

Fecha de presentación del Informe: Día 4 Mes 01 Año 2017

Datos generales del Proyecto

Código del proyecto: 7922			
Título del proyecto: Determinación de la relación génica entre el gen 5S rADN tipo I y tipo II entre peces óseos y cartilaginosos			
Facultad o Instituto Académico: Ciencias Naturales y Exactas			
Departamento o Escuela: Biología			
Grupo (s) de investigación: Grupo de Investigaciones entomológicas			
Investigadores ¹	Nombre	Tiempo asignado	Tiempo dedicado
Investigador Principal	Ranulfo González Obando	5 h/s	5
Coinvestigadores	Heiber Cárdenas Henao	5 h/s	5
	José Sergio Hleap Lozano	5 h/s	5
	Sergio Iván Castro Piedrahita	20 h/s	20
Otros participantes			

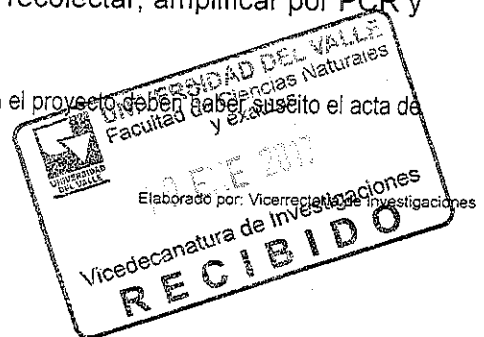
1. Resumen ejecutivo:

Determinar la ortología y paralogía entre genes es un requisito para entender su historia evolutiva y validar las relaciones filogenéticas. El ADN_r 5S es un marcador molecular usado para identificar especies, subespecies, poblaciones, cepas e híbridos y elaborar análisis filogenéticos. Sin embargo, varias investigaciones han detallado la naturaleza compleja del gen, generando controversia en los estudios que lo han utilizado, especialmente en el clado de los peces donde se originaron dos formas en el ancestro común de los vertebrados. Los principales obstáculos para esclarecer las relaciones entre las diferentes formas de ADN_r 5S presentes en los peces se debe a la baja representación y a la calidad de la información. En este estudio, se llevó a cabo un muestreo en las costas colombianas para recolectar, amplificar por PCR y

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.

F-04-MP-06-02-02
V-02-2013

Juan Sebastián Usma - 7 NO
Andrés Felipe Usma - 7 NO
Javier Maldonado ☑ 9-feb-17
Francisco Antonio Villa ☑ 9-feb-17



FORMATO PARA LA ELABORACIÓN DE INFORMES FINALES - PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

VICERRECTORÍA DE INVESTIGACIONES
División de Proyectos

secuenciar por NGS el ADNr 5S en elasmobranchios y así mejorar la resolución de la historia evolutiva del gen en peces. Sin embargo, se encontraron evidencias de que este gen se encuentra bajo un fuerte mecanismo molecular de *birth-and-death*, lo cual ha generado extensas paralogías en el clado de los peces. Por lo tanto, con el fin de resolver las relaciones entre las formas del ADNr 5S entre peces óseos y elasmobranchios, es necesario obtener la información de genes y pseudogenes de este mismo gen.

Determining orthology and paralogy between genes is required to understand its evolutionary history and validate the phylogenetic relationships building therewith. The 5S rDNA is a widely used molecular marker to identify species, subspecies, populations and hybrid strains and for phylogenetic analysis. However, through various studies, the complex nature of the gene has been explored, generating controversy in the studies that used this gene. In the clade of fishes, two forms originated apparently before the common ancestor of vertebrates. The main obstacles to clarify the relationship between different forms of 5S rDNA in fishes are due to the low representation and quality of information (incomplete sequences). In this study, we conducted a sampling in the Colombian coasts to collect, amplified by PCR and sequencing by NGS the 5S rDNA in elasmobranchs and, thus, improve the resolution of the evolutionary history of the gene in fishes. However, we get evidence that this gene is under a strong molecular mechanism of birth-and-death, which has generated extensive paralogy in the clade of fishes. Therefore, in order to resolve the relationships among the forms of 5S rDNA between bone and elasmobranch fishes, it is necessary to obtain information of genes and pseudogenes of this same gene.

2. Síntesis del proyecto:

INTRODUCCIÓN

El 5S rADN transcribe un ARN de 120 pares de bases cuya función se encuentra relacionada con la estructura y el funcionamiento del ribosoma. Varios estudios han acogido este marcador como un gen modelo para estudiar la estructura de los ARN enzimáticos (ribozimas) (Barciszewska *et al.* 2003), la duplicación génica que dio origen a los vertebrados (Pinhal *et al.* 2011) y el proceso de evolución en concierto de los genes repetitivos (Drouin & Moniz de Sá 1995). En peces, este marcador se presenta generalmente en dos formas, denominadas tipo I y tipo II. Sin embargo, la única manera, que existe hasta la fecha, para determinar el tipo es con base a la longitud de la región no transcrita, donde el tipo I es corto, mientras que el tipo II es largo. Este mecanismo muestra deficiencias ya que la región no transcrita presenta una tasa alta de mutación, siendo principalmente la adición y eliminación de nucleótidos los responsables de la variación observada, y por ello, es probable que en algún momento de la historia evolutiva de los clados, la longitud de la región no transcrita se halla intercambiado entre los tipos. Es decir, durante la especiación en el clado, el 5S rADN tipo I pudo haber pasado a ser tipo II por simplemente la adición de nucleótidos. Este proceso puede generar errores al momento de realizar los estudios evolutivos ya que generaría una confusión en la homología y análisis de los tipos de 5S rADN. Además, la situación es aún más compleja ya que se sugiere que el 5S rADN tipo I es ortólogo entre el clado de los peces óseos y el de los cartilaginosos (Pinhal *et al.* 2011).

FORMATO PARA LA ELABORACIÓN DE INFORMES FINALES - PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

VICERRECTORIA DE INVESTIGACIONES
División de Proyectos

Por tanto, el 5S rADN tipo II de cada clado sería parálogo con respecto al otro clado. Esta propuesta se originó de un estudio de agrupamiento filogenético, el cual demostró que varias secuencias de 5S rADN tipo I del clado de los condriictios se agrupaba en el clado de los peces óseos, mientras que el 5S rDNA tipo II de cada clado era independiente del otro (Pinhal *et al.* 2011). Sin embargo, dicho estudio se realizó con 14 especies de condriictios, representantes de solo 4 órdenes, teniendo en cuenta que existen 13 órdenes de condriictios (con 1185 especies reconocidas). Por ello, el objetivo de este estudio fue aumentar el tamaño muestral de secuencias de 5S rADN para el clado de los condriictios y realizar un dendrograma que, junto con las secuencias de 5S rADN reportadas hasta la fecha de peces óseos, refleje, realmente, las relaciones génicas entre los tipos de 5S rADN y entre los dos clados.

OBJETIVOS

- General: Establecer las relaciones génicas del gen 5S rADN tipo I y tipo II entre los peces óseos y condriictios.
- Específicos:
 1. Estandarizar la amplificación por PCR del gen 5S rADN tipo I y tipo II para al menos 5 órdenes diferentes a los ya reportados, donde halla al menos un representante por orden.
 2. Determinar la relación entre los genes 5S rADN tipo I y tipo II entre los peces óseos y peces cartilaginosos por métodos filogenéticos de máxima verosimilitud y *neighbor-joining*.

MATERIALES Y MÉTODOS

Recolección de muestras, aislamiento de ADN y amplificación por PCR del 5S rADN

Se recolectaron 196 individuos de elasmobranquios representando 40 especies, 17 familias y 8 órdenes. Los muestreos se llevaron a cabo en desembarcos artesanales del Pacífico (Buenaventura, Iscuandé), el Atlántico colombiano (Barranquilla - río Magdalena) y en el Atlántico Canadiense (Ciudad de Halifax). El muestreo en Canadá consistió en 6 individuos previamente recolectados por el Bedford Institute of Oceanography y por el departamento Ocean Science de la Dalhousie University. Las muestras fueron almacenadas a -80 °C hasta su posterior extracción de ADN. Del número total de individuos recolectados, se seleccionaron 96 individuos (representando 21 especies) para la estandarización por PCR del marcador 5S rADN. La extracción de ADN de las 96 muestras se realizó con el kit Genomic DNA Isolation (NorGen) siguiendo las instrucciones del manual. En el proceso de amplificación por PCR, se utilizaron los cebadores 5'-GAGACYGCCTGGGAAAC-3' (5SF-Elasmo1) y 5'-CCAAGTACTAACGAGGCC-3' (5SR-Elasmo1) diseñados en este estudio usando como base 190 secuencias de 5S rADN de elasmobranquios reportadas hasta la fecha en el GenBank (www.ncbi.nlm.nih.gov). La concentración de los reactivos para el proceso de la PCR fueron 1X para el Taq Buffer, 200 uM de dNTP's, 0.5 uM de cada cebador, 1.5 U de Taq polimerasa (HotStarTaq DNA Polymerase, Qiagen).

FORMATO PARA LA ELABORACIÓN DE INFORMES FINALES - PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

VICERRECTORIA DE INVESTIGACIONES
División de Proyectos

Se utilizó 2 uL de la muestra *stock* de ADN de cada individuo. Los resultados de la PCR se visualizaron en un gel de agarosa al 1% con tinción de bromuro de etidio visualizados bajo luz ultravioleta. La purificación de los amplificadores se llevó a cabo usando el kit QIAquick PCR purification (Qiagen) cuando el revelado por electroforesis mostró una banda, y con el kit QIAEX II Gel Extraction (Qiagen) cuando el revelado por electroforesis presentó dos o más bandas amplificadas.

Secuenciación por NGS

Las bandas del marcador 5S rADN amplificadas por PCR fueron cuantificadas con un Qubit Fluorometric Quantitation y diluidas hasta contener la concentración requerida por el kit Nextera-XT DNA (Illumina). La secuenciación se llevó a cabo, junto a otros marcadores amplificadas, en un MiSeq (Illumina) usando el kit Nextera-XT DNA siguiendo las instrucciones del manual. El proceso generó 4 Gb de datos de lecturas pareadas entre las 96 muestras secuenciadas. Se realizó un proceso de pre-análisis de la calidad de ensamblaje usando el submódulo *preqc* del software String Graph Assembler (SGA). Con el pre-análisis se concluyó que, en general, las 96 secuencias deben ser ensambladas con un valor k-mer menor a 12 para tener una cobertura óptima al momento de generar el *scaffold*. Por lo tanto, todas las 96 secuencias fueron ensambladas usando un valor k-mer de 10. Otros parámetros empleados en el proceso fueron: *sobreposición* = 8 (se usa en solo *sobreposiciones* de 8 como valor mínimo), *pares* para formar un *scaffold* = 2 (solo se requieren dos *contig* para formar un *scaffold*), *longitud del contig* = 20 (la longitud mínima del *contig* para ser incluido en un *scaffold*).

En este estudio, también se incluyeron las secuencias reportadas en el GenBank para peces óseos, contando en total con 12 órdenes. Finalmente, el árbol de Neighbor-Joining se realizó con el software SeaView (Gouy *et al.* 2010) usando el algoritmo Bio-Neighbor-Joining y el método de distancia de Jukes-Cantor bajo 500 réplicas (*bootstrap*). El árbol de máxima verosimilitud fue ejecutado en SeaView bajo el modelo generalizado GTR y usando como árbol inicial el obtenido por el proceso de *neighbor joining* bajo 500 réplicas.

RESULTADOS

En este trabajo se logró la amplificación del 5S rADN en 83 individuos (ind.) representando 6 órdenes (Myliobatiformes: *Urotrygon rogersi* (39 ind.), *Urotrygon* sp. (1 ind.), *Urotrygon aspidura* (4 ind.), *Aetobatus narinari* (1 ind.), *Potamotrygon magdalenae* (2 ind.), *Dasyatis longa* (5 ind.); Lamniformes: *Isurus oxyrinchus* (1 ind.), *Lamna nasus* (2 ind.); Carcharhiniformes: *Sphyrna corona* (4 ind.), *Sphyrna tiburo* (3 ind.), *Mustelus lununatus* (3 ind.), *Mustelus* sp. (2 ind.), *Carcharhinus porosus* (4 ind.), *Galeocerdo cuvier* (1 ind.), *Prionace glauca* (1 ind.); Squaliformes: *Squalus acanthias* (1 ind.); Torpediniformes: *Narcine leoparda* (3 ind.); Rajiformes: *Rhinobatos leucorhynchus* (1 ind.), *Zapteryx Xyster* (3 ind.)). Las amplificaciones observadas en el gel de agarosa mostraron que no todos los individuos amplificaron dos bandas. Algunos amplificaron una banda y otros más de dos bandas.

**FORMATO PARA LA ELABORACIÓN
DE INFORMES FINALES -
PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN**

VICERRECTORÍA DE INVESTIGACIONES
División de Proyectos

Estos resultados concordaron con los de la secuenciación, donde se observó variación en la región NTS del 5S rADN ya que la adición, eliminación y cambios de bases puede generar amplificadores de diferentes tamaños. Así mismo, se ha reportado que los dos tipos de 5S rADN tienen diferencias en su región transcrita (el lugar donde se adhieren los cebadores). Por lo tanto, es probable que la región transcrita de los individuos estudiados tenga variaciones entre los dos tipos de 5S rADN, generando de este modo la amplificación de un tipo, pero no del otro. Gracias a la secuenciación NGS, se ha podido observar que existen varias formas del transcripto del 5S rADN incluidos pseudogenes y versiones truncadas, con sus respectivas regiones no transcritas.

En el proceso de ML, se hallaron 1520 patrones (de un total de 1686 sitios) y 196 sitios sin polimorfismo (11.63%). El árbol de máxima verosimilitud tuvo, en general, poco soporte en las ramas y se observó una mezcla de los clados, siendo imposible determinar una monofilia (Figura 1). Esto refleja la naturaleza compleja de la evolución del ADNr 5S en peces, donde ha la presencia de pseudogenes y secuencias invertidas de la región transcrita dentro del NTS (Martins *et al.* 2002), la presencia de secuencias parálogas (Sajdak *et al.* 1998), la mezcla de los ADNr 5S tipo I y tipo II dentro del mismo arreglo en tándem (Fernández-Tajes & Méndez, 2009), la posible transferencia horizontal (Merlo *et al.* 2012), su papel como posible transposón (Merlo *et al.* 2013) y la combinación de modelos evolutivos moleculares bajo los cuales se encuentra este gen (Pinhal *et al.* 2011). Así mismo, esta tasa alta de parafilia observada en el árbol filogenético puede ser el reflejo de la extensa paralogia del gen generado por el modelo de evolución molecular de *birth-and-death*, además de la homogenización incompleta de los elementos de cada *cluster* del ADNr 5S.

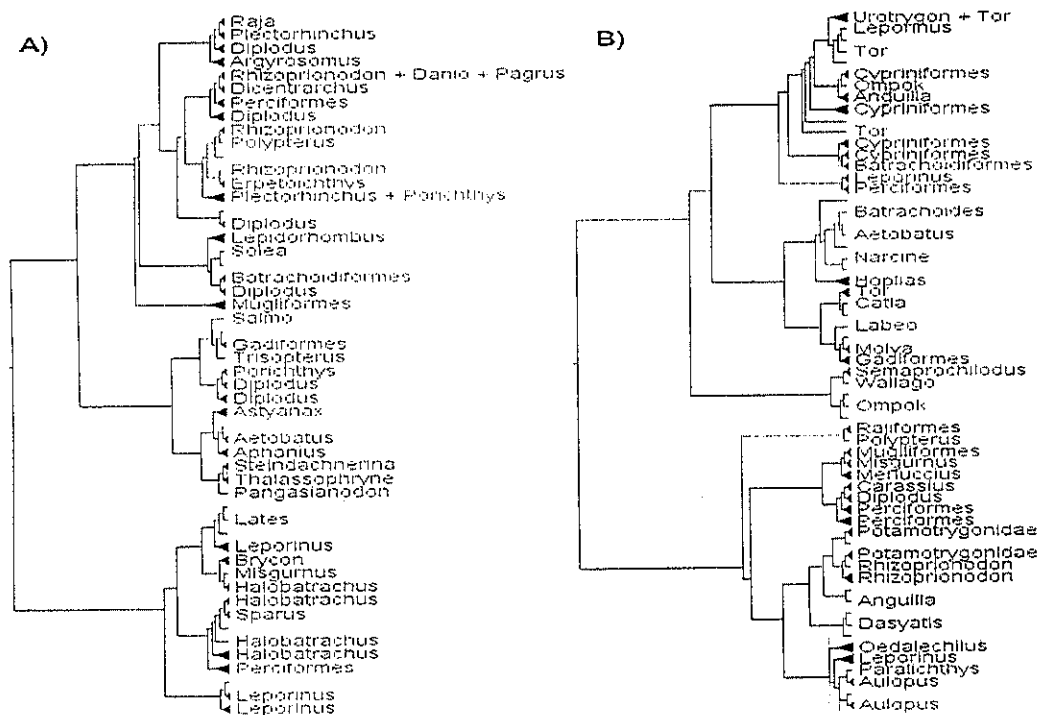


Figura 1: Árbol de máxima verosimilitud del ADNr 5S entre peces óseos y elasmobranchios. A y B son nodos hermanos. Las ramas en rojo se denotan clados donde esta presente elasmobranchios y peces óseos en conjunto.

PRINCIPALES CONCLUSIONES Y/O RECOMENDACIONES

Esta investigación apoya la hipótesis de que la historia evolutiva del ADNr 5S en peces está gobernada por el modelo de evolución molecular *birth-and-death*, lo cual ha generado extensas paralogías a lo largo de la historia evolutiva del gen. Por lo tanto, el establecimiento de la relación entre los ADNr 5S tipo I y tipo II entre peces óseos y cartilaginosos es compleja y es necesario determinar las relaciones dentro de cada clado llevando a cabo secuenciaciones completas de los *cluster* de genes y pseudogenes del ARNr 5S. Así mismo, la secuenciación por NGS ofrece evidencias de que existe más variabilidad en la región del 5S rADN de la reportada previamente. Esta variación pudo generarse por una homogenización incompleta del modelo de evolución concertada que gobierna el gen.

REFERENCIAS

- BARCISZEWSKA, M. Z., WYSZKO, E., BALD, R., ERDMANN, V. A. BARCISZEWSKI, J. 2003. 5S rRNA is a leadzyme. A molecular basis for lead toxicity. J. Biochem. 133: 309 – 315.
- DROUIN, G. & MONIZ de Sá, M. 1995. The concerted evolution of 5S ribosomal genes linked to the repeat units of other multigene families. Mol. Biol. Evol. 12(3): 481 – 493.
- FERNÁNDEZ-TAJES, J. & MÉNDEZ, J. 2009. Two different size classes of 5S rDNA units coexisting in the same tandem array in the razor clam *Ensis macha*: Is this region suitable for phylogeographic studies? Biochem. Genet. 47: 775 – 788.

**FORMATO PARA LA ELABORACIÓN
DE INFORMES FINALES -
PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN**

VICERRECTORIA DE INVESTIGACIONES
División de Proyectos

- GOUY, M., GUINDON, S. & GASCUEL, O. 2010. SeaView version 4: A multiplatform graphical user interface for sequence alignment and phylogenetic tree building. *Mol. Biol. Evol.* 27(2): 221 – 224.
- MARTINS, C., WASKO, A. P., OLIVIERA, C., PORTO-FORESTI, F., PARISE-MALTEMPI, P. P., WRIGHT, J. M. & FORESTI, F. 2002. Dynamics of 5S rDNA in the tilapia (*Oreochromis niloticus*) genome: repeat units, inverted sequences, pseudogenes and chromosome loci. *Cytogenet Genome Res.* 98: 78 – 85.
- MERLO, M. A., CROSS, I., PALAZÓN, J. L., ÚBEDA-MANZANARO, M., SARASQUETE, C. & REBORDINOS, L. 2012. Evidence for 5S rDNA horizontal transfer in the toadfish *Halobatrachus didactylus* (Schneider, 1801) based on the analysis of three multigene families. *BMC Evol. Biol.* 12: 201.
- PINHAL, D., YOSHIMURA, T. S., ARAKI, C. S. & MARTINS, C. 2011. The 5S rDNA family evolves through concerted and birth-and-death evolution in fish genomes: an example from freshwater stingrays. *BMC Evol. Biol.* 11: 151.
- SADJAK, S. L., REED, K. M. & PHILLIPS, R. B. 1998. Intraindividual and interspecies variation in the 5S rDNA of coregonid fish. *J. Mol. Evol.* 46: 680 – 688.

**FORMATO PARA LA ELABORACIÓN
DE INFORMES FINALES -
PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN**

VICERRECTORÍA DE INVESTIGACIONES
División de Proyectos

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	1		1	
Formación de recursos humanos	No. de estudiantes vinculados	No. de tesis	No. De estudiantes Vinculados	No. De tesis
Estudiantes de maestría	1	1	1	1
Productos de divulgación				
Publicaciones en revistas no indexadas				
Ponencias presentadas en eventos (congresos, seminarios, coloquios, foros)	No. de ponencias nacionales	No. de ponencias internacionales	No. de ponencias nacionales	No. de ponencias internacionales
	1	0	2	0
Propuesta de investigación				
Propuestas presentadas en convocatorias externas para búsqueda de financiación.	1		1	

FORMATO PARA LA ELABORACIÓN DE INFORMES FINALES - PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

VICERRECTORÍA DE INVESTIGACIONES
División de Proyectos

Tabla No. 2. Detalle de productos.

Para cada uno de los productos obtenidos y relacionados en la tabla anterior, indique la información solicitada para cada uno, anexando copia de las respectivas constancias. Como anexo a esta guía encontrará el instructivo para la revisión de informes finales y productos.

Tipo de producto:	Artículo (Anexo 1)
Nombre General:	Revista: RNA BIOLOGY. (anexo 2)
Nombre Particular:	Artículo: "Molecular Organization of the 5S rDNA gene type II in Elasmobranchs".
Ciudad y fechas:	
Participantes:	Sergio Iván Castro Piedrahita, José Sergio Hleap Lozano, Heiber Cárdenas Henao, Christian Blouin.
Sitio de información:	http://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/15476286.2015.1100796
Formas organizativas:	1. Sergio Castro Piedrahita, M. Sc. Departamento de Biología, Universidad del Valle. Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular. Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas, Fundación SQUALUS. 2. José Sergio Hleap Lozano, M. Sc, Ph. D. Postdoctoral fellow. McGill University Centre for Molecular and Computational Genomics. 740 Dr Penfield Avenue. Postcode: H3A 0G1. Montreal, Quebec, Canada. Investigador Fundación SQUALUS, Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas, fundación SQUALUS. Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular. 3. Heiber Cárdenas Henao, profesor asociado, Departamento de Biología, Universidad del Valle. Miembro del Grupo de Investigación en Estudios Ecogenéticos y Biología, Universidad del Valle. 4. Christian Blouin. Associate Professor, Faculty of Computer Science, Dalhousie University, 6050 University Avenue, PO BOX 15000, Halifax, NS B3H 4R2, Canada.

FORMATO PARA LA ELABORACIÓN DE INFORMES FINALES - PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

VICERRECTORIA DE INVESTIGACIONES

División de Proyectos

Tipo de producto:	Tesis de Maestría
Nombre General:	"Análisis Molecular y Estructural del ADNr 5S en Peces"
Nombre Particular:	
Ciudad y fechas:	Santiago de Cali, 21 de enero del 2016
Participantes:	Sergio Castro Piedrahita, Sergio Hleap Lozano, Ranulfo González Obando.
Sitio de información:	Biblioteca Central Mario Carvajal, Sede Meléndez, Universidad del Valle.
Formas organizativas:	1. Sergio Castro Piedrahita, M. Sc. Departamento de Biología, Universidad del Valle. Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular. Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas, Fundación SQUALUS. 2. José Sergio Hleap Lozano, M. Sc, Ph. D. Postdoctoral fellow. McGill University Centre for Molecular and Computational Genomics. 740 Dr Penfield Avenue. Postcode: H3A 0G1. Montreal, Quebec, Canada. Investigador Fundación SQUALUS, Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas, fundación SQUALUS. Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular. 3. Ranulfo González Obando, profesor asociado, Departamento de Biología, Universidad del Valle. Director del Grupo de Investigaciones Entomológicas, Departamento de Biología, Universidad del Valle.

FORMATO PARA LA ELABORACIÓN DE INFORMES FINALES - PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

VICERRECTORIA DE INVESTIGACIONES
División de Proyectos

Tipo de producto:	Ponencia (Anexo 3)
Nombre General:	IV encuentro colombiano sobre condriictios
Nombre Particular:	Poster: Diferentes conformaciones en la estructura secundaria del 5S rARN en peces óseos y cartilaginosos"
Ciudad y fechas:	Medellín, 20 al 24 de octubre de 2014
Participantes:	Sergio Iván Castro Piedrahíta, José Hleap Lozano, Heiber Cárdenas Henao,
Sitio de información:	Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas - Fundación Squalus.
Formas organizativas:	1. Sergio Castro Piedrahíta, M. Sc. Departamento de Biología, Universidad del Valle. Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular. Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas, Fundación SQUALUS. 2. José Sergio Hleap Lozano, M. Sc, Ph. D. Postdoctoral fellow. McGill University Centre for Molecular and Computational Genomics. 740 Dr Penfield Avenue. Postcode: H3A 0G1. Montreal, Quebec, Canada. Investigador Fundación SQUALUS, Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas, fundación SQUALUS. Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular. 3. Heiber Cárdenas Henao, profesor asociado, Departamento de Biología, Universidad del Valle. Miembro del Grupo de Investigación en Estudios Ecogenéticos y Biología, Universidad del Valle.

**FORMATO PARA LA ELABORACIÓN
DE INFORMES FINALES -
PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN**

VICERRECTORIA DE INVESTIGACIONES

División de Proyectos

Tipo de producto:	Ponencia (Anexo 4)
Nombre General:	III Congreso Colombiano de Bioinformatica y Biología computacional
Nombre Particular:	RNAtk: Un módulo de python enfocado en analizar la diversidad de estructuras secundarias y terciarias de RNA
Ciudad y fechas:	Medellín, 16 al 18 de septiembre de 2015
Participantes:	Sergio Iván Castro Piedrahita, José Hleap Lozano
Sitio de información:	Universidad de Antioquia (www.ccbcol.co)
Formas organizativas:	1. Sergio Castro Piedrahita, M. Sc. Departamento de Biología, Universidad del Valle. Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular. Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas, Fundación SQUALUS. 2. José Sergio Hleap Lozano, M. Sc, Ph. D. Postdoctoral fellow. McGill University Centre for Molecular and Computational Genomics. 740 Dr Penfield Avenue. Postcode: H3A 0G1. Montreal, Quebec, Canada. Investigador Fundación SQUALUS, Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas, fundación SQUALUS. Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular.

FORMATO PARA LA ELABORACIÓN DE INFORMES FINALES - PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

VICERRECTORÍA DE INVESTIGACIONES
División de Proyectos

Tipo de producto:	Secuencias de ADN (anexo 5)
Nombre General:	Secuenciación por NGS del gen 5S ARNr y mitocondrial en 12 muestras de elasmobranquios
Nombre Particular:	
Ciudad y fechas:	
Participantes:	Sergio Iván Castro, José Hleap Lozano, Heiber Cárdenas Henao, Christian Blouin.
Sitio de información:	
Formas organizativas:	1. Sergio Castro Piedrahíta, M. Sc. Departamento de Biología, Universidad del Valle. Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular. Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas, Fundación SQUALUS. 2. José Sergio Hleap Lozano, M. Sc, Ph. D. Postdoctoral fellow. McGill University Centre for Molecular and Computational Genomics. 740 Dr Penfield Avenue. Postcode: H3A 0G1. Montreal, Quebec, Canada. Investigador Fundación SQUALUS, Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas, fundación SQUALUS. Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular. 3. Heiber Cárdenas Henao, profesor asociado, Departamento de Biología, Universidad del Valle. Miembro del Grupo de Investigación en Estudios Ecogenéticos y Biología, Universidad del Valle. 4. Ranulfo González Obando, profesor asociado, Departamento de Biología, Universidad del Valle. Director del Grupo de Investigaciones Entomológicas, Departamento de Biología, Universidad del Valle.

FORMATO PARA LA ELABORACIÓN DE INFORMES FINALES - PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

VICERRECTORIA DE INVESTIGACIONES
División de Proyectos

Tipo de producto:	Propuestas presentadas en convocatorias externas para búsqueda de financiación Anexo 6.
Nombre General:	Sistemática molecular, tiempos de divergencia y correlación gigantismo-diversidad en Psocidae (Psocodea: 'Psocoptera')
Nombre Particular:	Propuestas presentadas en convocatorias externas para búsqueda de financiación.
Ciudad y fechas:	
Participantes:	Ranulfo González, Heiber Cárdenas Henao, José Hleap Lozano, Sergio Castro y Cristian Román Palacios.
Sitio de información:	SICOP Universidad del Valle
Formas organizativas:	1. Ranulfo González Obando, profesor asociado, Departamento de Biología, Universidad del Valle. Director del Grupo de Investigaciones Entomológicas, Departamento de Biología, Universidad del Valle. 2. Heiber Cárdenas Henao, profesor asociado, Departamento de Biología, Universidad del Valle. Miembro del Grupo de Investigación en Estudios Ecogenéticos y Biología, Universidad del Valle. 3. José Sergio Hleap Lozano, M. Sc, Ph. D. Postdoctoral fellow. McGill University Centre for Molecular and Computational Genomics. 740 Dr Penfield Avenue. Postcode: H3A 0G1. Montreal, Quebec, Canada. Investigador Fundación SQUALUS, Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas, fundación SQUALUS. Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular. 4. Sergio Castro Piedrahita, M. Sc. Departamento de Biología, Universidad del Valle. Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular. Fundación Colombiana para la Investigación y Conservación de Tiburones y Rayas, Fundación SQUALUS. 5. Cristian Román Palacios. Estudiante de doctorado Arizona University, USA. Grupo de Investigaciones Entomológicas.

3. Impacto actual o potencial:

Impacto académico:

Los resultados obtenidos por secuenciación NGS en elasmobranquios demostraron que los estudios realizados hasta la fecha acerca del gen 5S rADN son más simples debido a que solo se analizaron una o dos versiones del 5S rADN, resultado de la secuenciación por el método de Sanger. Se demuestra la necesidad de conocer la diversidad presente en los individuos y que, por lo tanto, se debe realizar este mismo procedimiento en el clado de los peces óseos. Así mismo, se demuestra que los eventos de duplicación de las secuencias de ARN no codificantes son más complejos que lo esperado en los vertebrados basales.

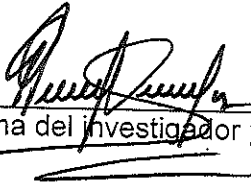
Impacto ambiental:

**FORMATO PARA LA ELABORACIÓN
DE INFORMES FINALES -
PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN**

VICERRECTORIA DE INVESTIGACIONES
División de Proyectos

Como se estipuló en la presentación del proyecto, este trabajo no generó ningún impacto ambiental negativo ya que los individuos recolectados pertenecieron a desembarcos artesanales o a recolectas previas.

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



Firma del investigador principal

VoBo. Vicedecano de Investigaciones

ANEXOS

- Anexo 1. Artículo publicado en la revista RNA BIOLOGY.
- Anexo 2. Constancia de sustentación y aprobación del trabajo de Maestría de Sergio Iván Castro.
- Anexo 3. Constancia de la presentación de la ponencia – modalidad póster: “Diferentes conformaciones en la estructura secundaria del 5S rARN en peces óseos y cartilaginosos” en el IV Encuentro Colombiano sobre Condriictios, organizado por la Fundación SQUALUS, realizado en Medellín del 20 al 24 de octubre de 2014.
- Anexo 4. Constancia de la presentación de la ponencia – modalidad oral: “RNAtk: Un módulo de python enfocado en analizar la diversidad de estructuras secundarias y terciarias de RNA” en el III Congreso Colombiano de Biología Computacional y Bioinformática, realizado en Medellín del 16 al 18 de septiembre de 2015.
- Anexo 5. CD con las secuencias del gen 5S rRNA y mitocondrial obtenidas por Next Generation Sequence (NGS) en 12 muestras de elasmobranquios.
- Anexo 6. Propuesta presentada a convocatoria externa para búsqueda de financiación inscrita en el SICOP.