

Diversidad genética del bocachico *Prochilodus magdalenae* en el departamento de Sucre

Genetic diversity of bocachico *Prochilodus magdalenae* in the department of Sucre

Hernández H, Darwin¹. Ph.D, Navarro M, Orlando¹ M.Sc, Muñoz F, Jaime² Ph.D.

¹Universidad de Sucre, Facultad de Ciencias Agropecuarias.
Departamento de Zootecnia. Sincelejo. Colombia.

²Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias
Agropecuarias, Sede Palmira. Palmira. Colombia

Keywords:

Endemic fish;
Genetic resources;
Random amplified microsatel-
lites.

Abstract

Therefore the objective of the present study was to characterize genetically wild and cultivated populations of *P. magdalenae*, using molecular markers type RAMs in the area of the lower San Jorge, in the Department of Sucre. For this, DNA was extracted and PCR amplified with seven primers RAMs, in a sample of 80 wild specimens from four sites and 40 cultured specimens from two companies. All primers RAMs were polymorphic with values ranging from 93,33% in the CA primer to 99,17% in AG, this primer had the highest He value ($0,469 \pm 0,005$), while the CCA primer had the lowest value ($0,321 \pm 0,010$). In the wild populations of *P. magdalenae* the SBA site was the most diverse (He: $0,194 \pm 0,028$) and the CAI site was the least diverse ($0,150 \pm 0,029$), with an He average of $0,167 \pm 0,019$, that was lower than the average often cultivated population (He: $0,194 \pm 0,002$). The analysis of the population structure reflects greater variation within that between the populations with moderate and high F_{ST} values, indicating low gene flow between sites and between wild and cultivated populations, that is evidenced in dendrograms. It is concluded that this genetic structure can be due to natural or artificial physiographic barriers and that the greater diversity in the cultivated population can be due to an adequate reproductive management or endogamy effects in the wild population.

Palabras Clave:

Microsatélites amplificados
al azar;
Recursos genéticos;
Peces endémicos.

Resumen

El objetivo del presente trabajo fue caracterizar genéticamente poblaciones silvestres y cultivadas de *P. magdalenae* usando marcadores moleculares tipo RAMs en la zona del bajo San Jorge, Departamento de Sucre. Para ello, de 80 ejemplares silvestres de cuatro sitios y 40 ejemplares cultivados de dos empresas, fue extraído el ADN y amplificado por PCR con siete cebadores RAMs. Todos los cebadores fueron polimórficos, con valores que variaron de 93,33% en el cebador CA hasta 99,17% en AG, este mismo cebador presentó el mayor valor de He ($0,469 \pm 0,005$), mientras que el cebador CCA, presentó el menor ($0,321 \pm 0,010$). En las poblaciones silvestres de *P. magdalenae*, el sitio SBA fue el más diverso (He: $0,194 \pm 0,028$) y el sitio CAI el menos diverso ($0,150 \pm 0,029$), para un promedio de He de $0,167 \pm 0,019$ que fue menor al promedio de la población cultivada (He: $0,194 \pm 0,002$). El análisis de la estructura poblacional reflejó mayor variación dentro que entre de las poblaciones con valores de F_{ST} moderados y altos, indicando bajo flujo de genes entre sitios y entre las poblaciones silvestres y cultivadas que se evidencia en los dendrogramas. Se concluye que esta estructura genética puede ser debida a barreras fisiográficas naturales o artificiales y que la mayor diversidad en la población cultivada puede deberse a un adecuado manejo reproductivo o efectos de endogamia en la población silvestre.

INFORMACIÓN

Recibido: 19-11-2016;

Aceptado: 05-04-2017.

Correspondencia autor:

darwin.hernandez@unisucra.edu.co

INTRODUCCIÓN

Colombia es reconocido como uno de los países de mayor abundancia hídrica y diversidad biológica (NARVÁEZ *et al.*, 2012). Abarca, aproximadamente 9800 km² de zona marina, cuerpos de agua (ciénagas, lagunas y embalses) de 238.000 hectáreas y una gran cantidad de corrientes de agua correspondientes a las cuencas de Magdalena (drenado por los ríos San Jorge, Cauca y Sogamoso), Orinoquia, Amazonas, Sinú y Atrato (USTATE, 2002).

En la actualidad, esta riqueza biológica se encuentra amenazada y algunas especies ya afectadas, especialmente las ubicadas en la zona de la depresión Momposina, donde vierten sus aguas los ríos San Jorge, Cauca, Cesar y Magdalena (MORA, 2010). En esta zona, se presentan problemas por sedimentación, procesos de descargas de basuras, aguas residuales, industriales y domésticas que contaminan el recurso hídrico (LÓPEZ-MACIAS *et al.*, 2009) que, junto con una sobre explotación del recurso natural, e inadecuadas prácticas productivas (NARVÁEZ *et al.*, 2012) son las responsables de que existan especies de peces seriamente amenazadas. Una de ellas es el bocachico (*Prochilodus magdalenae*), especie endémica que aparece reportada en el libro rojo de las especies dulceacuícolas de Colombia, en categoría de peligro crítico en el año 2002 y gracias a algunos esfuerzo de conservación y mitigación del riesgo, a través de procesos de repoblamiento, pasó a categoría vulnerable para el año 2012, (MOJICA *et al.*, 2012). Sin embargo, estas acciones de repoblamiento no son suficientes y más aún, pueden llevar a un problema de carácter genético si no se hace un adecuado control de los bancos genéticos *in situ*.

En Colombia existen pocos estudios de diversidad genética de especies endémicas de peces. Con relación a *P. magdalenae* han sido evaluadas las poblaciones naturales en las cuencas de los ríos Sinú, Cauca, Magdalena y Catatumbo, al igual que en las estaciones piscícolas PezCol, Pez Sinú, Unicor, CVS, Repelón-AUNAP y Gaira – SENA (SANTACRUZ, 2005; LÓPEZ-MACIAS *et al.*, 2009; CASTAÑEDA, 2012; AGUIRRE-PABÓN *et al.*, 2013; MUÑOZ, 2013; ARRIETA, 2013; OROZCO y NARVÁEZ, 2014; TORREGOZA-ESPINOSA *et al.*, 2015).

En los trabajos antes mencionados, se usaron diversas metodologías para evaluar la diversidad genética, tales como los microsatélites, ADN mitocondrial y AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*). Los microsatélites tipo RAMs (*Random Amplified Microsatellites*) no han sido utilizados en esta especie. Estos combinan los beneficios de los microsatélites con los RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), se basan en la amplificación aleatoria de microsatélites mediante la reacción en cadena de la

polimerasa (PCR), usando cebadores de 18pb de longitud con un motivo repetido, y un extremo 5' degenerado de tres nucleótidos. Utiliza un solo cebador de secuencia arbitraria, por lo cual la secuencia blanco también es desconocida y solo detectan un alelo por locus, por tanto son de carácter dominante (MUÑOZ *et al.*, 2008).

De acuerdo con lo anterior, el objetivo del presente trabajo fue caracterizar genéticamente poblaciones silvestres de *P. magdalenae* usando marcadores moleculares tipo RAMs en la zona del bajo San Jorge, Departamento de Sucre y comparar su diversidad con poblaciones cultivadas de casas comerciales.

MATERIALES Y MÉTODOS

Colecta de muestras y extracción de ADN. Se capturaron 20 ejemplares adultos en cada una de las localidades: Caimito-Sucre (CAI), La Mejía-Sucre (MEJ), San Marcos-Sucre (SMC) y San Benito Abad-Sucre (SBA), sitios pertenecientes a la cuenca del río San Jorge (Colombia), usado métodos artesanales de pesca. Estas 80 muestras constituyen una población silvestre de *P. magdalenae*. También, se tomaron 20 muestras en dos empresas (EP1 y EP2) dedicadas a la venta comercial de bocachico. Estas 40 muestras constituyen una población cultivada de *P. magdalenae*.

De cada ejemplar se tomaron 50 gr muestra de músculo epiaxial y aleta dorsal, que fueron transportados en alcohol a 70% y en refrigeración hasta el laboratorio de biología molecular de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. El ADN se obtuvo con el kit comercial DNeasy® Blood y Tissue (Qiagen®) siguiendo las instrucciones del fabricante. Al ADN fue evaluado cualitativamente y cuantitativamente usando el equipo NanoDrop 2000 (Thermo Scientific) y geles de Agarosa al 0,8% teñidos con SYBR Safe. El DNA se diluyó a 10 ng/ μ l (CAETANO, 2013).

Amplificación y visualización de los RAMs. Se amplificaron siete marcadores tipo RAMs que se detallan en la tabla 1.

Tabla 1. Cebadores utilizados en la técnica RAMs (MUÑOZ *et al.*, 2008).

Cebador	Secuencia 5'-3'
CCA	DDB*(CCA)5
CGA	DHB(CGA)5
GT	VHV(GT)7G
AG	HBH(AG)7A
CT	DYD(CT)7C
TG	HVH(TG)7T
CA	DBDA(CA)A

*Designación de sitios degenerados: H (A o T o C), B (G o T o C), V (G o A o C) y D (G o A o T).

Las amplificaciones se realizaron en un termociclador PTC 100 (MJ ResearchInc). En el mix de amplificación se usaron 50ng/μl de ADN, 1X de Buffer de Taq, 1,5mM de MgCl₂, 0,2mM de cada DNTP, 2mM de cada cebador y 1U de TAQ Polimerasa. Los programas de termociclado se detallan en la tabla 2.

Tabla 2. Perfiles de amplificación para cada marcador RAMs (MUÑOZ *et al.*, 2008).

Paso	Temperatura (°C)	Tiempo
Desnaturación inicial	95	5 minutos
37 ciclos de amplificación		
Desnaturación	95	30 segundos
Hibridación		
Cebador GT	58	
Cebador CGA	61	
Cebador AG	50	45 segundos
Cebador TG	55	
Cebador CA y CT	41	
Cebador CCA	55	50 segundos
Extensión	72	2 minutos
Extensión final	72	7 minutos

Los productos amplificados fueron mezclados con 5 μl de buffer de carga (60% glicerol, 0,025% de azul de bromofenol) y se corrieron en geles de poliacrilamida al 6% (38%, 37:1 acrilamida:bisacrilamida) durante 1 hora y teñidos con sales de plata. Se usó un marcador de peso molecular de 100 pares de bases como guía para la lectura de las bandas.

Análisis de datos. Se creó un matriz binaria de presencia (1) y ausencia (0) de banda. En un primer análisis se probó la efectividad de cada uno de los cebadores RAMs como evaluador de la diversidad genética. En un segundo análisis se evaluó la diversidad genética a nivel de población (silvestres vs cultivadas) y subpoblación (localidades y empresas comerciales). En cada uno de los análisis se determinó: el número de *loci*, el porcentaje de *loci* polimórfico, *loci* con alelos pocos frecuentes (< 1%) y la Heterocigosidad esperada (He), usando el programa GenAlex ver 6.5 (PEAKALL y SMOUSE, 2012).

Se calculó y graficó mediante un dendrograma la similitud genética entre todos los individuos utilizando el coeficiente de Nei-Li (DICE) con el programa NTSYS ver 2.0 (LEUNG *et al.*, 1993). La distancia genética de Nei entre pares de poblaciones se calculó usando el programa TFPGA ver 1.3 y graficada con el método UPGMA con el programa MEGA 6 (TAMURA *et al.*, 2013).

La estructura genética se obtuvo a partir de un análisis de varianza molecular (AMOVA) y se estimó el estadístico F_{ST} de Wright para conocer el flujo de genes entre poblaciones, para ello se simuló diferentes agrupaciones poblacionales, estos análisis se realizaron el programa Arlequin ver 3.5 (EXCOFFIER y LISCHER, 2010).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Caracterización de cebadores RAMs. En la tabla 3 se presentan los resultados de la utilización de los cebadores RAMs en la evaluación de la diversidad genética en *P. magdalenae*. Se obtuvo un total de 106 *loci* que representan un promedio de 15,14 ± 3,71 bandas, los cebadores CCA, CA y CGA estuvieron por encima del promedio, mientras que, el cebador AG solo mostró 10 *loci*.

Para todos los cebadores el porcentaje de *loci* polimórfico fue de 95,40%, particularmente el cebador AG, que presentó el menor número de bandas, fue el más polimórfico. En este mismo indicador el cebador CA presentó el menor valor (93,33%).

Tabla 3. Indicadores de diversidad genética con los cebadores RAMs utilizados.

Cebador	NL	%	LF	He
CCA	21	94,17%	3	0,321 ± 0,010
CGA	15	95,57%	0	0,372 ± 0,010
GT	14	96,07%	0	0,382 ± 0,012
AG	10	99,17%	1	0,469 ± 0,005
CT	13	95,67%	0	0,367 ± 0,010
TG	14	93,87%	0	0,359 ± 0,010
CA	19	93,33%	2	0,391 ± 0,011
Todos	106	95,40%	6	0,394 ± 0,006

NL: Número de loci; %: Porcentaje de loci polimórfico; LF: Loci poco frecuentes

Se encontró un total de seis bandas o loci con frecuencias menores al 1%, estas bandas no se presentaron en los cebadores CGA, GT, CT y TG. De otro lado, el mayor valor de He se encontró con el cebador AG (0,469 ± 0,005) y el menor con el cebador CCA (0,321 ± 0,010).

Este es el primer reporte de la utilización de marcadores moleculares tipo RAMs en la evaluación de la diversidad genética de *P. magdalenae*, sin embargo, estos marcadores han sido ampliamente utilizados en especies vegetales, donde ha demostrado ser útil para establecer grupos o asociaciones entre individuos de una población de acuerdo con la especie, localización geográfica, relaciones filogenéticas, entre

otras (MUÑOZ *et al.*, 2008). Mientras que, su uso en animales no ha sido masificado. En el pez dorado (*Coryphaenahippurus*) del mar pacífico Colombiano, se encontró una He de 0,22 usando cuatro cebadores RAMs (AG, CCA, CT y CGA), además de una moderada diferenciación genética (F_{ST} : 0,086) que sugiere la existencia de dos poblaciones de esta especie (CAETANO *et al.*, 2012).

En especies genéticamente alejadas como los bovinos criollos Hartón del Valle (PIEDRAHÍTA, 2003), cerdos criollos colombianos (OSLINGER *et al.*, 2006) y patos criollos colombianos (HERNÁNDEZ *et al.*, 2007) se reportan valores de He menores para el cebador CCA (0,30, 0,22 y 0,16 respectivamente) al igual que para CGA (0,22, 0,19 y 0,23 respectivamente) que los presentados en el presente artículo.

Caracterización de poblaciones silvestres y cultivadas de *P. magdalenae*. Fueron hallados en total 211 *loci*, de los cuales el $45,17 \pm 3,77\%$ fueron polimórficos y 10 poco frecuentes. El valor para He indicador de diversidad genética fue de $0,176 \pm 0,012$ (Tabla 4).

El análisis entre sitios de la población silvestre de *P. magdalenae*, mostró un número promedio de $34,25 \pm 4,03$ *loci*. En el sitio SBA se encontraron los valores más altos de diversidad genética, representados en el porcentaje de *loci* polimórfico (54%), en el número de *loci* poco frecuentes (6%) y el valor de He ($0,194 \pm 0,028$). De los 32 *loci* encontrados en SMC solo el 36% fueron polimórficos no se encontraron *loci* poco frecuentes, pero si, el segundo valor más alto de He. Los sitios CAI y MEJ presentaron 30 y 36 *loci* respectivamente, el mismo porcentaje de *loci* polimórfico (38%), pero los tres *loci* poco frecuentes presentes en MEJ le confirieron mayor el valor de He que CAI (Tabla 4). Estos bajos valores de diversidad genética pudieron ser ocasionados por cuellos de botella que junto con efecto fundador que conllevan a altos niveles de endogamia al interior de los sitios (MANCERA-RODRIGUEZ *et al.*, 2013).

No existen reportes de la utilización de marcadores moleculares RAMs en estudios con *P. magdalenae*, sin embargo, se presentan resultados obtenidos con otro tipo de marcadores. Usando marcadores moleculares dominantes tipo AFLP en la cuenca alta del río Cauca con combinación de tres cebadores y dos enzimas (EcoRI y MseI) con una población de 112 ejemplares, LÓPEZ-MACIAS *et al.* (2009) reportan en número menor de *loci* (92) pero un promedio de He mayor (0,22). Con respecto al uso de marcadores codominantes, ARRIETA (2013) utilizando siete microsatélites descritos en *P. lineatus*, encontró un promedio de heterocigotos observados (Ho) de 0,24 y de He de 0,87 en *P. magdalenae* de la cuenca

del río Sinú, evidenciando un déficit significativo de heterocigotos. Con el mismo panel de microsatélites, en la cuenca del río Magdalena se reportan valores de Ho de 0,276 y de He de 0,877 y un déficit de heterocigotos de 0,689 (OROZCO y NARVÁEZ, 2014).

Estos valores medios-bajos de diversidad genética pueden deberse a la sobreexplotación de la especie, utilización de mallas fina, pesca ilícita con explosivos y destrucción de su hábitat (ORTEGA *et al.*, 2000), mientras que, el déficit marcado de heterocigotos podría ser originado por efectos de la selección a favor de un *loci* específico, endogamia y una estructura población críptica (OROZCO y NARVÁEZ, 2014).

Entre las dos poblaciones cultivadas de *P. magdalenae* que se estudiaron, los indicadores de diversidad genética fueron similares. De forma general, todos los parámetros evaluados, excepto en los *loci* poco frecuentes, fueron más altos en la población cultivada que en la silvestre (Tabla 4). Estas diferencias pueden ser debidas al múltiple origen de los reproductores usados en los sitios EP1 y EP2.

Tabla 4. Diversidad genética de *P. magdalenae* en los sitios muestreados.

Población	Sitio	N	NL	%	LF	He
Silvestre	CAI	20	30	38,0%	0	0,150 $\pm 0,029$
	MEJ	20	36	38,0%	3	0,158 $\pm 0,030$
	SMC	20	32	36,0%	0	0,166 $\pm 0,032$
	SBA	20	39	54,0%	6	0,194 $\pm 0,028$
Promedio de Silvestre		34,25 $\pm 4,03$	41,5% $\pm 8,38\%$	9¹	0,167 $\pm 0,019$	
Cultivadas	EP1	20	38	52,0%	1	0,196 $\pm 0,030$
	EP2	20	36	56,0%	0	0,192 $\pm 0,029$
Promedio de Cultivadas		37 $\pm 1,41$	54% $\pm 2,82\%$	1¹	0,194 $\pm 0,002$	
Promedio <i>P. magdalenae</i>		35,16 $\pm 3,38$	45,17% $\pm 3,77\%$	10¹	0,176 $\pm 0,012$	

¹Equivalente a una sumatoria; NL: Número de loci; %: Porcentaje de loci polimórfico; LF: Loci poco frecuentes

En las estaciones piscícolas de Repelón que pertenece a la Autoridad Nacional de Acuicultura y Pesca (AUNAP) y del Centro Acuícola y Agroindustrial de Gaira SENA, se han evaluado la diversidad genética de los parentales utilizados en los programas de repoblamiento con bocachico, utilizando microsatélites. CASTAÑEDA (2012) reporta valores Ho < 0,13 y de $F_{IS} > 0,80$. Por su parte, MUÑOZ (2013) y TORREGOZA-ESPINOSA *et al.* (2015) presentan valores de Ho promedio de 0,301 y de F_{IS} de 0,679 en los parentales, luego de los cruzamientos, la descendencia mostró un aumento de la Ho a 0,80 y valores negativos de F_{IS} .

El dendrograma de similitud genética (Figura 1), a un valor de 0,66 forma dos grupos, separando todos los individuos de la localidad SBA (V en el dendrograma). A 0,73 de similitud se forma un grupo mayoritariamente formado por individuos del sitio EP2 (P en el dendrograma), a una mayor similitud (0,75) los peces del sitio EP1 (K en el dendrograma) se agrupan en una sola rama. A valores de similitud de 0,77 las muestras colectadas se agrupan por sitio de muestreo.

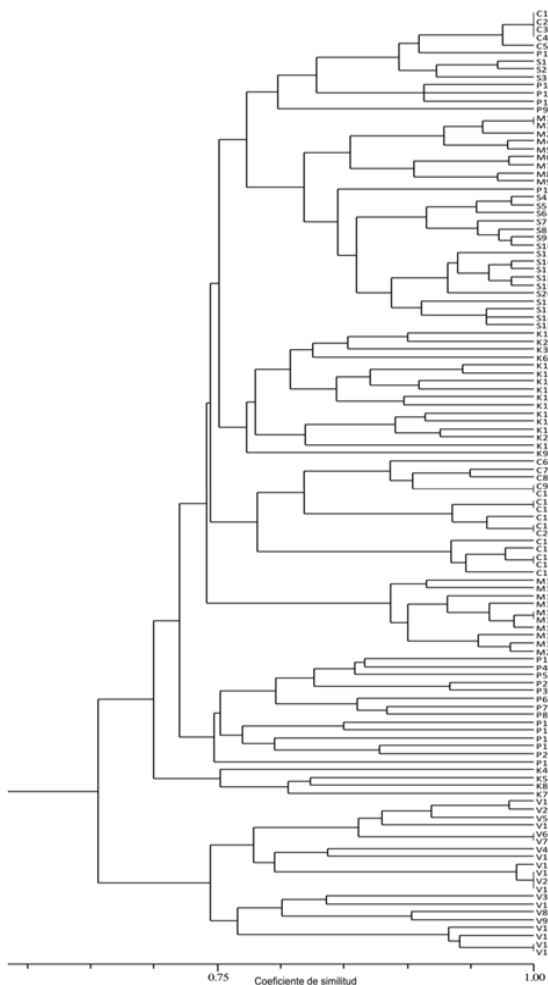


Figura 1. Dendrograma de similitud genética de Nei-Li para todas las muestras analizadas (C=CAI, M=MEJ, S=SMC, V=SBA, K=EP1 y P=EP2).

El valor de F_{ST} varía entre cero (0) y uno (1), valores cercanos a cero implican la no divergencia o pequeña diferenciación entre las poblaciones, mientras que valores cercanos uno implican la fijación de alelos diferentes en cada población y por tanto su separación o alta divergencia o diferenciación genética. El análisis de varianza molecular reveló que, sin importar la estructura poblacional que se simule, el valor de F_{ST} es altamente significativo ($P < 0,001$) (Tabla 5). Al analizarse los seis

sitios de muestreo como poblaciones independientes, la variación entre las poblaciones es alta (27%) y presenta el mayor valor de estructura genética ($F_{ST} = 0,27$), indicando una muy alta diferenciación genética entre poblaciones. El valor de F_{ST} fue de 0,15 y la variación entre poblaciones del 20% cuando se analizó solo la población silvestre, indicando una moderada diferenciación genética entre sitios que podría ser explicada por las barreras fisiográficas naturales o artificiales y/o contaminación que separan el flujo genético entre los sitios.

La comparación entre los individuos silvestres y cultivados, mostró que el 12% de la variación es debida a diferencias entre poblaciones y un F_{ST} de 0,11 indicador de una moderada diferenciación genética. Por último, la comparación entre las poblaciones que tienen reproducción en río y los que se reproducen en estanque de (sitios EP1 y EP2 como una sola población), mostró una alta variación dentro de las poblaciones (91%) y una moderada diferenciación genética ($F_{ST} = 0,08$). Al igual que en la presente investigación OROZCO y NARVÁEZ (2014) encontraron mayor variación molecular dentro de las poblaciones que entre las poblaciones. LÓPEZ-MACIAS *et al.* (2009) reportan un valor de F_{ST} de 0,518 entre las poblaciones evaluadas y una tasa de migrantes entre subpoblaciones de solo 10%, lo que demuestra una estructura genética muy marcada y bajo flujo de genes entre las subpoblaciones de bocachico de la cuenca alta del río Cauca. Por su parte, ARRIETA (2013) encontró una estructura poblacional formada al menos por dos grupos en la cuenca del río Sinú. De otro lado, en la cuenca del río Magdalena, OROZCO y NARVÁEZ, (2014) presentan un valor bajo de F_{ST} (0,06; $P < 0,001$) aunque el análisis Bayesiano indicó que el número más probable de subpoblaciones es de tres.

Tabla 5. Análisis de varianza molecular y estructura genética para los sitios muestreados con diferentes estructuras poblacionales.

Estructura	Fuente de Variación	Grados de Libertad	% Varianza Molecular	F_{ST}
Todas las poblaciones	Entre Poblaciones	5	27	0,27**
	Dentro de Poblaciones	115	73	
Solo silvestres	Entre Poblaciones	3	20	0,15**
	Dentro de Poblaciones	78	80	
Silvestres Vs. Cultivados	Entre Poblaciones	2	12	0,11**
	Dentro de Poblaciones	118	88	
Reproducción Natural Vs. Reproducción Artificial	Entre Poblaciones	1	9	0,08**
	Dentro de Poblaciones	119	91	

** $P < 0,001$

Las distancias genéticas (Tabla 6) entre los sitios evaluados reveló que la menor distancia genética se encontró entre los peces provenientes de CAI y los de la EP2, seguido por la distancia entre las dos empresas (0,078). De otro lado, la mayor distancia genética se encontró entre los sitios MEJ y SBA. Una representación gráfica de las distancias genéticas usando el agrupamiento UPGMA se observa en la figura 2.

Tabla 6. Distancias genéticas de Nei entre pares de sitios.

Población	CAI	MEJ	SMC	SBA	EP1	EP2
CAI	0					
MEJ	0,125	0				
SMC	0,103	0,12	0			
SBA	0,126	0,214	0,186	0		
EP1	0,079	0,171	0,099	0,189	0	
EP2	0,042	0,152	0,087	0,111	0,078	0

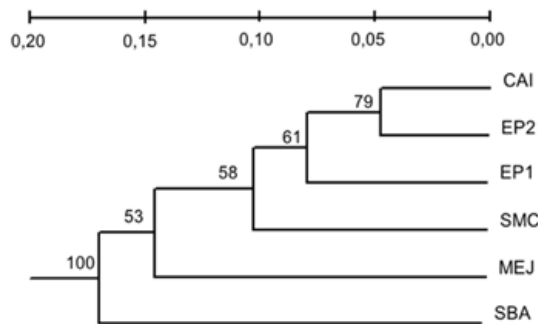


Figura 2. Dendrograma de distancias genéticas entre sitios, graficado mediante el agrupamiento UPGMA. Los valores de bootstrapping aparecen en los nudos.

La cercanía el sitio CAI con EP1 y EP2 puede indicar un posible flujo de genes entre estos sitios, entendidos como procesos de repoblamiento. En este sentido programas de repoblamiento con peces de las empresas EP1 y EP2 podrían ser posibles en los sitios MEJ, SMC y SBA ya que su relación genética es baja.

CONCLUSIONES

Los marcadores moleculares tipo RAMs fueron eficientes evaluando la diversidad genética y estructura poblacional de *P. magdalene*, pues presentaron valores de He más altos que en otras especies no relacionadas.

El sitio SBA presentó la mayor diversidad genética y la mayor distancia respecto a los otros sitios. En contraste el sitio CAI fue el menos diverso. Existe una estructura poblacional marcada que se reflejó en la moderada diferenciación y poco flujo de genes entre sitios, al igual que en los agrupamientos que se notan en los dendrogramas. Esta estructura puede ser debida a barreras fisiográficas naturales o artificiales.

Se encontró una mayor diversidad en la población cultivada que en la silvestre, lo que se interpretar como un adecuado manejo reproductivo la primera o efectos de endogamia en la segunda .

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen al proyecto titulado "Implementación de estrategias para el mejoramiento de la oferta y calidad de la carne de pescado en la subregión del San Jorge en el departamento de Sucre" y a CENIACUA por la financiación de la investigación.

REFERENCIAS

- AGUIRRE-PABÓN, J.; NARVÁEZ, J.; CASTRO, L. 2013. Mitochondrial DNA variation of the bocachico *Prochilodus magdalene* (Characiformes, Prochilodontidae) in the Magdalena River Basin, Colombia. *Aquatic Conservation Marine and Freshwater Ecosyst*, 23(4): 594-605
- ARRIETA, J. 2013. Evaluación de la variabilidad y estructura genética de la población silvestre y cultivada de bocachico *Prochilodus magdalene* (characiformes: prochilodontidae) en la cuenca del río Sinú y en dos estaciones piscícolas del departamento de Córdoba-Colombia. Tesis de grado. Universidad del Magdalena.
- CAETANO, B.; GUZMAN, A.; SELVARAJ, J.; POSSO, A.; MUÑOZ, J.; ORDOÑEZ, M. 2012. Caracterización molecular del pez dorado (*Coryphaenahippurus*) en el Pacífico colombiano utilizando marcadores moleculares RAMs. *Acta Agronómica*, Número especial - 2012.
- CAETANO, 2013. Caracterización genética y ambiental del Dorado (*Coryphaenahippurus*L.) en el pacífico Colombiano. Tesis Doctoral. Universidad Nacional de Colombia.

CASTAÑEDA, D. 2012. Evaluación de la calidad genética de sistemas de reproductores de bocachico *Prochilodusmagdalene*(pisces: *prochilodontidae*) usados para repoblamiento en dos estaciones piscícolas. Tesis de Grado Universidad del Magdalena.

EXCOFFIER, L.; LISCHER, H. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol EcolResour*, 10: 564-567.

HERNÁNDEZ, D.; MUÑOZ, D.; VALENCIA, N.; POSSO, A.; MUÑOZ, J. 2007. Caracterización molecular del pato criollo colombiano en cuatro departamentos. *Acta Agronómica*, 56(3): 141-145.

MANCERA-RODRIGUEZ, N.; MARQUEZ, J.; HURTADO-ALARCON, J. 2013. Uso de citogenética y técnicas moleculares en estudios de diversidad genética en peces colombianos. En: *Uso de Biología Molecular en Producción Animal y Conservación de Especies Silvestres*. Centro De Publicaciones De La Universidad Nacional De Colombia Sede Medellín. 237-312p.

MUÑOZ, J.; MORILLO, A.; MORILLO, Y. 2008. Microsatelites amplificados al azar (RAM) en estudios de diversidad genética vegetal. *Acta Agronómica*, 57(4): 219-226.

MUÑOZ, L.E. 2013. Establecimiento de dos lotes de reproductores de bocachico *Prochilodusmagdalene* (*characiformes*, *prochilodontidae*) utilizando criterios genéticos para obtener progenies con fines de repoblamiento. Tesis de grado Universidad del Magdalena.

MOJICA, J.; USAMA, J.; ÁLVAREZ, R.; LASSO, C. 2012. Libro rojo de peces dulceacuícolas de Colombia 2012. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt, Instituto de Ciencias Naturales de la Universidad Nacional de Colombia, WWF Colombia y Universidad de Manizales. Bogotá, D. C., Colombia, 319 pp.

LEUNG, H.; NELSON, R. H.; LEACH, J. E. 1993. Population structure of plant pathogenic fungi and bacteria. *AdvPlantPathol*, 10:157-205.

LÓPEZ-MACIAS, J. N.; GARCIA-VALLEJO, F.; RÚBIO-RINCÓN, E.; CASTILLO-GIRALDO, A.; CERÓN, F. 2009. Diversidad genética del bocachico (*Prochilodusreticulatus*) de la cuenca alta del Río Cauca (Colombia). *Acta Biológica Paranaense*, 38(3-4): 113-138.

MORA, S. R. 2010. Análisis espacial y patrones de asentamiento en el bajo río San Jorge (Caribe colombiano). *Boletín de Antropología Universidad de Antioquia*, 24(41): 283-305.

NARVÁEZ, J.; AGUIRRE, J.; OROZCO, G.; CASTAÑEDA, D.; MUÑOS, E.; JULIO, Y.; TORREGROZA, A. 2012. Primer programa de genética de la conservación para peces en Colombia. *CONAMA* (Congreso Nacional Del Medio Ambiente), 1-17. <http://www.conama2012.conama.org/web/generico.php?idpaginas=&lang=es&menu=90&referer=1&id=13&tipo=C&op=view&from=viewpersonas>

OROZCO, B.; NARVÁEZ, J. 2014. Genetic diversity and population structure of bocachico *Prochilodusmagdalene* (Pisces, Prochilodontidae) in the Magdalena River basin and its tributaries, Colombia. *Genetics and Molecular Biology*, 37(1): 37-45

ORTEGA, A.; MURILLO, O.; PIMIENTA, M.; STERLING, J. 2000. Peces de la cuenca alta del Río Cauca. Riqueza ictiológica del Valle Cauca. Corporación Autónoma Regional del Valle del Cauca, CVC. 68 pp.

OSLINGER, A.; MUÑOZ, J.; ALVARE, L.; MORENO, F.; POSSO, A. 2006. Caracterización de cerdos criollos colombianos mediante la técnica molecular RAMs. *Acta Agronómica*, 55(4): 45-50.

PEAKALL, R.; SMOUSE, P. 2012. GENALEX 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*, 28: 2537-2539.

PIEDRAHÍTA, A.M. 2003. Caracterización molecular del Ganado criollo colombiano Hartón del Valle mediante marcadores moleculares tipo RAM's. Tesis de grado. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. 103p.

USTATE, D. 2002. Estudio de prospectiva de la cadena productiva de la industria pesquera en la República de Colombia. Unido. Project No: US/ RLA/02/149. Ministerio de Comercio Industria y Turismo. 49 pp. <http://www.unido.org/fileadmin/import/38129EstudiodeProspectivadeColombia.pdf>

SANTACRUZ, D.H. 2003. Evaluación de la variabilidad genética con marcadores microsatélites del bocachico *Prochilodus magdalenae* (Steindachner 1878) en el Río Sinú, Colombia. Tesis de Grado, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá. 126 p.

TAMURA, K.; STECHER, G.; PETERSON, D.; FILIPSKI, A.; KUMAR, S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Mol Biol Evol*, 30: 2725-2729.