

Evaluación del estado de la variabilidad genética e historia demográfica del pez *Pimelodus grosskopfii* en la cuenca Magdalena - Cauca

P14

María Fernanda Carmona Patiño, Juan David Vasquez Vélez¹, Jose Gregorio Martínez².

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

INTRODUCCIÓN

El río Magdalena - Cauca es crucial para la sostenibilidad alimentaria de Colombia, albergando especies endémicas de gran valor comercial como *Pimelodus grosskopfii*, la cual está amenazada por la sobrepesca, la contaminación y las hidroeléctricas.

El objetivo de ese estudio fue evaluar el estado de la variabilidad genética de la especie de pez *Pimelodus grosskopfii* en la cuenca del Magdalena - Cauca, como base para la toma de decisiones orientadas a su conservación.



Figura 1. Ejemplar de *Pimelodus grosskopfii*, Nombre común: Capaz.



1. Región del río Cauca Alto
2. Región del río Cauca medio.
3. Región del río Cauca bajo.
4. Región del río Magdalena medio
5. Región del río Magdalena alto.

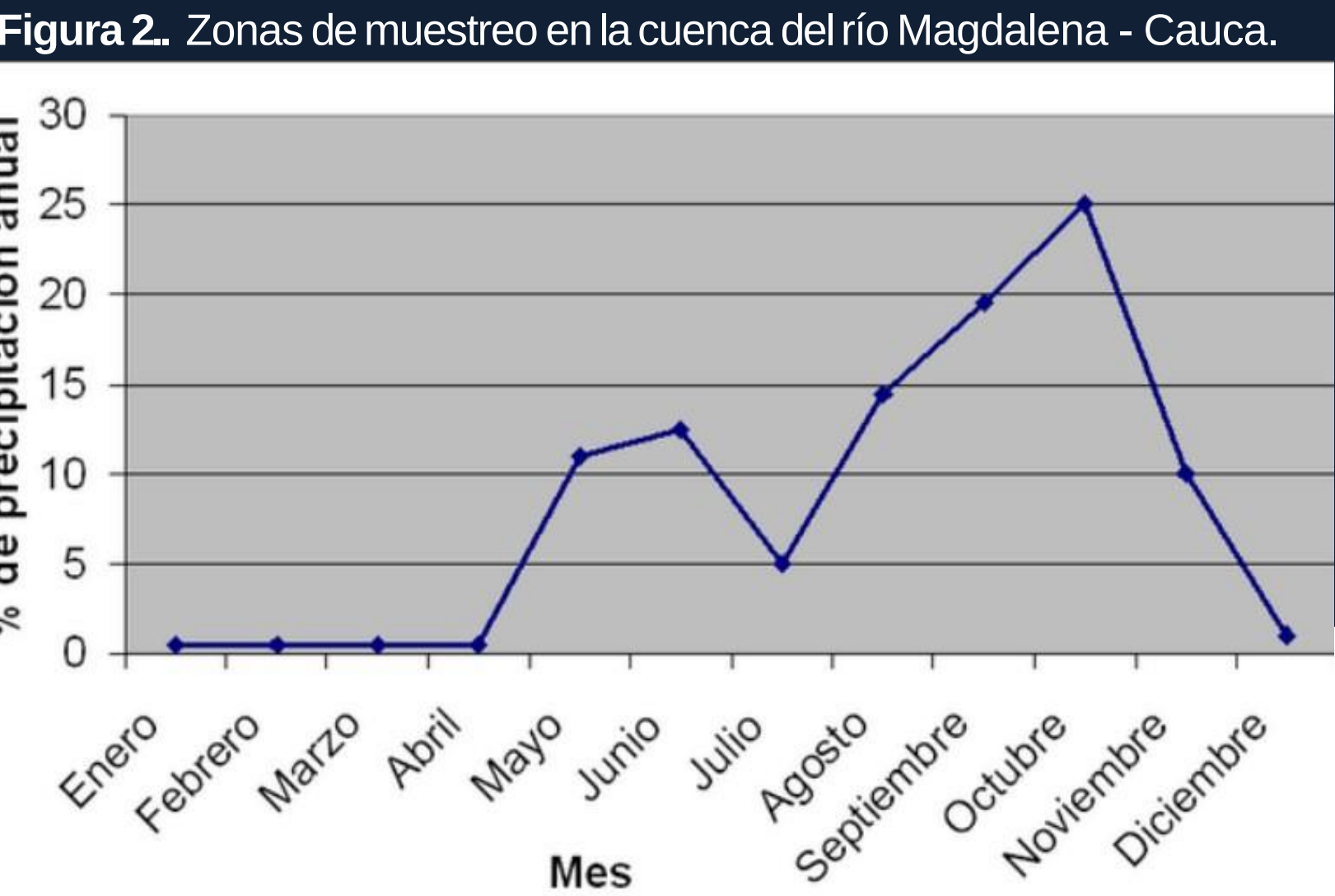
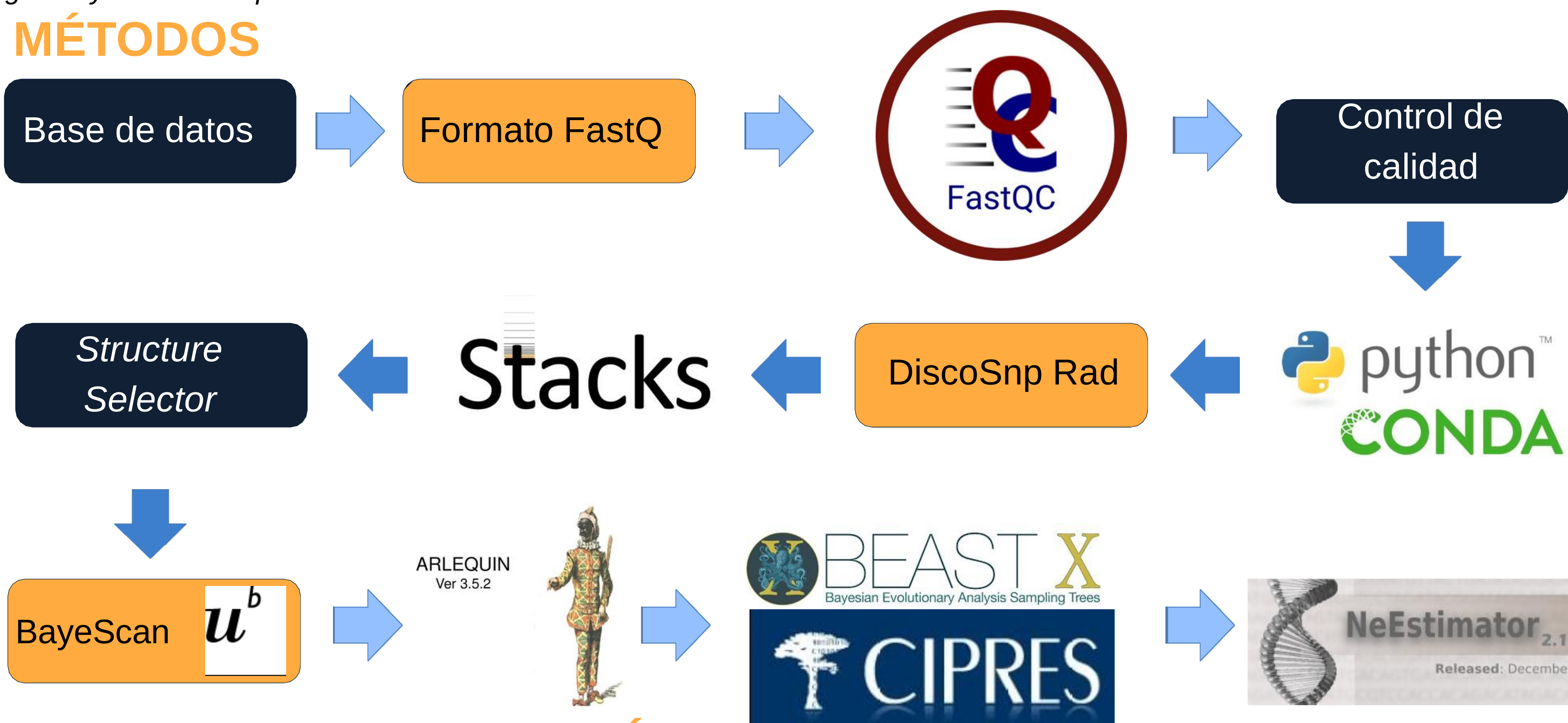


Figura 3. Ciclo anual bimodal de precipitaciones río Magdalena.

Bibliografía

1. Jiménez-Segura LF, Restrepo-Santamaría D, López-Casas S, Delgado J, Valderrama M, Álvarez J, et al. Ictiofauna y desarrollo del sector hidroeléctrico en la cuenca del río Magdalena-Cauca, Colombia. Biota Colomb [Internet]. 2014 [cited 2023 Feb 9];15(2):3– 25. Disponible en: <http://repository.humboldt.org.co/handle/20.500.11761/9452#.YZvGUoa7C4.mendeley>
2. Villa-Navarro FA, Acero A y Cala-Cala P. Taxonomic review of Trans-Andean species of *Pimelodus* (Siluriformes: Pimelodidae), with the descriptions of two new species. Zootaxa. 2017; 4299 (3): 337–360. Disponible en: <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4299.3.2>
3. Villa-Navarro, F. A., Acero P., A., Cala, P. C. (2017). Taxonomic review of Trans-Andean species of *Pimelodus* (Siluriformes: Pimelodidae). Universidad De Córdoba. Disponible en: [Estado_y_desempeño_de_Pimelodus_yuma_\(villa-navarro_&_acero_p._2017\)_en_el_embalse_de_Urrá_y_su_área_de_influencia_\(alto_Sinú,_Colombia\)_unicordoba.edu.co](http://Estado_y_desempeño_de_Pimelodus_yuma_(villa-navarro_&_acero_p._2017)_en_el_embalse_de_Urrá_y_su_área_de_influencia_(alto_Sinú,_Colombia)_unicordoba.edu.co)

MÉTODOS



RESULTADOS Y DISCUSIÓN

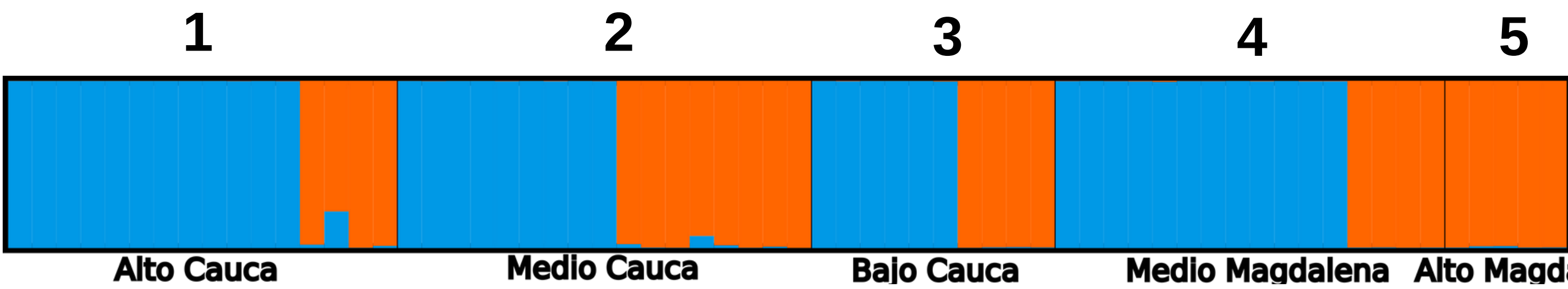


Figura 4. Análisis de *Structure* de las poblaciones de *P. grosskopfii* en la cuenca del Magdalena - Cauca. El análisis de 5 poblaciones y 64 individuos, indicó que el número más probable de *stocks* genéticos fue 2.

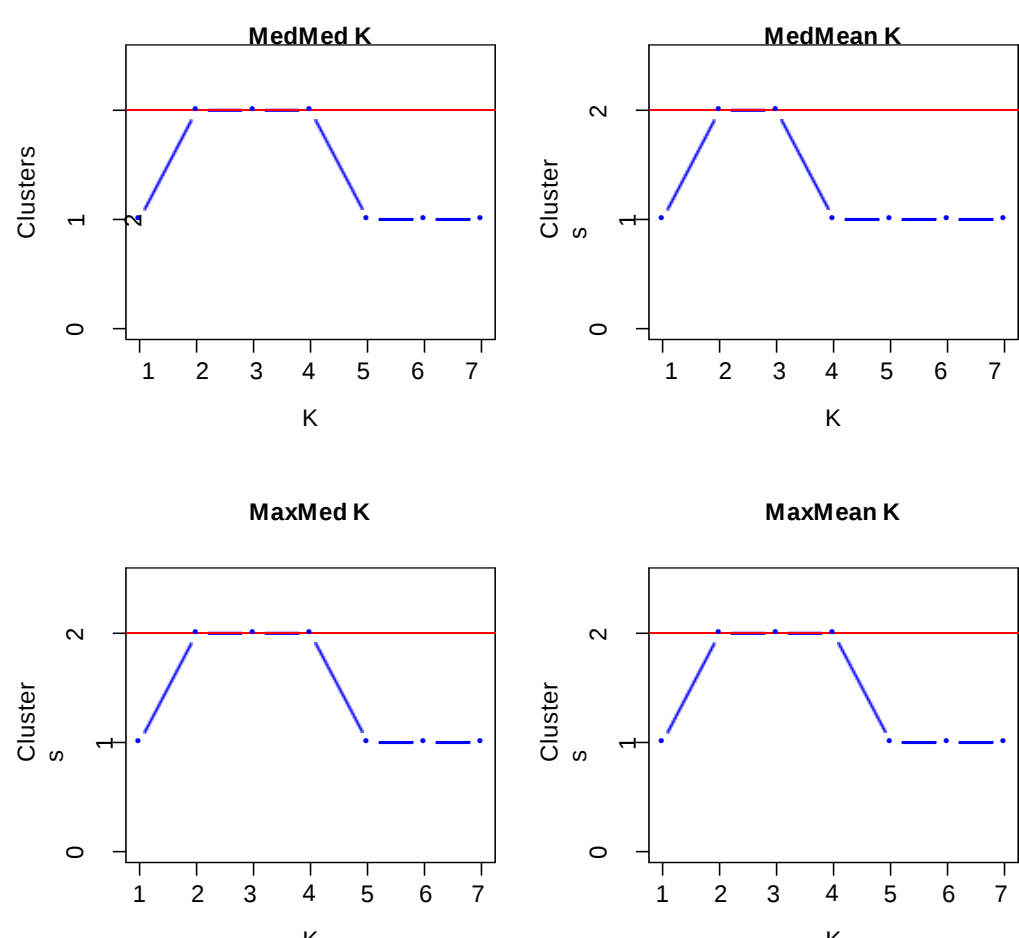


Figura 5. Prueba de Puechmaille para determinar el número de *stocks* genéticos.

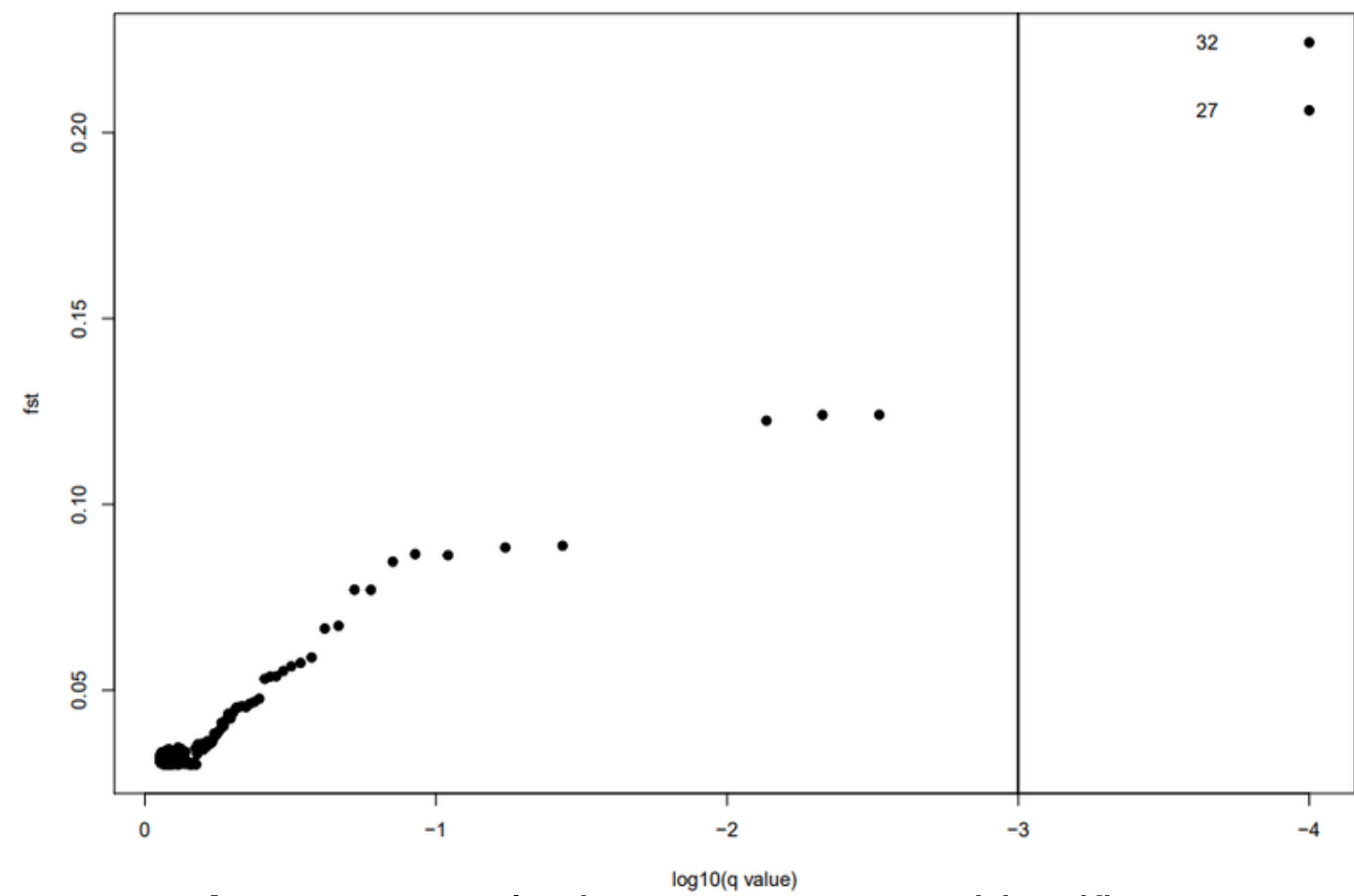


Figura 6. Resultado Bayescan para identificar que *loci* están probablemente influenciados por la selección.

Tabla 1. Diversidad genética de *Pimelodus grosskopfii* de los 2 *stocks* genéticos de la cuenca Magdalena - Cauca. Na: número de alelos por *locus*; Ho y He: heterocigosidades observada y esperada; Fis: índice de fijación genética/coeficiente de endogamia.

Población	Número de individuos	Na	Ho	He	Fis
<i>Pimelodus grosskopfii</i> Stock 1 (azul)	39	2	0.33117	0.3172	0.04404161412
<i>Pimelodus grosskopfii</i> Stock 2 (naranja)	25	2	0.4701	0.3300	0.4244811392

Tabla 2. Estimación del tamaño efectivo de la población (*Ne*) usando el método de desequilibrio de ligamiento con frecuencia alélica de 0.20 para el *stock* #1

Número de individuos	Número de <i>loci</i>	<i>Loci</i> no polimórficos	Tamaño muestral armónico	Comparaciones independientes	r ² total	r ² esperado en la muestra	<i>Ne</i> estimado	Intervalo de confianza del 95% (IC) <i>Ne</i> (Paramétrico)	IC del 95% <i>Ne</i> (Jackknife)
39	471	29	38.4	95,698	0.030039	0.028162	176.0	153.1 - 204.9	85.4 - 2845.4

Tabla 3. Estimación del tamaño efectivo de la población (*Ne*) usando el Método de Desequilibrio de Ligamiento con frecuencia alélica de 0.20 para el *stock* #2

Número de individuos	Número de <i>loci</i>	<i>Loci</i> no polimórfico	Tamaño muestral armónico	Comparaciones independientes	r ² total	r ² esperado en la muestra	<i>Ne</i> estimado	Intervalo de confianza del 95% (IC) <i>Ne</i> (Paramétrico)	Intervalo de confianza del 95% (IC) <i>Ne</i> (Jackknife)
25	471	11	21.7	104,734	0.056681	0.052903	80.0	70.5 - 91.7	Infinito

CONCLUSIONES

- Pimelodus grosskopfii* posee estructura genética a lo largo de la cuenca Magdalena - Cauca, la cual consistió en dos *stocks* genéticos coexistentes y distribuidos aleatoriamente, los cuales están asociados a selección genética positiva diferencial.
- El estudio revela una variabilidad genética moderada en las poblaciones (heterocigosidad y endogamia), con *Ne* mínimo recomendado (>50) para evitar los posibles efectos nocivos de la depresión endogámica y el riesgo de extinción. Sin embargo, este es inferior (<500) a lo necesario para un potencial evolutivo saludable y una persistencia a largo plazo.

