



GONADOTROPINAS EN SILURIFORMES SURAMERICANOS Y SUS RELACIONES FILOGENÉTICAS

GONADOTROPINS IN SOUTH AMERICAN CATFISH AND THEIR PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS

María Fernanda Flórez-González ^a, Andrés Felipe Montoya-López ^b, Juan Diego Ospina ^c,
James Betancur-López ^b.

^aMicrobióloga, Magister Ciencias Básicas Biomédicas. asincronix@gmail.com.

^bZootecnista.

^cEstudiante Biología.

Asociación Colombiana de Acuicultores ASOACUICOLA, Grupo Biología, Grupo INCA-CES, Medellín, Colombia.

RESUMEN

Introducción- La ictiofauna continental de Colombia reporta 1435 especies, entre ellos el orden Siluriformes, con 524 especies (12 familias), entre ellas *Pimelodidae* y *Heptateridae*. La información recopilada sobre estas especies, es principalmente sobre su distribución y ecología reproductiva, pero poco se ha documentado sobre aspectos básicos de la endocrinología y estructura genómica de hormonas de interés reproductivo. Las gonadotropinas son heterodímeros conformados por dos subunidades, la subunidad α común para todas las glicoproteínas, y una subunidad β , la cual determina la actividad biológica y especificidad. Hasta la fecha han sido reportadas las secuencias génicas para 56 especies (14 órdenes). Para especies ícticas tropicales del nuevo mundo, la información recopilada en este aspecto, es limitada o poco documentada. **Objetivo** - Clonar y determinar la secuencias cDNA de las subunidades α y β de la gonadotropina luteinizante (LH) de cuatro Siluriformes suramericanos, y realizar comparaciones para determinar relaciones filogenética. **Métodos** – Se obtuvieron hipófisis de los especímenes, para realizar la extracción de RNA y síntesis de cDNA. Las condiciones de PCR fueron $MgSO_4$ 2 mM, dNTP's 0.2 mM, Primers 0.5 μ M (específicos subunidad), *Pfu* DNA 2.5U, el perfil térmico fue 94°C x 2 min, 94°C x 1 min, 48 - 60°C x 30seg y 72°C x 40 seg (35 ciclos) y 70°C x 5 min (extensión final). Los productos de PCR fueron clonados en el vector pJET1.2/blunt, y verificados por PCR y secuenciados por MacroGen Inc. Posteriormente, se realizó un alineamiento BLAST con las secuencias de las bases datos (NCBI, EMBL, SwissPro) y analizados con el Software MEGA4 v4.0. **Resultados** – La subunidad α de las especies *S. lima*, *P. grosskopfii* y *P. blochii*, tienen una longitud del ORF de 351pb, codón de inicio ATG y codón de parada TAA, conservados para las especies. La homología de secuencias de nucleótidos fue superior 96.01% y de la predicción de aminoácidos del 100%. En las secuencias de la subunidad β , entre, las especies *S. lima*, *P. grosskopfii* y *P. blochii*, se determinó una longitud del ORF de 420pb. Sin embargo, *R. quelen* fue de 423 pb. Los codones de inicio ATG y de parada TGA, fueron conservados entre las especies analizadas, la homología de secuencias de nucleótidos estuvo

entre 83,57% y 99,05% y de la predicción de aminoácidos entre 85,51% y 99,28%. **Conclusiones** – Las secuencias de nucleótidos de la subunidad β presenta mayor variación aun entre familias del orden, comparativamente con la subunidad α . Se puede evidenciar el distanciamiento entre las familias Heptateridae y Pimelodidae, comparativamente se identifica menor homología (48,12 y 51,26%) con las familias de distribución geográfica en Asia (Hemigabrus) y Norte américa (Ictalurus) y mayor similitud (83,57 y 87,29%) con la familia de Africa (Clarias).

Palabras claves: glicoproteínas, gonadotropinas, siluriformes, clonación

Key words: glycoproteins, gonadotropins, siluriformes, cloning

Agradecimientos: Esta investigación fue financiada por la Secretaria de Agricultura y Desarrollo Rural de Antioquia en el marco del convenio 4600000970 SADRA-ASOACUICOLA del fondo de Ciencia Tecnología e innovación del Sistema General de Regalías.