



BIODIVERSIDAD *BARCODE* EN GRUPOS POBLACIONALES DE SABALETA *Brycon henni* (Pisces: Characidae)

BARCODE BIODIVERSITY IN POPULATION GROUPS OF SABALETA *Brycon henni* (Pisces: Characidae)

Hermes Rafael Pineda-Santis^a, Lucy Arboleda-Chacón^b, Mónica Taborda-Arboleda^c

^a Biólogo, MSc en Biología. hrpineda@elpoli.edu.co

^b Bióloga, MSc.

^c Técnico Agropecuario, cMSc.

Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid, Facultad de Ciencias Agrarias, Grupo de Investigación Acuicola, Medellín, Colombia

RESUMEN

Introducción: Los linajes en la mayoría de los peces están siendo dilucidados para su clasificación por medio de secuencias moleculares. El ADN mitocondrial (mtADN) cuenta con una secuencia de nucleótidos específicos *Barcode* que permite concretar los linajes en ellos. **Objetivo:** Conocer la presencia del linaje genético intra e inter específico, entre los grupos poblacionales de la sabaleta *Brycon henni* y especies del mismo género, mediante la comparación de secuencias mtADN de la región citocromo oxidasa I. **Métodos:** 40 individuos de sabaleta, como grupo intra específico de tres quebradas del río Cauca (Pitanjá, Guaracú y Sopetrana) y una del río Magdalena (Concepción) fueron analizados. El grupo de comparación inter específico incluyó nueve individuos de dorada *Brycon moorei* y cinco individuos de yamú *Brycon amazonicus*. De cada individuo, se extrajo el ADN, mediante un kit comercial (Quiagen®), a partir de muestras de aleta. Se amplificó la región citocromo oxidasa I (650pb), mediante PCR con iniciadores universales (FF2d TTCTCCACCAACCACAARGAYATYGG; FR1d CACCTCAGGGTGTCCGAARAAYCARAA). La amplificación por PCR fue realizada en volúmenes de 12,5 µL e incluyó: 6,25 µL de 10% trehalosa, 2,00 µL agua ultra pura, 1,25 µL 10x buffer PCR (10 mM KCl, 10 mM (NH₄)₂SO₄, 20 mM Tris-HCl (pH 8,8), 2 mM Mg₂SO₄, 0,1% Triton X-100), 0,625 µL MgCl₂ (50 mM), 0,125 µL de cada iniciador universal (0,01 mM), 0,0625 µL de cada dNTP (10 mM) marcados con fluorocromos, 0,0625 µL de *Taq* DNA Polimerasa (Biolabs®) y 2,0 µL de ADN de cada individuo. El perfil de temperaturas en el termociclador fue: 94°C por 2 min, treinta y cinco ciclos de 94°C por 30 s, 52°C por 40 s y 72°C por 1 min, con una extensión final de 72°C por 10 min. El amplicado se envió a secuenciación automática (Macrogen Inc). Obtenida la secuencia, se comparó entre los grupos de muestreo mediante el programa Mega7 para obtener un dendrograma. **Resultados:** Se presentó una separación de los grupos intra específicos de sabaleta, pertenecientes a las cuencas de los ríos Cauca y Magdalena. Así mismo, una separación entre las especies de dorada y yamú. **Conclusión:** Se evidenció una variabilidad genética entre los grupos poblacionales de sabaleta, provenientes de dos cuencas diferentes. Así mismo, una separación

de especies dentro del mismo género, lo cual soporta la idea de biodiversidad y taxonomía en ambientes naturales.

Palabras Clave: código de barras, peces, mtADN, citocromo oxidasa I

Keywords: barcode, fish, mtDNA, cytochrome oxidase I

Agradecimientos: Al Plan Nacional de Regalías, convenio No. 4600000980, entre la Gobernación de Antioquia (Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural) y el Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid (Grupo de Investigación Acuícola), por el apoyo económico a la propuesta.