

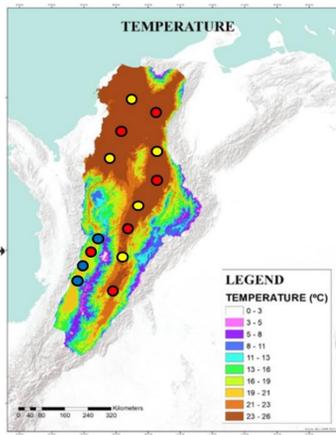
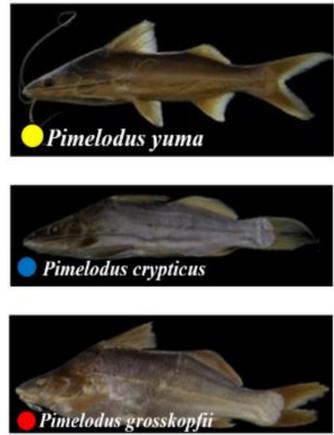


Determinación de genes candidatos para la adaptación al calentamiento global de cuerpos de agua, por acción del cambio climático, en peces endémicos de la cuenca Magdalena-Cauca.

Anderson Steward González-Rivera¹; José Gregorio Martínez²

1. Estudiante Biotecnología - Semillero SIFACS.
 2. Docente Facultad Ciencias de la Salud. Grupo Biociencias.
- U. Colegio Mayor de Antioquia. Autor de correspondencia: andersteward@gmail.com

INTRODUCCIÓN



El calentamiento global modela la hidrología de los cuerpos de agua y desplaza los límites mínimos habitables de organismos (Campos et al., 2021). El desconocimiento de esta problemática lleva a la toma de decisiones poco objetivas sobre la conservación de la biodiversidad. Las tres especies de peces endémicos del género *Pimelodus* están distribuidos diferencialmente en la cuenca Magdalena-Cauca, debido a la temperatura y altitud (Villa-Navarro et al., 2017).

Se busca hallar SNPs asociados a regiones codificantes que correspondan a fenotipos adaptados y que sean diferenciales entre estas especies, con el fin de generar predicciones más precisas sobre su respuesta futura al cambio climático (Gotelli & Stanton-Geddes, 2015; Tam et al., 2019; Uitterlinden, 2016). Estos estudios genómicos ayudan a conservar las especies y por tanto, a las familias que dependen de ellas.

¿Qué genes están asociados a la distribución altitudinal diferencial de las especies *P. crypticus*, *P. grosskopfii* y *P. yuma* en la cuenca Magdalena-Cauca?

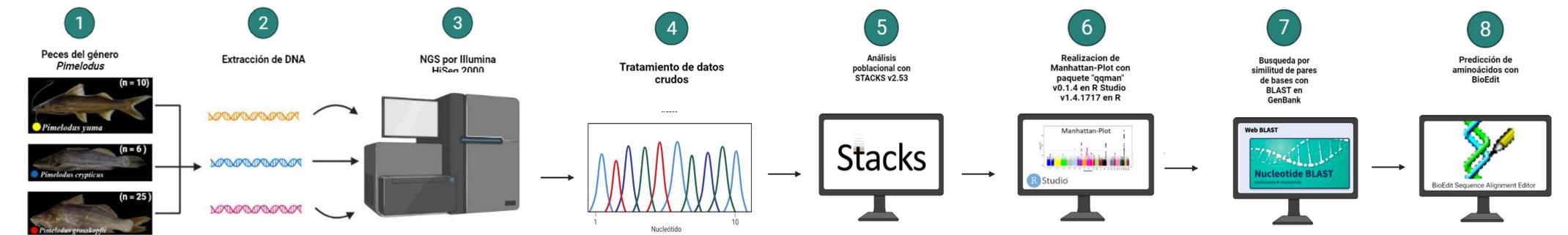
OBJETIVOS

General: Evaluar la presencia de posibles variantes genéticas asociados a la adaptación y supervivencia de peces en ambientes acuáticos altitudinalmente diferenciados dentro de la cuenca Magdalena-Cauca.

Específicos:

- Identificar SNPs recíproca y significativamente fijados entre los pares de especies *P. crypticus* / *P. yuma* y *P. crypticus* / *P. grosskopfii*.
- Determinar la identidad génica de las regiones circundantes a los SNPs asociados a las especies.
- Evaluar el efecto de la mutación (SNP) sobre los cambios aminoacídicos generados en la región génica, cuando se trate de un exón.

METODOLOGÍA



RESULTADOS

P. crypticus y *P. grosskopfii*

Locus ID	Fisher's P	LOD score	$[-\log_{10}(P)]$
6546	0.000000001	278.604	10
9329	0.000000001	278.604	10
11072	0.000000001	278.604	10
13438	0.000000001	246.835	10
27226	0.000000001	280.414	10
31311	0.000000001	278.604	10
38299	0.000002580	192.737	6.588

Asociación genotipo-fenotipo (Algoritmo Manhattan)

$-\log_{10}(p) > 5$ = asociación probable
 $-\log_{10}(p) > 8,3$ = asociación fuerte

P. crypticus y *P. yuma*

Locus ID	Fisher's P	LOD score	$[-\log_{10}(P)]$
1604	0.000000012	239.270	7.921
3812	0.000000012	239.270	7.921
4879	0.000000012	239.270	7.921
12177	0.000000220	205.690	6.658
13438	0.000000220	205.690	6.658
34486	0.000000012	239.270	7.921

Locus 11072 Alelo 0 "G" *Pimelodus crypticus*
 1 TGG TTG TTG GGG GAG GAG AAG TTT GTC TTC TGC ACA GGT CTG GTC 45
 1 Ser Leu Leu Ala Glu Glu Lys Phe Val Phe Cys Thr Gly Leu Val 15

Locus 11072 Alelo 1 "T" *Pimelodus grosskopfii*
 1 TGG TTG TTG TGG GAG GAG AAG TTT GTC TTC TGC ACA GGT CTG GTC 45
 1 Ser Leu Leu Ser Glu Glu Lys Phe Val Phe Cys Thr Gly Leu Val 15

Locus 1604 Alelo 0 "A" *Pimelodus crypticus*
 3 ATC GAG GTC CAC CCC TGC GTC AGG TGG CTG GAT TCC AGT ATT CTT 47
 1 Ile His Val His Pro Cys Val Thr Ser Leu Asp Ser Ile Leu 15

Locus 1604 Alelo 1 "T" *Pimelodus yuma*
 3 ATC CTT GTC CAC CCC TGC GTC AGG TGG CTG GAT TCC AGT ATT CTT 47
 1 Ile Leu Val His Pro Cys Val Thr Ser Leu Asp Ser Ile Leu 15

Predicción aminoacídica de locus 11072 y 1604.

Locus 1604 <i>Pimelodus crypticus</i>	Sequence
<i>Pimelodus yuma</i>	LVHPCVITSLDSSILTA
<i>Electrophorus electricus</i>	LVHPCVITSLDSSILTA
<i>Ictalurus punctatus</i>	LVHPCVITSLDSSILTA
<i>Colossoma macropomum</i>	LVHPCVITSLDSSILTA
<i>Pygocentrus nattereri</i>	LVHPCVITSLDSSILTA
<i>Pangasianodon hypophthalmus</i>	LVHPCVITSLDSSILTA
<i>Bagarius yarrelli</i>	LVHPCVITSLDSSILTA
<i>Tachysurus fulvidraco</i>	LVHPCVITSLDSSILTA
<i>Triplophysa tibetana</i>	LVHPCVITSLDASILTA
<i>Megalops cyprinoides</i>	LVHPCVITSLDASILTA
<i>Pimephales promelas</i>	LVHPCVITSLDASILTA
<i>Danio rerio</i>	LVHPCVITSLDASILTA

Locus_11072_ <i>Pimelodus crypticus</i>	Sequence
<i>Pimelodus grosskopfii</i>	SLLAKFVFCG
<i>Tachysurus fulvidraco</i>	SLLAKFVFCG
<i>Pygocentrus nattereri</i>	SLLAKFVFCG
<i>Astyanax mexicanus</i>	SLLAKFVFCG
<i>Electrophorus electricus</i>	SLLAKFVFCG
<i>Ictalurus punctatus</i>	SLLAKFVFCG
<i>Pimephales promelas</i>	SLLAKFVFCG
<i>Clarias magur</i>	SLLAKFVFCG
<i>Danio rerio</i>	SLLAKFVFCG
<i>Cyprinus carpio</i>	SLLAKFVFCG
<i>Paramormyrops kingsleyae</i>	SLLAKFVFCN

Alineamiento multiespecie del gen AP5M1 (izquierda) y del gen NR4A3 (derecha).

CONCLUSIONES

Se identificaron dos mutaciones tipo SNPs relacionadas posiblemente a la adaptación diferencial de las especies, localizadas en regiones codificantes de genes como el **AP5M1** (control del transporte endosomal/fuerza y desarrollo muscular) y **NR4A3** (homeostasis/metabolismo de la glucosa).

BIBLIOGRAFÍA

- Campos, D. F., Amanajás, R. D., Almeida-Val, V. M. F., & Val, A. L. (2021). Climate vulnerability of South American freshwater fish: Thermal tolerance and acclimation. *Journal of Experimental Zoology Part A: Ecological and Integrative Physiology*, February, 1–12.
- Gotelli, N. J., & Stanton-Geddes, J. (2015). Climate change, genetic markers and species distribution modelling. *Journal of Biogeography*, 42(9), 1577–1585.
- Tam, V., Patel, N., Turcotte, M., Bossé, Y., Paré, G., & Meyre, D. (2019). Benefits and limitations of genome-wide association studies. *Nature Reviews Genetics*, 20(8), 467–484.
- Uitterlinden, A. G. (2016). An Introduction to Genome-Wide Association Studies: GWAS for Dummies. *Seminars in Reproductive Medicine*, 34(4), 196–204.
- Villa-Navarro, F. A., Arturo Acero, P., & Cala, P. C. (2017). Taxonomic review of Trans-Andean species of *Pimelodus* (Siluriformes: Pimelodidae), with the descriptions of two new species. *Zootaxa*, 4299(3), 337–360. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4299.3.2>

