



CÓDIGO DE BARRAS DE ADN EN TILAPIAS FERALES DE EMBALSES DEL DEPARTAMENTO DE ANTIOQUIA (COLOMBIA)

DNA BARCODING OF FERAL TILAPIAS IN RESERVOIRS FROM THE DEPARTMENT OF ANTIOQUIA (COLOMBIA)

Andrés Felipe Montoya-López ^a, Ariel Marcel Tarazona-Morales ^b, James Betancur-López ^c,
Martha Olivera ^d.

^aZootecnista. loki.asgard@gmail.com

^bZootecnista MSc, PhD.

^cZootecnista.

^dMedica Veterinaria ,Dr, Sci, Agr.

Asociación Colombiana de Acuicultores ASOACUICOLA, Medellín, Colombia

RESUMEN

Introducción. Las tilapias son ciclidos nativos de África que han sido introducidos a la mayoría de regiones tropicales y subtropicales para mejorar la productividad de la acuicultura. **Objetivo.** Identificar mediante el ADN mitocondrial, las especies de tilapia que se encuentran en estado silvestres en algunos embalses del Departamento de Antioquia. **Métodos.** 137 individuos de la familia Cichlidae fueron capturados en los embalses: Peñol-Guatapé (12 individuos), Playas (44), San Lorenzo (17), Punchiná (12), Porce II (17), y Porce III (35), del Departamento de Antioquia. A cada individuo se le tomó una muestra de la aleta anal de aproximadamente un centímetro cuadrado, conservadas en etanol 96%, transportadas al laboratorio y congeladas a -80°C hasta su procesamiento. El ADN genómico, fue extraído mediante el kit DNeasy (Qiagen) para sangre y tejido en sistema automatizado QIACUBE. Para la amplificación de una región de 650 pb del gen citocromo C oxidasa subunidad I, se utilizaron los iniciadores: FishF1, FishF2, FishR1, FishR2. La mezcla para la PCR utilizada fue: 10 µL de PCR Master Mix 2X (Thermo Scientific), primer forward (0,5) 1 µL, primer reverse (0,5) 1 µL, ADN 2 µL y agua libre de nucleasas (6 µL) para un volumen total de reacción de 20 µL. El perfil térmico aplicado fue: 2 minutos a 95°C, 35 ciclos de 30 segundos a 94°C, 30 segundos a 52°C, 1 minuto a 72°C, 10 minutos a 72°C. Los productos visibles de alta integridad, fueron enviados a secuenciación a Macrogen (Corea). La alineación de los “reads” así como la obtención de las secuencias consenso se llevó a cabo mediante el programa Geneious versión 8.1.5. Las secuencias fueron comparadas con las registradas en las bases de datos de Bold Systems y NCBI (se consideró la identificación a nivel de especie con una similaridad total de 100%). Posteriormente, algunas secuencias seleccionadas como representativas de cada haplotipo fueron analizadas junto con las secuencias obtenidas de los embalses de Antioquia mediante una reconstrucción filogenética a partir del método estadístico de máxima verosimilitud con el modelo de Kimura 2-parametros en el programa Mega versión 6.0. **Resultados.** Las secuencias consideradas en los análisis fueron las que mostraron menor ruido en los cromatogramas y de las cuales se pudo obtener una secuencia consenso. De esta manera, fue posible obtener “reads” de alta calidad provenientes de 81 individuos de la familia Cichlidae. De estos, 77 haplotipos correspondieron a dos géneros y

cinco especies: *Oreochromis aureus*, *Oreochromis niloticus*, *Oreochromis urolepis*, *Oreochromis mossambicus* y *Coptodon rendalli*. Los embalses que presentaron mayor número de haplotipos diferentes fueron: Peñol-Guatapé (cuatro), Punchiná (tres) y Porce III (tres). **Conclusión.** En el embalse del Peñol-Guatapé, fue posible registrar cuatro de los cinco haplotipos hallados en todos los embalses muestreados del Departamento de Antioquia, mientras que los haplotipos de las especies *C. rendalli* y *O. aureus*, tuvieron la mayor distribución geográfica, ya que fueron registrados en cinco de los seis embalses muestreados.

Palabras clave: ciclidos, identificación molecular, citocromo C oxidasa subunidad I, poblaciones silvestres

Keywords: cichlids, cytochrome c oxidase subunit 1, molecular identification, wild populations

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.