

Filogeografía de *Colossoma macropomum* y *Piaractus brachypomus* en la Alta Amazonía (Perú y Bolivia)

Carmen Rosa García Dávila¹, Juan Pablo Torrico^{2,3}, Eric Desmarais³,
Fabrice Duponchelle^{4,5}, Jesús Nuñez^{2,5}, Jean-François Renno^{2,5}

¹ Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP), Laboratorio de Biología Molecular y Biotecnología (LBMB), Avenida Abelardo Quiñones, Km. 2.5, Iquitos - Perú

e-mail: cdavila@iiap.org.pe, cdavila19@yahoo.com

² Universidad Mayor San Andrés (UMSA), IBM y B, La Paz, Bolivia
e-mail: jptb@hotmail.com, jptb_bioevol@lycos.es

³ GPIA (UMR 5171), CNRS-IFREMER-UM2, Station Marine de l'Environnement Littoral, 1 Quai de la Daurade, 34200 Sète, France
e-mail: desmarais@univ-montp2.fr

⁴ Universidad Mayor San Simón (UMSS), ULRA, Cochabamba, Bolivia

⁵ Institut de Recherche pour le Développement (IRD), UR175, GAMET, BP 5095, 34196 Montpellier cedex, France
e-mail: renno@univ-montp2.fr
nunez@ird.fr
duponchelle@ird.fr

Palabras claves: Filogeografía, ADN mitocondrial, peces amazónicos, genética de poblaciones

Resumen

En este trabajo son mostrados los análisis filogeográficos de *Colossoma macropomum* y *Piaractus brachypomus*, de la Amazonía Boliviana y Peruana, establecidas en base a secuencias de la región control del genoma mitocondrial (D-Loop). Las reducidas divergencias nucleotídica encontradas entre los haplotipos indican una velocidad de divergencia baja o un tiempo de divergencia corto entre los mtDNA (D-Loop) de estas especies. Para ambas especies los análisis de máxima de parcimonia mostraron una estructuración en varios linajes haplotipicos que no tienen concordancia con la distribución geográfica relacionada con una dispersión

compleja de estas especies en varias etapas y varios caminos de colonización de un mismo lugar.

Introducción

Colossoma macropomum y *Piaractus brachipomus* son especies de la familia de los serrasalmídeos que habitan cuerpos de agua de la Amazonía y de la Orinoquía. Estas dos especies comparten hábitat y nicho ecológico, tienen similitud de forma diferenciándose entre ellas por su patrón de coloración (*P. brachipomus* tiene color gris oscuro en el dorso y blanquecino en los costados, con la parte inferior de la cabeza, región de la garganta y parte anterior del vientre de color anaranjado). Son considerados peces semi migradores, ya que los adultos realizan migraciones laterales (desde la planicie de inundación hacia el canal principal) y longitudinales a lo largo del canal principal, además de estas dos migraciones realizan una corta hacia las áreas de mezcla de aguas en la confluencia de los ríos para reproducirse (Manual Sandoval, com. Pers.). Estas dos especies tienen gran importancia económica en la Amazonía continental, alcanzando elevados precios en los mercados de las principales ciudades amazónicas, particularmente en el periodo de aguas altas. Por esta razón sus poblaciones naturales sufren intensas presiones de pesca, las cuales se intensifican en las áreas cercanas a las grandes ciudades amazónicas. Datos de desembarque pesquero a lo largo del tiempo indican una reducción de las poblaciones naturales de estas dos especies, resultante del aumento poblacional y de la optimización de los procesos de pesca comercial en la Amazonía (Mérona & Bittencourt, 1988; Muñoz & Vargas, 2002).

A pesar de la gran importancia económica de estas dos especies en la Amazonía peruana y boliviana poco se conoce sobre la biología, ecología y genética de sus poblaciones naturales. Este trabajo muestra los resultados preliminares del estudio de genética de poblaciones de estas especies y tiene como objetivo contribuir al conocimiento del estado de conservación genética de sus poblaciones naturales, visando generar información que sirva de base para planes de manejo y conservación.

Metodología

Fueron utilizados muestras de tejido muscular de peces (conservados en alcohol 96%) provenientes de la Alta Amazonía: Ríos Ichilo (MMI) y Sécuré (MMS) en la cuenca del Río Mamoré, sitios Beni-Salinas (BNS) y Beni-Esperanza (BNE) en la

cuenca del río Beni, Río Yata (YAT), Río Guaporé (GUA), Río Amazonas, región de Iquitos (IQU) y Río Ucayali, región de Pucallpa (PUC).

Los cebadores empleados en la amplificación y las secuenciación de la región de control del genoma mitocondrial fueron proporcionados por J.F.Agnèse (DL20F: 5'ttagcaaggcgtcttgggct3', DL20R: 5'accctagctcccaaagcta3'). Se trabajó bajo condiciones estándar de PCR. Las secuencias fueron realizadas por una empresa de servicio comercial.

Las secuencias del ADN mitocondrial fueron alineadas y editadas con el auxilio del programa Bioedit 6.0.7 (Hall, 1999) y Cromas. Para la determinación de la divergencia genética entre las poblaciones y la generación de los árboles consenso de máxima parcimonia fue utilizado el programa MEGA 3 (Kumar *et al.*, 2004). Los análisis de variabilidad genética entre poblaciones y polimorfismo del DNA fueron realizadas con el auxilio del programa DNAsp 4.01 (Rozas & Rozas, 1999). En los análisis de distancia genética y polimorfismo de DNA para *P. brachypomus* fueron utilizadas solamente 4 poblaciones (PUC, GUA, MMS y BNS) por presentar mayor número de individuos. Para los análisis filogeográficos fueron utilizados como grupos externos *Mylossoma duriventris*, *Mylossoma paraguayensis* y *Piaractus mesopotanicus*.

Resultados y discusión

Polimorfismo del ADN en la secuencia de D-loop

Cuando alineados entre sí, la región control los 43 especímenes de *Colossoma macropomum* totalizo 1031 pares de bases, con 975 sitios constantes, 56 sitios variables e de estos 28 fueron filogenéticamente informativos para parcimonia. La región control de *Piaractus brachypomus* cuando alineada totalizo 1016 pares de bases, con 965 sitios constantes, 48 sitios variables y 22 sitios informativos para parcimonia.

Estas dos especies presentan una elevada variabilidad genética (Tabla 1), observándose en el reducido número de muestras un elevado número de haplotipos. Sin embargo no se puede evaluar la presión antrópica porque no se conoce el grado de variabilidad inicial.

Tabla 1. Principales análisis de polimorfismo de DNA de las poblaciones de *Colossoma macropomum* y *Piaractus brachypomus* estudiadas.

Localidades	Numero muestras	Nº Mutaciones	Nº Haplotipos	Media diversidad haplotípica	Media diversidad nucleotídica
<i>Colossoma macropomum</i>					
Pucallpa	5	30	5	1.000±0.126	0.014±0.002
Iquitos	4	9	2	0.500±0.265	0.004±0.009
Manuripi	4	22	4	1.000±0.177	0.011±0.003
Sécure	5	21	4	0.900±0.161	0.009±0.002
Beni-Salinas	5	7	3	0.800±0.164	0.003±0.001
Ichilo	5	23	3	0.800±0.164	0.009±0.005
Beni-Esperanza	5	21	4	0.900±0.161	0.009±0.003
Yata	5	10	4	0.900±0.161	0.005±0.001
Guaporé	5	16	3	0.800±0.164	0.009±0.002
<i>Piaractus brachypomus</i>					
Pucallpa	4	12	4	1.000±0.177	0.006±0.001
Sécure	9	22	7	0.917±0.092	0.008±0.000
Guaporé	5	13	5	1.000±0.126	0.006±0.001
Beni-Salinas	7	21	7	0.006±0.076	0.008±0.000

Las divergencias genéticas dentro y entre las poblaciones geográficas obtenidas según el modelo Kimura 2-Parámetros para la región control del genoma mitocondrial de *C. macropomum* fueron muy bajas. En algunos casos inclusive con divergencias interpoblacionales menores que sus respectivas divergencias intrapoblacionales (Manuripi/Beni Esperanza). Las divergencias genéticas entre las poblaciones peruanas y bolivianas mostraron patrones similares, evidenciando un fuerte relacionamiento evolutivo entre las poblaciones independiente de la distancia geográfica (Tabla 2).

Las 4 poblaciones estudiadas de *P. brachypomus* (PUC, MMS, GUA Y BNS) también presentaron valores muy bajos de divergencias genéticas entre ellas independiente de la distancia geográfica, los valores presentaron un rango de 0.007 a 0.010 y divergencias genéticas dentro de las poblaciones de 0.006 a 0.0013.

Filogeografía de *Colossoma macropomum* y *Piaractus brachypomus*

El análisis de máxima Parcimonia fue realizado con la intención de estimar la topología mas probable de las relaciones filogeográficas de estos grupos. El árbol

de máxima parcimonia fue obtenida con una matriz de pesos iguales para las transiciones y las tranversiones TS1TV1(Fig. 1).

Para *C. macropomum* (Fig. 1A) fueron evaluados 625 árboles, siendo obtenida un árbol consenso (mas parcimonioso) con 301 pasos, índice de consistencia (CI) de 0,852 e índice de retención (RI) de 0,917. En la topología general del

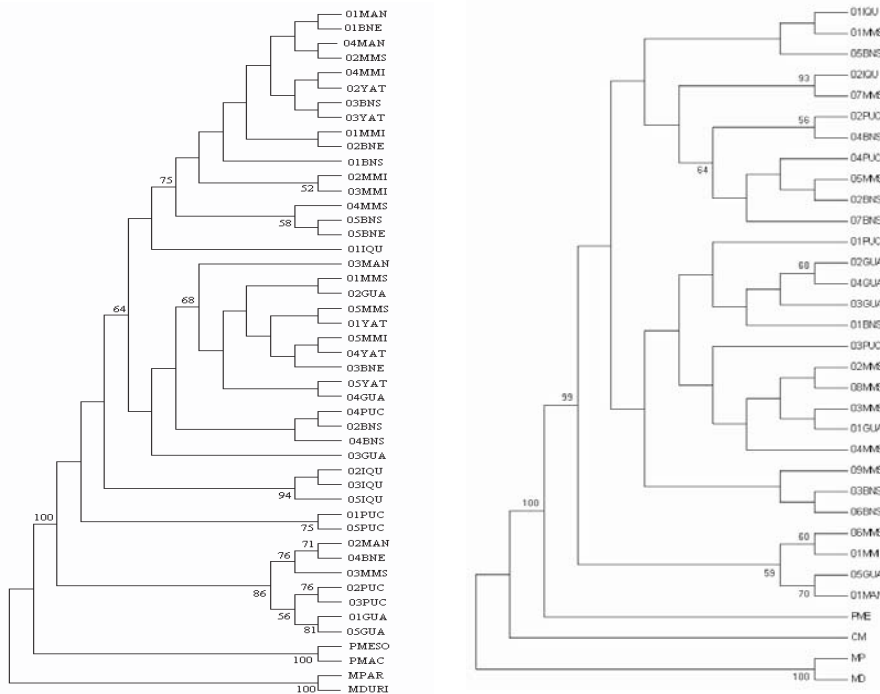


Figura 1. Árboles consenso de máxima parcimonia (MP) considerando matriz de peso TS1TV1 para las poblaciones de *Colossoma macropomum* (A) y *Piaractus brachypomus* (B) de la Amazonía Peruana y Boliviana. Los números encima de los brazos son valores de *bootstrap* para 100 repeticiones. Solamente los *bootstrap* > 50 están conservados. Los taxa PME, MP y MD son utilizados como grupos externos.

árbol los haplotípos quedaron estructurados en 5 lineajes (*bootstrap* >50) sin concordancia geográfica.

En *P. brachypomus* (Fig. 1B) fueron evaluados 206 árboles, siendo obtenida un árbol mas parcimonioso con 303 pasos, índice de consistencia (CI) de 0,851 e índice de retención (RI) de 0,836. En la topología general del árbol los

Tabla 2. Media de la divergencia genética Inter. e intrapoblacional de *Colossoma macropomum* obtenido según el modelo Kimura 2 – Parámetros.

	PUC	MMS	GUA	BNS	MAN	IQU	YAT	MMI	BNE
PUC	0.015								
MMS	0.014	0.010							
GUA	0.012	0.009	0.009						
BNS	0.015	0.007	0.009	0.005					
MAN	0.014	0.009	0.010	0.007	0.012				
IQU	0.013	0.010	0.010	0.009	0.010	0.004			
YAT	0.014	0.007	0.008	0.005	0.008	0.009	0.006		
MMI	0.018	0.010	0.010	0.010	0.010	0.012	0.008	0.009	
BNE	0.014	0.008	0.010	0.006	0.008	0.010	0.007	0.009	0.009

haplotípos quedaron estructurados en 3 linajes (bootstrap >50) sin concordancia geográfica.

Las pequeñas divergencias encontradas en estas dos especies puede estar relacionada con una evolución lenta de sus DNA o un tiempo de divergencia corto después eventos de «*bottleneck*» La existencia de estructuración de los haplotípos en varios linajes puede estar relacionada con una retención de polimorfismo ancestral y/o a una dispersión compleja de estas especies en varias etapas y varias caminos de colonización de un mismo lugar y/o una translocación.

Referencias

- Hall, T. A. 1999. *Bioedit*: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. Version 6.0.7.
- Kumar, S.; Tamura, K.; Nei, M. 2004. MEGA3: Integrated software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatics*, 5:150-163.
- Merona, B.; Bittencourt, M.M. 1988. A pesca na Amazônia a través dos desembarques no mercado de Manaus: resultados preliminares. Memoria, Sociedade de Ciências Naturales la Salle, tomo XLVIII, suplemento, 433-453.
- Muñoz, B. D.; Vargas, D. G. 2002. Zonas de Pesca y composición de capturas en el bajo Ucayali. Tesis para obtener el título de Biólogo, Universidad Nacional de la Amazonía Peruana, Iquitos-Perú, 75 p.
- Rozas, J.; Rozas, R. 1999. DnaSP version 4: an integrated program for molecular population genetics and molecular evolution analysis. *Bioinformatics*, 15: 174 175.