

IDENTIFICACION DE MARCADORES MOLECULARES EN CRUSTACEOS PENEIDOS.

Alma L. Hernández Castro, Norma Y. Hernández-Saavedra*.

Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste S. C. Laboratorio de Genética Molecular.

Mar Bermejo 195. Col. Playa Palo de Santa Rita. La Paz 23090, B.C.S. Fax: 6121253625.

e-mail: nhernan@cibnor.mx.

Palabras clave: camarón, marcadores moleculares, RAPD.

Introducción. La pesca del camarón es una de las actividades pesqueras más importantes de México en cuanto a generación de divisas y empleos (1). La pesquería de altamar del Pacífico Mexicano se sustenta, principalmente, en la explotación de las siguientes especies de camarón: el camarón café (*Farfantepenaeus californiensis*), el camarón azul (*Litopenaeus stylirostris*) y el camarón blanco (*L. vannamei*). Debido a que el camarón se considera como un producto de alto valor agregado, con amplio mercado nacional e internacional, y que los fenómenos de malformación y aumento en la susceptibilidad a enfermedades en organismos silvestres y cultivados ha sido cada vez más frecuente, se debe considerar el estudio formal del recurso para su correcta explotación, manejo y preservación. En los últimos años se han desarrollado múltiples técnicas para monitorear la variación genética de las especies, una de estas es la técnica RAPD (ADN polimórfico amplificado al azar) ya que provee información sobre la variación genética y permite la detección de marcadores población- o familia-específicos.

El objetivo de este estudio es conocer las relaciones genéticas entre las poblaciones naturales de las 3 especies mencionadas anteriormente presentes en los márgenes costeros de Baja California Sur y Golfo de California, así como la identificación de marcadores genéticos potenciales de poblaciones y especies.

Metodología. Se aisló ADN genómico de las especies citadas anteriormente, se sometieron a la reacción en cadena de la polimerasa con una batería de 28 iniciadores (oligos) RAPD de 10 nucleótidos, se verificaron y disfundieron los patrones de bandeado de organismos de una misma especie de una misma población. Los patrones de bandeado de ADN se documentaron mediante fotografías (bajo luz UV) utilizando el sistema UVI Tec (UVP Inc). Los patrones electroforéticos se obtuvieron para cada organismo, de cada población, de cada especie. Se elaboró una base de datos conteniendo el número total de bandas (*loci* polimórfico) producto de la amplificación, utilizando el programa UVI Doc (UVP Inc). La variabilidad interespecífica se determinó con el programa TFPGA(2), generándose dendogramas de distancia genética.

Resultados y discusión. Mediante la técnica de RAPD se identificaron 4 iniciadores (XL1,19,25 y 28) que generaron patrones electroforéticos (Fig. 1) que permiten distinguir las tres especies en estudio (Fig. 2). Así como la determinación del grado de variabilidad intra-específica e intra-poblacional,

con los oligos seleccionados. Los resultados obtenidos en los dendogramas muestran, dependiendo del oligo utilizado, diferencias en las relaciones genéticas de las 3 especies estudiadas. Si bien el dendograma generado con el uso del oligo 25 no coincide con la taxonomía convencional (los camarones blanco y azul pertenecen al mismo género), resuelve satisfactoriamente (a un nivel de 0.3 y menor) las 3 especies consideradas. En el caso de los otros oligos, por ejemplo el oligo 28, el dendograma obtenido representa satisfactoriamente las relaciones taxonómicas de las 3 especies conservándose un nivel de resolución de 0.17.

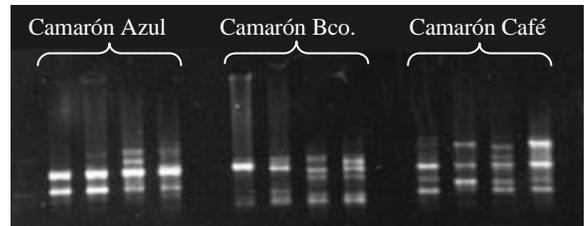


Fig. 1. Patrón electroforético RAPD utilizando el oligo 25. Gel TBE-agarosa(1%) teñido con EtBr

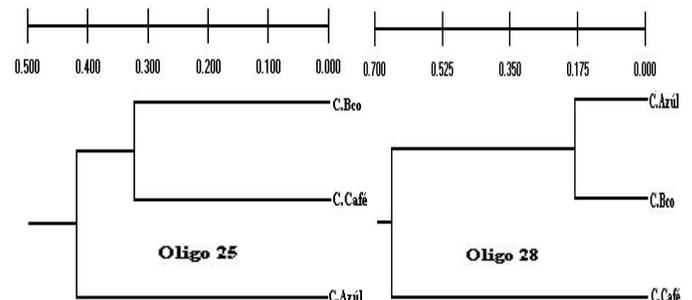


Fig. 2. Dendogramas que muestran la relación genética (distancia de Nei) entre las 3 especies consideradas.

Actualmente se está trabajando con la caracterización de algunos marcadores genéticos seleccionados que definen especie, mediante purificación de bandas específicas y secuenciación.

Agradecimientos. El financiamiento de este trabajo está a cargo del proyecto CIBNOR RP1.

Bibliografía. (1) García y Le Reste, 1996. En: *Estudio del Potencial Pesquero y Acuicola de Baja California Sur*, Casas V. M. Y Ponce D. G., 1996. Vol. I. (2) Miller, M. P., 2000. Tools for Population Genetic Analyses (TFPGA). En línea: <http://bioweb.usu.edu/mpmbio/tfpga.html>.