

# POSSIBLES LÍNIES D'EVOLUCIÓ CROMOSÒMICA EN CERTS PRIMATS DEL VELL MÓN

per A. RUBIO GODAY, M. R. CABALLÍN i J. EGOZCUE

Institut de Biologia Fonamental, Facultat de Ciències,  
Universitat Autònoma de Barcelona.

## INTRODUCCIÓ

És freqüent en la literatura especialitzada d'explicar canvis estructurals en els cariotipus d'una espècie o d'espècies properes mitjançant una sèrie de mecanismes reconeguts. Alguns trets cromosòmics especialment assenyalats ens han portat a gosar aplicar dites consideracions també a l'estudi de cariotipus de formes pertanyents a gèneres diversos i fins i tot a tàxons superiors (subfamílies i famílies) dins de l'ordre del Primats. El resultat és l'esquema-diagrama que presentem (vegeu fig. 1) i que té el caràcter d'una hipòtesi de treball orientadora dels estudis dels patrons de bandes que tenim en curs de realització.

## NOTA PRÈVIA

Per raons pràctiques no prenem en consideració el cas del Prosimis en un extrem, ni —per ja conegut— el dels Pòngids i *Homo* en l'altre. Quan parlem de «primats del Vell Món» en el títol, volem significar totes les espècies compreses en les famílies i subfamílies *Hylobatidae*, *Colobidae*, *Papinae* i *Cercopithecinae*. Totes elles les reunim sota el terme *Cercopithecoidea* (superfamília), d'acord amb les propostes de diferents autors en els últims anys i separant-nos, per tant, de la divisió clàssica que incloïa els Hylobàtids en la superfamília *Hominoidea*. El perill que el lector no donés la mateixa extensió que nosaltres al terme *Cercopithecoidea* ens ha fet preferir un títol més general per al present treball.

Així mateix acceptem la tendència a considerar només tres gèneres dins de la subfamília *Papinae* (*Macaca*, *Papio* i *Cercocebus*).

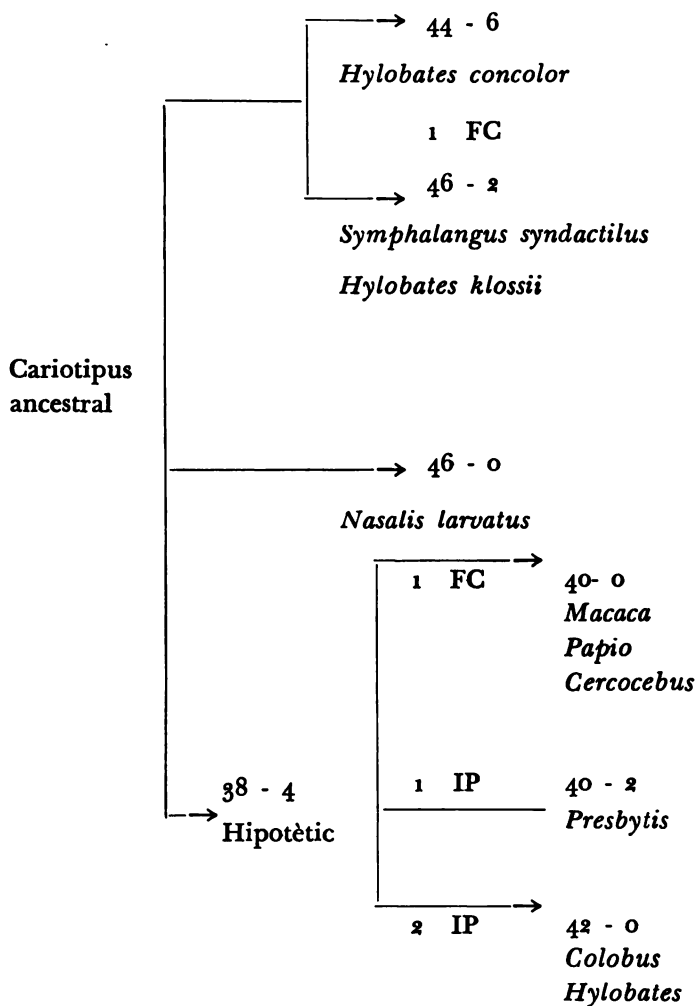


FIG. 1. Possibles mecanismes de derivació dels cariotipus de la Superfamília Cercopithecoidea.

FC=fusió cèntrica.

IP=inversió pericèntrica. Més explicacions en el text.

#### MATERIAL I MÈTODES

Els usuals d'obtenció de cariotipus per a cultiu de cèl·lules de sang perifèrica o d'altres teixits (ronyó, pell...), emprats arreu en els laboratoris de citogenètica. Les tincions: Giemsa normal i els processos avui àmplia-

ment difosos de diferenciació de bandes G, Q, etc., que s'expliquen en una altra comunicació publicada en aquest mateix volum.

## RESULTATS

De l'estudi individual i comparatiu de cariotipus dels citats simis són remarcables els següents resultats:

### 1. *Nombre de cromosomes.*

#### 1.1. *CERCOPITHECINAE*

Nombre molt variat de cromosomes per complement no sols segons les espècies (des de 58 del *Cercopithecus lhoesti* a 72 del *C. mitis*), sinó presentant sovint un notable polimorfisme intraespecífic (el *C. lhoesti*, per exemple, pot presentar nombres  $2n = 58$ ,  $2n = 60$ ,  $2n = 72$ ).

Així mateix hi ha gran variació entre les distribucions dels cromosomes en les dues gran categories de No-Acrocèntrics (N.A) i Acrocèntrics (A).

És per això que aquest grup presenta notables dificultats a l'hora de racionalitzar els nombrosos canvis estructurals dels seus cariotipus i, per ara, doncs el deixem de banda.

#### 1.2. *PAPINAE*

Tots els *Papinae* (dels tres gèneres *Macaca*, *Papio* i *Cercocebus*) presenten el mateix nombre cromosòmic diploid:  $2n = 42$  amb la mateixa distribució entre N-A = 40, A = 0 i els dos gonosomes en totes les espècies.

Evidentment els fenòmens d'especiació en aquest grup no s'han recolzat en barreres estructurals cromosòmiques.

#### 1.3. *COLOBIDAE*

Els gènere *Presbytis* i *Colobus* mostren un  $2n = 44$ , mentre el *Nasalis* té un  $2n = 48$ , essent respectivament els nombre de N-A 40, 42 i 46.

#### 1.4. *HYLOBATIDAE*

Les diferents espècies d'*Hylobates* i *Symphalangus* ofereixen nombres cromosòmics de 44, 50 i 52 i es corresponen bé amb els subgèneres fets després de la reorganització de la família.

Aquests dos darrers grups presenten canvis (a diferència del 1.2), però no tan accentuats com els del grup 1.1.

## 2. Mida i nombre de cromosomes.

Dintre de cada grup es nota una tendència vers l'augment de mida en disminuir el nombre dels cromosomes dels cariotipus. Valgui com exemple, la comparació entre les dotacions de *Symphalangus syndactylus* ( $2n = 50$ ) i d'*Hylobates agilis* ( $2n = 44$ ). Ambdós són espècies de la mateixa família i el primer presenta cromosomes molt semblants als del segon, però d'una mida relativa clarament més petita.

## 3. Semblances entre cariotipus pertanyents a espècies de famílies diferents.

Comparant, per exemple, complements de *Cercocebus* ( $2n = 42$ , N-A = 40, A = 0), gènere que pertany a la subfamília *Papinae* de la família *Cercopithecidae*, amb complements de *Presbytis* ( $2n = 46$ , N-A = 40, A = 2) de la família *Colobidae*, i de *Papio gelada* ( $2n = 42$ , N-A = 40, A = 0) i *Nasalis larvatus* ( $2n = 48$ , N-A = 46, A = 0) de les mateixes famílies respectives, no solament hom veu confirmat el mateix fet del caràcter invers llargada/nombre de cromosomes, sinó com cariotipus de grups tan diferents són tan semblants que fins i tot s'han pogut emparellar cromosomes d'una dotació amb els de l'altra i aconseguir parelles molt poc estridents, essent en molts casos més paleses les semblances respectives que les diferències petites que, tot i ser-hi, queden com esmortides. Gairebé no cal dir que on més notables són tals semblances és en el cas dels cromosomes marcats.

Tot això ha portat a construir un esquema que reculli els mecanismes adients per racionalitzar els canvis estructurals, no solament a nivell intraespecífic com era corrent, sinó a nivell més ample. Així suggerim una sèrie de possibles relacions entre els cariotipus dels simis estudiats. Entre el tipus de dotació cromosòmica d'*Hylobates concolor* ( $2n = 52$ , N-A = 44, A = 6) i la representada per la del *Symphalangus* i altres ( $2n = 50$ , N-A = 46, A = 2) advertim una diferència de 4 A i 2 N-A que creiem que pot ésser indicadora de una fusió cèntrica, cosa que, a més, estaria d'acord amb el possible origen de dit cariotipus per fusions cèntriques com manifestaria la major llargada dels seus cromosomes respecte dels de les espècies amb  $2n$  més petit.

De manera semblant i senzilla es poden relacionar altres dotacions, algunes d'elles representades per grups sencers (*Papinae*), fins a construir un cariotipus ancestral immediat, mitjançant una fusió cèntrica i una o dues inversions pericèntriques, essent com és que dits cariotipus demostren forta semblança entre ells. Cal dir que un tal esquema no pretén ésser filogenètic, sinó indicador de distàncies entre formes de cariotipus.

## DISCUSSIÓ

Els fets aportats i les comparacions establertes pateixen a primera vista d'ésser molt morfològiques. Ara bé:

1) les tècniques de bandes han permès de confirmar suposicions semblants postulades per als cariotipus de Pòngids i *Homo* fins a poder assenyalar la fusió de quins cromosomes del gènere *Pan* quedà reflexada en el cromosoma 2 humà, i així mateix altres 7 o 8 inversions pericèntriques en dits complements. És, doncs, congruent esperar que una cosa semblant pugui passar en els casos objecte d'aquesta comunicació. Més encara si tenim present:

2) que s'ha fet observar per part d'alguns autors que les bandes pròpies del cromosoma X en els Primats es mantenen d'una espècie a l'altra, suposant-se que dit cromosoma és un cromosoma «protegit» de l'intercanvi intercromosòmic; i més, sobretot:

3) donat que també per altres cromosomes (autosomes) hi ha una veritable conservació del patró de bandes en cariotipus de diferents Primats, cosa que ha permès fins i tot de comparar cromosomes humans amb determinats cromosomes de Primats no-humans com Pòngids per una banda, i *Papio sphinx*, *Cercopithecus talapoin*, *Cercocebus galeritus*, etc. d'un altra.

És per tot això que el diagrama presentat no solament ens sembla «il·lustrador» de vies possibles, sinó que creiem que forneix una bona hipòtesi de treball a comprovar mitjançant les tècniques de bandes. Evidentment, el quadre no ens diu res de problemes més fins de reorganització cromosòmica (canvi de tipus de cromosomes N-A,...) que demanen d'altres mecanismes reestructuradors com poden ésser les translocacions centríques, inversions paracèntriques, etc. Esperem que l'estudi de bandes il·luminarà també aquest punt.

Finalment ens sembla que del fet de la no concordància de les dades cromosòmiques de diferents espècies amb les dades d'anàlisis quantitatives d'ADN, no se'n pot treure cap argument contra la hipòtesi establerta, puix que el mateixos estudis sobre ADN de Primats fets per autors diferents han portat a resultats internament contradictoris.