

# Identificación de marcadores moleculares asociados a estrés físico-químico en cachama blanca (*Piaractus brachypomus*)



Carolina Pilonieta<sup>1</sup>, Mónica Arango<sup>1</sup>, Stiven Alvarez<sup>1</sup> y José Gregorio Martínez<sup>2</sup>

1. Estudiante de Biotecnología. Facultad de Ciencias de la Salud. I.U. Colegio Mayor de Antioquia.

2. Docente Biotecnología. Grupo Biociencias. Facultad de Ciencias de la Salud. I.U. Colegio Mayor de Antioquia  
Correspondencia: jose.martinez@colmayor.edu.co

## INTRODUCCIÓN

El uso de herramientas moleculares y bioinformáticas han permitido la identificación de *loci* asociados a caracteres fenotípicos de interés comercial, a partir de las diferencias en las frecuencias alélicas entre poblaciones de estudio con o sin las características (1). Los marcadores moleculares nucleares que se encuentran en desequilibrio de ligación con la característica deseada, pueden ser detectados por algoritmos Bayesianos como el ofrecido por el programa *BayeScan*, permitiendo seleccionar individuos con características de interés económico (peso, longitud, cantidad de leche, número de crías, entre otros) para la producción en la industria pecuaria.

Un ejemplo es la cachama blanca (*Piaractus brachypomus*), nativa de los ríos Orinoco y Amazonas. Un pez muy deseado a nivel comercial por su potencial productivo, resistencia en cautiverio, fácil adaptación, entre otros. Se ha observado que algunos individuos presentan resistencia a los pH ácidos, a las altas temperaturas y a las sequías (2), características deseables en los programas de mejoramiento genético asistido por marcadores moleculares (3).

El objetivo de este trabajo fue identificar los marcadores moleculares asociados a resistencia a estrés físico-químico para la selección de individuos y su mejoramiento genético.



Figura 1. *Piaractus brachypomus*. Imagen Tomada de <http://piscicolaemmanuel.com/cachama-blanca/>

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Selección de individuos

Se tomaron 209 individuos de la población y se separaron en dos grupos  
Grupo 1: resistente  
Grupo 2: no resistentes

### Obtención de ADN y Amplificación

Se tomó la muestra de ADN, se utilizaron 27 pares de *primers* para 27 *loci* en el genoma, se amplificaron vía PCR, siendo genotipados en ABI 3500.

### Análisis de los datos

Se utilizó el programa PGDSpider para generar el formato de la matriz de genotipos compatible con BayeScan, quien identificó los *loci* candidatos para la selección, arrojando una probabilidad FDR que se analizó en la plataforma R.



## REFERENCIAS

1. Foll M. BayeScan [Internet]. 2011. Disponible en <http://cmppg.unibe.ch/software/BayeScan/>
2. Mesa-granda MN, Botero-Aguirre MC. La cachama blanca (*Piaractus brachypomus*), una especie potencial para el mejoramiento genético. Rev Colomb Ciencias Pecu. 2007;20(1):79–86.
3. Sciarra AA, Rodríguez-Ramilo ST, Hermida M, Gómez-Tato A, Fernández J, Bouza C, et al. Validation of growth-related quantitative trait loci markers in turbot (*Scophthalmus maximus*) families as a step toward marker assisted selection. Aquaculture [Internet]. 2018 Oct 1 [cited 2018 Sep 23];495:602–10

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

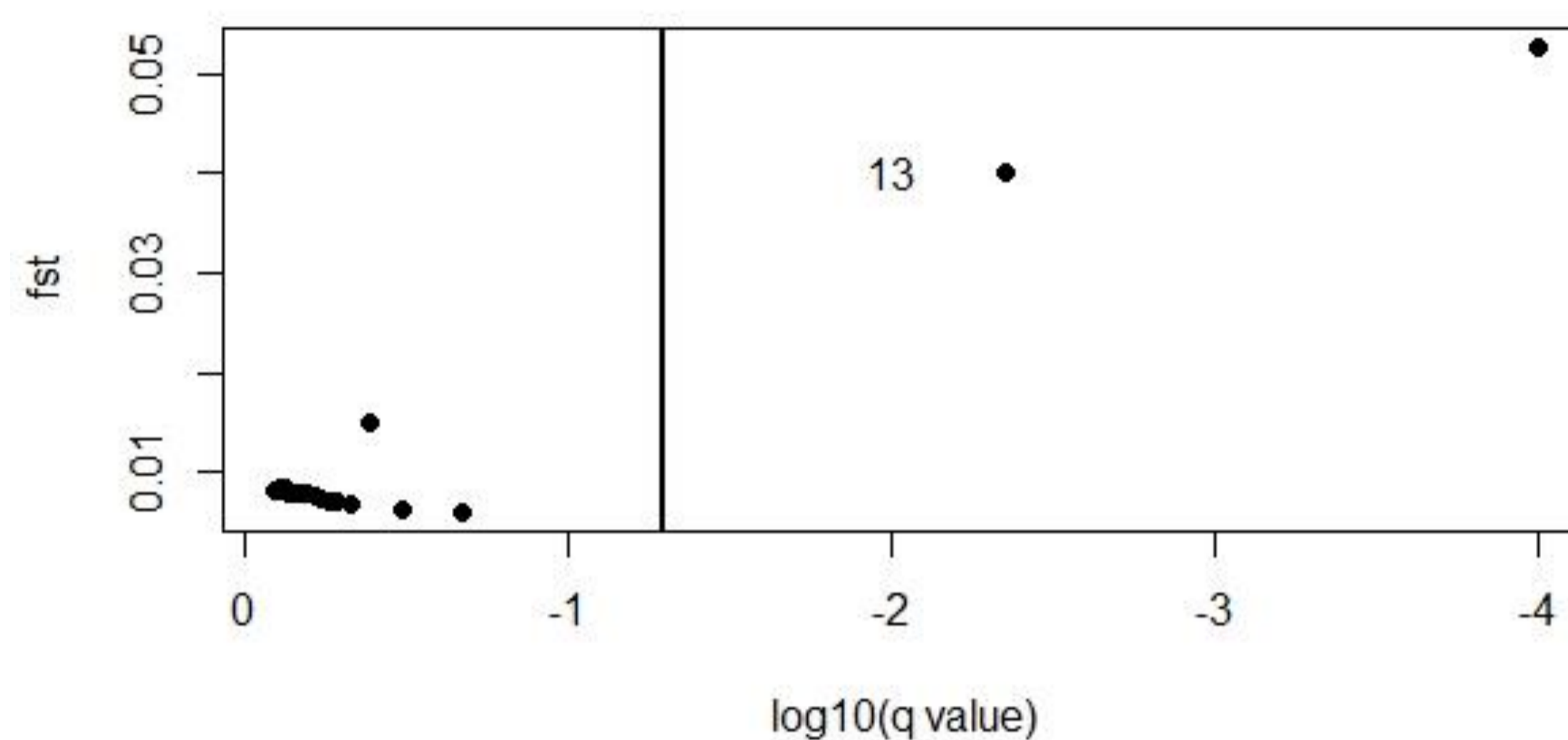


Figura 2. Análisis bayesiano de 27 marcadores microsatélites, mostrando 2 de ellos en desequilibrio de ligación (DG) con la característica de interés, utilizando el programa *BayeScan* en la plataforma R. Se muestran los marcadores 11 y 13.

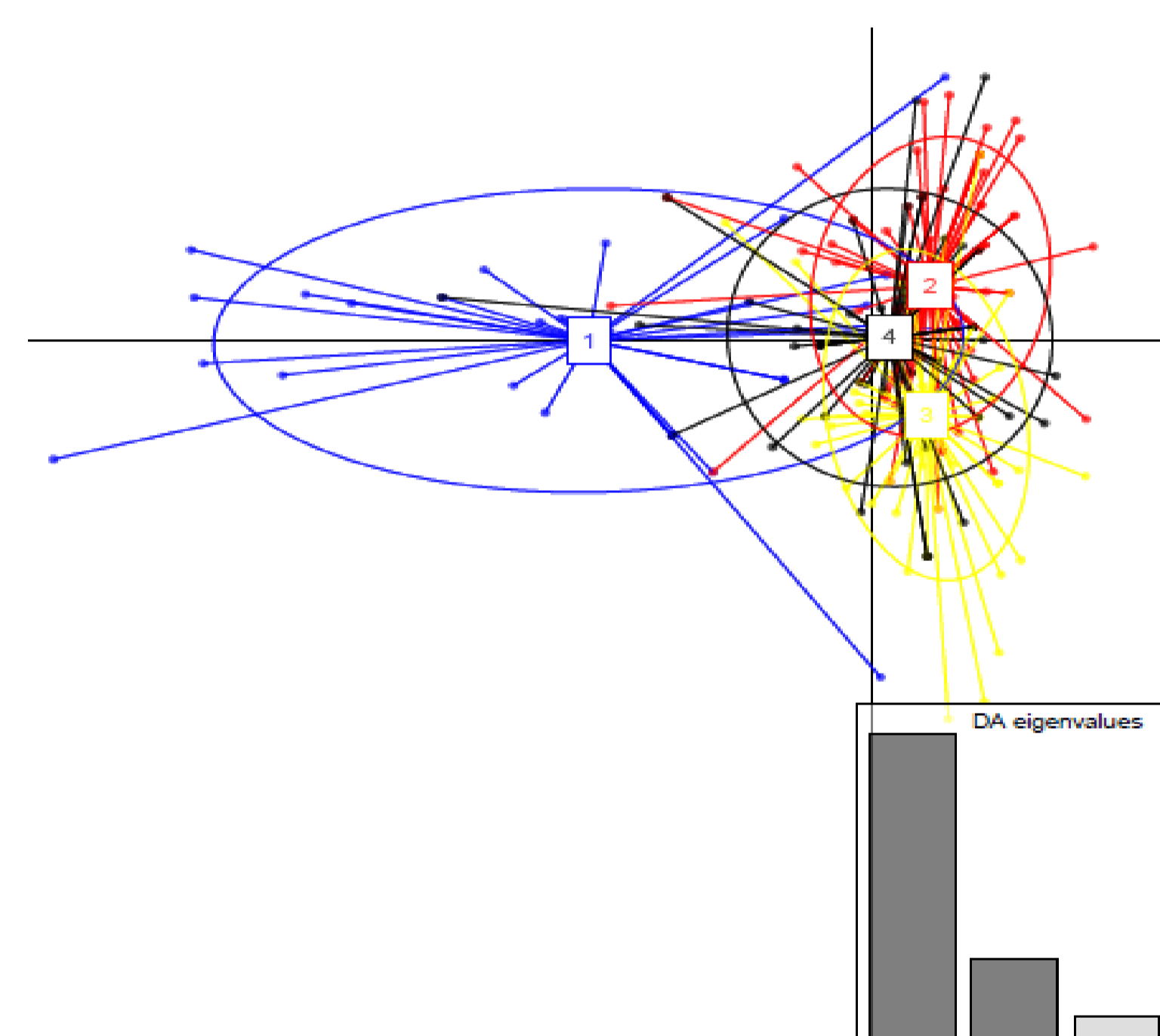


Figura 3. Análisis discriminante de componentes principales para la evaluación de la varianza de los dos marcadores seleccionados que se encuentran en DG con la característica, evaluadas en dos poblaciones: sin la característica (grupo 2, 3 y 4) y con la característica (grupo 1)

## CONCLUSIÓN

La herramienta bioinformática BayeScan permitió la identificación de 2 marcadores moleculares asociados a la característica de interés: resistencia a altas temperaturas, pH y sequías. De esta manera se pudo hacer un mejoramiento genético de la especie al seleccionar los individuos con mayor potencial comercial.