



Fecha de presentación del Informe: Día Mes Año

Datos generales del Proyecto

Código del proyecto: 7867			
Título del proyecto: Conectividad genética de poblaciones naturales de la piangua (<i>Anadara tuberculosa</i> y <i>Anadara similis</i>) en la costa Pacífica colombiana estimada a partir de marcadores moleculares microsatélites			
Facultad o Instituto Académico: Ciencias Naturales y Exactas			
Departamento o Escuela: Biología			
Grupo (s) de investigación: Ecología de Estuarios y Manglares, ECOMANGLARES Grupo de Estudios Ecogenéticos y de Biología Molecular			
Investigadores ¹	Nombre	Tiempo asignado	Tiempo dedicado
Investigador Principal	Jaime Ricardo Cantera kintz	5 h/s	5 h/s
Coinvestigadores	Heiber Cárdenas	3 h/s	3 h/s
	Ángela Fuentes	5 h/s	5 h/s
Otros participantes	Fanny González	40 h/s	40 h/s
	Suany Quesada	40 h/s	40 h/s
	Julián Gil	40 h/s	40 h/s
	Jenny Gallo	20 h/s	20 h/s

¹ Todas las personas relacionadas en el informe y que participen en el proyecto deben haber suscrito el acta de propiedad intelectual de acuerdo con los formatos establecidos.

1. Resumen ejecutivo:

Anadara tuberculosa y *Anadara similis*, especies conocidas bajo el nombre común “piangua”, son bivalvos marinos que habitan las áreas de manglar, generalmente cerca de las raíces del mangle rojo. Presentan un ciclo de vida dual, con una etapa adulta bentónica y una etapa larval pelágica. Estos bivalvos soportan la principal pesquería artesanal de moluscos en la costa Pacífica Americana desde Baja California hasta Perú. En Colombia la extracción de *A. tuberculosa* se ha incrementado en los últimos años debido a la alta demanda por parte de Ecuador. Esto ha ocasionado una explotación descontrolada del recurso y una disminución de las poblaciones naturales, lo que ha llevado a que estas especies sean catalogadas en amenaza. Para avanzar en el desarrollo de estrategias de uso sostenible de la piangua es importante estimar el grado de conectividad existente entre poblaciones, de manera que se puedan dirigir los esfuerzos de conservación. Una de las estrategias más utilizadas para estimar dicha conectividad es estudiar la genética de poblaciones de estos organismos usando marcadores moleculares. En esta investigación se analizaron 152 individuos de *A. tuberculosa* provenientes de 9 localidades distribuidas a lo largo de la costa Pacífica colombiana con base en la variación alélica de 8 loci microsatélites, los cuales fueron identificados y caracterizados por primera vez para la especie en este estudio. Todos los loci son polimórficos, con un número de alelos (N_a) entre 10 (AT07) y 62 (AT01). El número efectivo de alelos fue de 3,4 (AT07) a 29,87 (AT01). La heterocigosidad media observada (H_O) fue de 0,289 (AT05) a 0,742 (AT14), mientras que la heterocigosidad media esperada (H_E) fue de 0,589 (AT13) a 0,97 (AT01). La mayoría de los loci analizados mostraron desviaciones significativas del equilibrio de Hardy-Weinberg (5/8) lo cual puede ser producto de la presencia de alelos nulos. Sin embargo, se ajustan significativamente al modelo de máxima varianza (frecuencia alélica igual al inverso del número de alelos por marcador). Todos los estimadores de diferenciación genética global calculados, incluyendo los corregidos para alelos nulos con el método ENA, mostraron valores similares cercanos o iguales a cero indicando ausencia de estructura genética poblacional ($F_{ST}= 0.0012$, $G'_{ST}= 0.0068$, $D_{jost}= 0$, $F_{ST} \text{ (con ENA)}= -0,001051$, y $F_{ST} \text{ (No ENA)}= -0,003052$). Lo mismo se obtuvo en los estimadores de diferenciación genética por parejas de poblaciones. El análisis jerárquico de estructura poblacional AMOVA tampoco indico estructura significativa para el F_{ST} (0,002; $P=0,071$). El programa STRUCTURE indicó que el número más probable de poblaciones en las muestras analizadas es $K=1$. Estos resultados indican que las

poblaciones naturales de *A. tuberculosa* estudiadas no muestran estructura genética significativa, de lo cual se infiere que se comportan como una sola población genética panmictica en la región de la costa Pacífica de Colombia. Las características biológicas de la especie sumadas a las condiciones oceanográficas de la región permiten inferir que esta especie tiene un alto potencial dispersivo en su estado larval abarcando los cerca de 1700 Km de costa en el Pacífico de Colombia lo cual es soportado por los datos genéticos obtenidos.

Abstract

Anadara tuberculosa and *Anadara similis*, also known by the common name of 'Piangua', are marine bivalves that inhabit muddy substrates in mangrove forests on the American Pacific coast from Baja California to Peru. Their life cycle is mainly composed of two stages, benthic adult associated to roots of mangrove trees, and pelagic larvae dispersed by ocean currents. These bivalves maintain the main artisanal fishery of mollusks along its distribution range. In Colombia, the species *A. tuberculosa* has been extracted intensively in the last 30 years as a consequence of its high demand by the shellfish market in Ecuador. The overexploitation of this resource has led to population declining, causing *A. tuberculosa* to be established as a threatened species. Management strategies are under development by governmental institutions, however, the genome of the species and the connectivity among populations remain poorly investigated. The genetic connectivity among populations can be estimated by conducting a population genetic analysis on highly polymorphic molecular markers such as microsatellites. Thus, in this study we analyzed 152 individuals of the species *A. tuberculosa* from 9 locations along the Pacific coast of Colombia. Each individual was genotyped using 8 microsatellite loci, which were developed and characterized for the first time for *A. tuberculosa* in this study. All loci were polymorphic, with a number of alleles (N_a) between 10 (AT07) and 62 (AT01). The effective number of alleles was between 3.4 (AT07) and 29.87 (AT01). The mean observed heterozygosity was between (H_O) 0.289 (AT05) and 0.742 (AT14), and the mean expected heterozygosity (H_E) was 0.589 (AT13) to 0.97 (AT01). Five out of eight loci showed significant deviations from the Hardy-Weinberg Equilibrium expectations which could be a result of the presence of null alleles. Nevertheless their allele frequencies fit the model of maximum variance (allele frequency equal to the inverse number of alleles per marker). All the estimators of global genetic population differentiation, including the ones that corrected for null alleles with the ENA

method, showed similar values equal or close to zero, indicating lack of population genetic structure among populations ($F_{ST}= 0.0012$, $G'_{ST}= 0.0068$, $D_{jost}= 0$, $F_{ST}(\text{with ENA})= -0,001051$, and $F_{ST}(\text{without ENA})= -0,003052$). The same observation was obtained for the pairwise population genetic differentiation estimators. The hierarchical analysis of population structure (AMOVA) also indicated lack of genetic structuring with an F_{ST} value of 0.002 ($P=0,071$). Cluster analysis using the software STRUCTURE indicated that the most probable number of populations based on the genetic data is 1 ($K=1$). Our results indicate there is not significant genetic population structuring among the wild populations of *A. tuberculosa* considered in this study, which suggest they behave as one panmictic unit in the Colombian Pacific coast region. The genetic homogeneity observed coupled with the life history of the species, and the oceanographic conditions in this region allow us to infer that *A. tuberculosa* has a high dispersive capability in its larval stage spanning the 1700 km of coast in the Pacific of Colombia.

2. Síntesis del proyecto:

Introducción

En la costa Pacífica de Colombia *Anadara tuberculosa* (G. B. Sowerby I, 1833) y *Anadara similis* (C. B. Adams, 1852), también denominadas 'piangua', son dos especies de moluscos bivalvos de interés comercial que están mostrando los primeros indicios de sobreexplotación. Su hábitat corresponde al bentos de las áreas de bosque de manglar cerca de las raíces del mangle rojo *Rhizophora* spp. (Prahl et al. 1990). Se distribuyen en la costa Pacífica americana desde el golfo de California, en México, hasta Tumbes, en Perú. A lo largo de esta amplia zona costera soportan la principal pesquería artesanal de moluscos del Pacífico Oriental siendo una fuente importante de proteína para las comunidades humanas del litoral, por lo que su extracción ha dependido de las necesidades de abastecimiento familiar y del comercio regional (MacKenzie 2001). Las principales amenazas de la piangua en todo su rango de distribución son la pérdida de hábitat debido a la tala y contaminación de los bosques de manglar, y las altas tasas de extracción de concha para consumo humano. Esto ha llevado a las poblaciones naturales de países como Salvador, Honduras, Ecuador y Perú a condiciones críticas (MacKenzie 2001).

En Colombia, la piangua se encuentra en manglares distribuidos a lo largo de los cuatro departamentos costeros del Pacífico: Chocó, Valle, Cauca y Nariño, y también reviste una gran importancia económica y social. A pesar de ello, sus poblaciones naturales están afectadas por la intensa presión pesquera, la deforestación y la contaminación de su hábitat. Aunque el aprovechamiento de la piangua ha sido anteriormente motivado por el autoconsumo y el mercado local, en la actualidad la comercialización nacional sólo representa el 15-20% de la producción total o pesca realizada, siendo el resto de las capturas exportado al Ecuador, donde el producto es altamente apetecido a causa de la reducción de las propias poblaciones naturales que no alcanzan a abastecer el mercado interno de dicho país (Borda y Cruz 2004a). Esto ha provocado una mayor y descontrolada extracción de estos moluscos especialmente hacia el sur del país. A causa de las condiciones de explotación creciente y de la reducción demográfica de sus poblaciones, la especie *A. tuberculosa* se encuentra reportada bajo amenaza (categoría vulnerable) en el Libro Rojo de Invertebrados Marinos de Colombia (Ardila et al. 2002). *A. similis* (conocida como “piangua macho”) es menos abundante y es menos preferida por los pescadores debido a que ofrece algunas dificultades para su manejo pesquero y conservación.

El estudio de la dispersión larval efectiva resulta ser esencial para dirigir los esfuerzos de manejo en la preservación de los procesos naturales de repoblamiento que permitan la recuperación demográfica de las poblaciones que presentan una alta presión pesquera. Sin embargo, es un campo de investigación con importantes limitaciones prácticas, debido a la dificultad de hacer un seguimiento directo de la movilidad de las larvas debido a su tamaño pequeño (Kinland y Gaines 2003). Por ello, numerosos investigadores recurren a métodos indirectos para estimar la dispersión larval efectiva como lo son los marcadores genéticos moleculares (Chambers et al. 2006). Considerando la pertinencia de efectuar un estudio de genética de poblaciones para la piangua así como la necesidad de desarrollar marcadores moleculares microsatélites específicos para estos bivalvos, el presente estudio tuvo como propósito aportar por primera vez para el país información sobre el grado de conectividad genética y de diferenciación entre poblaciones de la piangua a lo largo de la costa Pacífica colombiana empleando microsatélites.

Materiales y Métodos

Se emplearon muestras de tejido de *A. tuberculosa* (152) y *A. similis* (65) depositadas en el MHNMC del INVEMAR y muestras colectadas por los investigadores provenientes de nueve y cinco localidades del Pacífico colombiano respectivamente (tabla 1).

Tabla 1. Localidades de colecta y número de individuos muestreados de *A. tuberculosa* y *A. similis*.

Zona	Localidad	Coordenadas	<i>A. tuberculosa</i>	<i>A. similis</i>
			No. individuos	No. individuos
Norte	Tribuga	5° 47' 14.8992" 77° 14' 29.1006"	30	5
Norte-Sur	Pavaza	5° 20' 4.3002" 77° 21' 28.9008"	10	
	Dotenado	4° 51' 37.7022" 77° 20' 32.2182"	20	
Centro	Buenaventura	3° 53' 03.52" 77° 4' 37.61"	12	15
	Anchicaya	3° 44' 59.3988" 77° 8' 26.847"	10	
	Pital	3° 34' 16.7838" 77° 12' 49.575"	10	
Sur-Norte	Bazan	2° 38' 29.0004" 78° 9' 12.6864"	20	
	Mosquera	2° 29' 37.4994" 78° 30' 0.3204"	10	15
	Juanchillo	2° 38' 22.8012" 78° 5' 17.9988"		15
Sur	Nerete	1° 44' 59.4996" 78° 40' 42.3978"	30	15
	Total		152	65

Las muestras de tejido provienen de individuos colectados durante la investigación "Potencial productivo de las poblaciones naturales de la piangua *A. tuberculosa* y *A. similis* dentro de una perspectiva espacio-temporal en la costa Pacífica colombiana", realizada por INVEMAR-UNIVALLE-WWF-UEASPN-ASCONAR-COLCIENCIAS. La colecta se efectuó entre febrero-julio de 2009 y se empleó el método manual tradicional de concheo.

La extracción de ADN se realizó a través de dos métodos: 1) kit DNeasy® Blood & Tissue (QIAGEN, E.E. U.U.); y 2) Protocolo de extracción de ADN de tejido animal con CTAB descrito por Winnepenninckx et al. (1993) con modificaciones. La concentración final del ADN total obtenido por individuo en cada método fue estimada utilizando el equipo Nanodrop (Thermo Scientific, EE.UU.). Teniendo en cuenta que en la literatura no se encontraron de microsátélites

para *A. tuberculosa* ni para *A. similis*, inicialmente se probaron doce parejas de primers reportados para la especie *A. broughtonii*, distribuida en las costas del Pacífico Occidental (Asia)(Sekino et al. 2010). Se encontró que la mayoría de los productos de PCR en ambas especies de piangua mostraron bandas inespecíficas imposibles de eliminar, o productos amplificados que al ser secuenciados no presentaron una unidad repetitiva como los microsatélites. Por tanto, se concluyó que ninguna de las parejas de primers evaluadas logró amplificar exitosamente regiones microsatélites informativas en las dos especies de piangua consideradas.

Se decidió identificar y caracterizar primers específicos para la piangua *A. tuberculosa*. Para ello, se recurrió al servicio de secuenciación de siguiente generación ofrecido por el laboratorio Savannah River Ecology de la Universidad de Georgia (USA). De un total de 10898 parejas de primers que cumplieron con los criterios establecidos, 24 de ellas fueron escogidas para ser evaluadas en este estudio. Se probó su eficiencia de amplificación por PCR y se estimó su polimorfismo usando el ADN de 15 individuos escogidos al azar. Solo aquellos loci cuyo producto de PCR presentó una o dos bandas fueron sintetizados con un fluorocromo específico.

Se realizaron cuatro multiplex de PCR por individuo para amplificar los 14 microsatélites con primers fluoromarcados. La PCR fue realizada en 5ul, usando 2.5ul de 2x QIAGEN Multiplex PCR kit Master Mix y 0.25ul de la mezcla de los primers. La concentración de cada primer fue 0.2uM. En cada mix de PCR se agregó un 1ul de ADN a una concentración de 15-30ng. Las condiciones de amplificación fueron las siguientes: 95°C por 15 minutos, seguido por 30 ciclos a 94°C por 30s, 58°C por 90s y 72°C por 30s y una extensión final a 72°C por 30 minutos. La genotipificación se realizó mediante electroforesis capilar en un analizador genético Applied Biosystems 3130. Los electroferogramas fueron leídos con el programa GeneMapper® versión 3.1. Desafortunadamente la información que pudieran proporcionar tres parejas de primers con condiciones óptimas para genotipificación (AT19, AT23 y AT24) no pudieron ser incluidas en los análisis del presente informe ya que el analizador genético ubicado en la sección de genética de la Universidad del Valle ha presentado fallas durante el transcurso de la investigación y hace meses no está funcionando. Por lo tanto, el análisis de datos para *A. tuberculosa* fue realizado con base en 11 loci, mientras que en *A. similis* no fue posible la genotipificación de ningún loci.

Por tal motivo el presente informe está enfocado en *A. tuberculosa*.

Tabla 2. Multiplex de PCR para *Anadara tuberculosa*.

Locus	Motivo	Primer Forward	Primer Reverse	Fluorocromo usado
Multiplex 1				
AT 01†	ATTTT	TTCAGAGCAAAGATCGAAATCC	AAACAGTTAATTGTGATACATCAGTACG	6- FAM
AT 07†	AAAT	TGGGTATTTAGAAGGCAACCG	GTGTACTTGAATCATATCATGAAACCG	VIC
AT 10†	ATCT	TGTCTGTGAATGGCCAAAGC	CAACAAATATGGCACTAATAAATCACC	NED
AT 11†	ATCT	AAACTCAGGCGTGTGATGG	AAGTAAATATTGTACCTTCGTAAAGAGG	PET ®
Multiplex2				
AT 14†	ATCT	TCTCGAAATGTCAAATACAGGG	CAATTCTAATATTCTTCATTGAGAAGGG	6- FAM
AT 13†	AATC	TTCACCTCATCAAACAGTTGGC	AAACTCCAGACTGAAGACCCG	VIC
AT 05†	AAGT	TCACGCAGTCACACAACACC	ATACCACTTTAATAAGAGCCTTACTTGC	NED
AT 08†	AAAT	TTAGGATGTTATCAGTCTCTTATTCACG	AAACTTACCATTTCTGGGTGGC	PET ®
Multiplex 3				
AT 15†	ATCT	TTTCGGAAGGTTAACGACAGG	CGCCATACCGAGAGATAGACG	6- FAM
AT 16†	ATCT	AAGTGGTATGACCTTGACTGTAGACC	TTGAAGGCGCTCATAATCC	VIC
AT 20†	ATCT	GGTTTGGTCTTTCCAGTGATCC	GGCAACTAAGAACGGGAAACG	PET ®
Multiplex 4				
AT 24†	ATAC	GCATTAATCCACCATTACATTAACG	GGTACTAATGCCGGACATGC	PET ®
AT 19†	AAAT	GCAAGCTTAGAAGACCTAAGCCC	AGAAAGCACAGAAGAAACCTGC	NED
AT 23	AAAT	TGTATCTGTGCTCTTACTTCTGATAGGG	TGTCCACCCTTCAAACATGG	VIC

A partir de los genotipos individuales se estimó el número de alelos, las frecuencias alélicas y el polimorfismo para cada sistema microsatélite en las diferentes muestras poblacionales de *A. tuberculosa* bajo estudio. Mediante el programa GenAlex (Peakall y Smouse 2012) se calculó el porcentaje de loci polimórficos bajo el criterio del 95% y la diversidad genética de cada población en términos de la heterocigosidad promedio esperada (H_E) y observada (H_O). Además se realizaron las pruebas de Equilibrio Hardy-Weinberg y de desequilibrio de ligamiento por sistema por población con el programa GenePop 3.4. (Rousset, F., 2008, Raymond & Rousset 1995). Los niveles de significancia se ajustaron usando correcciones de Bonferroni (Rice, 1989). Con el programa Micro-Checker 2.2 (Van Oosterhout et al., 2004) se evaluaron errores de genotipificación como alelos nulos, bandas tartamudas y deserción alélica. Para cuantificar la diferenciación genética entre poblaciones se calcularon los estadísticos globales y pareados de F_{ST} (Weir & Cockerham (1984), G'_{ST} (Hendrick2005), siendo estos dos estimadores del coeficiente de endogamia entre subpoblaciones y dentro de la población total, y el estadístico de diferenciación poblacional D_{jost} (Jost 2008) usando el paquete diveRsity implementado en el programa estadístico R (Keenan et al. 2013). Se evaluó el grado de estructuración poblacional entre y dentro de poblaciones mediante un Análisis Molecular de Varianza (AMOVA), realizado en el programa GenAlex (Peakall y Smouse 2012).

Con el programa STRUCTURE ver.2.3 (Pritchard et al. 2010) se estimó el número más probable de poblaciones o grupos genéticos distintos (K) en las muestras analizadas y la proporción de contribución de cada grupo genético encontrado al genoma de cada individuo, en este caso descrito por 8 loci microsatélites. Adicionalmente, se realizó un análisis de coordenadas principales para visualizar la distancia genética de cada individuo con el resto de los individuos. Finalmente, con el programa MEGA ver.5.0 (Tamura et al. 2011) se construyeron arboles Neighbor-Joining de poblaciones no enraizados a partir de la matriz de distancias genéticas de Cavalli-Sforza and Edwards (1967) con y sin la corrección ENA para alelos nulos usando.

Resultados y discusión

La piangua es un molusco bivalvo de importancia comercial y alimenticia en la región del Pacífico colombiano, cuya abundancia y talla ha disminuido en los últimos años como consecuencia de una pesquería descontrolada motivada por un aumento de la demanda comercial (Gil-Agudelo et al. 2011). Desde los años 70's se han venido adelantando estudios que han ayudado a entender la biología y la ecología de estos organismos. En la actualidad con el avance de los estudios moleculares se pueden implementar otros métodos para entender algunas características biológicas, por esto, este proyecto tuvo como objetivo el desarrollo de marcadores moleculares codominantes para explorar la diversidad genética de estas especies y estimar el grado de conectividad genética entre poblaciones.

En consecuencia se decidió identificar y caracterizar por primera vez loci microsatélites específicos para la especie *A. tuberculosa*, a partir de la secuenciación en masa de una librería de representación reducida del genoma usando la plataforma de secuenciación de siguiente generación Illumina. Se diseñaron y probaron 24 parejas de primers con las que se lograron amplificar 14 loci microsatélites para *Anadara tuberculosa* y nueve para *Anadara similis*. El desarrollo de primers en algunas especies de moluscos puede ser difícil ya que estos organismos presentan regiones repetitivas de microsatélites y regiones repetitivas en el genoma conocidas como SINEs (Short Interspersed Nuclear Elements, en inglés). Dichas regiones pueden producir patrones de bandas múltiples, apareamiento al azar entre primers e incluso falla en la amplificación por PCR (Weetman et al 2001; Winnepenninckx & Backeljau 1998). En

el caso de *A. tuberculosa* se encontraron patrones inesperados de amplificación y dificultad para amplificar algunos microsatélites.

Los 11 loci microsatélites analizados fueron 100% polimórficos. Para las 152 muestras se encontró un mínimo de 10 alelos y un máximo de 62. Nueve loci microsatélites presentaron alelos nulos en homocigosis, siendo el caso más extremo el del locus AT15 el cual no fue amplificado en el 48% de los individuos. Las muestras que no amplificaron para estos loci fueron corridas varias veces empleando diferentes condiciones de PCR con el fin de confirmar la presencia de alelos nulos y descartar problemas de amplificación por mala calidad del ADN. Los loci AT08, AT15 y AT20 no fueron incluidos en los análisis de estructura poblacional dado al alto porcentaje de alelos nulos. MICROCHECKER no indicó errores de genotipificación debidos a bandas tartamudas o a deserción de alelos para ningún locus en ningún grupo de localidades, mientras que si identificó la presencia de alelos nulos en la mayoría de los loci. El análisis por locus considerando todos los individuos mostró que el número de alelos (N_a) fue de 10 (AT07) a 62 (AT01). El número efectivo de alelos fue de 3,4 (AT07) a 29,87 (AT01). La heterocigosidad media observada (H_O) fue de 0,165 (AT15) a 0,742 (AT14), mientras que la heterocigosidad media esperada (H_E) fue de 0,589 (AT13) a 0,97 (AT01). La mayoría de los loci analizados presentaron desviaciones significativas del equilibrio de Hardy-Weinberg. Los loci AT07, AT13, AT14 fueron los únicos que se encontraron en equilibrio. Sin embargo bajo el modelo de máxima varianza o heterocigosidad los loci se encuentran en EHW. Ninguno de los loci evaluados se encontró ligado a otro.

El factor que parece explicar mejor el déficit de heterocigotos aparente en la piangua podría ser la presencia de alelos nulos. La presencia de alelos nulos se infiere a nivel poblacional cuando se observa que las frecuencia de heterocigotos es menor que la esperada en el equilibrio Hardy-Weinberg (McGoldrick et al 2000). El programa Micro-Checker indicó la presencia de alelos nulos en todos los loci pero en menor frecuencia en AT07, AT13 y AT14, siendo estos últimos los que se encuentran en EHW. En los otros loci la presencia de alelos nulos es evidente dado que no amplificaron en algunos individuos. Además de los alelos nulos, otra posible causa del déficit de heterocigotos en el presente estudio podría ser el efecto de muestreo aleatorio de alelos debido al número pequeño de individuos que se obtuvo para algunas localidades, respecto a la diversidad encontrada de alelos (Tabla 1). Por ejemplo, en

los loci microsatélites AT01 y AT11 el número de alelos fue casi igual al número total de individuos en algunas localidades.

En todos los estimadores de diferenciación genética global calculados se obtuvo valores similares, incluso con y sin la corrección ENA para alelos nulos: $F_{ST} = 0.0012$, $G^*_{ST} = 0.0068$, $D_{jost} = 0$, $F_{ST}(\text{con ENA}) = -0.001051$, y $F_{ST}(\text{No ENA}) = -0.003052$ (Tabla 7). Lo mismo se obtuvo en los estimadores de diferenciación genética por parejas de poblaciones. Estos resultados concuerdan con lo reportado por Chapuis y Estoup (2006), quienes a partir de datos simulados mostraron que en ausencia de estructura genética poblacional el F_{ST} no está sesgado. En estos estimadores valores muy cercanos o iguales a cero significa ausencia de estructuración genética poblacional. Por lo tanto, este resultado sugiere que en la costa Pacífica de Colombia las poblaciones de *Anadara tuberculosa* no están estructuradas genéticamente. Es decir, no se encontró evidencia de diferenciación genética significativa entre las localidades muestreadas. La ausencia de estructura también fue confirmada con los resultados del programa STRUCTURE, donde el número más probable de poblaciones en las muestras analizadas fue igual a 1 ($K=1$) y todos los organismos analizados fueron asignados a una sola población.

Si la presencia de alelos nulos hace parte de la estrategia evolutiva de estos bivalvos, se podría pensar que, bajo el modelo de alelos infinitos, mantienen altas heterocigocidades sin desequilibrio de ligamiento y equilibrio Hardy-Weinberg. Entonces, estimando la frecuencia de los alelos nulos como si estos fueran recesivos en todos los loci y probando la hipótesis anterior, las frecuencias observadas se ajustaron al equilibrio Hardy-Weinberg, como es de esperarse para este marcador molecular neutral, para cada región y la población total. Esto significa que cada una de las regiones es una muestra representativa de lo que ocurre en la población total. Por lo tanto, se considera que a la fecha del muestreo, aún existía alta conectividad entre regiones y no se visualizó interrupción del flujo génico entre ellas ($F_{st} < 0.05$). Los análisis poblacionales bajo esta hipótesis, siguen siendo consistentes con lo hallado con otros estimadores, es decir, sin evidencia de estructura poblacional. Por otro lado, estos resultados podrían explicarse bajo el modelo "balance entre selección natural a favor de los heterocigotos y deriva génica", dando como resultado un equilibrio aparente. Por estas razones, se propone la hipótesis de máxima heterocigosidad o varianza para las poblaciones de *Anadara tuberculosa*, es decir que esta especie puede tener como estrategia mantener la mayor

heterocigosidad posible y con ello mayor plasticidad fenotípica del adulto.

Para enmarcar estos resultados en un contexto biológico es necesario revisar la biología de la especie y las condiciones oceanográficas en la cuenca Pacífica de Colombia. La piangua presenta un ciclo de vida dual, con una etapa adulta bentónica y una etapa larval pelágica dispersiva, como la mayoría de las especies de moluscos bentónicos marinos-costeros. Esta especie presenta una elevada fecundidad y una gran dispersión de sus estadios larvales pelágicos, con una duración de 23 a 31 días en aguas oceánicas. La piangua puede reproducirse durante todo el año pero la época principal de maduración es entre Noviembre y Febrero, aunque esto puede verse afectado por factores como la época de lluvias, la temperatura y la salinidad (Borda y Cruz, 2004b). Sobre el crecimiento de estos organismos, Campos et al. (1990) plantea que *A. tuberculosa* tiene una tasa de crecimiento rápido alcanzando su talla comercial de 18 a 24 meses. Es importante señalar que *A. tuberculosa* madura sexualmente cerca a los 35 mm de longitud que se alcanza aproximadamente a los 24 meses.

A nivel oceanográfico el Océano Pacífico colombiano, al encontrarse dentro de la región de bajas presiones atmosféricas o Concavidad Ecuatorial, se ubica en la zona donde convergen los vientos Alisios de cada hemisferio para formar la Zona de Convergencia Intertropical (ZCIT) (Cantera 1993; Amador et al. 2006). En una escala regional, la circulación, corrientes, clima y productividad en la Cuenca Pacífica colombiana se encuentran modulados principalmente por la variación estacional de la ZCIT, así como por la presencia estacional del jet de Panamá (Forsbergh 1969; Rodríguez-Rubio et al. 2003). De esta forma, durante febrero y marzo cuando la ZCIT se encuentra en su posición más al sur cerca de los 3°N y los vientos del sureste están debilitados (Alisios del sur) y los del noreste fortalecidos (Alisios del Norte), la circulación durante este periodo está controlada por un giro anticiclónico en la zona occidental y un giro ciclónico en la zona oriental (Rodríguez-Rubio et al. 2003; Devis-Morales et al. 2008). Por el contrario, de mayo a noviembre, la ZCIT alcanza su posición más al norte cerca de los 10° de latitud permitiendo una fuerte influencia en la región de los vientos del sureste (Alisios del sur) (Amador et al. 2006). Durante esta época, se observan tanto aguas cálidas (centro) como aguas frías (sur) en la CPC, así como la presencia de un giro anticiclónico entre los 5.5°N y 79.5°W (Rodríguez-Rubio et al. 2003; Devis-Morales et al. 2008). En este sentido, las principales

corrientes superficiales que afectan la CPC son la Corriente Ecuatorial del Norte que se desplaza hacia el oeste a los 12°N; la Contracorriente Ecuatorial que se desplaza entre los 4°N y los 11°N, y presenta su mayor intensidad de mayo a diciembre; y la Corriente de Humboldt que presenta su mayor intensidad entre julio y septiembre, época durante la cual aguas frías y productivas llegan a la parte sur de la CPC (Cantera 1993; CCCP 2002). Otra característica importante de la CPC es la Corriente de Colombia, la cual se manifiesta entre Cabo Manglares (al norte) y Punta Coco (al sur) presentando una dirección norte-noreste (Cantera 1993). La velocidad de esta corriente es mayor de diciembre a abril (150 cm seg-1), disminuyendo a 50 cm seg-1 entre mayo y junio (Cantera 1993).

De esto se podría inferir que el cambio en la dirección del patrón de corrientes en la cuenca del Pacífico colombiano, de ciclónico entre febrero y marzo a anticiclónico de mayo a noviembre, podría facilitar la dispersión de larvas de piangua de norte a sur y de sur a norte a lo largo de la costa dependiendo de la época del año. Bajo estas condiciones oceanográficas y teniendo en cuenta que la piangua se reproduce durante todo el año, presenta una alta fecundidad y un estadio larval pelágico de hasta 31 días, es consecuente observar un efecto de homogenización genética en las poblaciones de *Anadara tuberculosa*. Esto concuerda con el alto número de alelos por locus y con el modelo de heterocigosidad máxima. Al igual que los valores cercanos a cero obtenidos en los estimadores de diferenciación genética global y por parejas de poblaciones calculados en el presente estudio. La ausencia de evidencia genética que indique estructuración poblacional sugiere que las poblaciones naturales de *Anadara tuberculosa* del Pacífico colombiano se comportan como una sola unidad genética poblacional. Sin embargo, es importante tomar este resultado como una hipótesis de trabajo. Hay que considerar que este estudio fue realizado con base en el análisis de un número pequeño de muestras (152 en total) usando un número aceptable de loci microsatélites (8). Además hay que considerar que es probable que se presente estructuración genética entre localidades que no fueron muestreadas en el presente estudio. En consecuencia, para estudios posteriores se sugiere aumentar el número de muestras de cada localidad a un mínimo de 100 individuos (Ruzzante 1998), incrementar el número de loci microsatélites, y muestrear más localidades. Igualmente es importante replicar este estudio en un futuro cercano, para evaluar si el patrón genético observado en 2009 se mantiene a nivel espacial y temporal en el Pacífico colombiano. Un



monitoreo temporal de la piangua permitiría efectuar un seguimiento más detallado del estado genético de las poblaciones naturales con el incremento de la presión pesquera y bajo condiciones ambientales cambiantes. Se sugiere replicar este estudio mínimo cada 2 años para incluir al menos una cohorte. De este modo con el uso de herramientas genéticas se puede monitorear el estado genético de las poblaciones naturales de piangua para tomar mejores medidas en cuanto a la conservación de este recurso que reviste gran importancia comercial y alimentaria para los pobladores del Pacífico de Colombia.

3. Productos:

Tabla No. 1. **Cantidad y tipo de productos pactados en el Acta de Trabajo y Compromiso y productos finalmente presentados**

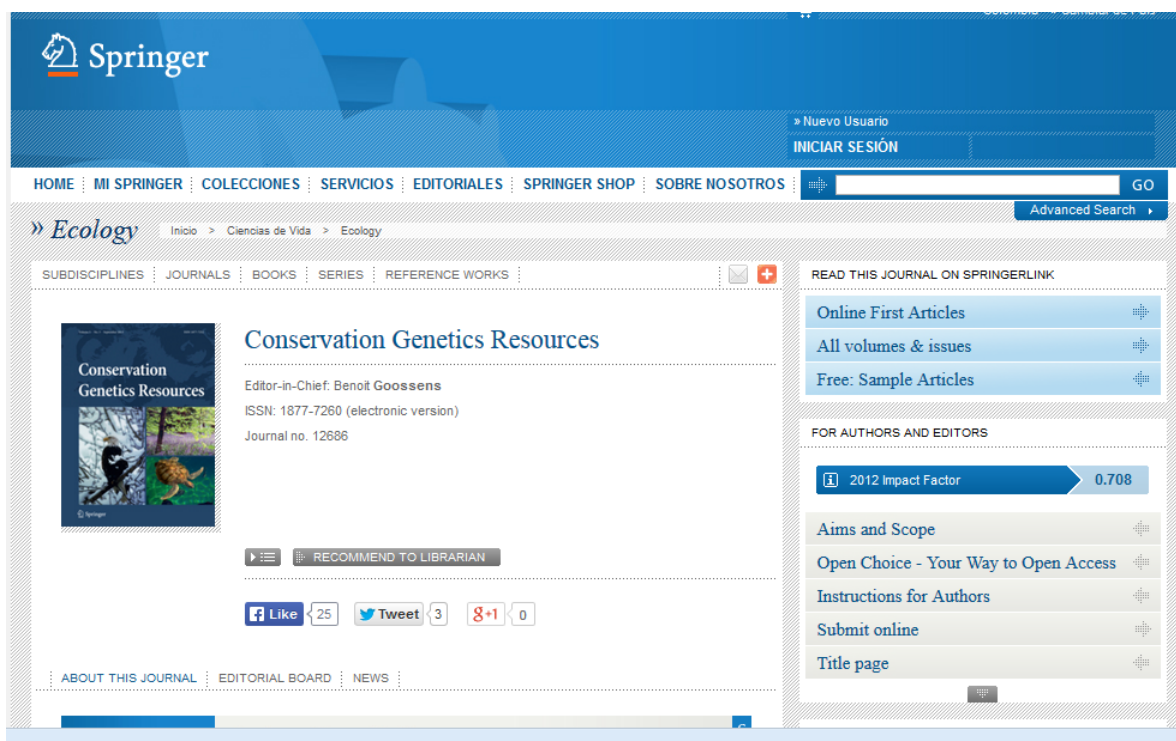
TIPO DE PRODUCTOS	No. de PRODUCTOS PACTADOS		No. de PRODUCTOS PRESENTADOS	
Productos de nuevos conocimientos				
Artículo completo publicado en revistas A1 o A2				
Artículo completo publicados en revistas B	1		1	
Artículo completo publicados en revistas C				
Libros de autor que publiquen resultados de investigación				
Capítulos en libros que publican resultados de investigación				
Productos o procesos tecnológicos patentados o registrados				
☐ Prototipos y patentes				
☐ Software				
Productos o procesos tecnológicos usualmente no patentables o protegidos por secreto industrial				
Normas basadas en resultados de investigación				
Formación de recursos humanos	No. de estudiantes vinculados	No. de tesis	No. De estudiantes Vinculados	No. De tesis
Estudiantes de pregrado	3	2	3	2
Semillero de Investigación				
Estudiantes de maestría				
Estudiantes de doctorado	1		1	
Productos de divulgación				
Publicaciones en revistas no indexadas				



TIPO DE PRODUCTOS	No. de PRODUCTOS PACTADOS		No. de PRODUCTOS PRESENTADOS	
	No. de ponencias nacionales	No. de ponencias internacionales	No. de ponencias nacionales	No. de ponencias internacionales
Ponencias presentadas en eventos (congresos, seminarios, coloquios, foros)				
Congreso	1		1	
Propuesta de investigación				
Propuestas presentadas en convocatorias externas para búsqueda de financiación.	1		1	

Tabla No. 2. Detalle de productos.

Tipo de producto:	Artículo
Nombre General:	Conservation Genetic Resources
Nombre Particular:	Characterization of eight polymorphic microsatellite loci for the vulnerable pustulose ark <i>Anadara tuberculosa</i> (Bivalvia:Arcidae) using high-throughput sequencing
Ciudad y fechas:	En proceso
Participantes:	Fanny L. González-Zapata, Suany Quesada, Ángela P. Fuentes-Pardo, Heiber Cárdenas Henao, Giomar Borrero, Jaime Ricardo Cantera-Kintz
Sitio de información:	Bases de datos online de revistas
Formas organizativas:	Ecología de Estuarios y Manglares, ECOMANGLARES Grupo de Estudios Ecogenéticos y de Biología Molecular INVEMAR



Characterization of eight polymorphic microsatellite loci for the vulnerable pustulose ark *Anadara tuberculosa* (Bivalvia:Arcidae) using high-throughput sequencing

Fanny L. González-Zapata¹, Suany Quesada¹, Ángela P. Fuentes-Pardo^{1,2}, Heiber Cárdenas Henao¹, Giomar Borrero³, Jaime Ricardo Cantera-Kintz¹

¹Grupo de Investigación en Ecología de Estuarios y Manglares (ECOMANGLARES), Departamento de Biología – Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle, Calle 13#100-00 edificio 320 4to piso Biología Marina, Cali, COLOMBIA

²Ruzzante Lab, Department of Biology, Faculty of Science, Dalhousie University, 1355 Oxford street, Halifax, CANADA

³ Museo de Historia Natural Marina de Colombia, Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras 'Benito Vives de Andreis' INVEMAR, Santa Marta D.T.C.H., Calle 25 No. 2-55, Playa Salguero, COLOMBIA.

Abstract

Eight polymorphic microsatellite loci were characterized in *Anadara tuberculosa*. Variability of these loci was screened in 45 individuals from the Colombian Pacific coast. We found 10-36 alleles per locus, observed heterozygosity ranged from 0.225 to 0.689, and expected heterozygosity from 0.637 to 0.961. These new microsatellite markers will be useful for conservation purposes.

Keywords *Anadara*, microsatellite, high-throughput sequencing.

Anadara tuberculosa is a marine bivalve distributed along the American Pacific coast, from Baja California to Peru, which maintains an important artisanal fishery. It inhabits muddy substrate in mangrove forests and has dispersive larvae. Wild populations are declining probably due to overexploitation (MacKenzie 2001). Management strategies are under development, however, the connectivity among populations and its genome remain poorly investigated. Here we described 8 microsatellite markers for further studies on population genetics.

We extracted genomic DNA from ~25 mg of foot tissue using the DNeasy QIAGEN Kit. DNA of one individual was used for microsatellite isolation. DNA was randomly sheared using Covaris S220. Library preparation used the standard Illumina TruSeq DNA Library Kit. Library fragments were selected for ~300-600bp. High-throughput paired-end sequencing was performed in a HiSeq (100-cycles). The resulting ~5 million reads were screened for presence of microsatellite motifs using PAL_FINDER_v0.02.03 (Castoe et al. 2012). Retained reads were run in Primer3_ver.2.0.0 for primer design.

We tested primer pairs of 20 putative tetra-nucleotide microsatellite loci showing 1-2

occurrences in the total reads. PCR amplification and allele variability were assessed in 15 individuals. PCR amplifications were performed in multiplex panels in a final volume of 5µl using 2.5µl of 2x QIAGEN Multiplex PCR kit Master Mix, 0.2µM of each fluorescent labeled primer (6FAM, VIC, PET or NED; Applied Biosystems), and 20-30ng of DNA template. PCR cycling conditions were: initial denaturation 94°C for 15 min, 30 cycles of 94°C 30 s, 58°C 90 s and 72°C 30 s, final extension of 72°C 30 min. PCR reactions were performed in a Veriti® Thermal Cycler (Applied Biosystems). PCR products were analysed in an ABI-3130 Sequencer with GeneScan™ LIZ-500 ladder (Applied Biosystems). Allele sizes were determined using GeneMapper ver.3.7 (Applied Biosystems). 10% of the total individuals were re-amplified and genotyped to verify allele repeatability in each PCR multiplex. Some PCR products were sequenced to verify its repeat motif.

Eight primer pairs amplified successfully, showing 1-2 bands and allele variability. The other 12 pairs were discarded due to occurrence of PCR products with unexpected size or genotyping difficulties. We assessed level of polymorphism of the retained loci in 45 specimens from 9 locations of the Pacific coast of Colombia. Characteristics of these loci are in Table 1. We used GenAIEx_v6.4 (Peakall and Smouse 2012) to estimate number of alleles per locus (na) and observed and expected heterozygosity (HO and HE). The number of alleles ranged from 10-36, and observed and expected heterozygosity ranged from 0.225-0.689 and 0.637-0.961, respectively. Tests of deviations from Hardy-Weinberg Equilibrium (HWE) and linkage disequilibrium were performed in GENEPOP_v4.0 (Rousset 2008). No linkage disequilibrium was detected for any of the 28 paired loci comparisons. After Bonferroni correction for multiple comparisons (8, $\alpha=0.006$), five out of eight loci showed significant deviations from HWE. These departures may be caused by heterozygote deficiency probably due to null alleles. Loci AT01, AT11 and AT10 did not amplify in some individuals, which suggests presence of null alleles. Null alleles have been observed in other bivalves (McGoldrick et al. 2000). In 11% of the individuals, locus AT13 showed 3 alleles. Further studies are required to verify whether this allele is a result of amplification of duplicated loci or aneuploidy.

The novel markers described here will be useful to monitor genetic diversity and population structuring in *Anadara tuberculosa*. We expect this information will contribute to management plans for this vulnerable species with commercial value.

Acknowledgments

Study funded by the Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad del Valle, Colombia. Thanks to the INVEMAR for providing tissues, and to professors Guillermo Barreto and Nelson Toro.

Table 1. Characteristics of the eight microsatellite loci developed for *Anadara tuberculosa*.

Locus	Primer sequence (5'-3')	Repeat motif	Size Range (bp)	n_a	H_o	H_E	HWE Pvalue
AT01	F:(6-FAM)-TTCAGAGCAAAGATCGAAATCC R:AAACAGTTAATTGTGATACATCAGTACG	(ATTTT)(ATTTT)	109-206	36	0.595	0.961	0.0188
AT07	F:(VIC)-TGGGTATTTAGAAGGCAACCG R:GTGTACTTGAATCATATCATGAAACCG	AAAT	164-200	10	0.667	0.746	0.1566
AT11	F:(PET)-AAACTCAGGCGTGTGATGG R:AAGTAAATATTGTACCTTCGTAAAGAGG	ATCT	85-280	27	0.389	0.952	0.0000*
AT10	F:(NED)-TGTCTGTGAATGGCCAAAGC R:CAACAAATATGGCACTAATAAATCACC	GATA	121-179	14	0.225	0.914	0.0000*
AT14	F:(6-FAM)-TCTCGAAATGTCAAATACAGGG R:CAATTCTAATATTCTTCATTGAGAAGGG	ATCT	271-339	15	0.689	0.850	0.0102
AT13	F:(VIC)-TTCACATCAAAACAGTTGGC R:AAACTCCAGACTGAAGACCCG	AATC	269-492	22	0.500	0.637	0.0000*
AT05	F:(NED)-TCACGCAGTCACACAACACC R:ATACCACTTTAATAAGAGCCTTACTTGC	AAGT	130-322	18	0.267	0.821	0.0000*
AT16	F:(VIC)-AAGTGGTATGACCTTGACTGTAGACC R:TTGAAGGCGCTCATACATCC	ATCT	169-237	15	0.578	0.903	0.0000*

n_a number of alleles; H_o observed heterozygosity; H_E expected heterozygosity. * Locus showing significant deviation from HWE after Bonferroni correction (8 comparisons; significance threshold=0.006).

References

Castoe TA, Poole AW, de Koning APJ, Jones KL, Tomback DF, Oyler-McCance SJ, Fike JA, Lance SL, Streicher JW, Smith EN, Pollack DD (2012) Rapid microsatellite identification from Illumina paired-end genomic sequencing in two birds and a snake. PLoS ONE 7(2):e30953.

MacKenzie, L. Jr. 2001. The fisheries for Mangrove Cockles, *Anadara* spp., from Mexico to Perú, With Descriptions of Their Habitats and Biology, The Fishermen's Lives, and the Effects of Shrimp Farming. Marine Fisheries Review 63 (1): 1 -39.

McGoldrick, D. J., D. Hedgecock, L. J. English, P. Baoprasertkul and R. Ward. 2000. The transmission of microsatellite alleles in Australian and North American stocks of the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*): selection and null alleles. J. Shellfish Res. 19:779–786.

Peakall, R. & P. E. Smouse. 2012. GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. Bioinformatics 28, 2537-2539.

Rousset, F., 2008. Genepop'007: a complete reimplementations of the Genepop software for Windows and Linux. Mol. Ecol. Resources 8: 103-106.

Tipo de producto:	Tesis
Nombre General:	Tesis pregrado Biología
Nombre Particular:	Evaluación del polimorfismo de microsatélites aislados <i>de novo</i> en <i>Anadara tuberculosa</i> (Mollusca: Arcidae)
Ciudad y fechas:	Cali, febrero 2014
Participantes:	Suany Quesada
Sitio de información:	Biblioteca Central
Formas organizativas:	Ecología de Estuarios y Manglares, ECOMANGLARES Grupo de Estudios Ecogenéticos y de Biología Molecular

EVALUACIÓN DEL POLIMORFISMO DE MICROSATÉLITES AISLADOS *de novo* EN *Anadara tuberculosa* (MOLLUSCA: ARCIDAE)

Anadara tuberculosa (Sowerby, 1833) conocida en Colombia como “piangua”. Habita pantanos de manglares asociados al mangle rojo (*R. mangle*) en la zona intermareal. Soporta la principal pesquería artesanal de moluscos en la costa Pacífica del continente Americano, desde Baja California hasta Perú. En Colombia, presenta disminución de sus poblaciones naturales, debido a diferentes factores por lo que se encuentra catalogada bajo amenaza (Vulnerable A2d), esto plantea una problemática ya que aproximadamente 30000 familias dependen de este recurso. Por ello, es necesario desarrollar estrategias de conservación y/o restauración de las poblaciones, empleando estudios de genética poblacional. Los microsatélites son marcadores adecuados para este tipo de investigaciones, son codominantes y discriminan los individuos heterocigotos de los homocigotos, ofreciendo mayor precisión en la estimación de parámetros poblacionales. Para esto, se extrajo ADN del pie del molusco, se realizó un análisis de calidad y cantidad de ADN comparando dos protocolos, el cual reveló que el estuche de extracción Qiagen se ajusta mejor a esas características. El análisis de microsatélites aislados *de novo* se llevó a cabo con la estandarización en geles de poliacrilamida y de electroforesis capilar. Se obtuvieron 11 loci microsatélites con un porcentaje de polimorfismo del 100%, un número de alelos entre 8 y 25, una heterocigosidad esperada y observada en un rango de 0,734 a 0,934 y 0,115 a 0,700, respectivamente. Por primera vez, se desarrollaron marcadores microsatélites exclusivos y confiables, y un protocolo de PCR múltiplex útil en estudios poblacionales en este bivalvo.

Palabras clave: genética poblacional, microsatélites, extracción de ADN, genética de la conservación, *Anadara tuberculosa*, manglares.



Constancia trabajo de grado Suany Quesada



LA SUSCRITA DIRECTORA DEL PROGRAMA
ACADEMICO DE BIOLOGIA
HACE CONSTAR
QUE:

La Señorita SUANY MARDORY QUESADA CALDERON identificada con Cédula de Ciudadanía 1'144.154.139 de Cali (V.), código estudiantil 0840408, estudió en esta institución, como **alumna regular** del Programa Académico de **BIOLOGIA (3140) JORNADA DIURNA** con registro ICFES No. 120345740007600111100, según Resolución No. 1361 del 20 de Mayo de 2004, se encuentra a paz y salvo académicamente y es candidata a grado para la ceremonia del 13 de Abril de 2014. La estudiante fue dirigida por el **Profesor Jaime Ricardo Cantera**.

Este certificado se expide para ser presentado a: **QUIEN PUEDA INTERESAR.**

Para su validez, este certificado debe llevar la firma y sello de la Directora del Programa.

Dada en Santiago de Cali, a los 22 días del mes de Enero de 2014.



NANCY SORAYA CARREJO G.
Directora
Programa académico de Biología

Tip
pro



Nombre General:	Tesis pregrado Biología
Nombre Particular:	Identificación de microsatélites polimórficos por amplificación cruzada en <i>Anadara similis</i> (Mollusca:Arcidae)
Ciudad y fechas:	En proceso
Participantes:	Julián Gil
Sitio de información:	Biblioteca Central
Formas organizativas:	Ecología de Estuarios y Manglares, ECOMANGLARES Grupo de Estudios Ecogenéticos y de Biología Molecular



**LA SUSCRITA DIRECTORA DEL PROGRAMA
ACADEMICO DE BIOLOGIA**

CERTIFICA QUE:

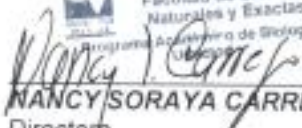
El profesor **JAIME RICARDO CANTERA KINTZ**, con Cédula de Ciudadanía No. 16.607.682, de la Facultad de Ciencias Naturales y Exactas participo como Director del siguiente Trabajo de Grado:

0836520 GIL SAAVEDRA JULIAN ANDRES

TESIS	DIRECTOR	AÑO
IDENTIFICACIÓN DE MARCADORES MICROSATÉLITES POLIMÓRFICOS POR AMPLIFICACIÓN CRUZADA EN <i>ANADARA SIMILIS</i> (MOLLUSCA: ARCIDAE)	JAIME CANTERA KINTZ	2013

Para su validez, este certificado debe llevar la firma y sello del Director del Programa Académico.

Dada en Santiago de Cali, a los 17 días del mes de Febrero de 2014.


UNIVERSIDAD DEL VALLE
Facultad de Ciencias
Naturales y Exactas
Programa Académico de Biología

NANCY SORAYA CARREJO
Directora
Programa Académico de Biología
E-mail: nancy.carrejo@correounivalle.edu.co

Tipo de
producto

Universidad del Valle
Ciudad Universitaria Meléndez - Apartado Aéreo 25360
Teléfono Directo: 331 52 10 - 333 49 21
Fax: 339 24 40 Cali - Colombia



Nombre General:	Memorias del XLVII Congreso Nacional de Ciencias Biológicas
Nombre Particular:	Evaluación de seis sistemas microsatélites cruzados de la piangua (<i>Anadara tuberculosa</i>).
Ciudad y fechas:	Cali, Octubre 2012
Participantes:	Suany Quesada, Fanny González, Jaime Cantera, Ángela Fuentes, Heiber Cárdenas y Giomar Borrero.
Sitio de información:	http://www.asociacioncolombianadecienciasbiologicas.org/revistas-accb/47-memoriascongreso-accb-pdf-2/
Formas organizativas:	Ecología de Estuarios y Manglares, ECOMANGLARES Grupo de Estudios Ecogenéticos y de Biología Molecular INVEMAR

Constancia congreso



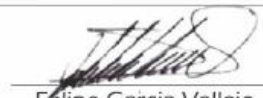
XLVII Congreso Nacional de Ciencias Biológicas

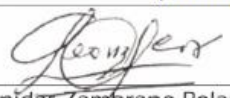
La Asociación Colombiana de Ciencias Biológicas
Certifica que:

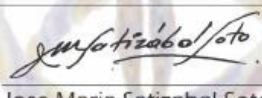
*SUAMY ZUESADA, FANNY GONZÁLEZ, JATME R. CANTERA,
ÁNGELA P. FUENTES PARDO, HEIBER CÁRDENAS HENAO Y
GIOMAR BORRERO*

En el marco del XLVII Congreso Nacional de Ciencias Biológicas "Biología Sistémica Integración del Conocimiento Biológico" que se realizó en la ciudad de Santiago de Cali del 9 de al 13 Octubre del 2012 presentaron el poster EVALUACIÓN DE SEIS SISTEMAS MICROSATÉLITES CRUZADOS DE LA PIANGUA

(*Andara tuberculosa*).


Felipe Garcia Vallejo.
Presidente Junta Directiva Nacional


Leonidas Zambrano Polanco.
Secretario Junta Directiva Nacional


Jose Maria Satizabal Soto.
Presidente 47 Congreso
Nacional Ciencias Biológicas





Carta propuesta convocatoria externa.



Vice-Rectoría de Investigaciones

VRIN – 786-57-2012

Santiago de Cali, 30 de mayo de 2012

Señores

COLCIENCIAS

Carrera 7 B Bis No. 132 – 28

Bogotá

Ref: Convocatoria pública No. 569 de 2012

Respetados señores:

La Universidad del Valle según NIT 890.399.010 avala la presentación del proyecto titulado **"IDENTIFICACIÓN DE STOCKS GENÉTICOS DE LA PIANGUA ANADARA TUBERCULOSA (Sowerby, 1833) (Bivalvia: Arcidae) EN EL PACÍFICO COLOMBIANO: ISUMO PARA LA CONSERVACIÓN Y APROVECHAMIENTO SOSTENIBLE DE ESTE RECURSO EN EL MARCO DEL MANEJO INTEGRADO DE ZONAS COSTERAS"** y registrado en el sistema de gestión integral de proyectos de COLCIENCIAS, en la Convocatoria para la conformación de un banco de proyectos elegibles de CTel.

Para el Desarrollo del proyecto contamos con la experiencia del GRUPO DE ESTUDIOS ECOGÉNÉTICOS Y DE BIOLOGÍA MOLECULAR y del GRUPO DE ESTUARIOS DE MANGLARES, visible en la plataforma Scienti.

Así mismo el suscrito declara que:

- El proyecto referido no se está presentado simultáneamente a otra convocatoria, ni está siendo financiado por ninguna otra fuente.
- En caso de que el proyecto sea objeto de financiación por parte de COLCIENCIAS, La Universidad del Valle se compromete a respaldado con recursos por valor de \$70.000.000 correspondiente 13,32% de su costo total.
- La **Universidad del Valle** se compromete a descargar las horas comprometidas del personal de planta para su dedicación al proyecto si es aprobado para financiación.
- La **Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras - INVERMAR** será quien administrará los recursos del proyecto.

Universidad del Valle
Ciudad Universitaria Meléndez – A.A. 25360
Teléfono: (572) 3212257 – 3315172
Telefax: (572) 3212310
Santiago de Cali - Colombia





EL SUSCRITO DIRECTOR DEL PROYECTO

Conectividad genética de poblaciones naturales de la piangua (*Anadara tuberculosa* y *Andara similis*) en la costa Pacífica colombiana a partir de marcadores moleculares- CI 7867

CERTIFICA QUE:

La estudiante de pregrado del programa académicos de Biología JENNY JOHANNA GALLO FRANDO código 1122973 participó en el proyecto en calidad de monitor de investigación dentro de sus responsabilidades estaba el apoyo en la fase de laboratorio.

Para constancia se firma en Cali a los 24 días del mes de febrero de 2014.

Jaime R. Cantera K.
Director del proyecto
Profesor Titular
Departamento de Biología
Facultad de Ciencias Naturales y Exactas
Universidad del Valle



VICERRECTORÍA DE INVESTIGACIONES
Área Administrativa

SOLICITUD DE VINCULACIÓN DE
ESTUDIANTES

Fecha

Día	Mes	Año
15	8	2012

1. DATOS DEL PROYECTO (Todos los campos son obligatorios)

NOMBRE DEL PROYECTO:	Conectividad genética de poblaciones naturales de la piangua (Anadara tuberculosa y Andara similis) en la costa Pacífica colombiana a partir de marcadores		
Centro de Información:	CI-7867		
Fuente de Financiación:	RUBRO: PERSONAL		
Recursos del Proyecto ☒			
Recursos de Contrapartida ☐	SUBRUBRO:	N/A ☒	

2. DATOS PERSONALES DEL ESTUDIANTE (Todos los campos son obligatorios)

Nombre del estudiante:	Jenny Johana Gallo Franco		
No. de cédula del estudiante:	1.143.851.248		
Código del estudiante:	1122973		
Dirección:	Cra. 10 # 27-30 Industrial los mangos		
Teléfono(s):	4384142		
Email:	jennygallo2@hotmail.com		
Tipo de Vinculación:	NUEVA ☒ MONITORIA ASISTENTE DE INVESTIGACION PRORROGA ☐ ☒ Maestría ☐ Doctorado ☐ ADICIÓN ☐		

3. CRONOGRAMA DE ACTIVIDADES (Todos los campos son obligatorios)

ACTIVIDADES	PERIODO DE VINCULACIÓN		VALOR TOTAL
	INICIO (dd/mm/aaaa)	FINAL (dd/mm/aaaa)	
Apoyo en el laboratorio y actualización de la base de datos del proyecto	03/09/2012	07/12/2012	\$ 550.000,000

OBSERVACIONES:

Interventor y/o supervisor del contrato

Nombre	Jaime R. Cantera K.
Firma	
Cédula No.	16.607.602
E-mail	jaime.cantera@correounivalle.edu.co
Teléfono	3212100 Ext. 3230



F-03-MP-06-02-02
V-03-2011

Elaborado por: Vicerrectoría de Investigaciones
Coordinación Administrativa



EL SUSCRITO DIRECTOR DEL PROYECTO

Conectividad genética de poblaciones naturales de la piangua (*Anadara tuberculosa* y *Andara similis*) en la costa Pacífica colombiana a partir de marcadores moleculares- CI 7867

CERTIFICA QUE:

La bióloga ÁNGELA PATRICA FUESTES PARDO estudiante de doctorado de la Dalhousie University participo en el proyecto desde su planteamiento hasta el análisis de datos.

Para constancia se firma en Cali a los 24 días del mes de febrero de 2014.

Jaime R. Cantera K.
Director del proyecto
Profesor Titular
Departamento de Biología
Facultad de Ciencias Naturales y Exactas
Universidad del Valle

4. Impactos actual o potencial:

Los resultados obtenidos constituyen un avance importante en el uso de técnicas moleculares novedosas que ahora se encuentran al servicio de la ciencia y de la comunidad en todo el mundo, el cual contribuye a la conservación de este bivalvo de gran valor social, económico y cultural para los pobladores de la costa pacífica colombiana, y que actualmente se encuentra en amenaza por sobrepesca. El conocimiento y la experiencia lograda sobre variabilidad y conectividad genética de las poblaciones de piangua en Colombia, constituye un precedente importante y un punto de partida para que se pueda replicar este tipo de estudios en otros países donde se distribuye la especie (desde Baja California hasta Perú). Se espera desarrollar investigaciones futuras enmarcadas en ésta temática, con las cuales se podrá buscar estrategias de manejo conjunto entre países, ya que las divisiones geopolíticas no representan una limitante para que los procesos naturales dispersivos se den. Así, se podrá tener un mayor impacto en la conservación de la especie en todo su rango de distribución.

Se estima que en la medida en que se aporte información desde la base científica al ordenamiento de la pesquería de este molusco, los ingresos económicos de las comunidades piangueras se garantizarán en el marco de un aprovechamiento sostenible, lo que redundará en el mejoramiento de la calidad de vida de aproximadamente 30.000 familias de la costa Pacífica colombiana que obtienen su sustento diario de esta actividad.

Se espera que los resultados del proyecto complementen los estudios en biología y ecología que se tienen de la especie aportando así al conjunto de conocimientos requeridos para poder identificar poblaciones o áreas prioritarias de conservación para la piangua en el Pacífico colombiano. Esta información será de gran valor para establecer políticas de manejo y protección adecuadas para implementar un uso sostenible del recurso, de manera que no se ponga en riesgo su diversidad genética la cual es fundamental para el mantenimiento de las poblaciones naturales a futuro y que no se vean afectados los procesos ecológicos en los que participa ésta especie en el ecosistema estuarino.

Adicionalmente, se consolidó los conocimientos científicos de los estudiantes e investigadores que fueron parte integral del proyecto. Se espera que se conviertan en multiplicadores del



conocimiento, al igual que los docentes vinculados al proyecto lo harán con sus estudiantes, lo cual fortalecerá el desarrollo científico de Colombia en torno a la conservación de la biodiversidad marina.

La presente versión del informe contiene las observaciones de los evaluadores:

Firma del investigador principal

VoBo. Vicedecano de Investigaciones

Se entrega dos informes impresos y en formato digital