eds); S. Karger, Basel 2013
- 63.- Ji, R., Cui, P., Ding, F., Geng, J., Gao, H., Zhang, H., Yu J, Hu S, & Meng, H. (2009). Monophyletic origin of domestic bactrian camel (*Camelus bactrianus*) and its evolutionary relationship with the extant wild camel (*Camelus bactrianus ferus*). *Animal genetics*, 40(4), 377-382.
- 64.- Jiménez, C. E. P., Espada, C. M., & Vázquez, M. D. C. (2010). Camélidos sudamericanos: clasificación, origen y características/south american camelids: classification, origen and characteristics. *Revista Complutense de Ciencias Veterinarias*, 4(1), 23.
- 65.- Jirimutu. *et al.* Genome sequences of wild and domestic bactrian camels. *Nat. Commun.* 3:1202 doi: 10.1038/ncomms2192 (2012).
- 66.- Kaczensky, P., Adiya, Y., von Wehrden, H., Mijiddorj, B., Walzer, C., Gütthlin, D., Enkhbileg D., & Reading, R. P. (2014). Space and habitat use by wild Bactrian camels in the Transaltai Gobi of southern Mongolia. *Biological conservation*, 169, 311-318.
- 67.- Kadwell, M., Fernandez, M., Stanley, H. F., Baldi, R., Wheeler, J. C., Rosadio, R., & Bruford, M. W. (2001). Genetic analysis reveals the wild ancestors of the llama and the alpaca. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 268(1485), 2575-2584.
- 68.- Koulischer, L., Tijskens, J., & Mortelmans, J. (1971). Mammalian cytogenetics. IV. The chromosomes of two male Camelidae: *Camelus bactrianus* and *Lama vicugna*. *Soc Roy Zool Anvers Bull.*
- 69.- Kuhn's, T. (1962). The structure of scientific revolutions. *University of Chicago*.
- 70.- Lacadena, J. R. (1996). *Citogenética*. Editorial Complutense.
- 71.- Larramendy, M., Vidal-Rioja, L., Bianchi, L., & Bianchi, N. O. (1984). Camélidos sudamericanos: estudios genéticos. *Boletín de Lima*, 6(35), 92-96.
- 72.- Lejeune, J. T. R. G. M., Turpin, R., & Gautier, M. (1959). Le mongolisme, premier exemple d'aberration autosomique humaine. *Ann Genet*, 1(4), 1-49.
- 73.- Levan, A., Fredga, K., & Sandberg, A. A. (1964). Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 52(2), 201-220.
- 74.- Linnaeus C. (1758). *Systema Naturae per Regna tria Naturae, Secundum Classes, Ordines, Genera, Species cum characteribus, Differentiis, synonymis, Locis*. Editio decima, reformata, Holmiae, Laurenti Salvii. 824 pp.
- 75.- Mallet, J. (2007). Hybrid speciation. *Nature*, 446(7133), 279.
- 76.- Marin, J. C., Zapata, B., Gonzalez, B. A., Bonacic, C., Wheeler, J. C., Casey, C., Bruford M. W., Palma E., Poulin E., Alliende A., & Spotorno, Á. E. (2007). Sistemática, taxonomía y domesticación de alpacas y llamas: nueva evidencia cromosómica y molecular. *Revista chilena de historia natural*, 80(2), 121-140.

- 77.- Marín, J. C., Casey, C. S., Kadwell, M., Yaya, K., Hoces, D., Olazabal, J., Rosadio R., Rodriguez J., Spotorno A., & Wheeler, J. C. (2007). Mitochondrial phylogeography and demographic history of the vicuna: implications for conservation. *Heredity*, 99(1), 70.
- 78.- Marín J. (2012). Genética e historia evolutiva de camélidos sudamericanos. (2012). VI Congreso Mundial de camélidos Sudamericanos. Conferencia, Resúmenes y Trabajos. Arica.
- 79.- Marshall, L. G., Webb, S. D., Sepkoski, J. J., & Raup, D. M. (1982). Mammalian evolution and the great American interchange. *Science*, 215(4538), 1351-1357.
- 80.- Ming L, Yi L, Sa R, Wang ZX, Wang Z, Ji R. (2016). Genetic diversity and phylogeographic structure of bactrian camels shown by mitochondrial sequence variations. *Animal Genetics*, (48) 217-220.
- 81.- Molina J.I. (1782). Saggio sulla storia naturale del Chili. Tommaso d' Aquino, Bologna, Italy, 306 pp.
- 82.- Montes M. (2007) Caracterización de la fibra de alpaca producida en la región de Huancavelica (Perú). Universidad Pública de Navarra 139
- 83.- Moore, J. A. (2015). Science as a way of knowing—genetics. *American zoologist*, 26(3), 583-747.
- 84.- Morton, N. E. (1991). Parameters of the human genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 88(17), 7474-7476.
- 85.- Ohno, S., Wolf, U., & Atkin, N. B. (1968). Evolution from fish to mammals by gene duplication. *Hereditas*, 59(1), 169-187.
- 86.- Peruzzi, L., & Eroğlu, H. E. (2013). Karyotype asymmetry: again, how to measure and what to measure?. *Comparative cytogenetics*, 7(1), 1.
- 87.- Ramos Mariella (2014) Descripción del patrón de diferenciación longitudinal de los cromosomas de alpacas y llamas. (2014) *Tesis Maestría en Genética*, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima.
- 88.- Reading, R. P., Blumer, E. S., Mix, H., & Adiya, J. (2005). Wild Bactrian camel conservation. *Erforschung biologischer resources der Mongolei*. 9, 91-100
- 89.- Robertson, W. R. B. (1916). Chromosome studies. I. Taxonomic relationships shown in the chromosomes of Tettigidae and Acrididae: V-shaped chromosomes and their significance in Acrididae, Locustidae, and Gryllidae: chromosomes and variation. *Journal of Morphology*, 27(2), 179-331.
- 90.- Robinson, T. J. (2001). The comparative cytogenetics of African small mammals in perspective: Status, trends and bibliography. In "African small mammals, Scientific editions, IRD París.
- 91.- Robinson, T. J., & Yang, F. (2012). Molecular cytogenetics: karyotype evolution, phylogenomics and future prospects. *Heredity*. 108 1-3;doi:10.1038
- 92.- Romero Peña F. (2016). Caracterización de camélidos domésticos bolivianos mediante análisis cariotípico. Universidad Mayor de San Andrés, Fac Agron. Tesis Maestría.

- 93.- Samman, M. A., Al-Saleh, A. A., & Sheth, K. (1992). Karyotyping the Arabian Camel (*Camelus dromedarius*), Using C-Banding Technique. *Cytologia*, 57(3), 383-388.
- 94.- Scherthan, H. (2007). Chromosome numbers in mammals. *eLS*.
- 95.- Seabright, M. (1971). A rapid banding technique for human chromosomes. *The Lancet*, 298(7731), 971-972.
- 96.- Silbermayr, K., Orozco-terWengel, P., Charruau, P., Enkhbileg, D., Walzer, C., Vogl, C., Schwarzenberger F., Kaczensky P., & Burger, P. A. (2010). High mitochondrial differentiation levels between wild and domestic Bactrian camels: a basis for rapid detection of maternal hybridization. *Animal genetics*, 41(3), 315-318.
- 97.- Skidmore, J. A., Billah, M., Binns, M., Short, R. V., & Allen, W. R. (1999). Hybridizing old and new world camelids: *Camelus dromedarius* x *Lama guanicoe*. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 266(1420), 649-656.
- 98.- Stanley, H. F., Kadwell, M., & Wheeler, J. C. (1994). Molecular evolution of the family Camelidae: a mitochondrial DNA study. *Proc. R. Soc. Lond. B*, 256(1345), 1-6.
- 99.- Strachan & Read A. (2011). *Human Molecular Genetics*, 4th Ed. Garland Science NY
- 100.- Summer AT. (1972). A simple technique for demonstrating centromeric heterochromatin. *Exp Cell Res*. 75, 304-306.
- 101.- Sumar J. (2007).- Realidades y mitos sobre los camélidos sudamericanos. XXX Reunión Anual APPA. Cusco . Perú.
- 102.- Crow, E. W., & Crow, J. F. (2002). 100 years ago: Walter Sutton and the chromosome theory of heredity. *Genetics*, 160(1), 1-4.
- 103.- Sutton WS. (1903).- The chromosomes in heredity.- *Biol. Bull.* 4., 231 - 251
- 104.- Taylor, K. M., Hungerford, D. A., Snyder, R. L., & Ulmer Jr, F. A. (1968). Uniformity of karyotypes in the Camelidae. *Cytogenetic and Genome Research*, 7(1), 8-15.
- 105.- Therman, E., & Susman, M. (2012). *Human chromosomes: structure, behavior, and effects*. Springer Science & Business Media.
- 106.- Thompson, J. S., & Thompson, M. W. (1985). *Genética médica*. 3ra ed. *La Habana: Editorial Científico-Técnica*.
- 107.- Tjio, J. H., & Levan, A. (1956). The chromosome number of man. *Hereditas*, 42(1-2), 1-6.
- 108.- Uzawa K. (2008). La difusión de los camélidos domesticados en el norte del Perú durante el periodo formativo, *Boletín de Arqueología PUCP*, 12, 249 – 259.
- 109.- Vyas, S., Sharma, N., Sheikh, F. D., Singh, S., Sena, D. S., & Bissa, U. K. (2015). Reproductive status of *Camelus bactrianus* during early breeding season in India. *Asian Pacific Journal of Reproduction*, 4(1), 61-64.
- 110.- Vidal-Rioja, L., Zambelli, A., & Semorile, L. (1994). An assessment of the relationships among species of Camelidae by satellite DNA comparisons. *Hereditas*, 121(3), 283-290.

- 111.- Vogel F, Motulsky AG (1997) Human Genetics, third edition. p 3-5 Springer Verlag, N York.
- 112.- Wani, N. A., Vettical, B. S., & Hong, S. B. (2017). First cloned Bactrian camel (*Camelus bactrianus*) calf produced by interspecies somatic cell nuclear transfer: A step towards preserving the critically endangered wild Bactrian camels. *PloS one*, 12(5), e0177800.
- 113.- Watson, J. D., & Crick, F. H. (1953). Molecular structure of nucleic acids. *Nature*, 171(4356), 737-738.
- 114.- Webb, S. D. (1965). *The osteology of Camelops* (No. 1). Los Angeles County Museum.
- 115.- Webb, S. D., & Meachen, J. (2004). On the origin of lamine Camelidae including a new genus from the late Miocene of the High Plains. *Bulletin of Carnegie Museum of Natural History*, 349-362.
- 116.- Wheeler J. C. (1986). De la chasse a l'élevage. In: Telemarchay chasseurs et pasteurs préhistoriques des Andes I. Editions Recherches sur les Civilisations, ADPF, Paris (France) 21-59.
- 117.- Wheeler, J. C. (1991). Avances y perspectivas del conocimiento de los camélidos sudamericanos; origen, evolución y status actual: 11-48. *Oficina Regional de la FAO para América Latina y el Caribe, Santiago, Chile*.
- 118.- Wheeler, J. C., Russel, A. J. F., & Redden, H. (1995). Llamas and alpacas: pre-conquest breeds and post-conquest hybrids. *Journal of Archaeological Science*, 22(6), 833-840.
- 119.- Wheeler J; Rusell AJ, Stanley HF. (1992). A measure of loss: Pre Hispanic llama and alpaca breeds. *Arch. Zootec.* 41 (extra): 467-475
- 120.- Wheeler J. (1995) Evolution and present situation of the South American Camelidae *Biological Journal of the Linnean Society*, 54: 271-296
- 121.- Wheeler J (2003) Evolution and origin of the domestic camelids . ILR Report, Vol. 8, Issue 2
- 122.- Wheeler JC. (2012) South American camelids – past, present and future. *J of camelid science* 5:1-24
- 123.- Winblad von Walter, A. (2015). Inter-species embryo transfer in South American Camelids. ISSN 1652 8697 Examensarbete 2015:60- Degree Project in veterinary Medicine Uppsala.
- 124.- Woese, C. R. (1967). *The genetic code: the molecular basis for genetic expression* (No. QH431 W58).
- 125.- Yacobacchio H D. y Vilá Bibiana (2012) . La domesticación de los camélidos andinos como proceso de interacción humana y animal. *Intersecciones en antropología* (14) 227-238.
- 126.- Yadamsuren, A., Dulamtseren, E., & Reading, R. P. (2012). *The conservation status and management of wild camels in Mongolia*. na. <http://www.researchgate.net/publication/309322541>
- 127.- Yunis, J. J., & Prakash, O. (1982). The origin of man: a chromosomal pictorial legacy. *Science*, 215(4539), 1525-1530.

ANEXOS:
Lista de figuras

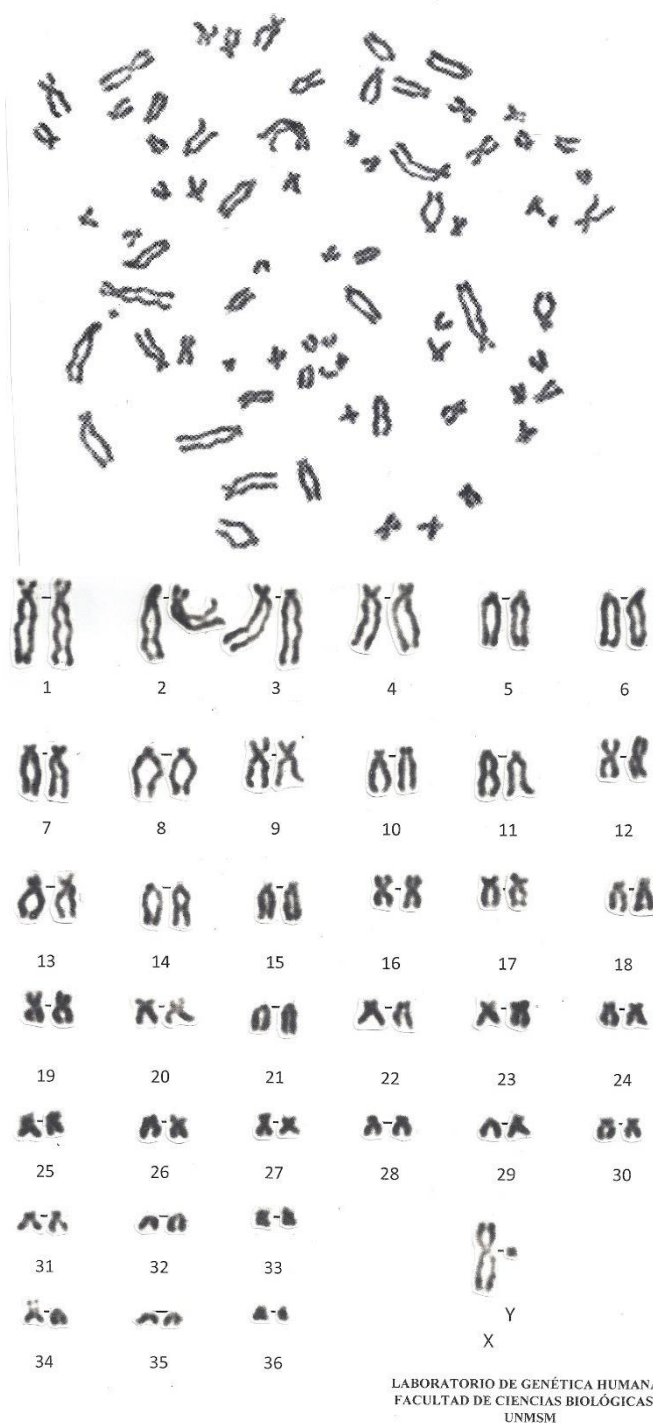
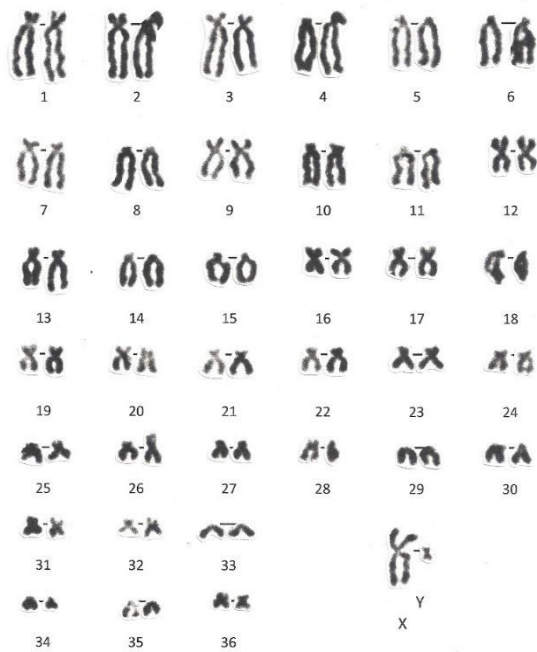


Figura N° 27.- Metafase y cariotipo de alpaca ♂ coloreado con Giemsa

Se aprecia que los cromosomas están bien elongados, sin sobreposiciones y el centrómero puede ser fácilmente señalizado. El cromosoma Y es metacéntrico y el 35 subtelocéntrico.



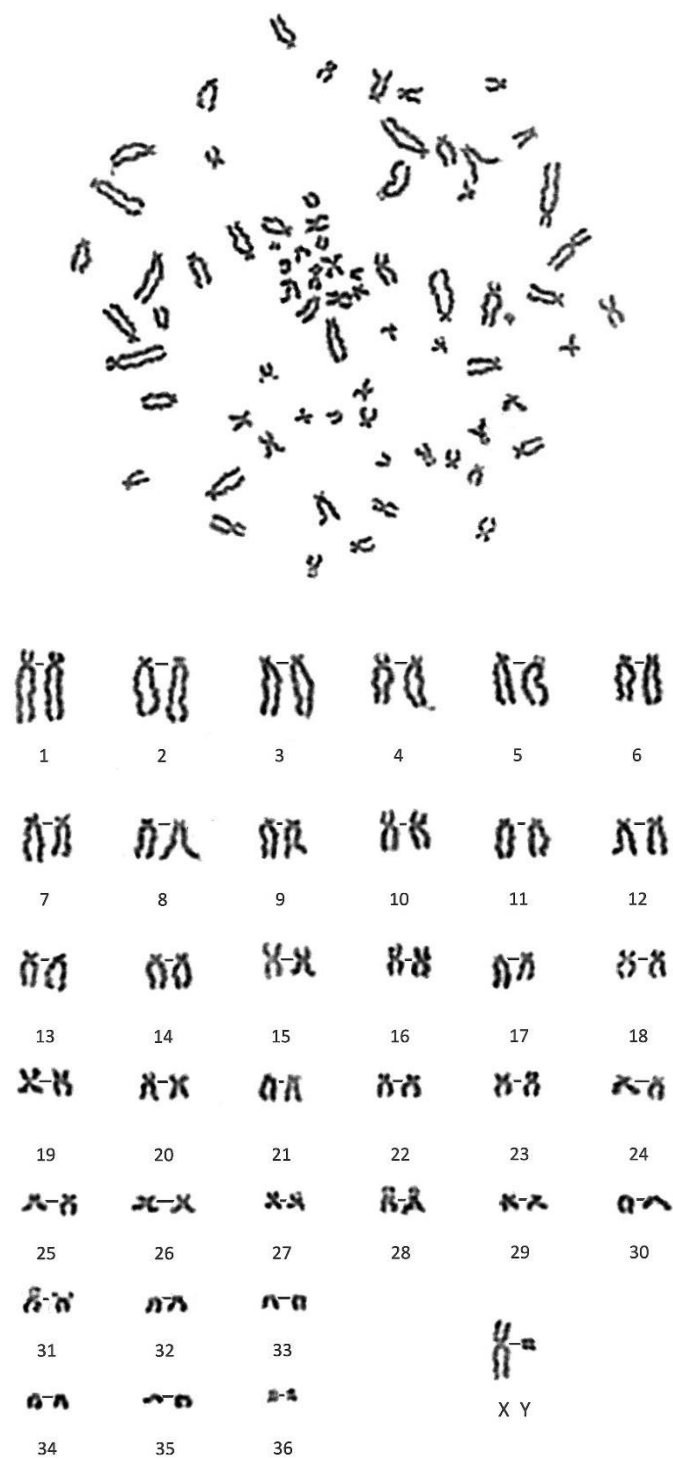
CÓDIGO: ALEX 2 (850)



LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
UNMSM

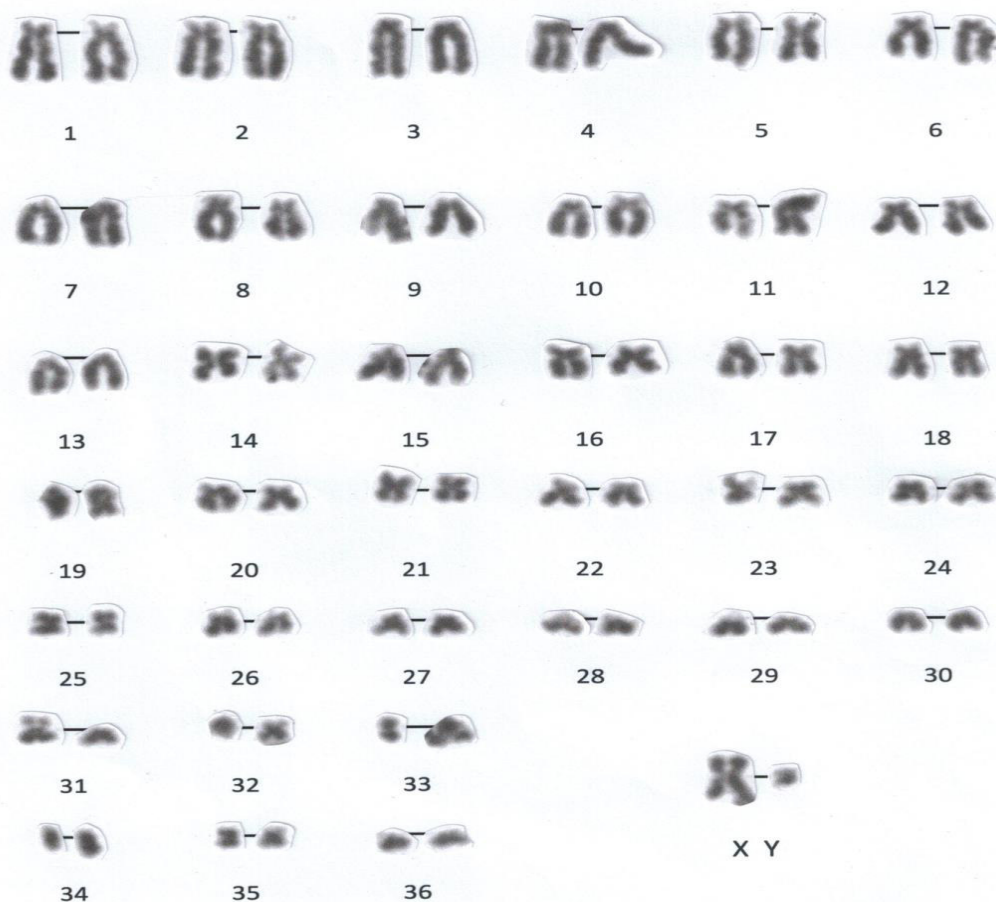
Figura N° 28.- Metafase y cariotipo de alpaca coloreado con Giemsa

La metafase tiene 74 cromosomas, el 34 y el 35 son subtelo-céntricos, el Y es metacéntrico y el más pequeño del cariotipo.



LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA
 FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
 UNMSM

Figura N° 29.- Metafase y cariotipo de alpaca ♂ coloreada con Giemsa



LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
UNMSM

Figura N° 30.- Cariotipo de una llama del sexo ♂ coloreado con Giemsa.

Se puede apreciar que el cromosoma 35, el cromosoma X y el cromosoma Y son metacéntricos.



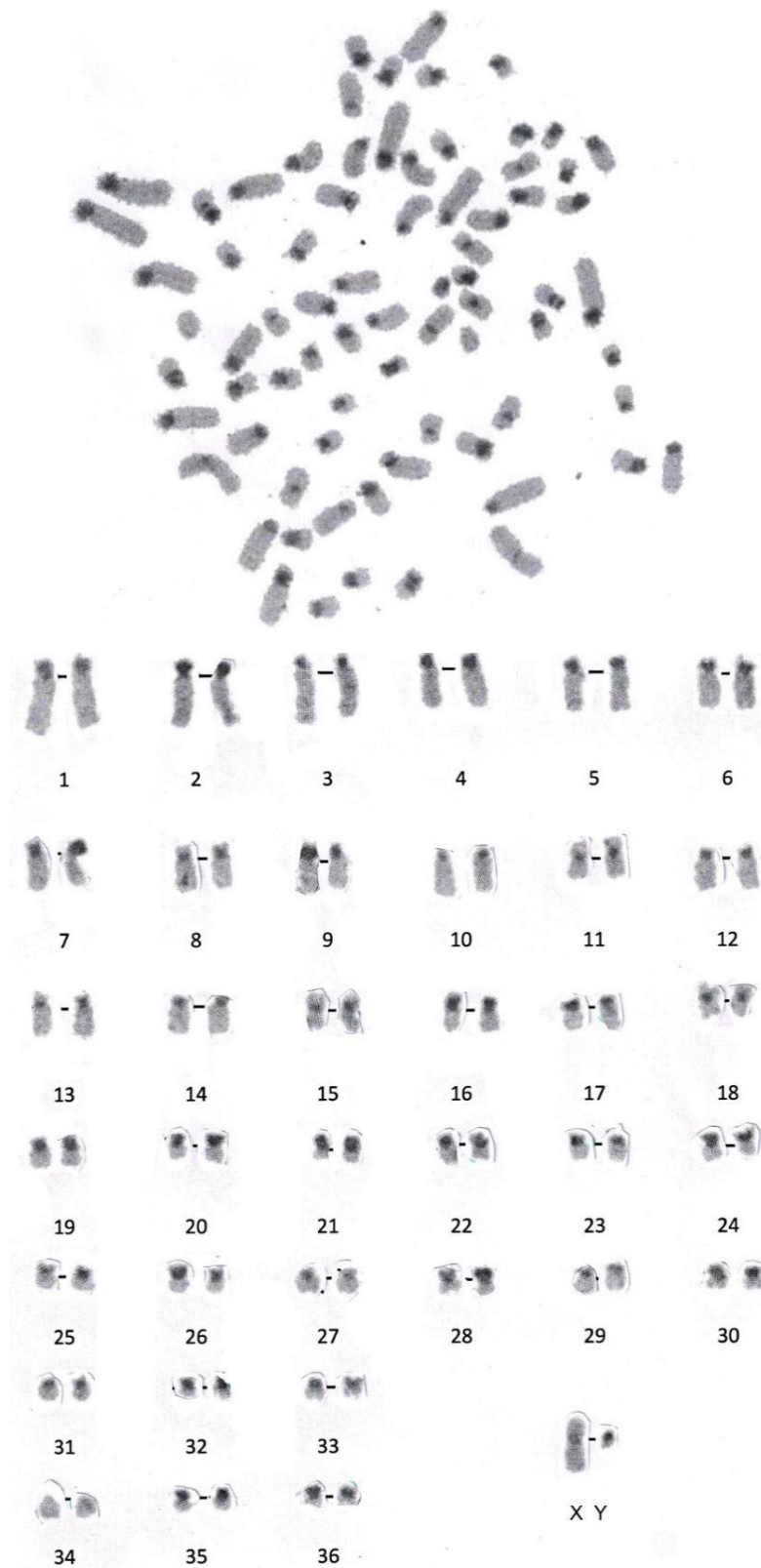
Fig. N° 31.- Cariotipo de una llama del sexo ♀ coloreado con Giemsa.

Se puede apreciar que el cromosoma 35 y ambos cromosomas X son metacéntricos.



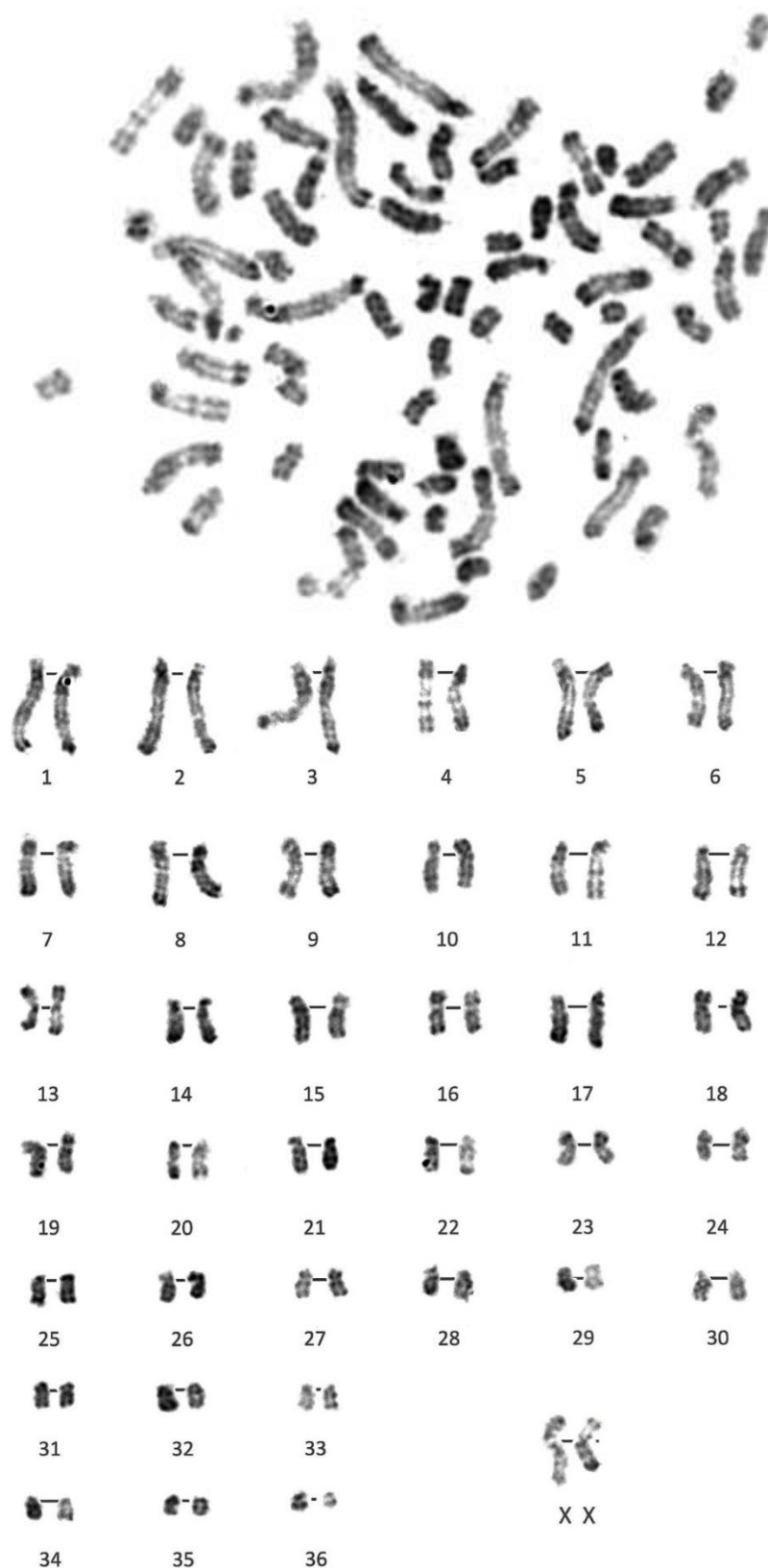
LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
UNMSM

Figura N° 32.- Metafase y cariotipo de alpaca ♀ tratada con la técnica CBG. Se puede apreciar que la distribución de la heterocromatina va desde el centrómero hasta el pter de los pares 9, 16, 19, 24, 25, 26, 28, 30, 31, 32 y 36.



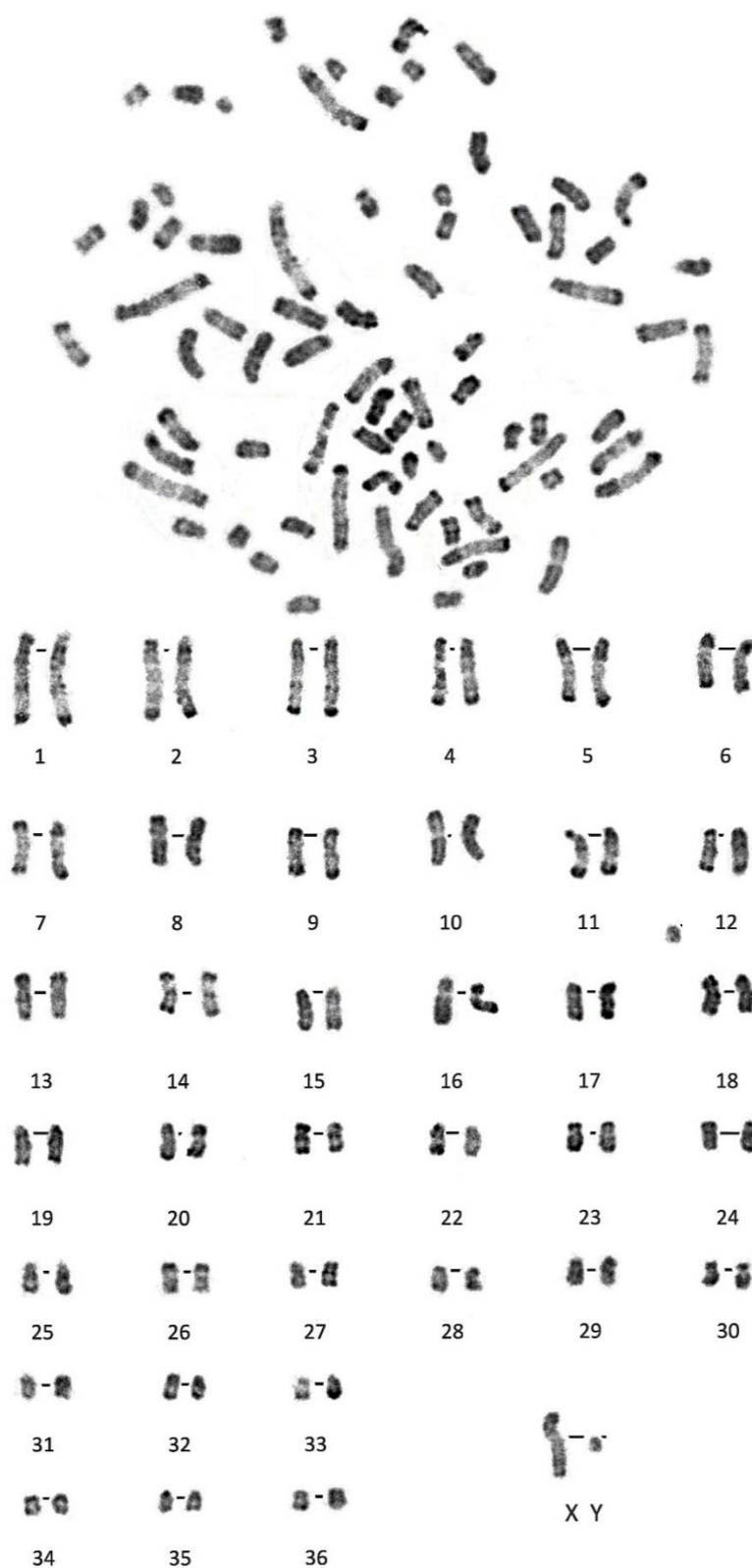
LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
UNMSM

Figura N° 33.- Metafase y cariotipo de llama ♂ usando la técnica CBG. La distribución de heterocromatina se extiende hasta el qter en los pares 9, 16, 19, 24, 25, 26, 28, 30, 32, 35, 36 e Y.



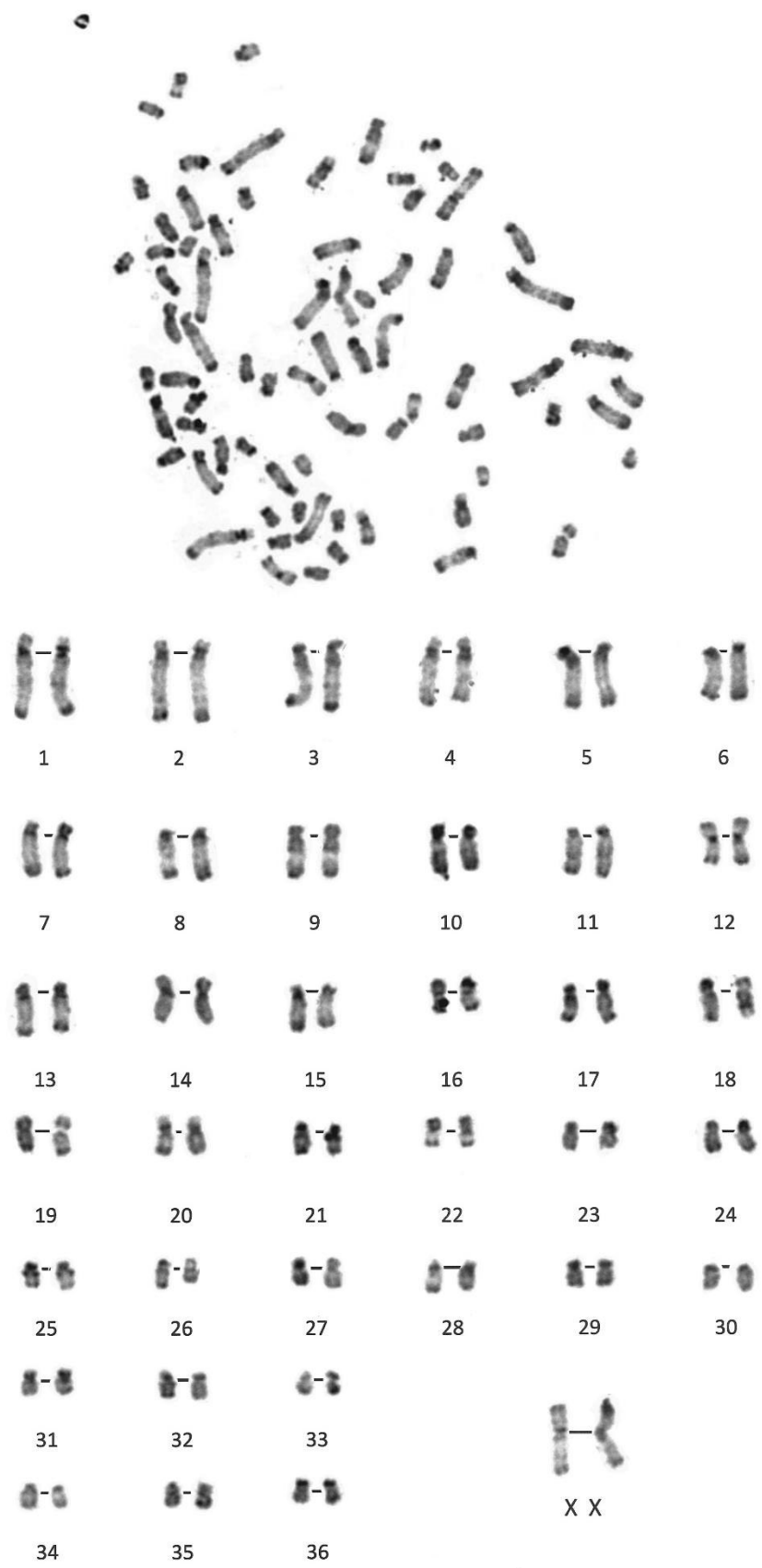
LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
UNMSM

Figura N° 34.- Metafase y cariotipo de una alpaca ♀ tratada con la técnica RHG



LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
UNMSM

Figura N° 35.- Metafase y cariotipo de una alpaca ♂ tratado con la técnica RHG.



LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA
 FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
 UNMSM

Figura N° 36.- Metafase y cariotipo de llama hembra ♀ con la técnica RHG

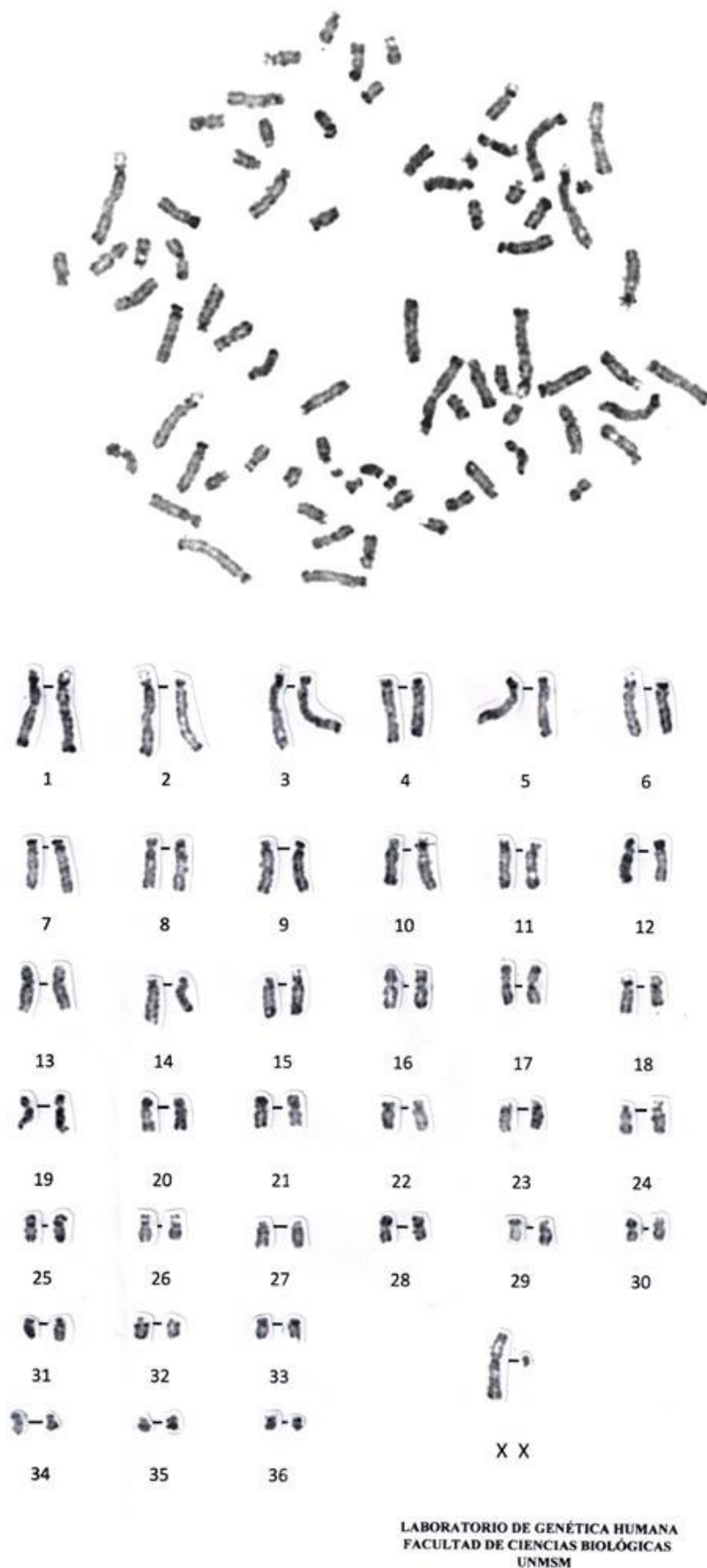
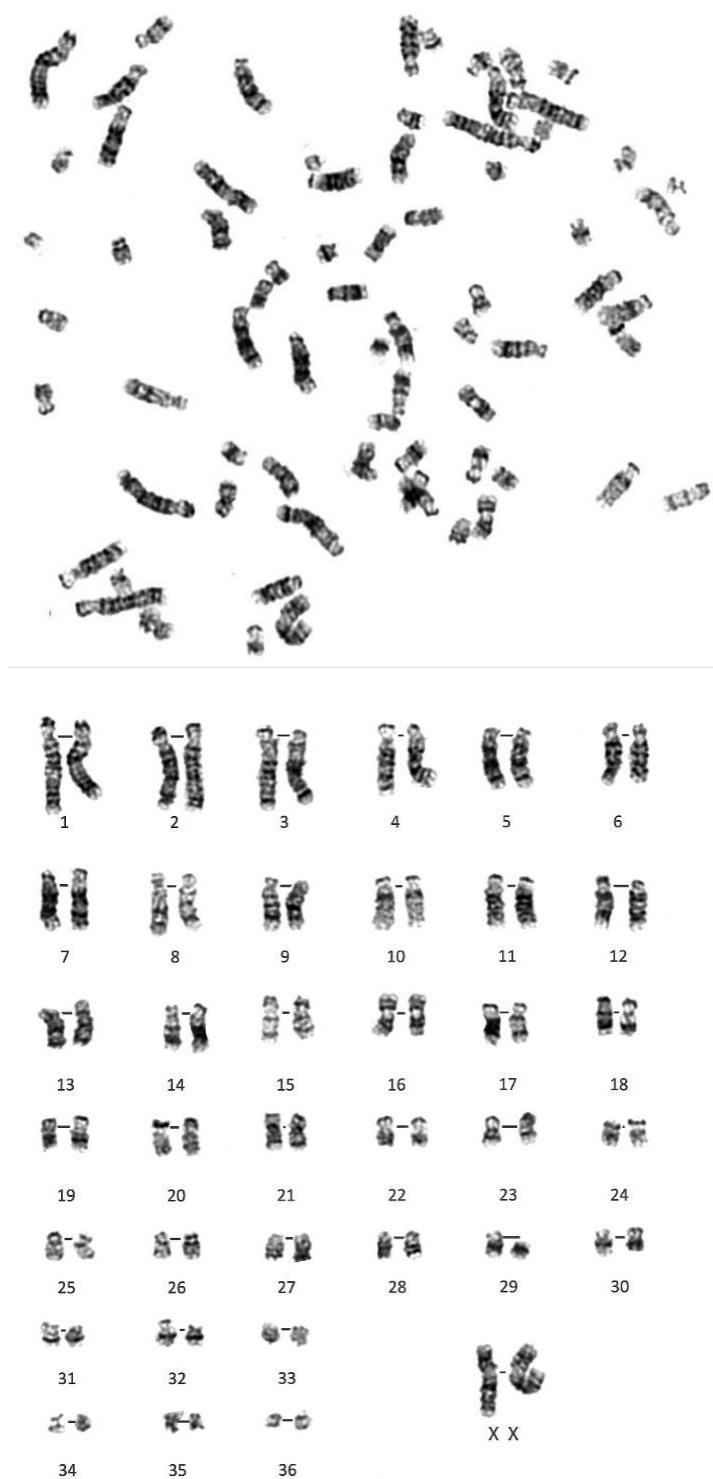


Figura N° 37.- Metafase y cariotipo de llama ♂ tratado con la técnica RHG



LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
UNMSM

Figura N° 38.- Metafase y cariotipo de llama ♂ tratado con la técnica GTG.



LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA
 FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
 UNMSM

Figura N°39.- Metafase y cariotipo de llama ♀ tratado con la técnica GTG

Lista de Tablas

Tabla N° 6: Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♂

PAR CROM	LONG BRAZ	HOMÓL 1		□ ct1,ct2	HOMÓL 2		□ ct3,ct4	□ ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CROM
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	27.89	27.85	27.87	20.47	20.53	20.50	24.19	5.84	0.18	St
	q	113.89	117.22	115.55	106.82	107.65	107.24	111.40			
	p+q	141.78	145.07	143.42	127.30	128.18	127.74	135.58			
2	p	15.74	16.54	16.14	14.07	15.07	14.57	15.36	5.71	0.12	T
	q	115.66	115.69	115.68	119.51	118.60	119.05	117.37			
	p+q	131.40	132.24	131.82	133.59	133.67	133.63	132.72			
3	p	15.90	15.90	15.90	11.30	10.78	11.04	13.47	5.06	0.11	T
	q	106.24	107.43	106.83	101.71	100.80	101.26	104.04			
	p+q	122.13	123.32	122.73	113.01	111.58	112.29	117.51			
4	p	26.22	30.04	28.13	20.25	20.52	20.38	24.26	4.62	0.23	St
	q	79.82	85.21	82.52	83.65	83.44	83.54	83.03			
	p+q	106.04	115.25	110.65	103.90	103.95	103.93	107.29			
5	p	11.54	13.16	12.35	9.68	10.61	10.14	11.25	4.21	0.11	T
	q	88.32	87.77	88.05	84.52	85.86	85.19	86.62			
	p+q	99.86	100.93	100.40	94.20	96.48	95.34	97.87			
6	p	18.34	15.03	16.69	21.35	22.28	21.82	19.25	4.15	0.20	St
	q	84.30	82.29	83.29	71.31	71.03	71.17	77.23			
	p+q	102.64	97.32	99.98	92.66	93.31	92.99	96.48			
7	p	8.53	8.14	8.33	12.02	11.32	11.67	10.00	3.90	0.11	T
	q	85.03	84.25	84.64	76.66	76.79	76.72	80.68			
	p+q	93.56	92.39	92.97	88.68	88.11	88.39	90.68			
8	p	15.46	15.46	15.46	15.96	15.73	15.85	15.65	3.58	0.19	St
	q	63.13	64.56	63.85	70.24	71.94	71.09	67.47			
	p+q	78.59	80.02	79.30	86.19	87.67	86.93	83.12			
9	p	35.43	36.89	36.16	36.03	31.65	33.84	35.00	3.30	0.46	M
	q	42.53	46.30	44.42	38.62	39.17	38.89	41.66			
	p+q	77.96	83.20	80.58	74.65	70.82	72.73	76.66			
10	p	11.59	12.75	12.17	8.79	10.41	9.60	10.88	3.26	0.14	St
	q	63.85	64.93	64.39	67.21	63.23	65.22	64.81			
	p+q	75.44	77.67	76.56	76.01	73.64	74.82	75.69			
11	p	13.44	13.31	13.37	16.04	17.32	16.68	15.03	3.20	0.20	St
	q	63.83	56.98	60.41	59.37	57.58	58.48	59.44			
	p+q	77.27	70.28	73.78	75.42	74.89	75.16	74.47			
12	p	27.07	25.08	26.07	23.24	26.67	24.96	25.51	3.19	0.34	Sm
	q	50.72	51.15	50.93	48.96	43.59	46.27	48.60			
	p+q	77.79	76.22	77.00	72.20	70.26	71.23	74.12			
13	p	11.16	10.86	11.01	8.53	9.50	9.02	10.01	3.05	0.14	St
	q	57.68	58.75	58.22	63.92	63.34	63.63	60.92			
	p+q	68.84	69.62	69.23	72.45	72.84	72.65	70.94			
14	p	19.46	20.32	19.89	18.35	17.04	17.70	18.79	3.01	0.27	sm
	q	46.78	47.31	47.04	55.03	55.54	55.28	51.16			
	p+q	66.24	67.63	66.94	73.38	72.58	72.98	69.96			
15	p	20.55	20.26	20.41	13.96	12.53	13.25	16.83	2.85	0.25	sm
	q	45.87	46.65	46.26	52.57	52.49	52.53	49.39			
	p+q	66.43	66.91	66.67	66.53	65.02	65.77	66.22			
16	p	19.20	16.29	17.74	15.92	15.49	15.71	16.73	2.56	0.28	sm
	q	39.69	42.95	41.32	45.91	42.05	43.98	42.65			
	p+q	58.89	59.24	59.06	61.84	57.54	59.69	59.37			
17	p	17.74	17.24	17.49	16.53	16.46	16.50	16.99	2.37	0.31	sm
	q	40.15	40.63	40.39	35.70	35.53	35.61	38.00			
	p+q	57.89	57.87	57.88	52.23	51.99	52.11	54.99			
18	p	23.11	23.05	23.08	24.83	25.18	25.00	24.04	2.28	0.45	m
	q	29.25	29.08	29.17	29.56	28.19	28.88	29.02			
	p+q	52.36	52.13	52.25	54.39	53.36	53.88	53.06			
19	p	23.21	22.34	22.77	16.65	16.49	16.57	19.67	2.09	0.41	m
	q	27.13	26.01	26.57	30.58	31.67	31.12	28.85			
	p+q	50.34	48.35	49.34	47.23	48.16	47.69	48.52			
20	p	16.83	18.45	17.64	15.50	15.07	15.28	16.46	1.93	0.37	sm
	q	28.36	27.14	27.75	29.37	28.65	29.01	28.38			
	p+q	45.19	45.59	45.39	44.87	43.72	44.29	44.84			

21	p	11.92	11.12	11.52	10.75	10.56	10.66	11.09	1.81	0.26	sm
	q	31.35	31.51	31.43	29.97	30.71	30.34	30.88			
	p+q	43.26	42.63	42.95	40.72	41.27	40.99	41.97			
22	p	13.99	13.90	13.95	15.22	14.36	14.79	14.37	1.72	0.36	sm
	q	24.11	25.34	24.72	29.61	23.73	26.67	25.70			
	p+q	38.10	39.24	38.67	44.83	38.09	41.46	40.06			
23	p	7.13	8.25	7.69	6.87	7.63	7.25	7.47	1.70	0.19	st
	q	31.90	30.90	31.40	32.99	32.08	32.54	31.97			
	p+q	39.03	39.15	39.09	39.86	39.71	39.79	39.44			
24	p	14.06	13.32	13.69	8.01	9.73	8.87	11.28	1.65	0.29	sm
	q	24.79	24.62	24.70	28.95	29.97	29.46	27.08			
	p+q	38.85	37.94	38.40	36.96	39.70	38.33	38.36			
25	p	11.57	10.32	10.94	11.26	11.10	11.18	11.06	1.60	0.30	sm
	q	25.75	25.73	25.74	26.61	26.46	26.54	26.14			
	p+q	37.32	36.04	36.68	37.88	37.55	37.72	37.20			
26	p	8.56	8.64	8.60	11.73	11.69	11.71	10.15	1.59	0.27	sm
	q	27.80	28.84	28.32	25.70	24.78	25.24	26.78			
	p+q	36.35	37.47	36.91	37.43	36.47	36.95	36.93			
27	p	17.32	15.27	16.30	17.38	16.74	17.06	16.68	1.57	0.46	m
	q	22.41	21.15	21.78	17.86	18.18	18.02	19.90			
	p+q	39.73	36.42	38.07	35.24	34.92	35.08	36.58			
28	p	7.77	10.80	9.28	10.42	9.48	9.95	9.62	1.53	0.27	sm
	q	25.89	24.84	25.37	25.96	26.86	26.41	25.89			
	p+q	33.66	35.64	34.65	36.38	36.33	36.35	35.50			
29	p	2.10	2.73	2.42	0.63	0.30	0.46	1.44	1.51	0.04	t
	q	31.90	31.70	31.80	35.47	35.16	35.32	33.56			
	p+q	34.00	34.43	34.22	36.10	35.45	35.78	35.00			
30	p	11.97	11.81	11.89	6.31	6.29	6.30	9.10	1.50	0.26	sm
	q	25.32	26.17	25.75	25.17	26.01	25.59	25.67			
	p+q	37.29	37.97	37.63	31.48	32.31	31.89	34.76			
31	p	9.50	10.04	9.77	5.96	5.49	5.72	7.75	1.42	0.24	st
	q	23.44	22.04	22.74	27.86	27.34	27.60	25.17			
	p+q	32.93	32.08	32.51	33.82	32.83	33.32	32.92			
32	p	9.54	9.78	9.66	6.21	6.51	6.36	8.01	1.35	0.26	sm
	q	21.13	22.97	22.05	23.93	25.40	24.67	23.36			
	p+q	30.67	32.75	31.71	30.14	31.91	31.03	31.37			
33	p	5.04	6.77	5.90	7.28	7.77	7.53	6.71	1.31	0.22	st
	q	24.50	23.95	24.22	24.62	21.58	23.10	23.66			
	p+q	29.53	30.72	30.13	31.90	29.35	30.62	30.38			
34	p	6.97	5.26	6.12	6.24	6.62	6.43	6.27	1.22	0.22	st
	q	22.31	23.76	23.04	21.70	20.48	21.09	22.06			
	p+q	29.28	29.02	29.15	27.93	27.10	27.52	28.33			
35	p	13.99	12.20	13.10	9.29	7.97	8.63	10.86	1.21	0.39	m
	q	16.32	13.69	15.01	19.33	19.66	19.49	17.25			
	p+q	30.31	25.90	28.10	28.62	27.63	28.12	28.11			
36	p	11.76	12.59	12.17	10.28	10.14	10.21	11.19	1.07	0.45	m
	q	15.59	13.63	14.61	12.10	13.29	12.69	13.65			
	p+q	27.35	26.22	26.78	22.38	23.42	22.90	24.84			
X	p	-	-	-	46.20	46.92	46.56	46.56	5.14	0.39	m
	q	-	-	-	72.95	72.68	72.82	72.82			
	p+q	-	-	-	119.16	119.61	119.38	119.38			
Y	p	9.62	9.89	9.76	-	-	-	9.76	0.96	0.44	m
	q	12.38	12.81	12.59	-	-	-	12.59			
	p+q	22.00	22.70	22.35	-	-	-	22.35			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subtelocéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico

Tabla N° 7.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♀

PAR CROM	LONG BRAZ	HOMÓLOGO 1		\bar{X} ct1,ct2	HOMÓLOGO 2		\bar{X} ct3,ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CROM
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	19.46	21.12	20.29	24.89	25.61	25.25	22.77	5.72	0.14	St
	q	139.56	142.34	140.95	144.01	139.26	141.64	141.29			
	p+q	159.02	163.46	161.24	168.90	164.87	166.89	164.06			
2	p	19.33	17.23	18.28	21.30	23.87	22.59	20.43	5.18	0.14	St
	q	125.00	133.08	129.04	129.08	125.59	127.34	128.19			
	p+q	144.33	150.31	147.32	150.38	149.46	149.92	148.62			
3	p	14.69	13.31	14.00	13.12	13.76	13.44	13.72	4.34	0.11	T
	q	100.06	100.59	100.33	121.47	120.94	121.21	110.77			
	p+q	114.75	113.90	114.33	134.59	134.70	134.65	124.49			
4	p	23.75	26.18	24.97	22.63	31.78	27.21	26.09	4.34	0.21	St
	q	104.89	114.00	109.45	87.45	87.20	87.33	98.39			
	p+q	128.64	140.18	134.41	110.08	118.98	114.53	124.47			
5	p	22.23	19.76	21.00	22.31	22.64	22.48	21.74	3.74	0.20	St
	q	86.74	84.53	85.64	85.80	85.42	85.61	85.62			
	p+q	108.97	104.29	106.63	108.11	108.06	108.09	107.36			
6	p	29.06	28.88	28.97	27.28	26.43	26.86	27.91	3.70	0.26	Sm
	q	77.57	74.38	75.98	77.86	83.78	80.82	78.40			
	p+q	106.63	103.26	104.95	105.14	110.21	107.68	106.31			
7	p	10.76	10.25	10.51	12.19	13.02	12.61	11.56	3.69	0.11	T
	q	97.36	85.58	91.47	91.95	102.68	97.32	94.39			
	p+q	108.12	95.83	101.98	104.14	115.70	109.92	105.95			
8	p	16.49	15.78	16.14	20.75	20.65	20.70	18.42	3.41	0.19	St
	q	83.86	77.69	80.78	77.33	79.39	78.36	79.57			
	p+q	100.35	93.47	96.91	98.08	100.04	99.06	97.99			
9	p	12.21	12.00	12.11	13.02	14.42	13.72	12.91	3.41	0.13	St
	q	87.86	85.63	86.75	81.30	85.07	83.19	84.97			
	p+q	100.07	97.63	98.85	94.32	99.49	96.91	97.88			
10	p	19.23	20.82	20.03	14.15	14.71	14.43	17.23	3.20	0.19	St
	q	70.83	72.61	71.72	80.69	74.18	77.44	74.58			
	p+q	90.06	93.43	91.75	94.84	88.89	91.87	91.81			
11	p	47.19	45.57	46.38	41.18	43.79	42.49	44.43	3.19	0.48	M
	q	55.80	46.97	51.39	41.60	44.59	43.10	47.24			
	p+q	102.99	92.54	97.77	82.78	88.38	85.58	91.67			
12	p	23.71	28.49	26.10	29.78	31.90	30.84	28.47	3.11	0.32	Sm
	q	62.67	58.26	60.47	62.36	59.46	60.91	60.69			
	p+q	86.38	86.75	86.57	92.14	91.36	91.75	89.16			
13	p	28.02	32.75	30.39	26.64	27.73	27.19	28.79	3.05	0.33	Sm
	q	70.30	59.87	65.09	51.99	52.56	52.28	58.68			
	p+q	98.32	92.62	95.47	78.63	80.29	79.46	87.47			
14	p	15.00	15.26	15.13	14.24	15.37	14.81	14.97	2.92	0.18	St
	q	70.20	68.62	69.41	64.10	72.06	68.08	68.75			
	p+q	85.20	83.88	84.54	78.34	87.43	82.89	83.71			
15	p	12.81	13.60	13.21	17.03	16.28	16.66	14.93	2.80	0.19	St
	q	71.34	69.56	70.45	59.26	61.24	60.25	65.35			
	p+q	84.15	83.16	83.66	76.29	77.52	76.91	80.28			
16	p	17.80	16.55	17.18	16.88	16.37	16.63	16.90	2.65	0.22	St
	q	60.93	56.58	58.76	58.26	60.91	59.59	59.17			
	p+q	78.73	73.13	75.93	75.14	77.28	76.21	76.07			
17	p	30.23	29.51	29.87	31.35	29.04	30.20	30.03	2.52	0.42	M
	q	43.77	39.89	41.83	43.01	42.19	42.60	42.22			
	p+q	74.00	69.40	71.70	74.36	71.23	72.80	72.25			
18	p	25.00	23.16	24.08	20.62	23.60	22.11	23.10	2.42	0.33	Sm
	q	59.44	40.86	50.15	42.45	42.68	42.57	46.36			
	p+q	84.44	64.02	74.23	63.07	66.28	64.68	69.45			
19	p	22.02	25.00	23.51	30.00	31.00	30.50	27.01	2.31	0.41	M
	q	43.50	41.36	42.43	36.39	35.60	36.00	39.21			
	p+q	65.52	66.36	65.94	66.39	66.60	66.50	66.22			
20	p	15.81	15.81	15.81	14.21	15.23	14.72	15.27	2.20	0.24	St

	q	50.21	45.35	47.78	45.50	49.92	47.71	47.75			
	p+q	66.02	61.16	63.59	59.71	65.15	62.43	63.01			
21	p	15.00	14.32	14.66	17.03	16.66	16.85	15.75	2.16	0.25	Sm
	q	38.06	50.23	44.15	50.19	46.59	48.39	46.27			
	p+q	53.06	64.55	58.81	67.22	63.25	65.24	62.02			
22	p	15.26	18.60	16.93	23.32	26.40	24.86	20.90	1.93	0.38	M
	q	37.44	38.34	37.89	30.84	31.78	31.31	34.60			
	p+q	52.70	56.94	54.82	54.16	58.18	56.17	55.50			
23	p	13.89	10.63	12.26	15.81	15.81	15.81	14.04	1.93	0.25	Sm
	q	44.12	45.19	44.66	38.19	38.04	38.12	41.39			
	p+q	58.01	55.82	56.92	54.00	53.85	53.93	55.42			
24	p	9.22	11.40	10.31	11.31	11.66	11.49	10.90	1.87	0.20	St
	q	44.19	44.86	44.53	36.20	45.25	40.73	42.63			
	p+q	53.41	56.26	54.84	47.51	56.91	52.21	53.52			
25	p	18.44	19.21	18.83	19.21	17.80	18.51	18.67	1.86	0.35	Sm
	q	35.61	33.86	34.74	36.06	33.62	34.84	34.79			
	p+q	54.05	53.07	53.56	55.27	51.42	53.35	53.45			
26	p	23.77	18.38	21.08	22.70	24.50	23.60	22.34	1.83	0.42	M
	q	29.08	33.08	31.08	28.83	29.90	29.37	30.22			
	p+q	52.85	51.46	52.16	51.53	54.40	52.97	52.56			
27	p	12.04	13.34	12.69	14.76	13.00	13.88	13.29	1.82	0.26	Sm
	q	40.27	37.70	38.99	38.60	38.65	38.63	38.81			
	p+q	52.31	51.04	51.68	53.36	51.65	52.51	52.09			
28	p	15.62	15.00	15.31	16.40	16.12	16.26	15.79	1.74	0.32	Sm
	q	32.35	30.17	31.26	37.08	36.70	36.89	34.08			
	p+q	47.97	45.17	46.57	53.48	52.82	53.15	49.86			
29	p	17.80	18.60	18.20	19.42	20.62	20.02	19.11	1.73	0.39	M
	q	32.07	30.05	31.06	30.87	28.92	29.90	30.48			
	p+q	49.87	48.65	49.26	50.29	49.54	49.92	49.59			
30	p	22.20	19.70	20.95	25.81	21.59	23.70	22.33	1.72	0.45	M
	q	25.00	29.01	27.01	27.46	27.20	27.33	27.17			
	p+q	47.20	48.71	47.96	53.27	48.79	51.03	49.49			
31	p	10.30	10.82	10.56	14.76	17.20	15.98	13.27	1.51	0.31	Sm
	q	30.08	32.39	31.24	27.60	29.83	28.72	29.98			
	p+q	40.38	43.21	41.80	42.36	47.03	44.70	43.25			
32	p	6.40	8.06	7.23	8.00	9.22	8.61	7.92	1.50	0.18	St
	q	33.58	36.14	34.86	39.06	31.65	35.36	35.11			
	p+q	39.98	44.20	42.09	47.06	40.87	43.97	43.03			
33	p	18.98	18.49	18.74	18.80	17.64	18.22	18.48	1.40	0.46	M
	q	25.83	22.50	24.17	19.32	19.42	19.37	21.77			
	p+q	44.81	40.99	42.90	38.12	37.06	37.59	40.25			
34	p	10.82	10.00	10.41	10.63	10.30	10.47	10.44	1.33	0.27	Sm
	q	26.83	30.89	28.86	25.08	28.21	26.65	27.75			
	p+q	37.65	40.89	39.27	35.71	38.51	37.11	38.19			
35	p	13.45	12.81	13.13	15.65	15.62	15.64	14.38	1.32	0.38	M
	q	20.12	23.90	22.01	25.61	24.62	25.12	23.56			
	p+q	33.57	36.71	35.14	41.26	40.24	40.75	37.95			
36	p	17.03	17.20	17.12	16.97	16.64	16.81	16.96	1.27	0.47	M
	q	19.80	18.87	19.34	19.24	19.90	19.57	19.45			
	p+q	36.83	36.07	36.45	36.21	36.54	36.38	36.41			
X	p	56.16	58.21	57.19	45.50	42.07	43.79	50.49	4.93	0.36	Sm
	q	93.94	91.21	92.58	91.74	86.65	89.20	90.89			
	p+q	150.10	149.42	149.76	137.24	128.72	132.98	141.37			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subtelocéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico

Tabla N° 8: Medidas de los cromosomas de una metafase de alpaca ♂.

PAR CROM	LONG BRAZ	HOMÓLOGO 1		\bar{X} ct1,ct2	HOMÓLOGO 2		\bar{X} ct3,ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CROM
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	22.02	22.28	22.15	21.00	22.13	21.56	21.86	6.22	0.14	St
	q	126.60	130.08	128.34	129.77	134.44	132.11	130.22			
	p+q	148.62	152.36	150.49	150.77	156.57	153.67	152.08			
2	p	11.91	11.01	11.46	11.91	13.91	12.91	12.18	5.31	0.09	T
	q	116.38	117.59	116.99	119.74	116.96	118.35	117.67			
	p+q	128.29	128.60	128.44	131.65	130.87	131.26	129.85			
3	p	14.43	14.80	14.62	16.59	15.82	16.20	15.41	5.18	0.12	St
	q	111.71	113.54	112.63	109.81	110.12	109.97	111.30			
	p+q	126.14	128.35	127.24	126.40	125.94	126.17	126.71			
4	p	10.81	10.14	10.48	19.37	19.65	19.51	14.99	4.56	0.13	St
	q	102.68	98.58	100.63	93.32	91.90	92.61	96.62			
	p+q	113.49	108.72	111.11	112.70	111.55	112.12	111.62			
5	p	13.11	15.95	14.53	19.97	21.02	20.50	17.51	4.25	0.17	St
	q	86.08	87.78	86.93	87.58	84.26	85.92	86.42			
	p+q	99.19	103.73	101.46	107.55	105.28	106.41	103.94			
6	p	15.11	14.55	14.83	17.05	16.67	16.86	15.84	4.06	0.16	St
	q	86.52	86.02	86.27	81.30	79.97	80.63	83.45			
	p+q	101.64	100.56	101.10	98.34	96.64	97.49	99.30			
7	p	13.06	12.70	12.88	16.23	16.02	16.13	14.50	3.77	0.16	St
	q	86.96	80.32	83.64	73.50	70.15	71.83	77.73			
	p+q	100.02	93.02	96.52	89.73	86.17	87.95	92.24			
8	p	12.53	12.70	12.62	14.84	14.86	14.85	13.73	3.43	0.16	St
	q	70.55	67.21	68.88	72.13	70.28	71.21	70.04			
	p+q	83.08	79.92	81.50	86.97	85.14	86.06	83.78			
9	p	20.86	18.18	19.52	11.91	11.91	11.91	15.71	3.15	0.20	St
	q	57.28	58.13	57.71	65.59	64.38	64.98	61.34			
	p+q	78.14	76.31	77.23	77.50	76.28	76.89	77.06			
10	p	24.32	26.54	25.43	29.82	29.72	29.77	27.60	3.15	0.36	Sm
	q	49.53	46.61	48.07	51.59	50.07	50.83	49.45			
	p+q	73.85	73.15	73.50	81.42	79.79	80.60	77.05			
11	p	7.77	6.05	6.91	6.20	10.13	8.17	7.54	3.14	0.10	T
	q	69.96	73.15	71.56	67.34	66.80	67.07	69.31			
	p+q	77.74	79.20	78.47	73.54	76.93	75.23	76.85			
12	p	11.03	11.18	11.10	11.92	11.15	11.54	11.32	3.06	0.15	St
	q	62.28	66.49	64.38	63.05	62.11	62.58	63.48			
	p+q	73.31	77.67	75.49	74.97	73.26	74.12	74.80			
13	p	32.25	32.19	32.22	31.71	32.13	31.92	32.07	2.97	0.44	M
	q	38.50	38.93	38.71	42.33	42.96	42.65	40.68			
	p+q	70.75	71.13	70.94	74.05	75.09	74.57	72.75			
14	p	10.31	8.29	9.30	10.88	9.43	10.15	9.73	2.81	0.14	St
	q	60.85	58.46	59.65	56.29	60.55	58.42	59.04			
	p+q	71.15	66.75	68.95	67.16	69.98	68.57	68.76			
15	p	10.36	10.88	10.62	9.07	8.95	9.01	9.81	2.79	0.14	St
	q	59.69	61.69	60.69	56.69	55.48	56.09	58.39			
	p+q	70.05	72.57	71.31	65.76	64.43	65.09	68.20			
16	p	15.60	16.23	15.91	16.57	16.63	16.60	16.26	2.50	0.27	Sm
	q	46.93	47.67	47.30	43.43	41.72	42.57	44.94			
	p+q	62.53	63.90	63.21	60.00	58.36	59.18	61.19			
17	p	24.53	24.07	24.30	28.77	28.12	28.45	26.37	2.46	0.44	M
	q	34.61	35.28	34.94	32.30	33.02	32.66	33.80			
	p+q	59.14	59.35	59.24	61.07	61.15	61.11	60.18			
18	p	18.86	18.12	18.49	16.80	19.03	17.92	18.20	2.43	0.31	Sm
	q	40.81	42.36	41.59	41.84	39.48	40.66	41.12			
	p+q	59.67	60.48	60.08	58.64	58.51	58.58	59.33			
19	p	17.93	20.92	19.43	25.64	22.15	23.90	21.66	2.39	0.37	M
	q	36.84	40.14	38.49	34.87	34.99	34.93	36.71			
	p+q	54.77	61.07	57.92	60.52	57.14	58.83	58.37			
20	p	25.21	23.88	24.55	21.00	21.77	21.39	22.97	2.10	0.45	M
	q	25.39	34.85	30.12	28.24	25.17	26.71	28.41			

	p+q	50.60	58.73	54.67	49.24	46.95	48.09	51.38			
21	p	18.27	16.05	17.16	20.93	21.48	21.21	19.18	2.03	0.39	M
	q	28.88	29.53	29.20	31.60	32.17	31.88	30.54			
	p+q	47.15	45.58	46.36	52.53	53.66	53.09	49.73			
22	p	13.56	15.36	14.46	12.76	12.03	12.40	13.43	1.97	0.28	Sm
	q	28.44	31.99	30.22	41.30	37.18	39.24	34.73			
	p+q	42.01	47.35	44.68	54.06	49.21	51.63	48.16			
23	p	4.95	4.58	4.76	5.07	4.95	5.01	4.89	1.97	0.10	T
	q	45.37	43.62	44.49	41.69	42.20	41.94	43.22			
	p+q	50.32	48.19	49.26	46.75	47.15	46.95	48.10			
24	p	15.29	20.95	18.12	16.39	15.44	15.92	17.02	1.90	0.37	Sm
	q	28.62	31.70	30.16	29.73	28.14	28.93	29.55			
	p+q	43.91	52.65	48.28	46.12	43.58	44.85	46.57			
25	p	19.32	19.00	19.16	20.09	21.84	20.96	20.06	1.86	0.44	M
	q	25.11	27.77	26.44	23.58	25.11	24.35	25.39			
	p+q	44.43	46.77	45.60	43.67	46.95	45.31	45.45			
26	p	10.98	6.53	8.75	11.01	18.29	14.65	11.70	1.80	0.27	Sm
	q	29.66	31.96	30.81	35.52	32.52	34.02	32.42			
	p+q	40.64	38.49	39.57	46.53	50.81	48.67	44.12			
27	p	11.88	14.49	13.19	11.81	10.24	11.03	12.11	1.64	0.30	Sm
	q	28.90	27.72	28.31	27.35	27.91	27.63	27.97			
	p+q	40.77	42.22	41.49	39.15	38.16	38.65	40.07			
28	p	14.84	13.21	14.02	12.02	10.31	11.16	12.59	1.53	0.34	Sm
	q	20.16	26.00	23.08	28.44	25.17	26.81	24.94			
	p+q	35.01	39.20	37.10	40.46	35.48	37.97	37.54			
29	p	0.47	0.47	0.47	8.20	6.71	7.46	3.96	1.49	0.11	T
	q	36.12	35.69	35.91	28.35	29.91	29.13	32.52			
	p+q	36.59	36.16	36.37	36.55	36.62	36.58	36.48			
30	p	14.28	15.43	14.85	16.45	14.72	15.59	15.22	1.33	0.47	M
	q	16.93	18.68	17.81	16.92	16.36	16.64	17.22			
	p+q	31.21	34.11	32.66	33.37	31.08	32.22	32.44			
31	p	6.76	6.97	6.87	9.46	9.36	9.41	8.14	1.29	0.26	Sm
	q	28.81	26.90	27.85	21.93	15.65	18.79	23.32			
	p+q	35.57	33.87	34.72	31.39	25.01	28.20	31.46			
32	p	10.30	9.67	9.98	10.55	7.63	9.09	9.53	1.29	0.30	Sm
	q	21.66	19.62	20.64	23.99	22.43	23.21	21.93			
	p+q	31.95	29.29	30.62	34.54	30.06	32.30	31.46			
33	p	8.96	9.86	9.41	12.80	11.54	12.17	10.79	1.22	0.36	Sm
	q	18.92	19.15	19.03	19.23	18.93	19.08	19.06			
	p+q	27.88	29.01	28.44	32.03	30.47	31.25	29.85			
34	p	1.90	2.34	2.12	1.28	1.33	1.30	1.71	1.20	0.06	T
	q	25.83	28.80	27.32	28.42	27.46	27.94	27.63			
	p+q	27.73	31.15	29.44	29.70	28.79	29.24	29.34			
35	p	3.17	1.60	2.39	1.05	2.26	1.65	2.02	1.20	0.07	T
	q	27.63	29.25	28.44	26.03	25.97	26.00	27.22			
	p+q	30.80	30.85	30.82	27.07	28.23	27.65	29.24			
36	p	13.60	12.74	13.17	9.06	11.92	10.49	11.83	1.05	0.46	M
	q	15.96	13.94	14.95	11.50	13.67	12.58	13.77			
	p+q	29.56	26.68	28.12	20.55	25.60	23.07	25.60			
X	p	-	-	-	53.60	42.37	47.99	47.99	4.53	0.43	M
	q	-	-	-	68.71	56.96	62.84	62.84			
	p+q	-	-	-	122.31	99.33	110.82	110.82			
Y	p	10.89	11.37	11.13	-	-	-	11.13	0.99	0.46	M
	q	12.75	13.32	13.04	-	-	-	13.04			
	p+q	23.64	24.70	24.17	-	-	-	24.17			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subtelocéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico

Tabla N° 9.- Medidas de los cromosomas de una metafase de alpaca ♀

PAR CROM	LONG BRAZ	HOMÓLOGO 1		\bar{X} ct1,ct2	HOMÓLOGO 2		\bar{X} ct3,ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CROM
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	22.12	21.47	21.79	24.91	20.84	22.87	22.33	6.11	0.22	St
	q	81.41	81.77	81.59	85.46	73.59	79.53	80.56			
	p+q	103.52	103.24	103.38	110.37	94.43	102.40	102.89			
2	p	19.90	19.85	19.87	20.13	20.61	20.37	20.12	5.91	0.20	St
	q	83.98	79.82	81.90	78.01	76.02	77.01	79.46			
	p+q	103.87	99.67	101.77	98.14	96.63	97.38	99.58			
3	p	14.05	14.17	14.11	14.70	15.34	15.02	14.56	5.32	0.16	St
	q	70.50	81.17	75.83	74.45	73.70	74.08	74.95			
	p+q	84.55	95.34	89.94	89.15	89.04	89.10	89.52			
4	p	15.95	14.27	15.11	19.41	18.23	18.82	16.96	4.32	0.23	St
	q	55.66	56.98	56.32	55.08	55.72	55.40	55.86			
	p+q	71.60	71.26	71.43	74.49	73.95	74.22	72.82			
5	p	7.96	9.57	8.76	7.27	8.92	8.09	8.43	3.92	0.13	St
	q	57.67	56.21	56.94	58.27	58.06	58.17	57.55			
	p+q	65.63	65.77	65.70	65.54	66.98	66.26	65.98			
6	p	12.59	12.72	12.65	18.03	15.61	16.82	14.73	3.82	0.23	St
	q	50.74	50.11	50.43	51.90	45.86	48.88	49.65			
	p+q	63.33	62.83	63.08	69.93	61.47	65.70	64.39			
7	p	9.89	10.24	10.06	9.26	9.96	9.61	9.84	3.65	0.16	St
	q	53.55	50.99	52.27	49.52	52.75	51.14	51.70			
	p+q	63.45	61.23	62.34	58.79	62.71	60.75	61.54			
8	p	10.80	15.64	13.22	9.18	10.98	10.08	11.65	3.44	0.20	St
	q	44.43	45.28	44.86	48.43	46.92	47.68	46.27			
	p+q	55.23	60.92	58.08	57.61	57.90	57.75	57.91			
9	p	28.15	26.61	27.38	27.25	21.63	24.44	25.91	3.40	0.45	M
	q	30.29	29.58	29.93	36.65	29.19	32.92	31.43			
	p+q	58.44	56.19	57.31	63.90	50.82	57.36	57.34			
10	p	9.05	9.41	9.23	6.99	7.61	7.30	8.27	3.29	0.15	St
	q	45.25	49.32	47.29	47.22	46.49	46.86	47.07			
	p+q	54.30	58.73	56.52	54.22	54.10	54.16	55.34			
11	p	18.72	17.23	17.98	14.90	14.65	14.78	16.38	3.18	0.31	Sm
	q	37.96	37.00	37.48	35.47	38.55	37.01	37.24			
	p+q	56.68	54.24	55.46	50.37	53.20	51.79	53.62			
12	p	11.94	12.50	12.22	10.08	9.47	9.78	11.00	3.09	0.21	St
	q	35.66	38.72	37.19	43.98	45.55	44.76	40.98			
	p+q	47.59	51.22	49.41	54.06	55.02	54.54	51.98			
13	p	8.68	7.89	8.28	12.19	12.43	12.31	10.30	2.90	0.21	St
	q	39.10	40.92	40.01	37.70	36.20	36.95	38.48			
	p+q	47.77	48.81	48.29	49.88	48.63	49.26	48.77			
14	p	16.01	17.24	16.62	17.77	16.72	17.25	16.93	2.78	0.36	Sm
	q	31.31	31.56	31.43	27.56	28.85	28.20	29.82			
	p+q	47.32	48.80	48.06	45.33	45.57	45.45	46.75			
15	p	24.11	21.87	22.99	19.72	19.36	19.54	21.26	2.63	0.48	M
	q	24.69	27.27	25.98	20.01	20.19	20.10	23.04			
	p+q	48.80	49.14	48.97	39.72	39.55	39.64	44.30			
16	p	15.84	15.38	15.61	15.93	15.06	15.50	15.55	2.58	0.36	Sm
	q	27.72	27.55	27.63	28.93	27.71	28.32	27.98			
	p+q	43.55	42.93	43.24	44.86	42.77	43.81	43.53			
17	p	12.97	14.42	13.69	15.11	12.22	13.66	13.68	2.50	0.33	Sm
	q	26.68	26.47	26.57	31.68	28.53	30.11	28.34			
	p+q	39.65	40.89	40.27	46.79	40.75	43.77	42.02			
18	p	6.08	5.45	5.77	10.21	11.45	10.83	8.30	2.35	0.21	St
	q	32.60	33.43	33.02	27.81	31.15	29.48	31.25			
	p+q	38.68	38.89	38.78	38.02	42.60	40.31	39.55			
19	p	3.15	3.19	3.17	3.94	3.65	3.80	3.48	2.33	0.09	T
	q	35.33	36.40	35.86	36.43	35.10	35.76	35.81			
	p+q	38.47	39.59	39.03	40.37	38.75	39.56	39.30			
20	p	17.45	17.01	17.23	17.59	17.38	17.49	17.36	2.24	0.46	M

	q	21.04	21.18	21.11	20.80	18.62	19.71	20.41			
	p+q	38.49	38.20	38.34	38.39	36.00	37.20	37.77			
21	p	18.18	14.31	16.24	18.83	14.74	16.79	16.51	2.09	0.47	M
	q	19.32	18.49	18.90	19.71	17.12	18.42	18.66			
	p+q	37.49	32.80	35.14	38.54	31.86	35.20	35.17			
22	p	10.57	10.69	10.63	10.02	9.99	10.01	10.32	2.09	0.29	Sm
	q	24.73	23.21	23.97	26.31	25.15	25.73	24.85			
	p+q	35.29	33.91	34.60	36.33	35.14	35.74	35.17			
23	p	14.86	16.27	15.56	16.35	15.06	15.71	15.63	2.08	0.45	M
	q	18.91	20.03	19.47	18.12	20.71	19.41	19.44			
	p+q	33.77	36.30	35.03	34.47	35.77	35.12	35.08			
24	p	10.12	11.05	10.58	13.36	17.75	15.55	13.07	2.01	0.39	M
	q	23.63	22.91	23.27	17.73	18.72	18.22	20.75			
	p+q	33.75	33.96	33.85	31.09	36.47	33.78	33.82			
25	p	7.10	7.99	7.54	13.37	12.46	12.92	10.23	1.92	0.32	Sm
	q	24.94	22.42	23.68	20.54	20.53	20.53	22.11			
	p+q	32.04	30.40	31.22	33.91	32.99	33.45	32.33			
26	p	8.41	8.90	8.65	7.60	8.26	7.93	8.29	1.82	0.27	Sm
	q	24.64	19.59	22.12	23.59	21.84	22.71	22.42			
	p+q	33.06	28.48	30.77	31.19	30.10	30.65	30.71			
27	p	10.36	12.06	11.21	13.58	11.76	12.67	11.94	1.65	0.43	M
	q	17.30	17.38	17.34	14.29	14.14	14.21	15.78			
	p+q	27.66	29.43	28.55	27.87	25.90	26.89	27.72			
28	p	10.28	12.48	11.38	10.81	9.91	10.36	10.87	1.53	0.42	M
	q	11.79	16.84	14.31	16.09	15.12	15.61	14.96			
	p+q	22.08	29.32	25.70	26.90	25.03	25.97	25.83			
29	p	1.05	2.34	1.70	1.07	2.97	2.02	1.86	1.52	0.07	T
	q	23.16	23.62	23.39	25.80	22.14	23.97	23.68			
	p+q	24.21	25.96	25.09	26.87	25.11	25.99	25.54			
30	p	11.10	10.60	10.85	9.09	8.25	8.67	9.76	1.51	0.38	M
	q	14.09	15.40	14.74	16.54	16.62	16.58	15.66			
	p+q	25.19	25.99	25.59	25.63	24.86	25.25	25.42			
31	p	7.99	6.43	7.21	9.54	8.23	8.88	8.05	1.45	0.33	Sm
	q	16.21	17.84	17.03	15.68	15.87	15.77	16.40			
	p+q	24.19	24.28	24.23	25.22	24.10	24.66	24.45			
32	p	1.13	0.86	1.00	1.05	1.47	1.26	1.13	1.32	0.05	T
	q	20.11	22.58	21.35	21.58	20.11	20.84	21.09			
	p+q	21.24	23.45	22.34	22.62	21.58	22.10	22.22			
33	p	4.53	3.68	4.10	6.23	6.82	6.52	5.31	1.30	0.24	St
	q	16.92	19.49	18.20	15.71	14.33	15.02	16.61			
	p+q	21.45	23.16	22.31	21.94	21.15	21.54	21.93			
34	p	4.53	5.82	5.17	5.50	5.40	5.45	5.31	1.26	0.25	St
	q	16.92	15.05	15.99	15.52	16.25	15.89	15.94			
	p+q	21.45	20.88	21.16	21.02	21.66	21.34	21.25			
35	p	3.06	2.34	2.70	1.08	2.99	2.03	2.37	1.20	0.12	T
	q	16.36	19.27	17.81	18.12	17.57	17.84	17.83			
	p+q	19.41	21.61	20.51	19.20	20.55	19.88	20.20			
36	p	8.28	7.46	7.87	8.79	9.27	9.03	8.45	1.11	0.45	M
	q	10.70	11.80	11.25	9.18	9.45	9.32	10.28			
	p+q	18.97	19.26	19.11	17.97	18.72	18.35	18.73			
X	p	28.80	28.05	28.43	28.04	33.95	31.00	29.71	4.37	0.40	M
	q	42.38	49.59	45.98	40.21	43.64	41.93	43.96			
	p+q	71.18	77.64	74.41	68.25	77.60	72.92	73.67			

Leyenda:

ct = cromátide

p = brazo corto

st = subteloecéntrico

t = telocéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

IC = Índice centromérico

q = brazo largo

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

Tabla N° 10.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♂

PAR CRO-MOSÓ-MICO	METAFASE 1 (1614)									RCL	IC	TIPO CROM
	LONG. BRA-ZOS	HOMÓLOGO 1		\bar{X} ct1, ct2	HOMÓLOGO 2		\bar{X} ct3, ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4				
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4						
1	p	21.72	20.54	21.13	27.31	31.39	29.35	25.24	5.47	0.22	AC	
	q	93.71	94.74	94.23	86.71	84.06	85.38	89.80				
	p+q	115.43	115.28	115.36	114.02	115.45	114.73	115.05				
2	p	16.07	17.88	16.98	15.98	15.70	15.84	16.41	5.41	0.14	AC	
	q	98.82	101.22	100.02	94.10	95.32	94.71	97.36				
	p+q	114.89	119.11	117.00	110.08	111.02	110.55	113.77				
3	p	11.54	12.88	12.21	19.72	18.42	19.07	15.64	4.97	0.15	AC	
	q	89.00	86.66	87.83	91.39	88.58	89.99	88.91				
	p+q	100.54	99.54	100.04	111.10	107.00	109.05	104.55				
4	p	22.60	23.40	23.00	19.80	22.09	20.95	21.97	4.39	0.24	AC	
	q	78.15	72.95	75.55	64.67	65.46	65.06	70.31				
	p+q	100.75	96.36	98.55	84.47	87.55	86.01	92.28				
5	p	13.45	11.93	12.69	8.51	7.64	8.07	10.38	4.14	0.12	TL	
	q	75.66	79.23	77.45	76.70	75.46	76.08	76.76				
	p+q	89.11	91.16	90.13	85.20	83.10	84.15	87.14				
6	p	17.62	17.52	17.57	14.33	16.69	15.51	16.54	3.91	0.20	AC	
	q	66.65	65.27	65.96	64.82	66.18	65.50	65.73				
	p+q	84.28	82.79	83.53	79.15	82.87	81.01	82.27				
7	p	15.53	18.55	17.04	17.11	20.59	18.85	17.95	3.58	0.24	AC	
	q	60.75	57.68	59.21	56.99	53.54	55.27	57.24				
	p+q	76.27	76.23	76.25	74.11	74.14	74.12	75.19				
8	p	17.09	17.41	17.25	18.29	17.05	17.67	17.46	3.49	0.24	AC	
	q	57.41	54.77	56.09	55.52	55.77	55.65	55.87				
	p+q	74.50	72.18	73.34	73.81	72.82	73.31	73.33				
9	p	12.10	11.15	11.62	11.71	11.13	11.42	11.52	3.41	0.16	AC	
	q	58.44	57.14	57.79	62.34	62.48	62.41	60.10				
	p+q	70.53	68.29	69.41	74.05	73.61	73.83	71.62				
10	p	21.42	23.71	22.56	20.48	20.73	20.60	21.58	3.30	0.31	SM	
	q	47.43	49.54	48.49	46.66	47.68	47.17	47.83				
	p+q	68.85	73.25	71.05	67.13	68.41	67.77	69.41				
11	p	9.73	9.79	9.76	9.04	10.57	9.80	9.78	3.20	0.15	AC	
	q	57.63	59.06	58.34	56.22	56.95	56.59	57.46				
	p+q	67.36	68.85	68.10	65.26	67.52	66.39	67.25				
12	p	12.69	12.16	12.43	13.85	13.39	13.62	13.02	3.09	0.20	AC	
	q	51.10	51.26	51.18	52.84	52.14	52.49	51.84				
	p+q	63.80	63.42	63.61	66.69	65.53	66.11	64.86				
13	p	16.57	15.19	15.88	13.42	11.87	12.64	14.26	3.01	0.23	AC	
	q	47.12	47.78	47.45	50.24	50.66	50.45	48.95				
	p+q	63.69	62.97	63.33	63.66	62.53	63.09	63.21				
14	p	32.51	31.88	32.20	29.16	29.62	29.39	30.79	2.99	0.49	MT	
	q	33.99	32.28	33.13	31.06	31.07	31.06	32.10				
	p+q	66.50	64.16	65.33	60.22	60.69	60.45	62.89				
15	p	11.06	11.20	11.13	10.84	10.44	10.64	10.88	2.91	0.18	AC	
	q	51.55	51.62	51.58	48.78	49.43	49.11	50.35				
	p+q	62.61	62.82	62.72	59.62	59.87	59.75	61.23				
16	p	15.64	15.42	15.53	17.36	17.67	17.52	16.52	2.70	0.29	SM	
	q	42.16	43.26	42.71	37.79	37.50	37.64	40.18				
	p+q	57.81	58.68	58.24	55.14	55.17	55.16	56.70				
17	p	23.91	23.91	23.91	19.38	20.98	20.18	22.05	2.60	0.40	MT	
	q	30.38	32.13	31.25	34.65	33.22	33.94	32.60				
	p+q	54.29	56.04	55.17	54.03	54.20	54.12	54.64				
18	p	20.01	20.69	20.35	18.69	16.53	17.61	18.98	2.39	0.38	MT	
	q	27.85	29.00	28.43	34.87	33.52	34.19	31.31				
	p+q	47.86	49.69	48.78	53.56	50.05	51.80	50.29				
19	p	18.20	19.32	18.76	17.04	15.58	16.31	17.53	2.27	0.37	SM	
	q	28.48	30.81	29.64	30.80	30.59	30.69	30.17				
	p+q	46.68	50.14	48.41	47.84	46.17	47.00	47.70				
20	p	14.91	15.95	15.43	13.09	15.84	14.46	14.94	2.06	0.34	SM	
	q	26.30	26.68	26.49	29.98	30.69	30.33	28.41				
	p+q	41.21	42.63	41.92	43.06	46.52	44.79	43.36				
21	p	11.29	11.80	11.54	12.43	12.65	12.54	12.04	1.96	0.29	SM	
	q	28.47	31.43	29.95	27.97	28.95	28.46	29.21				

	p+q	39.77	43.23	41.50	40.41	41.61	41.01	41.25			
22	p	9.03	10.44	9.73	11.61	11.14	11.37	10.55	1.89	0.27	SM
	q	31.45	31.14	31.30	26.13	27.98	27.06	29.18			
	p+q	40.48	41.58	41.03	37.74	39.12	38.43	39.73			
23	p	15.94	16.36	16.15	17.69	17.15	17.42	16.79	1.89	0.42	MT
	q	22.66	22.76	22.71	23.96	22.38	23.17	22.94			
	p+q	38.60	39.12	38.86	41.65	39.54	40.59	39.73			
24	p	14.12	14.66	14.39	13.35	13.51	13.43	13.91	1.88	0.35	SM
	q	24.91	24.72	24.81	26.28	26.58	26.43	25.62			
	p+q	39.03	39.38	39.20	39.63	40.10	39.86	39.53			
25	p	18.21	17.18	17.69	18.28	16.77	17.52	17.61	1.77	0.47	MT
	q	20.55	20.29	20.42	18.77	18.92	18.85	19.63			
	p+q	38.76	37.47	38.11	37.05	35.69	36.37	37.24			
26	p	13.58	13.21	13.39	13.81	11.87	12.84	13.12	1.74	0.36	SM
	q	21.82	21.29	21.56	24.14	26.93	25.53	23.54			
	p+q	35.40	34.50	34.95	37.95	38.80	38.37	36.66			
27	p	8.62	8.53	8.58	6.56	6.47	6.52	7.55	1.73	0.21	AC
	q	29.26	28.55	28.90	28.72	28.75	28.74	28.82			
	p+q	37.88	37.09	37.48	35.28	35.23	35.25	36.37			
28	p	10.24	10.76	10.50	11.56	12.73	12.14	11.32	1.72	0.31	SM
	q	26.54	27.15	26.84	23.21	22.17	22.69	24.77			
	p+q	36.78	37.91	37.34	34.77	34.90	34.84	36.09			
29	p	14.88	15.06	14.97	13.63	15.36	14.50	14.73	1.63	0.43	MT
	q	19.94	19.97	19.95	19.24	19.12	19.18	19.57			
	p+q	34.82	35.03	34.92	32.88	34.48	33.68	34.30			
30	p	8.47	7.25	7.86	9.62	10.28	9.95	8.90	1.62	0.26	SM
	q	27.25	25.63	26.44	24.67	23.34	24.01	25.22			
	p+q	35.72	32.88	34.30	34.29	33.62	33.95	34.13			
31	p	14.40	13.90	14.15	11.80	11.49	11.64	12.90	1.53	0.40	MT
	q	20.57	17.45	19.01	19.23	19.48	19.36	19.18			
	p+q	34.96	31.35	33.16	31.03	30.97	31.00	32.08			
32	p	6.03	5.40	5.72	9.74	8.81	9.28	7.50	1.52	0.23	AC
	q	26.11	24.91	25.51	23.83	23.04	23.43	24.47			
	p+q	32.14	30.31	31.23	33.57	31.85	32.71	31.97			
33	p	12.68	14.94	13.81	12.65	12.50	12.58	13.19	1.41	0.44	MT
	q	17.67	16.10	16.88	15.70	16.41	16.06	16.47			
	p+q	30.35	31.04	30.70	28.36	28.91	28.63	29.67			
34	p	8.79	8.59	8.69	6.12	7.45	6.79	7.74	1.26	0.29	SM
	q	17.49	18.42	17.95	19.78	19.66	19.72	18.84			
	p+q	26.28	27.01	26.64	25.90	27.11	26.51	26.57			
35	p	11.13	9.47	10.30	11.78	10.62	11.20	10.75	1.08	0.47	MT
	q	12.61	11.26	11.94	12.61	11.53	12.07	12.00			
	p+q	23.74	20.73	22.23	24.39	22.16	23.27	22.75			
36	p	10.67	10.70	10.68	8.53	7.63	8.08	9.38	1.07	0.42	MT
	q	11.20	11.71	11.46	14.62	14.83	14.73	13.09			
	p+q	21.87	22.41	22.14	23.15	22.47	22.81	22.47			
X	p	-	-	-	30.81	30.64	30.73	30.73	4.02	0.36	SM
	q	-	-	-	53.93	53.54	53.74	53.74			
	p+q	-	-	-	84.74	84.19	84.46	84.46			
Y	p	6.30	4.97	5.64	-	-	-	5.64	0.98	0.27	SM
	q	14.46	15.60	15.03	-	-	-	15.03			
	p+q	20.77	20.57	20.67	-	-	-	20.67			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subtlocéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico

Tabla N° 11.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♂

PAR CROMOSOMICO	METAFASE 2 (613)										
	LONG. BRAZOS	HOMÓL 1		\bar{X} ct1,ct2	HOMÓL 2		\bar{X} ct3, ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CROM
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	27.89	27.85	27.87	20.47	20.53	20.50	24.19	5.84	0.18	AC
	q	113.89	117.22	115.55	106.82	107.65	107.24	111.40			
	p+q	141.78	145.07	143.42	127.30	128.18	127.74	135.58			
2	p	15.74	16.54	16.14	14.07	15.07	14.57	15.36	5.71	0.12	TL
	q	115.66	115.69	115.68	119.51	118.60	119.05	117.37			
	p+q	131.40	132.24	131.82	133.59	133.67	133.63	132.72			
3	p	15.90	15.90	15.90	11.30	10.78	11.04	13.47	5.06	0.11	TL
	q	106.24	107.43	106.83	101.71	100.80	101.26	104.04			
	p+q	122.13	123.32	122.73	113.01	111.58	112.29	117.51			
4	p	26.22	30.04	28.13	20.25	20.52	20.38	24.26	4.62	0.23	AC
	q	79.82	85.21	82.52	83.65	83.44	83.54	83.03			
	p+q	106.04	115.25	110.65	103.90	103.95	103.93	107.29			
5	p	11.54	13.16	12.35	9.68	10.61	10.14	11.25	4.21	0.11	TL
	q	88.32	87.77	88.05	84.52	85.86	85.19	86.62			
	p+q	99.86	100.93	100.40	94.20	96.48	95.34	97.87			
6	p	18.34	15.03	16.69	21.35	22.28	21.82	19.25	4.15	0.20	AC
	q	84.30	82.29	83.29	71.31	71.03	71.17	77.23			
	p+q	102.64	97.32	99.98	92.66	93.31	92.99	96.48			
7	p	8.53	8.14	8.33	12.02	11.32	11.67	10.00	3.90	0.11	TL
	q	85.03	84.25	84.64	76.66	76.79	76.72	80.68			
	p+q	93.56	92.39	92.97	88.68	88.11	88.39	90.68			
8	p	15.46	15.46	15.46	15.96	15.73	15.85	15.65	3.58	0.19	AC
	q	63.13	64.56	63.85	70.24	71.94	71.09	67.47			
	p+q	78.59	80.02	79.30	86.19	87.67	86.93	83.12			
9	p	35.43	36.89	36.16	36.03	31.65	33.84	35.00	3.30	0.46	MT
	q	42.53	46.30	44.42	38.62	39.17	38.89	41.66			
	p+q	77.96	83.20	80.58	74.65	70.82	72.73	76.66			
10	p	11.59	12.75	12.17	8.79	10.41	9.60	10.88	3.26	0.14	AC
	q	63.85	64.93	64.39	67.21	63.23	65.22	64.81			
	p+q	75.44	77.67	76.56	76.01	73.64	74.82	75.69			
11	p	13.44	13.31	13.37	16.04	17.32	16.68	15.03	3.20	0.20	AC
	q	63.83	56.98	60.41	59.37	57.58	58.48	59.44			
	p+q	77.27	70.28	73.78	75.42	74.89	75.16	74.47			
12	p	27.07	25.08	26.07	23.24	26.67	24.96	25.51	3.19	0.34	SM
	q	50.72	51.15	50.93	48.96	43.59	46.27	48.60			
	p+q	77.79	76.22	77.00	72.20	70.26	71.23	74.12			
13	p	11.16	10.86	11.01	8.53	9.50	9.02	10.01	3.05	0.14	AC
	q	57.68	58.75	58.22	63.92	63.34	63.63	60.92			
	p+q	68.84	69.62	69.23	72.45	72.84	72.65	70.94			
14	p	19.46	20.32	19.89	18.35	17.04	17.70	18.79	3.01	0.27	SM
	q	46.78	47.31	47.04	55.03	55.54	55.28	51.16			
	p+q	66.24	67.63	66.94	73.38	72.58	72.98	69.96			
15	p	20.55	20.26	20.41	13.96	12.53	13.25	16.83	2.85	0.25	AC
	q	45.87	46.65	46.26	52.57	52.49	52.53	49.39			
	p+q	66.43	66.91	66.67	66.53	65.02	65.77	66.22			
16	p	19.20	16.29	17.74	15.92	15.49	15.71	16.73	2.56	0.28	SM
	q	39.69	42.95	41.32	45.91	42.05	43.98	42.65			
	p+q	58.89	59.24	59.06	61.84	57.54	59.69	59.37			
17	p	17.74	17.24	17.49	16.53	16.46	16.50	16.99	2.37	0.31	SM
	q	40.15	40.63	40.39	35.70	35.53	35.61	38.00			
	p+q	57.89	57.87	57.88	52.23	51.99	52.11	54.99			
18	p	23.11	23.05	23.08	24.83	25.18	25.00	24.04	2.28	0.45	MT
	q	29.25	29.08	29.17	29.56	28.19	28.88	29.02			
	p+q	52.36	52.13	52.25	54.39	53.36	53.88	53.06			
19	p	23.21	22.34	22.77	16.65	16.49	16.57	19.67	2.09	0.41	MT
	q	27.13	26.01	26.57	30.58	31.67	31.12	28.85			
	p+q	50.34	48.35	49.34	47.23	48.16	47.69	48.52			
20	p	16.83	18.45	17.64	15.50	15.07	15.28	16.46	1.93	0.37	SM
	q	28.36	27.14	27.75	29.37	28.65	29.01	28.38			
	p+q	45.19	45.59	45.39	44.87	43.72	44.29	44.84			
21	p	11.92	11.12	11.52	10.75	10.56	10.66	11.09	1.81	0.26	SM

	q	31.35	31.51	31.43	29.97	30.71	30.34	30.88			
	p+q	43.26	42.63	42.95	40.72	41.27	40.99	41.97			
22	p	13.99	13.90	13.95	15.22	14.36	14.79	14.37	1.72	0.36	SM
	q	24.11	25.34	24.72	29.61	23.73	26.67	25.70			
	p+q	38.10	39.24	38.67	44.83	38.09	41.46	40.06			
23	p	7.13	8.25	7.69	6.87	7.63	7.25	7.47	1.70	0.19	AC
	q	31.90	30.90	31.40	32.99	32.08	32.54	31.97			
	p+q	39.03	39.15	39.09	39.86	39.71	39.79	39.44			
24	p	14.06	13.32	13.69	8.01	9.73	8.87	11.28	1.65	0.29	SM
	q	24.79	24.62	24.70	28.95	29.97	29.46	27.08			
	p+q	38.85	37.94	38.40	36.96	39.70	38.33	38.36			
25	p	11.57	10.32	10.94	11.26	11.10	11.18	11.06	1.60	0.30	SM
	q	25.75	25.73	25.74	26.61	26.46	26.54	26.14			
	p+q	37.32	36.04	36.68	37.88	37.55	37.72	37.20			
26	p	8.56	8.64	8.60	11.73	11.69	11.71	10.15	1.59	0.27	SM
	q	27.80	28.84	28.32	25.70	24.78	25.24	26.78			
	p+q	36.35	37.47	36.91	37.43	36.47	36.95	36.93			
27	p	17.32	15.27	16.30	17.38	16.74	17.06	16.68	1.57	0.46	MT
	q	22.41	21.15	21.78	17.86	18.18	18.02	19.90			
	p+q	39.73	36.42	38.07	35.24	34.92	35.08	36.58			
28	p	7.77	10.80	9.28	10.42	9.48	9.95	9.62	1.53	0.27	SM
	q	25.89	24.84	25.37	25.96	26.86	26.41	25.89			
	p+q	33.66	35.64	34.65	36.38	36.33	36.35	35.50			
29	p	2.10	2.73	2.42	0.63	0.30	0.46	1.44	1.51	0.04	TL
	q	31.90	31.70	31.80	35.47	35.16	35.32	33.56			
	p+q	34.00	34.43	34.22	36.10	35.45	35.78	35.00			
30	p	11.97	11.81	11.89	6.31	6.29	6.30	9.10	1.50	0.26	SM
	q	25.32	26.17	25.75	25.17	26.01	25.59	25.67			
	p+q	37.29	37.97	37.63	31.48	32.31	31.89	34.76			
31	p	9.50	10.04	9.77	5.96	5.49	5.72	7.75	1.42	0.24	AC
	q	23.44	22.04	22.74	27.86	27.34	27.60	25.17			
	p+q	32.93	32.08	32.51	33.82	32.83	33.32	32.92			
32	p	9.54	9.78	9.66	6.21	6.51	6.36	8.01	1.35	0.26	SM
	q	21.13	22.97	22.05	23.93	25.40	24.67	23.36			
	p+q	30.67	32.75	31.71	30.14	31.91	31.03	31.37			
33	p	5.04	6.77	5.90	7.28	7.77	7.53	6.71	1.31	0.22	AC
	q	24.50	23.95	24.22	24.62	21.58	23.10	23.66			
	p+q	29.53	30.72	30.13	31.90	29.35	30.62	30.38			
34	p	6.97	5.26	6.12	6.24	6.62	6.43	6.27	1.22	0.22	AC
	q	22.31	23.76	23.04	21.70	20.48	21.09	22.06			
	p+q	29.28	29.02	29.15	27.93	27.10	27.52	28.33			
35	p	13.99	12.20	13.10	9.29	7.97	8.63	10.86	1.21	0.39	MT
	q	16.32	13.69	15.01	19.33	19.66	19.49	17.25			
	p+q	30.31	25.90	28.10	28.62	27.63	28.12	28.11			
36	p	11.76	12.59	12.17	10.28	10.14	10.21	11.19	1.07	0.45	MT
	q	15.59	13.63	14.61	12.10	13.29	12.69	13.65			
	p+q	27.35	26.22	26.78	22.38	23.42	22.90	24.84			
X	p	-	-	-	46.20	46.92	46.56	46.56	5.14	0.39	MT
	q	-	-	-	72.95	72.68	72.82	72.82			
	p+q	-	-	-	119.16	119.61	119.38	119.38			
Y	p	9.62	9.89	9.76	-	-	-	9.76	0.96	0.44	MT
	q	12.38	12.81	12.59	-	-	-	12.59			
	p+q	22.00	22.70	22.35	-	-	-	22.35			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subteloecéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico

Tabla N° 12.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♂

PAR CROMOSOMICO	METAFASE 3 (1481)										
	LONG BRAZOS	HOMÓL 1		\bar{X} ct1,ct2	HOMÓL 2		\bar{X} ct3, ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CROM
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	26.46	22.82	24.64	26.58	27.80	27.19	25.92	5.43	0.20	AC
	q	102.92	98.38	100.65	109.20	106.82	108.01	104.33			
	p+q	129.38	121.20	125.29	135.78	134.62	135.20	130.25			
2	p	10.91	11.40	11.15	17.42	16.54	16.98	14.07	4.95	0.12	TL
	q	107.79	107.27	107.53	102.10	101.88	101.99	104.76			
	p+q	118.69	118.67	118.68	119.52	118.43	118.97	118.83			
3	p	19.06	17.16	18.11	18.03	18.50	18.26	18.19	4.77	0.16	AC
	q	94.01	92.90	93.45	98.77	99.09	98.93	96.19			
	p+q	113.07	110.05	111.56	116.80	117.59	117.19	114.38			
4	p	25.38	25.10	25.24	25.53	25.28	25.40	25.32	4.28	0.25	AC
	q	77.65	77.72	77.69	76.74	77.37	77.06	77.37			
	p+q	103.04	102.83	102.93	102.27	102.66	102.46	102.70			
5	p	31.87	30.69	31.28	27.97	28.61	28.29	29.78	4.21	0.30	SM
	q	71.49	71.41	71.45	70.45	71.23	70.84	71.15			
	p+q	103.36	102.10	102.73	98.42	99.84	99.13	100.93			
6	p	20.40	20.87	20.63	25.72	22.15	23.94	22.28	3.83	0.24	AC
	q	71.26	70.94	71.10	68.83	67.93	68.38	69.74			
	p+q	91.66	91.81	91.74	94.55	90.08	92.31	92.03			
7	p	6.18	6.91	6.55	19.64	20.21	19.93	13.24	3.72	0.15	AC
	q	82.88	81.03	81.96	70.18	70.09	70.13	76.04			
	p+q	89.06	87.94	88.50	89.81	90.30	90.06	89.28			
8	p	7.19	7.93	7.56	10.17	10.71	10.44	9.00	3.61	0.10	TL
	q	79.64	76.78	78.21	78.07	76.39	77.23	77.72			
	p+q	86.84	84.71	85.77	88.24	87.10	87.67	86.72			
9	p	15.83	14.37	15.10	19.83	18.90	19.37	17.23	3.39	0.21	AC
	q	68.01	69.29	68.65	59.60	59.67	59.64	64.14			
	p+q	83.84	83.67	83.75	79.44	78.58	79.01	81.38			
10	p	25.02	25.63	25.33	17.50	14.65	16.08	20.70	3.25	0.27	SM
	q	52.10	52.17	52.13	62.73	62.27	62.50	57.32			
	p+q	77.12	77.80	77.46	80.23	76.93	78.58	78.02			
11	p	23.08	24.26	23.67	24.34	24.00	24.17	23.92	3.15	0.32	SM
	q	53.10	52.60	52.85	49.24	51.80	50.52	51.69			
	p+q	76.18	76.86	76.52	73.58	75.80	74.69	75.61			
12	p	1.64	1.39	1.51	3.53	3.66	3.60	2.56	3.00	0.04	TL
	q	72.87	72.24	72.56	67.41	65.54	66.48	69.52			
	p+q	74.51	73.63	74.07	70.94	69.21	70.07	72.07			
13	p	11.46	20.27	15.87	8.29	9.55	8.92	12.39	2.96	0.17	AC
	q	57.89	56.06	56.98	61.39	59.12	60.26	58.62			
	p+q	69.36	76.33	72.84	69.68	68.68	69.18	71.01			
14	p	31.99	31.58	31.79	30.86	30.86	30.86	31.32	2.89	0.45	MT
	q	37.99	37.13	37.56	38.35	38.43	38.39	37.97			
	p+q	69.98	68.72	69.35	69.21	69.29	69.25	69.30			
15	p	32.85	30.38	31.62	29.51	27.58	28.55	30.08	2.76	0.45	MT
	q	36.13	37.75	36.94	35.37	35.82	35.59	36.27			
	p+q	68.98	68.12	68.55	64.88	63.40	64.14	66.35			
16	p	17.73	17.22	17.48	13.72	13.00	13.36	15.42	2.66	0.24	AC
	q	45.06	45.51	45.28	51.33	52.06	51.70	48.49			
	p+q	62.79	62.73	62.76	65.06	65.05	65.06	63.91			
17	p	10.28	10.12	10.20	16.33	17.29	16.81	13.51	2.50	0.23	AC
	q	53.19	52.44	52.82	40.12	40.02	40.07	46.44			
	p+q	63.47	62.56	63.02	56.45	57.31	56.88	59.95			
18	p	20.27	20.40	20.33	13.82	13.01	13.42	16.88	2.49	0.28	SM
	q	42.23	41.63	41.93	43.22	44.90	44.06	43.00			
	p+q	62.50	62.03	62.26	57.05	57.91	57.48	59.87			
19	p	20.48	23.35	21.92	29.49	28.95	29.22	25.57	2.41	0.44	MT
	q	37.97	30.14	34.05	30.30	30.78	30.54	32.30			
	p+q	58.45	53.49	55.97	59.79	59.73	59.76	57.87			
20	p	17.89	17.45	17.67	17.04	20.67	18.86	18.26	2.20	0.35	SM
	q	39.19	37.49	38.34	30.87	30.21	30.54	34.44			
	p+q	57.08	54.94	56.01	47.91	50.88	49.40	52.70			
21	p	25.96	23.82	24.89	22.45	22.86	22.65	23.77	2.14	0.46	MT

	q	28.27	27.61	27.94	27.56	27.35	27.45	27.69			
	p+q	54.22	51.43	52.83	50.01	50.21	50.11	51.47			
22	p	21.50	21.09	21.29	22.71	22.83	22.77	22.03	1.91	0.48	MT
	q	23.74	23.77	23.76	22.98	24.65	23.82	23.79			
	p+q	45.24	44.86	45.05	45.69	47.48	46.59	45.82			
23	p	14.82	14.76	14.79	7.42	7.82	7.62	11.20	1.91	0.24	AC
	q	31.53	31.93	31.73	41.69	33.09	37.39	34.56			
	p+q	46.34	46.69	46.52	49.11	40.92	45.01	45.76			
24	p	16.26	15.58	15.92	15.15	15.17	15.16	15.54	1.90	0.34	SM
	q	29.95	30.76	30.35	29.10	30.40	29.75	30.05			
	p+q	46.21	46.34	46.27	44.25	45.57	44.91	45.59			
25	p	10.81	10.12	10.46	13.11	13.32	13.21	11.84	1.87	0.26	SM
	q	30.15	31.10	30.63	36.70	34.12	35.41	33.02			
	p+q	40.96	41.22	41.09	49.81	47.43	48.62	44.85			
26	p	20.42	19.45	19.94	20.68	20.23	20.45	20.19	1.81	0.46	MT
	q	23.78	24.30	24.04	20.76	24.37	22.56	23.30			
	p+q	44.20	43.75	43.97	41.43	44.60	43.02	43.50			
27	p	16.58	15.57	16.08	12.91	14.09	13.50	14.79	1.78	0.35	SM
	q	29.62	30.02	29.82	26.88	25.34	26.11	27.97			
	p+q	46.20	45.59	45.90	39.79	39.43	39.61	42.75			
28	p	19.05	19.86	19.45	17.90	16.76	17.33	18.39	1.78	0.43	MT
	q	24.28	23.18	23.73	25.09	24.72	24.91	24.32			
	p+q	43.33	43.03	43.18	42.99	41.49	42.24	42.71			
29	p	10.81	12.23	11.52	11.55	11.15	11.35	11.43	1.67	0.29	SM
	q	30.79	31.41	31.10	26.62	25.40	26.01	28.56			
	p+q	41.60	43.64	42.62	38.17	36.55	37.36	39.99			
30	p	14.78	15.48	15.13	13.62	13.81	13.72	14.42	1.60	0.38	MT
	q	26.21	25.56	25.88	21.31	22.66	21.99	23.94			
	p+q	40.99	41.03	41.01	34.94	36.48	35.71	38.36			
31	p	7.34	7.79	7.57	1.83	1.68	1.76	4.66	1.55	0.13	AC
	q	31.26	31.63	31.44	34.85	32.03	33.44	32.44			
	p+q	38.60	39.43	39.01	36.69	33.71	35.20	37.11			
32	p	11.03	12.65	11.84	17.62	15.46	16.54	14.19	1.48	0.40	MT
	q	23.91	23.32	23.62	19.91	18.30	19.11	21.36			
	p+q	34.94	35.97	35.45	37.52	33.76	35.64	35.55			
33	p	11.20	11.64	11.42	12.43	12.81	12.62	12.02	1.34	0.37	SM
	q	19.70	20.72	20.21	20.87	19.45	20.16	20.19			
	p+q	30.90	32.37	31.63	33.31	32.26	32.79	32.21			
34	p	7.34	7.45	7.40	4.39	2.93	3.66	5.53	1.28	0.18	AC
	q	24.10	24.75	24.42	25.29	26.80	26.04	25.23			
	p+q	31.44	32.20	31.82	29.68	29.73	29.70	30.76			
35	p	14.64	15.16	14.90	13.53	13.27	13.40	14.15	1.26	0.47	MT
	q	16.00	17.41	16.70	15.17	16.03	15.60	16.15			
	p+q	30.63	32.56	31.60	28.70	29.29	29.00	30.30			
36	p	11.55	11.84	11.69	7.46	7.38	7.42	9.56	1.05	0.38	MT
	q	18.35	18.18	18.27	18.26	7.38	12.82	15.54			
	p+q	29.90	30.02	29.96	25.71	14.76	20.24	25.10			
X	p	-	-	-	42.20	38.94	40.57	40.57	4.18	0.40	MT
	q	-	-	-	61.64	57.64	59.64	59.64			
	p+q	-	-	-	103.84	96.59	100.21	100.21			
Y	p	10.20	11.03	10.61	-	-	-	10.61	1.02	0.43	MT
	q	12.91	14.87	13.89	-	-	-	13.89			
	p+q	23.11	25.89	24.50	-	-	-	24.50			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subtlocéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico

Tabla N° 13.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♂

PAR CROMOSOMICO	METAFASE 4 (628)										
	LONG BRAZOS	HOMÓL 1		\bar{X} ct1,ct2	HOMÓL 2		\bar{X} ct3, ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CROM
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	23.65	24.60	24.13	20.12	20.40	20.26	22.19	5.90	0.15	st
	q	129.08	126.83	127.96	124.34	116.52	120.43	124.19			
	p+q	152.73	151.43	152.08	144.46	136.91	140.69	146.38			
2	p	15.76	17.47	16.62	10.41	19.39	14.90	15.76	5.24	0.12	st
	q	114.24	109.67	111.95	117.83	114.48	116.15	114.05			
	p+q	130.00	127.14	128.57	128.24	133.87	131.05	129.81			
3	p	19.96	16.71	18.33	21.61	17.04	19.33	18.83	5.07	0.15	st
	q	106.34	108.53	107.44	105.98	106.98	106.48	106.96			
	p+q	126.30	125.24	125.77	127.59	124.02	125.81	125.79			
4	p	13.31	11.91	12.61	19.08	19.40	19.24	15.92	4.43	0.15	st
	q	97.44	106.58	102.01	85.18	86.08	85.63	93.82			
	p+q	110.75	118.49	114.62	104.26	105.48	104.87	109.74			
5	p	17.73	17.31	17.52	21.13	20.36	20.75	19.14	4.38	0.18	st
	q	83.60	86.23	84.92	95.69	92.19	93.94	89.43			
	p+q	101.34	103.55	102.44	116.82	112.55	114.68	108.56			
6	p	10.89	9.59	10.24	10.09	10.03	10.06	10.15	4.10	0.10	t
	q	99.50	99.17	99.33	84.88	82.47	83.68	91.51			
	p+q	110.40	108.76	109.58	94.98	92.50	93.74	101.66			
7	p	15.22	15.08	15.15	8.62	9.38	9.00	12.08	3.81	0.13	st
	q	77.56	77.52	77.54	87.94	86.15	87.04	82.29			
	p+q	92.78	92.61	92.69	96.56	95.53	96.05	94.37			
8	p	17.27	16.72	17.00	19.41	19.09	19.25	18.12	3.49	0.21	st
	q	69.04	72.38	70.71	66.05	66.02	66.03	68.37			
	p+q	86.31	89.11	87.71	85.46	85.11	85.28	86.49			
9	p	37.13	36.08	36.60	33.59	33.21	33.40	35.00	3.35	0.42	m
	q	54.18	53.38	53.78	43.83	41.05	42.44	48.11			
	p+q	91.31	89.45	90.38	77.42	74.26	75.84	83.11			
10	p	13.22	14.84	14.03	15.30	14.78	15.04	14.53	3.25	0.18	st
	q	69.97	65.55	67.76	64.56	64.40	64.48	66.12			
	p+q	83.19	80.39	81.79	79.86	79.18	79.52	80.65			
11	p	13.37	15.39	14.38	19.54	19.81	19.67	17.03	3.25	0.21	st
	q	63.98	65.04	64.51	63.75	61.90	62.83	63.67			
	p+q	77.35	80.43	78.89	83.29	81.71	82.50	80.70			
12	p	9.39	9.79	9.59	6.04	7.47	6.75	8.17	3.17	0.10	t
	q	67.24	70.06	68.65	72.30	71.77	72.04	70.34			
	p+q	76.63	79.85	78.24	78.34	79.24	78.79	78.52			
13	p	15.19	15.31	15.25	15.65	12.00	13.82	14.54	3.04	0.19	st
	q	62.65	62.18	62.42	60.77	57.73	59.25	60.83			
	p+q	77.85	77.49	77.67	76.42	69.73	73.07	75.37			
14	p	24.48	21.02	22.75	25.32	24.59	24.95	23.85	2.83	0.34	sm
	q	48.09	47.74	47.92	44.48	44.97	44.72	46.32			
	p+q	72.57	68.76	70.67	69.79	69.56	69.68	70.17			
15	p	10.80	10.98	10.89	14.05	14.16	14.11	12.50	2.71	0.19	st
	q	60.66	60.27	60.46	48.74	49.31	49.03	54.75			
	p+q	71.46	71.25	71.35	62.80	63.48	63.14	67.24			
16	p	12.39	10.02	11.20	16.24	15.14	15.69	13.45	2.53	0.21	st
	q	49.94	48.20	49.07	49.71	49.78	49.74	49.41			
	p+q	62.34	58.21	60.27	65.95	64.92	65.43	62.85			
17	p	31.14	31.39	31.27	27.90	27.05	27.48	29.37	2.50	0.47	m
	q	34.98	32.87	33.93	32.41	30.46	31.44	32.68			
	p+q	66.13	64.27	65.20	60.32	57.51	58.91	62.05			
18	p	18.04	16.63	17.34	17.83	19.77	18.80	18.07	2.44	0.30	sm
	q	42.41	43.29	42.85	41.91	41.97	41.94	42.39			
	p+q	60.45	59.92	60.18	59.74	61.74	60.74	60.46			
19	p	20.06	21.78	20.92	22.68	19.14	20.91	20.92	2.30	0.37	sm
	q	34.64	34.62	34.63	37.86	37.08	37.47	36.05			
	p+q	54.71	56.40	55.55	60.54	56.22	58.38	56.97			
20	p	25.25	24.11	24.68	24.48	24.77	24.63	24.65	2.25	0.44	m
	q	31.54	31.46	31.50	30.96	30.41	30.68	31.09			
	p+q	56.80	55.56	56.18	55.44	55.18	55.31	55.75			
21	p	21.24	21.16	21.20	10.54	10.54	10.12	15.87	2.07	0.31	sm

	q	31.48	30.51	30.99	39.74	39.74	39.74	35.37			
	p+q	52.72	51.66	52.19	50.28	50.28	50.28	51.23			
22	p	12.55	12.48	12.52	13.05	12.59	12.82	12.67	1.75	0.29	sm
	q	30.44	32.07	31.26	30.33	30.14	30.23	30.74			
	p+q	42.99	44.55	43.77	43.38	42.73	43.05	43.41			
23	p	9.94	8.49	9.21	8.85	8.41	8.63	8.92	1.70	0.21	st
	q	32.63	32.60	32.61	34.67	32.58	33.62	33.12			
	p+q	42.58	41.08	41.83	43.52	40.99	42.26	42.04			
24	p	16.36	14.54	15.45	12.02	11.52	11.77	13.61	1.69	0.32	sm
	q	27.87	27.01	27.44	29.65	28.99	29.32	28.38			
	p+q	44.22	41.55	42.89	41.67	40.50	41.09	41.99			
25	p	13.81	13.63	13.72	14.25	13.18	13.71	13.72	1.69	0.33	sm
	q	28.79	28.05	28.42	27.08	29.07	28.08	28.25			
	p+q	42.60	41.68	42.14	41.33	42.25	41.79	41.97			
26	p	16.52	16.65	16.59	11.86	10.33	11.10	13.84	1.59	0.35	sm
	q	25.66	25.01	25.34	25.95	25.85	25.90	25.62			
	p+q	42.18	41.66	41.92	37.81	36.17	36.99	39.46			
27	p	12.59	12.70	12.64	10.68	9.95	10.31	11.48	1.57	0.29	sm
	q	26.58	26.24	26.41	28.21	28.99	28.60	27.51			
	p+q	39.17	38.94	39.05	38.89	38.94	38.91	38.98			
28	p	10.56	10.91	10.73	16.41	14.46	15.44	13.08	1.56	0.34	sm
	q	27.03	26.88	26.95	24.80	23.45	24.12	25.54			
	p+q	37.59	37.78	37.69	41.21	37.90	39.56	38.62			
29	p	7.10	6.35	6.72	7.41	7.35	7.38	7.05	1.50	0.19	st
	q	31.30	31.11	31.21	27.33	30.68	29.00	30.10			
	p+q	38.40	37.46	37.93	34.74	38.03	36.39	37.16			
30	p	12.54	11.66	12.10	15.95	15.79	15.87	13.98	1.50	0.38	m
	q	21.98	21.96	21.97	23.88	24.63	24.25	23.11			
	p+q	34.52	33.61	34.06	39.83	40.42	40.13	37.09			
31	p	14.08	15.69	14.88	14.95	15.12	15.03	14.96	1.48	0.41	m
	q	23.91	22.26	23.08	20.68	20.45	20.56	21.82			
	p+q	37.98	37.94	37.96	35.63	35.57	35.60	36.78			
32	p	8.64	8.52	8.58	9.89	9.02	9.46	9.02	1.44	0.25	sm
	q	26.24	26.71	26.47	25.85	27.77	26.81	26.64			
	p+q	34.88	35.22	35.05	35.74	36.79	36.26	35.66			
33	p	8.85	7.73	8.29	7.36	8.35	7.86	8.07	1.41	0.23	st
	q	26.20	27.93	27.06	26.52	27.06	26.79	26.93			
	p+q	35.04	35.66	35.35	33.89	35.41	34.65	35.00			
34	p	14.54	13.92	14.23	13.79	13.38	13.58	13.91	1.19	0.47	m
	q	15.12	16.75	15.94	15.65	14.70	15.17	15.56			
	p+q	29.66	30.67	30.17	29.44	28.08	28.76	29.46			
35	p	13.65	12.57	13.11	5.83	4.60	5.21	9.16	1.04	0.35	sm
	q	13.70	14.83	14.26	18.44	19.90	19.17	16.72			
	p+q	27.35	27.40	27.37	24.27	24.50	24.38	25.88			
36	p	3.99	2.76	3.37	1.48	1.07	1.28	2.33	1.00	0.09	t
	q	24.01	23.69	23.85	20.81	21.41	21.11	22.48			
	p+q	28.00	26.44	27.22	22.30	22.48	22.39	24.81			
X	p	-	-	-	51.35	50.96	51.15	51.15	4.97	0.42	m
	q	-	-	-	71.54	72.63	72.09	72.09			
	p+q	-	-	-	122.89	123.59	123.24	123.24			
Y	p	8.55	8.54	8.55	-	-	-	8.55	0.81	0.42	m
	q	11.47	11.82	11.65	-	-	-	11.65			
	p+q	20.03	20.36	20.19	-	-	-	20.19			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subtelocéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico

Tabla N° 14.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♂

PAR CROMOSOMICO	METAFASE 5 (1475)										
	LONG BRAZOS	HOMÓL 1		\bar{X} ct1,ct2	HOMÓL 2		\bar{X} ct3, ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CROM
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	32.28	34.70	33.49	36.24	37.50	36.87	35.18	6.41	0.18	st
	q	164.84	170.25	167.54	154.42	154.88	154.65	161.10			
	p+q	197.12	204.95	201.04	190.66	192.38	191.52	196.28			
2	p	22.16	22.99	22.58	26.27	26.56	26.41	24.49	5.81	0.14	st
	q	147.13	147.82	147.48	158.30	159.65	158.97	153.23			
	p+q	169.29	170.82	170.05	184.56	186.21	185.39	177.72			
3	p	18.63	21.26	19.95	17.48	18.86	18.17	19.06	5.02	0.12	st
	q	138.91	136.18	137.55	132.21	131.18	131.69	134.62			
	p+q	157.54	157.44	157.49	149.69	150.04	149.87	153.68			
4	p	35.03	35.18	35.10	33.45	32.90	33.18	34.14	4.73	0.24	st
	q	105.17	107.33	106.25	114.28	115.46	114.87	110.56			
	p+q	140.20	142.51	141.36	147.73	148.37	148.05	144.70			
5	p	11.26	10.49	10.87	15.88	14.98	15.43	13.15	4.21	0.10	t
	q	123.39	127.86	125.62	105.04	106.58	105.81	115.72			
	p+q	134.65	138.34	136.49	120.92	121.56	121.24	128.87			
6	p	21.65	21.54	21.60	26.32	25.79	26.05	23.82	3.89	0.20	st
	q	93.35	94.86	94.11	92.67	99.90	96.28	95.20			
	p+q	115.01	116.40	115.70	118.99	125.68	122.34	119.02			
7	p	15.74	15.27	15.51	19.66	19.06	19.36	17.43	3.67	0.16	st
	q	94.28	98.10	96.19	94.40	92.51	93.45	94.82			
	p+q	110.01	113.37	111.69	114.05	111.57	112.81	112.25			
8	p	17.00	17.80	17.40	22.77	23.74	23.25	20.33	3.42	0.19	st
	q	86.50	86.38	86.44	81.14	83.54	82.34	84.39			
	p+q	103.50	104.18	103.84	103.90	107.28	105.59	104.72			
9	p	22.46	22.33	22.40	21.64	21.66	21.65	22.02	3.28	0.22	st
	q	76.15	77.46	76.80	79.21	80.39	79.80	78.30			
	p+q	98.61	99.79	99.20	100.85	102.05	101.45	100.32			
10	p	21.69	21.71	21.70	22.62	20.01	21.32	21.51	3.21	0.22	st
	q	76.25	76.13	76.19	77.32	77.10	77.21	76.70			
	p+q	97.94	97.84	97.89	99.94	97.12	98.53	98.21			
11	p	17.96	17.17	17.57	23.36	18.93	21.14	19.35	3.07	0.21	st
	q	77.37	77.16	77.26	73.16	70.69	71.92	74.59			
	p+q	95.33	94.32	94.83	96.52	89.62	93.07	93.95			
12	p	20.08	19.80	19.94	23.76	23.22	23.49	21.72	3.06	0.23	st
	q	74.38	74.60	74.49	69.27	69.67	69.47	71.98			
	p+q	94.46	94.39	94.43	93.03	92.89	92.96	93.69			
13	p	31.38	30.02	30.70	25.98	32.14	29.06	29.88	3.01	0.32	sm
	q	64.91	61.58	63.25	63.91	58.63	61.27	62.26			
	p+q	96.29	91.61	93.95	89.89	90.77	90.33	92.14			
14	p	42.45	48.21	45.33	35.17	33.91	34.54	39.93	2.86	0.46	m
	q	46.91	52.83	49.87	44.26	46.62	45.44	47.66			
	p+q	89.36	101.04	95.20	79.43	80.53	79.98	87.59			
15	p	21.78	20.58	21.18	18.05	18.38	18.21	19.70	2.80	0.23	st
	q	59.36	59.99	59.67	72.44	71.80	72.12	65.90			
	p+q	81.14	80.57	80.85	90.49	90.17	90.33	85.59			
16	p	32.77	33.46	33.12	20.69	22.99	21.84	27.48	2.72	0.33	sm
	q	53.66	50.73	52.19	61.01	58.15	59.58	55.89			
	p+q	86.43	84.19	85.31	81.70	81.14	81.42	83.37			
17	p	38.96	37.76	38.36	36.20	36.31	36.26	37.31	2.61	0.47	m
	q	41.09	41.70	41.39	43.92	43.83	43.88	42.64			
	p+q	80.05	79.46	79.75	80.13	80.14	80.13	79.94			
18	p	24.79	28.17	26.48	21.25	21.56	21.41	23.94	2.48	0.32	sm
	q	51.76	51.00	51.38	52.16	53.15	52.65	52.02			
	p+q	76.55	79.16	77.86	73.41	74.71	74.06	75.96			
19	p	34.22	34.40	34.31	35.10	32.05	33.58	33.94	2.42	0.46	m
	q	41.23	43.06	42.15	37.37	38.85	38.11	40.13			
	p+q	75.45	77.46	76.46	72.47	70.90	71.69	74.07			
20	p	22.28	23.22	22.75	22.82	22.20	22.51	22.63	2.06	0.36	sm
	q	41.71	41.16	41.43	40.56	38.51	39.54	40.49			
	p+q	63.99	64.38	64.19	63.38	60.71	62.05	63.12			
21	p	21.78	21.94	21.86	15.53	14.61	10.12	18.46	1.96	0.31	sm

	q	39.39	40.98	40.19	44.50	41.72	43.11	41.65			
	p+q	61.18	62.91	62.04	60.03	56.33	58.18	60.11			
22	p	19.31	19.42	19.36	17.83	15.22	16.52	17.94	1.86	0.31	sm
	q	31.08	32.74	31.91	46.87	45.91	46.39	39.15			
	p+q	50.38	52.16	51.27	64.70	61.13	62.91	57.09			
23	p	20.06	19.91	19.98	18.18	18.26	18.22	19.10	1.81	0.34	sm
	q	36.16	37.28	36.72	36.28	35.52	35.90	36.31			
	p+q	56.22	57.19	56.71	54.46	53.78	54.12	55.41			
24	p	17.22	16.15	16.68	18.06	18.63	18.34	17.51	1.73	0.33	sm
	q	36.81	38.54	37.67	33.74	33.17	33.45	35.56			
	p+q	54.03	54.69	54.36	51.81	51.79	51.80	53.08			
25	p	19.25	24.33	21.79	15.81	15.46	15.64	18.71	1.73	0.35	sm
	q	36.34	34.51	35.42	32.44	33.61	33.03	34.22			
	p+q	55.59	58.83	57.21	48.25	49.07	48.66	52.94			
26	p	14.97	13.63	14.30	3.46	3.90	3.68	8.99	1.72	0.17	st
	q	37.87	38.09	37.98	49.38	49.89	49.63	43.80			
	p+q	52.83	51.71	52.27	52.84	53.79	53.31	52.79			
27	p	20.16	23.23	21.69	24.32	27.76	26.04	23.87	1.66	0.47	m
	q	26.28	25.24	25.76	28.18	28.33	28.26	27.01			
	p+q	46.44	48.47	47.45	52.50	56.09	54.29	50.87			
28	p	20.30	20.00	20.15	22.59	23.57	23.08	21.62	1.66	0.43	m
	q	25.37	25.01	25.19	33.47	32.36	32.91	29.05			
	p+q	45.67	45.01	45.34	56.05	55.93	55.99	50.67			
29	p	14.67	15.47	15.07	4.81	16.26	10.54	12.80	1.60	0.26	sm
	q	34.46	37.06	35.76	36.37	36.51	36.44	36.10			
	p+q	49.13	52.52	50.82	41.18	52.78	46.98	48.90			
30	p	6.24	7.01	6.63	3.77	2.28	3.03	4.83	1.51	0.10	t
	q	41.51	43.11	42.31	40.14	41.37	40.75	41.53			
	p+q	47.75	50.12	48.93	43.91	43.65	43.78	46.36			
31	p	11.51	13.79	12.65	12.58	12.84	12.71	12.68	1.46	0.28	sm
	q	32.10	32.56	32.33	31.52	31.77	31.64	31.99			
	p+q	43.61	46.35	44.98	44.10	44.61	44.36	44.67			
32	p	8.66	11.22	9.94	9.00	9.25	9.13	9.53	1.35	0.23	st
	q	30.24	30.48	30.36	33.44	33.17	33.31	31.83			
	p+q	38.90	41.69	40.30	42.44	42.43	42.44	41.37			
33	p	14.52	14.78	14.65	13.76	13.10	13.43	14.04	1.24	0.37	sm
	q	24.14	24.36	24.25	23.55	23.99	23.77	24.01			
	p+q	38.66	39.14	38.90	37.31	37.10	37.20	38.05			
34	p	10.40	9.68	10.04	14.64	14.78	14.71	12.38	1.20	0.34	sm
	q	26.89	27.85	27.37	21.64	21.01	21.33	24.35			
	p+q	37.30	37.53	37.41	36.29	35.80	36.04	36.73			
35	p	16.99	17.48	17.23	2.73	3.68	3.21	10.22	1.09	0.31	sm
	q	18.54	18.73	18.63	27.94	27.13	27.53	23.08			
	p+q	35.52	36.21	35.87	30.67	30.81	30.74	33.30			
36	p	13.53	14.48	14.01	12.94	14.63	13.79	13.90	0.93	0.49	m
	q	14.50	14.71	14.60	14.63	14.19	14.41	14.51			
	p+q	28.03	29.20	28.61	27.58	28.83	28.20	28.41			
X	p	-	-	-	49.39	49.84	49.61	49.61	3.98	0.41	m
	q	-	-	-	72.77	71.68	72.22	72.22			
	p+q	-	-	-	122.16	121.51	121.84	121.84			
Y	p	0.95	1.01	0.98	-	-	-	0.98	0.77	0.04	t
	q	22.98	22.52	22.75	-	-	-	22.75			
	p+q	23.93	23.52	23.73	-	-	-	23.73			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subtelocéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico

Tabla N° 15.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♀

PAR CROMOSOMICO	METAFASE 1335										
	LONG. BRAZOS	HOMÓL 1		\bar{X} ct1,ct2	HOMÓL 2		\bar{X} ct3, ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CROM
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	20.37	21.23	20.80	22.20	25.14	23.67	22.24	5.63	0.14	St
	q	143.85	138.77	141.31	135.42	141.49	138.46	139.88			
	p+q	164.22	160.00	162.11	157.62	166.63	162.13	162.12			
2	p	18.78	20.25	19.52	21.10	21.93	21.52	20.52	5.50	0.13	St
	q	133.31	141.35	137.33	137.69	139.13	138.41	137.87			
	p+q	152.09	161.60	156.85	158.79	161.06	159.93	158.39			
3	p	24.24	24.04	24.14	19.10	24.19	21.65	22.89	5.25	0.15	St
	q	128.46	140.18	134.32	124.25	120.66	122.46	128.39			
	p+q	152.70	164.22	158.46	143.35	144.85	144.10	151.28			
4	p	31.42	28.79	30.11	25.32	19.68	22.50	26.30	4.44	0.21	St
	q	98.91	96.86	97.89	108.23	102.65	105.44	101.66			
	p+q	130.33	125.65	127.99	133.55	122.33	127.94	127.97			
5	p	21.02	22.80	21.91	22.80	25.37	24.09	23.00	4.11	0.19	St
	q	103.00	96.83	99.92	92.01	90.06	91.04	95.48			
	p+q	124.02	119.63	121.83	114.81	115.43	115.12	118.47			
6	p	12.17	13.04	12.61	13.42	14.32	13.87	13.24	3.80	0.12	St
	q	101.52	96.23	98.88	91.95	94.92	93.44	96.16			
	p+q	113.69	109.27	111.48	105.37	109.24	107.31	109.39			
7	p	20.62	22.20	21.41	22.85	23.26	23.06	22.23	3.67	0.21	St
	q	85.87	82.90	84.39	84.18	81.24	82.71	83.55			
	p+q	106.49	105.10	105.80	107.03	104.50	105.77	105.78			
8	p	15.81	13.42	14.62	17.00	17.00	17.00	15.81	3.67	0.15	St
	q	94.41	89.57	91.99	94.03	81.96	88.00	89.99			
	p+q	110.22	102.99	106.61	111.03	98.96	105.00	105.80			
9	p	20.22	23.15	21.69	23.77	21.38	22.58	22.13	3.55	0.22	St
	q	87.14	75.02	81.08	79.88	78.49	79.19	80.13			
	p+q	107.36	98.17	102.77	103.65	99.87	101.76	102.26			
10	p	23.32	21.02	22.17	25.07	26.81	25.94	24.06	3.35	0.25	St
	q	73.44	77.26	75.35	66.90	72.66	69.78	72.57			
	p+q	96.76	98.28	97.52	91.97	99.47	95.72	96.62			
11	p	31.55	30.76	31.16	29.13	28.29	28.71	29.93	3.06	0.34	Sm
	q	56.07	57.18	56.63	60.28	59.27	59.78	58.20			
	p+q	87.62	87.94	87.78	89.41	87.56	88.49	88.13			
12	p	17.09	16.12	16.61	15.23	17.20	16.22	16.41	2.98	0.19	St
	q	70.55	71.89	71.22	72.04	63.72	67.88	69.55			
	p+q	87.64	88.01	87.83	87.27	80.92	84.10	85.96			
13	p	22.14	22.85	22.50	19.32	19.72	19.52	21.01	2.92	0.25	St
	q	63.86	63.57	63.72	61.50	63.56	62.53	63.12			
	p+q	86.00	86.42	86.21	80.82	83.28	82.05	84.13			
14	p	17.65	16.16	16.91	12.21	14.21	13.21	15.06	2.86	0.18	St
	q	58.57	63.22	60.90	74.64	73.44	74.04	67.47			
	p+q	76.22	79.38	77.80	86.85	87.65	87.25	82.53			
15	p	41.63	37.92	39.78	33.24	32.59	32.92	36.35	2.70	0.47	M
	q	45.28	44.15	44.72	39.44	36.74	38.09	41.40			
	p+q	86.91	82.07	84.49	72.68	69.33	71.01	77.75			
16	p	25.94	27.20	26.57	26.53	26.97	26.75	26.66	2.52	0.37	Sm
	q	50.23	48.41	49.32	44.60	40.54	42.57	45.95			
	p+q	76.17	75.61	75.89	71.13	67.51	69.32	72.61			
17	p	17.69	24.34	21.02	14.76	13.60	14.18	17.60	2.46	0.25	St
	q	62.11	58.31	60.21	46.56	46.13	46.35	53.28			
	p+q	79.80	82.65	81.23	61.32	59.73	60.53	70.88			
18	p	33.44	32.66	33.05	23.43	28.75	26.09	29.57	2.32	0.44	M
	q	38.53	36.17	37.35	40.14	34.26	37.20	37.28			
	p+q	71.97	68.83	70.40	63.57	63.01	63.29	66.85			
19	p	26.61	25.18	25.90	27.47	25.64	26.56	26.23	2.27	0.40	M
	q	38.60	37.24	37.92	41.58	39.25	40.42	39.17			
	p+q	65.21	62.42	63.82	69.05	64.89	66.97	65.39			
20	p	17.80	19.00	18.40	17.69	18.38	18.04	18.22	2.10	0.30	Sm
	q	43.11	44.93	44.02	36.50	44.67	40.59	42.30			
	p+q	60.91	63.93	62.42	54.19	63.05	58.62	60.52			
21	p	13.89	14.14	14.02	16.64	15.52	16.08	15.05	1.93	0.27	Sm
	q	43.61	42.76	43.19	37.82	37.69	37.76	40.47			
	p+q	57.50	56.90	57.20	54.46	53.21	53.84	55.52			

22	p	12.81	10.82	11.82	8.94	10.44	9.69	10.75	1.90	0.20	St
	q	45.84	44.85	45.35	44.65	40.99	42.82	44.08			
	p+q	58.65	55.67	57.16	53.59	51.43	52.51	54.84			
23	p	23.81	23.32	23.57	21.39	22.27	21.83	22.70	1.89	0.42	M
	q	31.74	31.04	31.39	33.11	31.42	32.27	31.83			
	p+q	55.55	54.36	54.96	54.50	53.69	54.10	54.53			
24	p	21.95	21.85	21.90	21.40	23.87	22.64	22.27	1.88	0.41	M
	q	35.75	33.60	34.68	31.91	26.08	29.00	31.84			
	p+q	57.70	55.45	56.58	53.31	49.95	51.63	54.10			
25	p	20.59	21.93	21.26	14.56	22.80	18.68	19.97	1.86	0.37	M
	q	32.59	36.19	34.39	35.17	30.42	32.80	33.59			
	p+q	53.18	58.12	55.65	49.73	53.22	51.48	53.56			
26	p	25.28	24.59	24.94	23.09	23.28	23.19	24.06	1.81	0.46	M
	q	29.43	27.51	28.47	28.09	27.47	27.78	28.13			
	p+q	54.71	52.10	53.41	51.18	50.75	50.97	52.19			
27	p	11.91	13.40	12.66	9.90	11.40	10.65	11.65	1.72	0.23	St
	q	37.52	38.29	37.91	40.20	36.15	38.18	38.04			
	p+q	49.43	51.69	50.56	50.10	47.55	48.83	49.69			
28	p	15.56	16.40	15.98	16.64	15.65	16.15	16.06	1.70	0.33	Sm
	q	32.93	34.31	33.62	30.89	33.14	32.02	32.82			
	p+q	48.49	50.71	49.60	47.53	48.79	48.16	48.88			
29	p	14.00	15.62	14.81	14.42	12.94	13.68	14.25	1.65	0.30	Sm
	q	33.69	32.84	33.27	34.79	31.42	33.11	33.19			
	p+q	47.69	48.46	48.08	49.21	44.36	46.79	47.43			
30	p	14.32	17.03	15.68	21.40	22.80	22.10	18.89	1.58	0.42	M
	q	22.02	27.74	24.88	28.59	28.11	28.35	26.62			
	p+q	36.34	44.77	40.56	49.99	50.91	50.45	45.50			
31	p	18.87	25.00	21.94	19.70	18.79	19.25	20.59	1.53	0.47	M
	q	20.52	28.36	24.44	24.35	20.69	22.52	23.48			
	p+q	39.39	53.36	46.38	44.05	39.48	41.77	44.07			
32	p	14.56	16.16	15.36	16.30	17.26	16.78	16.07	1.53	0.37	Sm
	q	30.99	32.51	31.75	25.03	22.96	24.00	27.87			
	p+q	45.55	48.67	47.11	41.33	40.22	40.78	43.94			
33	p	10.82	12.21	11.52	8.60	9.22	8.91	10.21	1.51	0.24	St
	q	32.24	33.84	33.04	34.42	32.31	33.37	33.20			
	p+q	43.06	46.05	44.56	43.02	41.53	42.28	43.42			
34	p	13.45	12.17	12.81	12.21	14.32	13.27	13.04	1.43	0.32	Sm
	q	26.99	32.15	29.57	27.66	26.28	26.97	28.27			
	p+q	40.44	44.32	42.38	39.87	40.60	40.24	41.31			
35	p	12.53	12.08	12.31	12.04	14.21	13.13	12.72	1.13	0.39	M
	q	20.36	21.06	20.71	18.03	19.70	18.87	19.79			
	p+q	32.89	33.14	33.02	30.07	33.91	31.99	32.50			
36	p	8.60	8.25	8.43	10.44	9.85	10.15	9.29	0.85	0.38	M
	q	13.04	13.00	13.02	18.03	17.03	17.53	15.28			
	p+q	21.64	21.25	21.45	28.47	26.88	27.68	24.56			
X	p	59.31	58.77	59.04	53.27	55.20	54.24	56.64	4.93	0.40	M
	q	87.26	83.32	85.29	86.38	84.57	85.48	85.38			
	p+q	146.57	142.09	144.33	139.65	139.77	139.71	142.02			
Y	p	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	q	-	-	-	-	-	-	-			
	p+q	-	-	-	-	-	-	-			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subtelocéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico

Tabla N° 16.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♀

PAR CROM OSOMI CO	METAFASE 578										
	LONG BRAZO S	HOMÓL 1		\bar{X} ct1,ct2	HOMÓL 2		\bar{X} ct3, ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CRO M
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	25.55	25.30	25.43	24.35	24.78	24.57	25.00	5.77	0.16	St
	q	129.34	128.68	129.01	132.39	129.60	131.00	130.00			
	p+q	154.89	153.98	154.44	156.74	154.38	155.56	155.00			
2	p	21.84	23.81	22.83	20.00	21.90	20.95	21.89	5.16	0.16	St
	q	110.33	120.55	115.44	120.96	115.88	118.42	116.93			
	p+q	132.17	144.36	138.27	140.96	137.78	139.37	138.82			
3	p	31.25	27.53	29.39	23.41	22.80	23.11	26.25	5.11	0.19	St
	q	109.97	113.33	111.65	111.21	110.47	110.84	111.25			
	p+q	141.22	140.86	141.04	134.62	133.27	133.95	137.49			
4	p	17.03	15.00	16.02	15.52	14.14	14.83	15.42	4.49	0.13	St
	q	111.80	105.98	108.89	102.67	101.18	101.93	105.41			
	p+q	128.83	120.98	124.91	118.19	115.32	116.76	120.83			
5	p	14.87	15.81	15.34	14.56	15.23	14.90	15.12	4.23	0.13	St
	q	98.70	94.53	96.62	102.96	98.73	100.85	98.73			
	p+q	113.57	110.34	111.96	117.52	113.96	115.74	113.85			
6	p	26.54	29.89	28.22	24.70	25.08	24.89	26.55	3.84	0.26	Sm
	q	78.87	78.14	78.51	73.14	76.87	75.01	76.76			
	p+q	105.41	108.03	106.72	97.84	101.95	99.90	103.31			
7	p	19.92	21.47	20.70	20.59	21.93	21.26	20.98	3.58	0.22	St
	q	76.29	76.39	76.34	76.43	72.41	74.42	75.38			
	p+q	96.21	97.86	97.04	97.02	94.34	95.68	96.36			
8	p	12.21	13.00	12.61	11.40	10.63	11.02	11.81	3.44	0.13	St
	q	76.38	82.90	79.64	81.72	81.50	81.61	80.63			
	p+q	88.59	95.90	92.25	93.12	92.13	92.63	92.44			
9	p	14.42	14.32	14.37	17.69	16.12	16.91	15.64	3.25	0.18	St
	q	72.76	79.08	75.92	68.01	67.51	67.76	71.84			
	p+q	87.18	93.40	90.29	85.70	83.63	84.67	87.48			
10	p	19.70	21.82	20.76	22.52	25.31	23.92	22.34	3.24	0.26	Sm
	q	62.77	64.47	63.62	64.39	67.61	66.00	64.81			
	p+q	82.47	86.29	84.38	86.91	92.92	89.92	87.15			
11	p	19.21	17.89	18.55	18.11	16.16	17.14	17.84	3.11	0.21	St
	q	58.35	62.17	60.26	71.66	70.87	71.27	65.76			
	p+q	77.56	80.06	78.81	89.77	87.03	88.40	83.61			
12	p	16.40	16.55	16.48	13.89	14.76	14.33	15.40	3.06	0.19	St
	q	67.10	66.04	66.57	68.75	65.17	66.96	66.77			
	p+q	83.50	82.59	83.05	82.64	79.93	81.29	82.17			
13	p	35.38	37.23	36.31	32.71	35.25	33.98	35.14	2.90	0.45	M
	q	45.13	45.18	45.16	44.44	36.25	40.35	42.75			
	p+q	80.51	82.41	81.46	77.15	71.50	74.33	77.89			
14	p	24.76	26.44	25.60	20.10	23.77	21.94	23.77	2.86	0.31	Sm
	q	50.99	53.92	52.46	51.77	55.48	53.63	53.04			
	p+q	75.75	80.36	78.06	71.87	79.25	75.56	76.81			
15	p	21.54	22.79	22.17	21.63	23.60	22.62	22.39	2.74	0.30	Sm
	q	47.46	52.22	49.84	51.26	54.57	52.92	51.38			
	p+q	69.00	75.01	72.01	72.89	78.17	75.53	73.77			
16	p	19.21	20.00	19.61	16.64	15.62	16.13	17.87	2.70	0.25	St
	q	51.14	54.74	52.94	58.92	53.84	56.38	54.66			
	p+q	70.35	74.74	72.55	75.56	69.46	72.51	72.53			
17	p	22.20	23.78	22.99	22.56	21.93	22.25	22.62	2.48	0.34	Sm
	q	47.60	47.02	47.31	42.41	38.95	40.68	44.00			
	p+q	69.80	70.80	70.30	64.97	60.88	62.93	66.61			
18	p	14.76	14.21	14.49	18.79	17.80	18.30	16.39	2.36	0.26	Sm
	q	47.02	44.74	45.88	48.12	48.68	48.40	47.14			
	p+q	61.78	58.95	60.37	66.91	66.48	66.70	63.53			
19	p	18.60	21.14	19.87	26.25	26.40	26.33	23.10	2.22	0.39	M
	q	34.83	33.19	34.01	39.37	39.39	39.38	36.70			
	p+q	53.43	54.33	53.88	65.62	65.79	65.71	59.79			
20	p	30.09	27.61	28.85	30.09	27.61	28.85	28.85	2.21	0.48	M
	q	32.56	28.81	30.69	32.56	28.81	30.69	30.69			
	p+q	62.65	56.42	59.54	62.65	56.42	59.54	59.54			
21	p	17.80	17.49	17.65	17.80	15.81	16.81	17.23	2.13	0.30	Sm
	q	39.51	41.37	40.44	40.74	38.31	39.53	39.98			
	p+q	57.31	58.86	58.09	58.54	54.12	56.33	57.21			

22	p	23.43	22.02	22.73	24.33	23.80	24.07	23.40	2.02	0.43	M
	q	30.81	28.64	29.73	30.37	33.42	31.90	30.81			
	p+q	54.24	50.66	52.45	54.70	57.22	55.96	54.21			
23	p	13.45	13.04	13.25	15.26	14.76	15.01	14.13	2.00	0.26	Sm
	q	37.34	33.22	35.28	45.93	41.70	43.82	39.55			
	p+q	50.79	46.26	48.53	61.19	56.46	58.83	53.68			
24	p	11.40	12.04	11.72	10.63	8.54	9.59	10.65	1.87	0.21	St
	q	41.63	43.07	42.35	35.76	37.60	36.68	39.52			
	p+q	53.03	55.11	54.07	46.39	46.14	46.27	50.17			
25	p	13.45	14.32	13.89	13.45	14.32	13.89	13.89	1.85	0.28	Sm
	q	36.11	35.77	35.94	36.11	35.77	35.94	35.94			
	p+q	49.56	50.09	49.83	49.56	50.09	49.83	49.83			
26	p	16.12	18.38	17.25	15.81	14.87	15.34	16.30	1.84	0.33	Sm
	q	32.15	35.25	33.70	33.75	31.65	32.70	33.20			
	p+q	48.27	53.63	50.95	49.56	46.52	48.04	49.50			
27	p	18.87	16.40	17.64	21.93	21.84	21.89	19.76	1.76	0.42	M
	q	28.11	24.21	26.16	30.41	27.32	28.87	27.51			
	p+q	46.98	40.61	43.80	52.34	49.16	50.75	47.27			
28	p	19.85	18.03	18.94	12.73	14.32	13.53	16.23	1.75	0.34	Sm
	q	36.43	32.80	34.62	28.34	26.23	27.29	30.95			
	p+q	56.28	50.83	53.56	41.07	40.55	40.81	47.18			
29	p	10.63	8.54	9.59	7.07	9.43	8.25	8.92	1.69	0.20	St
	q	39.00	36.29	37.65	38.46	32.68	35.57	36.61			
	p+q	49.63	44.83	47.23	45.53	42.11	43.82	45.53			
30	p	7.62	7.81	7.72	9.22	9.49	9.36	8.54	1.66	0.19	St
	q	39.06	35.91	37.49	35.06	34.15	34.61	36.05			
	p+q	46.68	43.72	45.20	44.28	43.64	43.96	44.58			
31	p	10.77	8.54	9.66	12.04	10.44	11.24	10.45	1.46	0.27	Sm
	q	28.56	28.83	28.70	26.06	31.80	28.93	28.81			
	p+q	39.33	37.37	38.35	38.10	42.24	40.17	39.26			
32	p	13.60	13.45	13.53	15.62	14.42	15.02	14.27	1.41	0.38	M
	q	21.54	21.74	21.64	26.65	24.08	25.37	23.50			
	p+q	35.14	35.19	35.17	42.27	38.50	40.39	37.78			
33	p	16.40	17.00	16.70	18.36	17.09	17.73	17.21	1.36	0.47	M
	q	19.10	19.42	19.26	20.02	19.24	19.63	19.45			
	p+q	35.50	36.42	35.96	38.38	36.33	37.36	36.66			
34	p	13.93	12.53	13.23	10.00	12.21	11.11	12.17	1.28	0.35	Sm
	q	15.23	21.93	18.58	24.41	26.93	25.67	22.13			
	p+q	29.16	34.46	31.81	34.41	39.14	36.78	34.29			
35	p	13.42	14.87	14.15	16.55	14.60	15.58	14.86	1.27	0.44	M
	q	20.05	18.03	19.04	19.24	19.78	19.51	19.28			
	p+q	33.47	32.90	33.19	35.79	34.38	35.09	34.14			
36	p	12.08	12.08	12.08	12.08	14.32	13.20	12.64	1.07	0.44	M
	q	17.12	17.12	17.12	16.16	14.32	15.24	16.18			
	p+q	29.20	29.20	29.20	28.24	28.64	28.44	28.82			
X	p	58.87	58.43	58.65	53.83	47.45	50.64	54.65	4.82	0.42	M
	q	82.17	80.29	81.23	72.19	64.98	68.59	74.91			
	p+q	141.04	138.72	139.88	126.02	112.43	119.23	129.55			
Y	p	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	q	-	-	-	-	-	-	-			
	p+q	-	-	-	-	-	-	-			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subtelocéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico

Tabla N° 17.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♀

PAR CROMOSOMICO	METAFASE (3b1-1131)										
	LONG BRAZOS	HOMÓL 1		\bar{X} ct1,ct2	HOMÓL 2		\bar{X} ct3, ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CROM
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	26.31	27.20	26.76	27.89	25.50	26.70	26.73	5.21	0.16	St
	q	138.50	150.84	144.67	149.38	143.72	146.55	145.61			
	p+q	164.81	178.04	171.43	177.27	169.22	173.25	172.34			
2	p	25.54	27.87	26.71	26.17	23.44	24.81	25.76	4.86	0.16	St
	q	133.65	137.00	135.33	139.47	129.41	134.44	134.88			
	p+q	159.19	164.87	162.03	165.64	152.85	159.25	160.64			
3	p	26.42	26.57	26.50	29.07	29.60	29.34	27.92	4.36	0.19	St
	q	119.05	124.11	121.58	110.77	110.78	110.78	116.18			
	p+q	145.47	150.68	148.08	139.84	140.38	140.11	144.09			
4	p	21.40	24.80	23.10	19.10	19.72	19.41	21.26	4.25	0.15	St
	q	118.74	125.19	121.97	114.04	119.43	116.74	119.35			
	p+q	140.14	149.99	145.07	133.14	139.15	136.15	140.61			
5	p	20.52	19.72	20.12	19.24	21.21	20.23	20.17	4.12	0.15	St
	q	119.66	116.41	118.04	122.13	106.37	114.25	116.14			
	p+q	140.18	136.13	138.16	141.37	127.58	134.48	136.32			
6	p	21.21	22.80	22.01	25.18	25.24	25.21	23.61	3.84	0.19	St
	q	108.64	93.29	100.97	110.25	101.49	105.87	103.42			
	p+q	129.85	116.09	122.97	135.43	126.73	131.08	127.03			
9	p	21.93	21.75	21.84	22.36	21.38	21.87	21.86	3.61	0.18	St
	q	100.66	96.79	98.73	97.56	95.37	96.47	97.60			
	p+q	122.59	118.54	120.57	119.92	116.75	118.34	119.45			
7	p	17.03	16.40	16.72	21.40	23.97	22.69	19.70	3.50	0.17	St
	q	99.07	104.59	101.83	89.59	91.23	90.41	96.12			
	p+q	116.10	120.99	118.55	110.99	115.20	113.10	115.82			
8	p	21.54	22.56	22.05	22.47	22.80	22.64	22.34	3.50	0.19	St
	q	93.14	98.42	95.78	89.89	92.31	91.10	93.44			
	p+q	114.68	120.98	117.83	112.36	115.11	113.74	115.78			
11	p	30.92	31.27	31.10	31.58	33.52	32.55	31.82	3.41	0.28	Sm
	q	80.66	82.10	81.38	79.34	81.56	80.45	80.92			
	p+q	111.58	113.37	112.48	110.92	115.08	113.00	112.74			
10	p	22.09	22.98	22.54	16.55	21.26	18.91	20.72	3.31	0.19	St
	q	89.31	92.05	90.68	88.72	85.18	86.95	88.82			
	p+q	111.40	115.03	113.22	105.27	106.44	105.86	109.54			
12	p	19.85	20.62	20.24	20.62	18.25	19.44	19.84	3.12	0.19	St
	q	82.34	88.54	85.44	83.64	78.47	81.06	83.25			
	p+q	102.19	109.16	105.68	104.26	96.72	100.49	103.08			
14	p	24.04	27.90	25.97	31.92	33.26	32.59	29.28	3.06	0.29	Sm
	q	75.55	71.97	73.76	70.26	69.32	69.79	71.78			
	p+q	99.59	99.87	99.73	102.18	102.58	102.38	101.06			
13	p	17.49	17.69	17.59	18.38	17.80	18.09	17.84	3.05	0.18	St
	q	83.69	82.67	83.18	82.53	83.15	82.84	83.01			
	p+q	101.18	100.36	100.77	100.91	100.95	100.93	100.85			
15	p	45.88	43.82	44.85	49.68	41.83	45.76	45.30	2.86	0.48	M
	q	46.08	49.66	47.87	54.72	46.25	50.49	49.18			
	p+q	91.96	93.48	92.72	104.40	88.08	96.24	94.48			
16	p	22.80	26.26	24.53	29.19	37.57	33.38	28.96	2.74	0.32	Sm
	q	52.44	55.30	53.87	73.66	65.67	69.67	61.77			
	p+q	75.24	81.56	78.40	102.85	103.24	103.05	90.72			
17	p	33.94	36.15	35.05	40.63	42.17	41.40	38.22	2.63	0.44	M
	q	45.78	49.22	47.50	55.88	44.74	50.31	48.91			
	p+q	79.72	85.37	82.55	96.51	86.91	91.71	87.13			
20	p	21.10	21.19	21.15	24.84	27.59	26.22	23.68	2.55	0.28	Sm
	q	50.95	53.62	52.29	67.50	70.11	68.81	60.55			
	p+q	72.05	74.81	73.43	92.34	97.70	95.02	84.23			
18	p	26.17	24.19	25.18	22.02	22.47	22.25	23.71	2.39	0.30	Sm
	q	56.34	58.68	57.51	51.88	53.82	52.85	55.18			
	p+q	82.51	82.87	82.69	73.90	76.29	75.10	78.89			
19	p	22.85	21.63	22.24	27.40	25.75	26.58	24.41	2.15	0.34	Sm
	q	46.91	47.04	46.98	41.63	50.59	46.11	46.54			
	p+q	69.76	68.67	69.22	69.03	76.34	72.69	70.95			
21	p	30.68	29.27	29.98	30.48	27.68	29.08	29.53	2.12	0.42	M

	q	36.49	40.05	38.27	43.31	42.32	42.82	40.54			
	p+q	67.17	69.32	68.25	73.79	70.00	71.90	70.07			
22	p	29.41	33.85	31.63	26.70	25.21	25.96	28.79	1.99	0.44	M
	q	40.23	36.42	38.33	35.23	36.01	35.62	36.97			
	p+q	69.64	70.27	69.96	61.93	61.22	61.58	65.77			
23	p	16.40	17.03	16.72	17.09	18.36	17.73	17.22	1.98	0.26	Sm
	q	49.32	46.14	47.73	53.55	43.77	48.66	48.20			
	p+q	65.72	63.17	64.45	70.64	62.13	66.39	65.42			
24	p	20.62	19.92	20.27	20.62	22.80	21.71	20.99	1.86	0.34	Sm
	q	42.23	42.14	42.19	37.98	39.24	38.61	40.40			
	p+q	62.85	62.06	62.46	58.60	62.04	60.32	61.39			
27	p	24.41	26.40	25.41	23.09	26.09	24.59	25.00	1.82	0.41	M
	q	39.45	38.18	38.82	32.40	31.40	31.90	35.36			
	p+q	63.86	64.58	64.22	55.49	57.49	56.49	60.36			
28	p	24.04	23.35	23.70	14.32	17.69	16.01	19.85	1.82	0.33	Sm
	q	37.88	39.74	38.81	42.11	42.18	42.15	40.48			
	p+q	61.92	63.09	62.51	56.43	59.87	58.15	60.33			
33	p	19.72	23.35	21.54	15.56	15.81	15.69	18.61	1.84	0.31	Sm
	q	46.07	46.37	46.22	39.02	37.00	38.01	42.12			
	p+q	65.79	69.72	67.76	54.58	52.81	53.70	60.73			
26	p	8.54	8.49	8.52	9.85	8.60	9.23	8.87	1.80	0.15	St
	q	60.59	46.98	53.79	47.12	48.16	47.64	50.71			
	p+q	69.13	55.47	62.30	56.97	56.76	56.87	59.58			
25	p	24.04	23.47	23.76	24.17	23.02	23.60	23.68	1.79	0.40	M
	q	36.21	35.96	36.09	36.89	33.11	35.00	35.54			
	p+q	60.25	59.43	59.84	61.06	56.13	58.60	59.22			
29	p	16.28	16.28	16.28	15.56	17.20	16.38	16.33	1.73	0.29	Sm
	q	43.85	42.58	43.22	37.09	39.94	38.52	40.87			
	p+q	60.13	58.86	59.50	52.65	57.14	54.90	57.20			
30	p	18.03	18.44	18.24	20.40	20.62	20.51	19.37	1.64	0.36	Sm
	q	33.64	34.99	34.32	36.34	34.74	35.54	34.93			
	p+q	51.67	53.43	52.55	56.74	55.36	56.05	54.30			
31	p	18.44	19.10	18.77	18.68	18.60	18.64	18.71	1.51	0.38	M
	q	31.14	30.46	30.80	33.42	29.68	31.55	31.18			
	p+q	49.58	49.56	49.57	52.10	48.28	50.19	49.88			
32	p	14.87	16.49	15.68	17.89	15.56	16.73	16.20	1.49	0.33	Sm
	q	33.84	34.89	34.37	31.95	31.40	31.68	33.02			
	p+q	48.71	51.38	50.05	49.84	46.96	48.40	49.22			
35	p	21.26	17.80	19.53	20.00	20.72	20.36	19.95	1.39	0.43	M
	q	29.58	27.92	28.75	22.80	23.41	23.11	25.93			
	p+q	50.84	45.72	48.28	42.80	44.13	43.47	45.87			
34	p	14.42	12.08	13.25	10.44	10.44	10.44	11.85	1.20	0.30	Sm
	q	26.43	27.63	27.03	26.93	29.86	28.40	27.71			
	p+q	40.85	39.71	40.28	37.37	40.30	38.84	39.56			
36	p	18.44	16.64	17.54	14.87	14.32	14.60	16.07	1.04	0.47	M
	q	19.24	18.03	18.64	18.60	17.89	18.25	18.44			
	p+q	37.68	34.67	36.18	33.47	32.21	32.84	34.51			
X	p	68.71	63.50	66.11	63.88	53.00	58.44	62.27	4.48	0.42	M
	q	89.00	83.80	86.40	88.08	83.25	85.67	86.03			
	p+q	157.71	147.30	152.51	151.96	136.25	144.11	148.31			
Y	p	-	-	-	-	-	-	-			
	q	-	-	-	-	-	-	-			
	p+q	-	-	-	-	-	-	-			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subteloecéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico

Tabla N° 18.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♀

PAR CROMOSOMICO	METAFASE 1310										
	LONG BRAZOS	HOMÓL 1		\bar{X} ct1,ct2	HOMÓL 2		\bar{X} ct3, ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CROM
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	19.46	21.12	20.29	24.89	25.61	25.25	22.77	5.73	0.14	St
	q	139.56	142.34	140.95	144.01	139.26	141.64	141.29			
	p+q	159.02	163.46	161.24	168.90	164.87	166.89	164.06			
2	p	19.33	17.23	18.28	21.30	23.87	22.59	20.43	5.19	0.14	St
	q	125.00	133.08	129.04	129.08	125.59	127.34	128.19			
	p+q	144.33	150.31	147.32	150.38	149.46	149.92	148.62			
3	p	14.69	13.31	14.00	13.12	13.76	13.44	13.72	4.35	0.11	T
	q	100.06	100.59	100.33	121.47	120.94	121.21	110.77			
	p+q	114.75	113.90	114.33	134.59	134.70	134.65	124.49			
4	p	23.75	26.18	24.97	22.63	31.78	27.21	26.09	4.35	0.21	St
	q	104.89	114.00	109.45	87.45	87.20	87.33	98.39			
	p+q	128.64	140.18	134.41	110.08	118.98	114.53	124.47			
5	p	22.23	19.76	21.00	22.31	22.64	22.48	21.74	3.75	0.20	St
	q	86.74	84.53	85.64	85.80	85.42	85.61	85.62			
	p+q	108.97	104.29	106.63	108.11	108.06	108.09	107.36			
6	p	29.06	28.88	28.97	27.28	26.43	26.86	27.91	3.71	0.26	Sm
	q	77.57	74.38	75.98	77.86	83.78	80.82	78.40			
	p+q	106.63	103.26	104.95	105.14	110.21	107.68	106.31			
7	p	10.76	10.25	10.51	12.19	13.02	12.61	11.56	3.70	0.11	T
	q	97.36	85.58	91.47	91.95	102.68	97.32	94.39			
	p+q	108.12	95.83	101.98	104.14	115.70	109.92	105.95			
8	p	16.49	15.78	16.14	20.75	20.65	20.70	18.42	3.42	0.19	St
	q	83.86	77.69	80.78	77.33	79.39	78.36	79.57			
	p+q	100.35	93.47	96.91	98.08	100.04	99.06	97.99			
9	p	12.21	12.00	12.11	13.02	14.42	13.72	12.91	3.42	0.13	St
	q	87.86	85.63	86.75	81.30	85.07	83.19	84.97			
	p+q	100.07	97.63	98.85	94.32	99.49	96.91	97.88			
10	p	19.23	20.82	20.03	14.15	14.71	14.43	17.23	3.21	0.19	St
	q	70.83	72.61	71.72	80.69	74.18	77.44	74.58			
	p+q	90.06	93.43	91.75	94.84	88.89	91.87	91.81			
12	p	47.19	45.57	46.38	41.18	43.79	42.49	44.43	3.20	0.48	M
	q	55.80	46.97	51.39	41.60	44.59	43.10	47.24			
	p+q	102.99	92.54	97.77	82.78	88.38	85.58	91.67			
11	p	23.71	28.49	26.10	29.78	31.90	30.84	28.47	3.12	0.32	Sm
	q	62.67	58.26	60.47	62.36	59.46	60.91	60.69			
	p+q	86.38	86.75	86.57	92.14	91.36	91.75	89.16			
16	p	28.02	32.75	30.39	26.64	27.73	27.19	28.79	3.06	0.33	Sm
	q	70.30	59.87	65.09	51.99	52.56	52.28	58.68			
	p+q	98.32	92.62	95.47	78.63	80.29	79.46	87.47			
13	p	15.00	15.26	15.13	14.24	15.37	14.81	14.97	2.92	0.18	St
	q	70.20	68.62	69.41	64.10	72.06	68.08	68.75			
	p+q	85.20	83.88	84.54	78.34	87.43	82.89	83.71			
14	p	12.81	13.60	13.21	17.03	16.28	16.66	14.93	2.80	0.19	St
	q	71.34	69.56	70.45	59.26	61.24	60.25	65.35			
	p+q	84.15	83.16	83.66	76.29	77.52	76.91	80.28			
15	p	17.80	16.55	17.18	16.88	16.37	16.63	16.90	2.66	0.22	St
	q	60.93	56.58	58.76	58.26	60.91	59.59	59.17			
	p+q	78.73	73.13	75.93	75.14	77.28	76.21	76.07			
17	p	30.23	29.51	29.87	31.35	29.04	30.20	30.03	2.52	0.42	M
	q	43.77	39.89	41.83	43.01	42.19	42.60	42.22			
	p+q	74.00	69.40	71.70	74.36	71.23	72.80	72.25			
19	p	25.00	23.16	24.08	20.62	23.60	22.11	23.10	2.43	0.33	Sm
	q	59.44	40.86	50.15	42.45	42.68	42.57	46.36			
	p+q	84.44	64.02	74.23	63.07	66.28	64.68	69.45			
18	p	22.02	25.00	23.51	30.00	31.00	30.50	27.01	2.31	0.41	M
	q	43.50	41.36	42.43	36.39	35.60	36.00	39.21			
	p+q	65.52	66.36	65.94	66.39	66.60	66.50	66.22			
21	p	15.81	15.81	15.81	14.21	15.23	14.72	15.27	2.20	0.24	St
	q	50.21	45.35	47.78	45.50	49.92	47.71	47.75			
	p+q	66.02	61.16	63.59	59.71	65.15	62.43	63.01			
20	p	15.00	14.32	14.66	17.03	16.66	16.85	15.75	2.17	0.25	Sm

	q	38.06	50.23	44.15	50.19	46.59	48.39	46.27			
	p+q	53.06	64.55	58.81	67.22	63.25	65.24	62.02			
22	p	15.26	18.60	16.93	23.32	26.40	24.86	20.90	1.94	0.38	M
	q	37.44	38.34	37.89	30.84	31.78	31.31	34.60			
	p+q	52.70	56.94	54.82	54.16	58.18	56.17	55.50			
23	p	13.89	10.63	12.26	15.81	15.81	15.81	14.04	1.94	0.25	Sm
	q	44.12	45.19	44.66	38.19	38.04	38.12	41.39			
	p+q	58.01	55.82	56.92	54.00	53.85	53.93	55.42			
27	p	9.22	11.40	10.31	11.31	11.66	11.49	10.90	1.87	0.20	St
	q	44.19	44.86	44.53	36.20	45.25	40.73	42.63			
	p+q	53.41	56.26	54.84	47.51	56.91	52.21	53.52			
24	p	18.44	19.21	18.83	19.21	17.80	18.51	18.67	1.87	0.35	Sm
	q	35.61	33.86	34.74	36.06	33.62	34.84	34.79			
	p+q	54.05	53.07	53.56	55.27	51.42	53.35	53.45			
25	p	23.77	18.38	21.08	22.70	24.50	23.60	22.34	1.84	0.42	M
	q	29.08	33.08	31.08	28.83	29.90	29.37	30.22			
	p+q	52.85	51.46	52.16	51.53	54.40	52.97	52.56			
29	p	12.04	13.34	12.69	14.76	13.00	13.88	13.29	1.82	0.26	Sm
	q	40.27	37.70	38.99	38.60	38.65	38.63	38.81			
	p+q	52.31	51.04	51.68	53.36	51.65	52.51	52.09			
26	p	15.62	15.00	15.31	16.40	16.12	16.26	15.79	1.74	0.32	Sm
	q	32.35	30.17	31.26	37.08	36.70	36.89	34.08			
	p+q	47.97	45.17	46.57	53.48	52.82	53.15	49.86			
31	p	17.80	18.60	18.20	19.42	20.62	20.02	19.11	1.73	0.39	M
	q	32.07	30.05	31.06	30.87	28.92	29.90	30.48			
	p+q	49.87	48.65	49.26	50.29	49.54	49.92	49.59			
28	p	22.20	19.70	20.95	25.81	21.59	23.70	22.33	1.73	0.45	M
	q	25.00	29.01	27.01	27.46	27.20	27.33	27.17			
	p+q	47.20	48.71	47.96	53.27	48.79	51.03	49.49			
32	p	10.30	10.82	10.56	14.76	17.20	15.98	13.27	1.51	0.31	Sm
	q	30.08	32.39	31.24	27.60	29.83	28.72	29.98			
	p+q	40.38	43.21	41.80	42.36	47.03	44.70	43.25			
30	p	6.40	8.06	7.23	8.00	9.22	8.61	7.92	1.50	0.18	St
	q	33.58	36.14	34.86	39.06	31.65	35.36	35.11			
	p+q	39.98	44.20	42.09	47.06	40.87	43.97	43.03			
33	p	18.98	18.49	18.74	18.80	17.64	18.22	18.48	1.41	0.46	M
	q	25.83	22.50	24.17	19.32	19.42	19.37	21.77			
	p+q	44.81	40.99	42.90	38.12	37.06	37.59	40.25			
34	p	10.82	10.00	10.41	10.63	10.30	10.47	10.44	1.33	0.27	Sm
	q	26.83	30.89	28.86	25.08	28.21	26.65	27.75			
	p+q	37.65	40.89	39.27	35.71	38.51	37.11	38.19			
35	p	13.45	12.81	13.13	15.65	15.62	15.64	14.38	1.33	0.38	M
	q	20.12	23.90	22.01	25.61	24.62	25.12	23.56			
	p+q	33.57	36.71	35.14	41.26	40.24	40.75	37.95			
36	p	17.03	17.20	17.12	16.97	16.64	16.81	16.96	1.27	0.47	M
	q	19.80	18.87	19.34	19.24	19.90	19.57	19.45			
	p+q	36.83	36.07	36.45	36.21	36.54	36.38	36.41			
X	p	56.16	58.21	57.19	45.50	42.07	43.79	50.49	4.94	0.36	Sm
	q	93.94	91.21	92.58	91.74	86.65	89.20	90.89			
	p+q	150.10	149.42	149.76	137.24	128.72	132.98	141.37			
Y	p	-	-	-	-	-	-	-			
	q	-	-	-	-	-	-	-			
	p+q	-	-	-	-	-	-	-			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subteloecéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico

Tabla N° 19.- Medidas de los cromosomas de una metafase de llama ♀

PAR CROMOSÓMICO	METAFASE 1 (3B1-1367)										
	LONG BRAZOS	HOMÓL 1		\bar{X} ct1,ct2	HOMÓL 2		\bar{X} ct3, ct4	\bar{X} ct1, ct2, ct3, ct4	RCL	IC	TIPO CROM
		ct 1	ct 2		ct 3	ct 4					
1	p	32.25	30.73	31.49	28.10	33.65	30.88	31.18	5.35	0.20	St
	q	121.23	116.64	118.94	133.52	124.72	129.12	124.03			
	p+q	153.48	147.37	150.43	161.62	158.37	160.00	155.21			
2	p	25.52	22.23	23.88	19.76	22.07	20.92	22.40	4.99	0.15	St
	q	121.33	123.42	122.38	125.04	119.77	122.41	122.39			
	p+q	146.85	145.65	146.25	144.80	141.84	143.32	144.79			
3	p	26.05	22.13	24.09	28.84	26.41	27.63	25.86	4.78	0.19	St
	q	117.79	108.43	113.11	108.66	116.06	112.36	112.74			
	p+q	143.84	130.56	137.20	137.50	142.47	139.99	138.59			
4	p	29.14	31.28	30.21	24.33	26.82	25.58	27.89	4.14	0.23	St
	q	98.11	97.45	97.78	85.90	87.73	86.82	92.30			
	p+q	127.25	128.73	127.99	110.23	114.55	112.39	120.19			
5	p	14.71	16.10	15.41	16.47	18.66	17.57	16.49	4.04	0.14	St
	q	98.54	103.18	100.86	102.50	98.95	100.73	100.79			
	p+q	113.25	119.28	116.27	118.97	117.61	118.29	117.28			
6	p	18.74	15.37	17.06	17.56	16.49	17.03	17.04	3.86	0.15	St
	q	94.18	93.12	93.65	90.12	102.35	96.24	94.94			
	p+q	112.92	108.49	110.71	107.68	118.84	113.26	111.98			
7	p	22.07	24.33	23.20	28.49	31.13	29.81	26.51	3.66	0.25	St
	q	72.45	83.15	77.80	82.58	80.26	81.42	79.61			
	p+q	94.52	107.48	101.00	111.07	111.39	111.23	106.12			
11	p	22.13	17.62	19.88	19.02	20.94	19.98	19.93	3.29	0.21	St
	q	72.98	75.17	74.08	78.97	75.05	77.01	75.54			
	p+q	95.11	92.79	93.95	97.99	95.99	96.99	95.47			
9	p	18.24	15.53	16.89	13.02	14.24	13.63	15.26	3.27	0.16	St
	q	78.54	79.90	79.22	80.00	80.41	80.21	79.71			
	p+q	96.78	95.43	96.11	93.02	94.65	93.84	94.97			
10	p	21.84	21.97	21.91	20.40	22.74	21.57	21.74	3.20	0.23	St
	q	69.25	71.48	70.37	74.53	69.09	71.81	71.09			
	p+q	91.09	93.45	92.27	94.93	91.83	93.38	92.83			
8	p	20.25	18.87	19.56	19.08	15.28	17.18	18.37	3.19	0.20	St
	q	73.55	71.65	72.60	75.70	76.07	75.89	74.24			
	p+q	93.80	90.52	92.16	94.78	91.35	93.07	92.61			
13	p	19.10	16.97	18.04	19.81	19.27	19.54	18.79	3.09	0.21	St
	q	69.55	71.68	70.62	68.85	73.47	71.16	70.89			
	p+q	88.65	88.65	88.65	88.66	92.74	90.70	89.68			
12	p	25.12	27.59	26.36	21.12	20.40	20.76	23.56	2.99	0.27	Sm
	q	66.63	60.17	63.40	64.55	61.86	63.21	63.30			
	p+q	91.75	87.76	89.76	85.67	82.26	83.97	86.86			
17	p	23.60	28.02	25.81	20.62	21.26	20.94	23.38	2.77	0.29	Sm
	q	54.38	62.46	58.42	50.81	60.20	55.51	56.96			
	p+q	77.98	90.48	84.23	71.43	81.46	76.45	80.34			
14	p	34.54	32.20	33.37	38.37	40.97	39.67	36.52	2.75	0.46	M
	q	41.05	44.29	42.67	42.57	45.08	43.83	43.25			
	p+q	75.59	76.49	76.04	80.94	86.05	83.50	79.77			
15	p	22.20	19.85	21.03	22.20	18.79	20.50	20.76	2.71	0.26	Sm
	q	61.18	63.42	62.30	49.73	56.71	53.22	57.76			
	p+q	83.38	83.27	83.33	71.93	75.50	73.72	78.52			
18	p	17.09	16.55	16.82	12.53	17.03	14.78	15.80	2.51	0.22	St
	q	63.13	68.47	65.80	48.11	48.49	48.30	57.05			
	p+q	80.22	85.02	82.62	60.64	65.52	63.08	72.85			
16	p	34.45	33.87	34.16	32.89	35.38	34.14	34.15	2.45	0.48	M
	q	37.08	35.27	36.18	38.40	37.48	37.94	37.06			
	p+q	71.53	69.14	70.34	71.29	72.86	72.08	71.21			
21	p	24.17	26.40	25.29	23.85	23.35	23.60	24.44	2.28	0.37	Sm
	q	41.59	37.96	39.78	43.80	43.71	43.76	41.77			
	p+q	65.76	64.36	65.06	67.65	67.06	67.36	66.21			
19	p	26.08	29.41	27.75	25.08	25.94	25.51	26.63	2.23	0.41	M
	q	37.86	34.29	36.08	40.46	39.68	40.07	38.07			
	p+q	63.94	63.70	63.82	65.54	65.62	65.58	64.70			
20	p	25.81	26.40	26.11	26.40	32.89	29.65	27.88	2.12	0.45	M

	q	35.48	31.40	33.44	31.38	36.66	34.02	33.73			
	p+q	61.29	57.80	59.55	57.78	69.55	63.67	61.61			
24	p	14.87	17.80	16.34	14.42	17.00	15.71	16.02	2.07	0.27	Sm
	q	43.32	39.91	41.62	47.11	45.71	46.41	44.01			
	p+q	58.19	57.71	57.95	61.53	62.71	62.12	60.04			
26	p	21.02	20.25	20.64	18.36	20.62	19.49	20.06	2.06	0.34	Sm
	q	39.95	38.88	39.42	41.51	38.46	39.99	39.70			
	p+q	60.97	59.13	60.05	59.87	59.08	59.48	59.76			
22	p	13.60	16.55	15.08	16.12	17.46	16.79	15.93	2.01	0.27	Sm
	q	42.81	43.17	42.99	43.06	40.27	41.67	42.33			
	p+q	56.41	59.72	58.07	59.18	57.73	58.46	58.26			
23	p	20.62	19.70	20.16	19.24	21.63	20.44	20.30	1.92	0.36	Sm
	q	33.29	32.76	33.03	38.44	36.89	37.67	35.35			
	p+q	53.91	52.46	53.19	57.68	58.52	58.10	55.64			
25	p	24.70	23.43	24.07	21.19	20.62	20.91	22.49	1.90	0.41	M
	q	35.61	31.29	33.45	32.27	30.96	31.62	32.53			
	p+q	60.31	54.72	57.52	53.46	51.58	52.52	55.02			
28	p	9.22	9.22	9.22	8.54	10.63	9.59	9.40	1.86	0.17	St
	q	44.38	39.45	41.92	49.28	45.16	47.22	44.57			
	p+q	53.60	48.67	51.14	57.82	55.79	56.81	53.97			
27	p	26.93	25.22	26.08	22.80	22.09	22.45	24.26	1.83	0.46	M
	q	27.46	27.66	27.56	29.70	29.97	29.84	28.70			
	p+q	54.39	52.88	53.64	52.50	52.06	52.28	52.96			
33	p	13.04	13.04	13.04	14.42	14.21	14.32	13.68	1.75	0.27	Sm
	q	36.48	37.74	37.11	38.15	35.43	36.79	36.95			
	p+q	49.52	50.78	50.15	52.57	49.64	51.11	50.63			
31	p	20.00	20.62	20.31	19.42	17.46	18.44	19.38	1.68	0.40	M
	q	30.89	30.30	30.60	27.78	28.49	28.14	29.37			
	p+q	50.89	50.92	50.91	47.20	45.95	46.58	48.74			
30	p	17.69	17.03	17.36	17.46	15.62	16.54	16.95	1.65	0.35	Sm
	q	30.91	29.47	30.19	33.12	30.61	31.87	31.03			
	p+q	48.60	46.50	47.55	50.58	46.23	48.41	47.98			
32	p	8.49	6.40	7.45	10.30	11.40	10.85	9.15	1.62	0.19	St
	q	39.73	36.73	38.23	37.56	37.43	37.50	37.86			
	p+q	48.22	43.13	45.68	47.86	48.83	48.35	47.01			
34	p	13.04	12.04	12.54	11.18	14.87	13.03	12.78	1.54	0.29	Sm
	q	31.89	33.02	32.46	34.57	28.18	31.38	31.92			
	p+q	44.93	45.06	45.00	45.75	43.05	44.40	44.70			
29	p	13.60	13.60	13.60	11.31	12.04	11.68	12.64	1.46	0.30	Sm
	q	34.25	33.63	33.94	24.21	26.40	25.31	29.62			
	p+q	47.85	47.23	47.54	35.52	38.44	36.98	42.26			
36	p	16.12	19.10	17.61	18.38	21.19	19.79	18.70	1.33	0.48	M
	q	17.12	20.52	18.82	18.79	23.02	20.91	19.86			
	p+q	33.24	39.62	36.43	37.17	44.21	40.69	38.56			
35	p	19.10	18.79	18.95	10.63	8.60	9.62	14.28	1.23	0.40	M
	q	26.63	27.86	27.25	13.45	17.49	15.47	21.36			
	p+q	45.73	46.65	46.19	24.08	26.09	25.09	35.64			
X	p	47.18	49.17	48.18	55.10	55.11	55.11	51.64	4.42	0.40	M
	q	75.55	79.43	77.49	72.14	79.30	75.72	76.61			
	p+q	122.73	128.60	125.67	127.24	134.41	130.83	128.25			
Y	p	-	-	-	-	-	-	-			
	q	-	-	-	-	-	-	-			
	p+q	-	-	-	-	-	-	-			

Leyenda:

p = brazo corto

ct = cromátide

m = metacéntrico

sm = submetacéntrico

LR = Longitud relativa del cromosoma

q = brazo largo

st = subtlocéntrico

t = telocéntrico

IC = Índice centromérico