

Fecha de presentación del Informe: Día Mes Año **1. Datos generales del Proyecto**

Código del proyecto: 71157			
Título del proyecto: Análisis de la huella genómica en la mosca de la fruta <i>Anastrepha obliqua</i> asociada con su condición de insecto polífago			
Facultad o Instituto Académico: Facultad de Ciencias Naturales y Exactas			
Departamento o Escuela: Departamento de Biología			
Grupo (s) de investigación: Grupo de Investigación en Estudios Ecogenéticos y Biología Molecular			
Entidades: Universidad del Valle Universidad Nacional de Colombia – Sede Palmira			
Palabras claves: Estructura genética poblacional, razas de hospedero, RAD-Seq, Tephritidae, adaptación ecológica.			
Investigadores ¹	Nombre	Tiempo asignado	Tiempo dedicado
Investigador Principal	Nelson Toro Perea	7	7
Coinvestigadores	María del Rosario Manzano Martínez	2	2
	Sandra Marcela Velasco Cuervo	10	10
	Elkin Julian Aguirre Ramirez	20	20
Otros participantes			

2. Resumen ejecutivo:

Se espera que describa el proyecto, planteamiento del problema, objetivos, metodología, principales resultados obtenidos y las conclusiones. La extensión debe ser de máximo de 500 palabras (en español y en inglés).

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.

Español

Anastrepha obliqua (Macquart) (Diptera: Tephritidae) es una de las principales plagas de impacto económico en el neotrópico ya que sus larvas se alimentan de una gran diversidad de frutos de interés comercial. Se considera un insecto polífago, por lo que infesta plantas de diferentes familias taxonómicas, demostrando que ésta especie puede colonizar y adaptarse a nuevas plantas hospederas. En Colombia, se ha detectado a *A. obliqua* infestando hospederos nativos como la ciruela y el arazá, y hospederos exóticos como el mango y el carambolo. El cambio a nuevos hospederos pone en alerta la fruticultura en el país, y puede conducir, por ejemplo, a procesos de diversificación lo cual puede llevar a la formación de razas de hospederos, nuevos taxa o complejos de especies. Un número limitado de estudios se han enfocado en entender el efecto que tienen las plantas hospederas en las poblaciones de especies del género *Anastrepha*. Para contribuir con información que permita responder esta pregunta, nosotros usamos la técnica *pooled RAD-seq* para evaluar la diferenciación genómica y estructura poblacional de *A. obliqua* relacionada con tres plantas hospederas: ciruela (*Spondias purpurea*) y mango (*Mangifera indica*) de la familia Anacardiaceae, y carambolo (*Averrhoa carambola*) de la familia Oxalidaceae. Las poblaciones a partir de las cuales se realizó la colecta de individuos de *A. obliqua* eran simpátricas, y se encontraban ubicadas en Valle Interandino del río Cauca en el suroccidente colombiano. Nuestros resultados muestran una diferenciación genómica de las poblaciones procedentes de frutos de carambolo con respecto a las poblaciones de mango y ciruela. También, encontramos que la estructura genética se estableció, principalmente, debido a la geografía, más que a las plantas hospederas. Por otro lado, identificamos un subconjunto de 54 SNPs asociados significativamente con el uso de la planta hospedera. Algunos de estos SNPs se encontraron en secuencias que fueron anotadas a genes relacionados con nueve familias de proteínas, algunas de las cuales están implicadas en la nutrición de estas moscas. Se resalta la importancia de continuar desarrollando trabajos que permitan comprender los procesos adaptativos que han sufrido los insectos fitófagos en el neotrópico, usando como modelo las moscas de la fruta y herramientas moleculares de última generación.

Inglés

Anastrepha obliqua (Macquart) (Diptera: Tephritidae) is an important pest in the neotropical region because the larvae feed of fruits of a diversity of plants with commercial interest. It is considered a polyphagous insect, meaning it infests plants of different taxonomic families, and this species can colonize and adapt to new host plants. In Colombia, *A. obliqua* infests native host plants as red mombin and araza, and no-native host plants as mango and carambola. The change to new hosts puts the fruit growing in the country on alert and can lead, for example, to a diversification process that can lead to the formation of host races. A few studies have focused on understanding the effect of host plants on populations of species of the genus *Anastrepha*. To better understand this issue, we used the pooled RAD-seq to assess genomic differentiation and population structure related to three host plants - *Spondias purpurea* (red mombin) and *Mangifera indica* (mango) of the family Anacardiaceae and *Averrhoa carambola* (carambola) of the family Oxalidaceae. The samples were collected from sympatric populations of *A. obliqua* of Inter-Andean Valley of the Cauca River in southwestern Colombia. Our results show genomic differentiation of populations from carambola compared to mango and red mombin populations. Additionally, we found that the genetic structure was established mainly by geography rather than by the host plant. On the other hand, we identified 54 SNPs significantly associated with the use of the host plant. Some of these SNPs were found in sequences that were annotated to genes belonging to nine protein families, some of which are involved in the nutrition of these flies. Future studies should investigate the adaptive processes undergone by phytophagous insects in the Neotropics, using fruit flies as a model and Next Generation Sequencing technologies.

3. Síntesis del proyecto:

En una extensión máxima de 5 páginas, se debe mostrar el cumplimiento de los objetivos del proyecto y debe incluir:

Tema

Estructura poblacional de la mosca de la fruta *Anastrepha obliqua* asociada a tres plantas hospedadoras en el suroccidente colombiano.

Objetivo general

Determinar si existen diferencias genómicas entre poblaciones de *A. obliqua* asociadas a tres tipos diferentes de plantas hospederas (ciruela – *Spondias purpurea* y mango - *Mangifera indica* de la Familia Anacardiaceae, y carambolo – *Averrhoa carambola* de la Familia Oxalidaceae), y establecer si tales diferencias pueden estar asociadas con procesos de adaptación ecológica en simpatria.

Objetivos específicos

- Establecer la presencia de polimorfismos (diferencias genómicas), entre poblaciones de *A. obliqua* que infestan las tres especies de plantas hospederas (ciruela, mango y carambolo).
- Determinar la estructura genómica de las poblaciones de *A. obliqua* que infestan las tres especies de plantas hospederas.
- Determinar las frecuencias alélicas (alelotipos) y la presencia de polimorfismos privados de las poblaciones de *A. obliqua* que infestan cada una de las plantas hospederas.
- Determinar el posible impacto funcional, a través de la detección de genes candidatos bajo selección, de los SNPs (polimorfismos) encontrados en las poblaciones de *A. obliqua* que infestan las tres plantas hospederas.

Metodología

Recolecta de muestras, extracción, amplificación y secuenciación de ADN

Se colectaron frutos que presentaron signos de infestación, tales como, partes blandas y/u orificios de ovoposición a partir de árboles de mango (*Mangifera indica*) y ciruela (*Spondias purpurea*) de la familia Anacardiaceae, y carambolo (*Averrhoa carambola*) de la familia Oxalidaceae en dos localidades del suroccidente colombiano. En estos sitios de colecta estaban presentes las tres plantas hospederas estudiadas en forma simultánea, por lo que cada muestra estaba formada por individuos de *A. obliqua* obtenidos de cada planta hospedera por cada localidad, para un total de seis poblaciones. Los frutos fueron transportados al Laboratorio de Biología Molecular de la Universidad del Valle y depositados en contenedores plásticos con vermiculita hasta que emergieron los adultos. Los individuos fueron identificados

morfológicamente usando la clave taxonómica de Caraballo (2007), y conservados en etanol al 96% a -20°C hasta la posterior extracción de ADN. El ADN fue extraído a partir de la cabeza y las patas de individuos adultos de *A. obliqua* usando el kit comercial DNeasy Blood and Tissue. La calidad del ADN fue evaluada en un gel de agarosa al 1%. Solo muestras de ADN no degradado fueron procesadas y cuantificadas en un espectrofotómetro NanoDrop ND-1000. Cada una de las muestras fue diluida a 20 ng/μL y se cuantificaron de nuevo para luego ser agrupadas por población. Cada muestra agrupada se cuantificó con un fluorómetro Qubit 4 y se llevó a una concentración final de 20 ng/μL. Para la preparación de la librería RAD-seq y la secuenciación, se contrató el servicio de un proveedor especializado (BGI). Los fragmentos de ADN fueron purificados y secuenciados en la plataforma Illumina HiSeqXTen para generar lecturas de 150 pb con extremos pareados (PE).

Análisis de datos

Para realizar el análisis de datos se usó el pipeline POOLPARTY v.0.8 con algunas modificaciones. Este pipeline utiliza las mejores prácticas en el análisis de datos Pool-seq (Micheletti 2018). Las lecturas fueron recortadas en el extremo 3', usando un nivel de calidad de "Phred" mínimo de 20 y una longitud de lectura mínima de 75 pb con el software BBMAP v.37.93 (Bushnell et al. 2016). Se realizó un ensamblaje *de novo* usando el programa RAINBOW v.2.0.4 (Chong et al. 2012), y la calidad de los contigs generados se evaluó con el programa QUAST v.5.0.2 (Mikheenko et al. 2018). Las lecturas filtradas fueron alineadas nuevamente a los contigs generados usando el algoritmo *bwa mem* del programa BWA v.07.12 (Li et al. 2009). Para caracterizar los patrones de variación a lo largo de todo el genoma, conocer el número de SNPs para cada población e inferir la diversidad nucleotídica (π) y la tasa de mutación poblacional (θ_w) se utilizó el programa POPOOLATION v.1.2.2 (Kofler et al. 2011). La significancia de la diferencia de la diversidad nucleotídica (π) y la tasa de mutación poblacional (θ_w) entre las poblaciones se evaluó mediante un ANOVA de un factor. Posteriormente, para determinar la diferencia entre los patrones de variación genómica de las poblaciones, se realizó una prueba de Tukey en el programa REAL STATISTICS v.6.8 (<http://www.real-statistics.com>).

Para determinar el grado y patrón de la estructura genética poblacional, se estimaron los índices de fijación (F_{st}). Para ello, se realizó un llamado de SNPs con el programa BCFTOOLS

v.1.5 (Li et al. 2011) utilizando un SNPQ de 20, un MAF de 0.05 y un MIDP de 20. Los índices de fijación (F_{st}) para cada comparación pareada fueron calculados en cada uno de los SNP usando el comando '*fst-sliding*' de POPOOLATION2 (Kofler et al. 2011). Para visualizar el patrón de diferenciación poblacional, nosotros realizamos un análisis de coordenadas principales (PCoA) basado en los valores F_{st} pareados promedio con el paquete LABDSV de R (<https://CRAN.R-project.org/package=labds>). Adicionalmente, se construyó un árbol de agrupamiento jerárquico (Gautier et al. 2015) para evaluar las relaciones genéticas entre las seis poblaciones analizadas usando el paquete APE de R (Paradis et al. 2004).

Para identificar los SNPs que están bajo selección usamos tres enfoques. Primero, basado en los valores F_{st} promedio para cada uno de los SNPs, se construyó una curva de distribución y se asumió que aquellos SNPs con valores superiores al valor del percentil 99.9 (0,1%) son posibles candidatos para estar bajo selección divergente (Akey et al. 2010). Segundo, se usó la medida de los estadísticos de diferenciación genético XtX (Gunther et al. 2013). Los valores de diferenciación genética XtX para cada SNP se estimaron basados en el modelo central implementado en el programa BAYPASS v.2.2 (Gautier et al. 2015), con los parámetros por defecto. Luego, realizamos un análisis de datos pseu-observados (POD) con la función R "*simulate_bypass*" disponible en el programa BAYPASS, que simula datos de recuento de alelos, para estimar la distribución posterior predictiva de los estadísticos XtX bajo neutralidad. El percentil 99,9 (0,1%) de esta distribución se utilizó como criterio de decisión para discriminar entre selección y neutralidad en los datos originales (Gautier et al. 2015). Finalmente, los datos se analizaron bajo el modelo de covariable auxiliar (AUX), también implementado en BAYPASS. Se utilizó la regla de Jeffreys para cuantificar la fuerza de la evidencia (aquí a favor de la asociación de un SNP con la covariable) utilizando el criterio de $dB > 20$, como una fuerte evidencia (Gautier et al. 2015).

Para identificar genes candidatos asociados a los SNPs bajo selección encontrados con el modelo AUX y al menos uno de los otros dos métodos, cada una de las secuencias de referencia que presentaron estos SNPs fueron anotadas usando BLAST2GO (Gotz et al. 2008). BLAST2GO se ejecutó con los parámetros predeterminados utilizando una búsqueda blastx contra la base de datos de proteínas de artrópodos y solo considerando los resultados con un valor de corte de 1×10^{-5} . La anotación funcional y ontología genética (GO) también se realizó

en BLAST2GO con los parámetros predeterminados.

Resultados obtenidos

La diversidad nucleotídica promedio (π) y la tasa mutacional poblacional promedio (θ_w) entre las poblaciones analizadas fueron muy similares entre ellas, con una variación de 0,0105 a 0,0108 para el caso de π y de 0,0112 a 0,0117 para el caso de θ_w . Sin embargo, encontramos evidencia de diferencias significativas entre los patrones de variación genómica de las poblaciones, tanto para π como en θ_w . De acuerdo con nuestro análisis, se observaron diferencias, más pronunciadas, entre las poblaciones de *A. obliqua* procedentes de frutos de carambolo con respecto a las poblaciones de mango y ciruela. No encontramos diferencias significativas entre los patrones de variación genética de las poblaciones de *A. obliqua* que infestan mango y ciruela.

El grado de diferenciación genómica fue generalmente bajo (rango de F_{st} : 0,0105 – 0,0162), inclusive, entre las poblaciones de *A. obliqua* procedentes de diferentes especies de plantas hospederas. Sin embargo, observamos un mayor grado de diferenciación genómica de la población de carambolo del norte con respecto a las otras poblaciones, ya que los valores F_{st} promedio pareados, fueron más altos. Este resultado es coherente con las observaciones de diferenciación encontradas en los patrones de variación genética de las poblaciones.

En términos generales, nosotros no observamos una estructura genética asociada a la planta hospedera. El análisis de coordenadas principales y el árbol de agrupamiento jerárquico sugieren un mayor grado de relación genética entre las poblaciones de *A. obliqua* que están en simpatria, compartiendo la misma región geográfica, sea esta la región norte o la del sur del Valle Interandino del río Cauca. Los resultados de este trabajo, en conjunto, pueden sugerir que la geografía sería el factor que estaría modelando la estructura poblacional de la especie *A. obliqua*, más que las plantas hospederas. Sin embargo, nosotros no descartamos la participación de las plantas hospedera en la diferenciación genómica de las poblaciones ya que logramos identificar un subconjunto de SNPs que presentaron diferencias consistentes asociadas a las plantas hospederas.

En este estudio, identificamos 54 SNPs bajo selección que mostraron una diferenciación

significativa asociada con las plantas hospedadoras. Algunos de estos SNP se encontraron en secuencias que se anotaron en genes pertenecientes a nueve familias de proteínas, algunas de las cuales están involucradas en la nutrición de estas moscas. Entre las familias de proteínas anotadas más interesantes, se destaca “MFS transporter superfamily” y “major facilitator superfamily” que están relacionadas con el sistema digestivo de insectos herbívoros y están involucradas en la hidrólisis de sacarosa y absorción de nutrientes. Estas superfamilias de proteínas podrían ser un factor clave que facilite la adaptación y supervivencia de los insectos en respuesta a nuevas dietas. Adicionalmente, se identificó la “Hemocyanin, N-terminal domain superfamily” y “Hemocyanin/hexamerin”, que están relacionadas con el almacenamiento de nutrientes, específicamente aminoácidos, para la síntesis de proteínas en adultos.

Principales conclusiones y/o recomendaciones

En conclusión, presentamos evidencia que apoya el efecto de las plantas hospedadoras en la diferenciación genómica en poblaciones de la especie *A. obliqua*. No podemos decir con certeza que esta especie presente razas hospedadoras. Sin embargo, nuestros resultados apoyan la hipótesis de que la especie *A. obliqua* podría encontrarse en una etapa incipiente de diferenciación poblacional mediada en parte por sus plantas hospedadoras. Nuestros resultados se suman a una lista creciente de posibles ejemplos de divergencia ecológica en curso. Identificamos un pequeño grupo de genes candidatos que podrían estar bajo una selección divergente, producto de la presión mediada por las plantas hospedadoras. Creemos que, en futuras investigaciones, un análisis basado en la secuenciación del genoma completo de individuos de la especie *A. obliqua* nos permitiría detectar regiones genómicas más importantes que apoyan la adaptación de *A. obliqua* a sus plantas hospedadoras. Nuestro estudio es un primer paso para comprender mejor la genómica poblacional de una plaga importante de cultivos frutales, *A. obliqua*.

Literatura citada

- Akey JM, Ruhe AL, Akey DT, Wong AK, Connelly CF, Madeoy J, et al. Tracking footprints of artificial selection in the dog genome. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2010;107(3):1160-5.
- Bushnell B. BBMap short read aligner [Internet]. California: Universidad de California; 2016. Disponible en: <https://sourceforge.net/projects/bbmap/>
- Caraballo J. Diagnósis y clave pictórica para las especies del género *Anastrepha* Schiner, 1868 (Diptera: Tephritidae) de importancia económica en Venezuela. *Entomotropica*. 2007;16(3):157-64.
- Gautier M. Genome-wide scan for adaptive divergence and association with population-specific covariates. *Genetics*. 2015;201(4):1555-79.

- 2013;195(1):205-20.
- Götz S, García-Gómez JM, Terol J, Williams TD, Nagaraj SH, Nueda MJ, et al. High-throughput functional annotation and data mining with the Blast2GO suite. Nucleic Acids Res. 2008;36(10):3420-35.
- Günther T, Coop G. Robust identification of local adaptation from allele frequencies. Genetics.
- Kofler R, Orozco-terWengel P, de Maio N, Pandey RV, Nolte V, Futschik A, et al. Popoolation: a toolbox for population genetic analysis of next generation sequencing data from pooled individuals. PLoS One. 2011;6(1).
- Kofler R, Pandey RV, Schlötterer C. PoPoolation2: identifying differentiation between populations using sequencing of pooled DNA samples (Pool-Seq). Bioinformatics. 2011;27(24):3435-6.
- Chong Z, Ruan J, Wu CI. Rainbow: An integrated tool for efficient clustering and assembling RAD-seq reads. Bioinformatics. 2012;28(21):2732-7.
- Micheletti SJ, Narum SR. Utility of pooled sequencing for association mapping in nonmodel organisms. Mol Ecol Resour. 2018;18(4):825-37.
- Mikheenko A, Prjibelski A, Saveliev V, Antipov D, Gurevich A. Versatile genome assembly evaluation with QUAST-LG. Bioinformatics. 2018;34(13):i142-50.
- Li H, Durbin R. Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. Bioinformatics. 2009;25(14):1754-60.
- Paradis E, Claude J, Strimmer K. APE: Analyses of phylogenetics and evolution in R language. Bioinformatics. 2004;20(2):289-90.

4. Impactos actual o potencial:

Haga una descripción y/o relacione los impactos que tenga el proyecto en los diferentes ámbitos:

Académico (aportes a la docencia, aportes a la formación de recursos humanos)

Investigativo (divulgación de resultados)

Desarrollos futuros

Si posee información acerca de los impactos actuales o potenciales de la investigación, preséntela en máximo una página. Se refiere a los aportes que ofrece en el campo de investigación al que corresponde. Incluye las tecnologías y resultados de IDi que puedan transferirse a los sectores productivos y de servicios, tanto nacionales como internacionales.

Impacto académico. El proyecto tuvo un impacto a nivel académico, a través de la formación en investigación de un estudiante de posgrado en Maestría en Ciencias-Biología.

Impacto investigativo. El impacto investigativo se logró a través de diferentes medios de divulgación. Se realizaron tres ponencias en el Congreso Americano de Moscas de la Fruta 2020, una ponencia oral, un póster y una charla magistral. El comité organizador del congreso nos invitó a participar debido a nuestra experiencia en investigación en genética de moscas de la fruta, por lo que en la charla magistral mostramos la trayectoria de nuestro grupo y los resultados obtenidos desde el 2014 en esta línea de investigación.

Actualmente, la coinvestigadora de este proyecto, Sandra M. Velasco-Cuervo, está finalizando su tesis doctoral, donde el objetivo fue analizar las diferencias en la expresión génica de poblaciones de *A. obliqua* asociadas a la adaptación a tres plantas hospederas. A partir de la investigación realizada por Sandra, se está redactando el segundo artículo científico que será entregado como producto de esta convocatoria.

Los resultados obtenidos a partir de este proyecto de convocatoria interna han mostrado un efecto de las plantas hospederas sobre la estructura poblacional y los mecanismos moleculares puestos en marcha en *A. obliqua* para sobrevivir y alimentarse a partir de diferentes frutos, por ejemplo, mediante la expresión de diferentes genes en cada hospedero. A partir de estos resultados, se han derivado tres nuevos proyectos en esta línea de investigación, con los cuáles se espera formar tres estudiantes de pregrado (actualmente vinculados al grupo).

5. Productos:

NOTA: Dentro de los productos con los que nos comprometimos, estaban dos artículos científicos publicados en revistas indexadas mínimo en categoría B (MinCiencias) o mínimo Q3 (JCR y SJR).

A la fecha, sometimos un artículo científico en la revista *Insect Science* (ISSN: 1744-7917), categoría Q1 en SJR y A1 en MinCiencias. El artículo fue sometido el 28 de enero de 2021, y estamos a la espera de que sea revisado por el equipo editorial, (ver anexo).

El segundo artículo científico está actualmente en redacción. En diciembre de 2020 solicitamos una prórroga del proyecto por seis meses para culminar satisfactoriamente con la entrega de productos. A pesar de la que solicitud de prórroga fue avalada por Vicedecanatura de Investigaciones (Facultad de Ciencias Naturales y Exactas), la Vicerrectoría de Investigaciones, no aprobó esta solicitud. Como expusimos en el Informe Ejecutivo de Avances entregado en diciembre de 2020 y nuevamente en enero de 2021, este artículo, debido a las dificultades ocasionadas por la pandemia y al cierre de la universidad por varios meses, sería (i) redactado durante los meses de diciembre de 2020 y enero de 2021, (ii) enviado a traducir en el mes de febrero de 2021, y (iii) sometido a la revista en el mes de marzo de 2021. Sin embargo, al día de hoy, no hemos podido enviar a traducir el artículo debido a que los recursos de estampillas de

la Universidad del Valle no están disponibles en el momento y por lo tanto este servicio de traducción de la VRIN no está habilitado, todavía. Hablamos con el funcionario Juan Esteban Zuluaga de la VRIN, quien nos comentó que tanto el Servicio de Traducción como los recursos del rubro de Publicaciones, que tenemos disponibles actualmente en el proyecto, (con vigencia hasta junio de 2021), estarán disponibles, solo, hasta finales de febrero o principios de marzo. Dadas estas circunstancias, es probable que tengamos un retraso adicional con este segundo artículo científico. Como expusimos anteriormente, estos no son tiempos normales y por lo tanto todos los procesos, parece se han ralentizado; la traducción se demora, aproximadamente, tres semanas, tras lo cual todos los autores deben hacer una revisión final del documento y finalmente someterlo a la revista.

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 en revista ISI-SCOPUS:	Q1	Q2	Q3	Q4	Q1	Q2	Q3	Q4
			2		1			
Artículo completo publicado en revistas indexadas	A1	A2	B	C	A1	A2	B	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								

TIPO DE PRODUCTOS	No. de PRODUCTOS PACTADOS		No. de PRODUCTOS PRESENTADOS	
	No. de estudiantes vinculados	No. de tesis	No. De estudiantes Vinculados	No. De tesis
Formación de recursos humanos				
Estudiantes de pregrado				
Semillero de Investigación				
Estudiantes de maestría	1	1	1	1
Estudiantes de doctorado				
Joven investigador				
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
Propuesta de investigación	1	1	1	2
Propuestas presentadas en convocatorias externas para búsqueda de financiación.				

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 este formato encontrará el instructivo para la revisión de informes finales y productos

Productos de nuevos conocimientos

Tipo de producto:	Artículo científico en revista ISI-SCOPUS
Nombre General:	Insect Science, ISSN: 1744-7917

Nombre Particular:	Genomic footprint analysis of the fruit fly <i>Anastrepha obliqua</i> associated with its polyphagous nature
Ciudad y fechas:	Sometido: 28 de enero de 2021 (ver anexo)
Participantes:	Elkin J. Aguirre-Ramirez, Sandra M. Velasco-Cuervo y Nelson Toro-Perea
Sitio de información:	Base de datos SCOPUS.* ¹ * ¹ Siempre y cuando sea aceptado para su publicación
Formas organizativas:	Universidad del Valle Grupo de Estudios Ecogenéticos y Biología Molecular

Formación de recursos humanos

Tipo de producto:	Estudiante de Maestría – Tesis de maestría
Nombre General:	Tesis de maestría presentada por el estudiante Elkin Julian Aguirre Ramirez
Nombre Particular:	Análisis de la huella genómica en la mosca de la fruta <i>Anastrepha obliqua</i> asociada con su condición de insecto polífago
Ciudad y fechas:	Cali, Diciembre de 2020 (ver anexo del acta de sustentación)
Participantes:	Elkin J. Aguirre-Ramirez, Sandra M. Velasco-Cuervo y Nelson Toro-Perea
Sitio de información:	Biblioteca Central, Centro de Documentación.
Formas organizativas:	Universidad del Valle Grupo de Estudios Ecogenéticos y Biología Molecular

Productos de divulgación

Tipo de producto:	Ponencias presentadas en eventos (congresos, seminarios, coloquios, foros)
Nombre General:	Presentación Ponencia Magistral en el Congreso Americano de Moscas de la Fruta - 2020
Nombre Particular:	Contribution to understanding of the biology and evolution of fruit flies in the Neotropics using molecular genetic tools
Ciudad y fechas:	2 -7 noviembre de 2020 (ver anexo)
Participantes:	Expositora: Sandra M. Velasco-Cuervo Autores: Sandra M. Velasco-Cuervo; Nelson Toro-Perea

Sitio de información:	Memorias del Congreso Americano de Moscas de la Fruta 2020
Formas organizativas:	Universidad del Valle Grupo de Estudios Ecogenéticos y Biología Molecular

Tipo de producto:	Ponencias presentadas en eventos (congresos, seminarios, coloquios, foros)
Nombre General:	Presentación Ponencia Oral en el Congreso Americano de Moscas de la Fruta - 2020
Nombre Particular:	Population genomics of <i>Anastrepha obliqua</i> associated with its phytophagous status
Ciudad y fechas:	2 -7 noviembre de 2020 (ver anexo)
Participantes:	Expositor: Elkin J. Aguirre-Ramirez Autores: Elkin J. Aguirre-Ramirez; Sandra M. Velasco-Cuervo; Nelson Toro-Perea
Sitio de información:	Memorias del Congreso Americano de Moscas de la Fruta 2020
Formas organizativas:	Universidad del Valle Grupo de Estudios Ecogenéticos y Biología Molecular

Tipo de producto:	Ponencias presentadas en eventos (congresos, seminarios, coloquios, foros)
Nombre General:	Presentación Póster en el Congreso Americano de Moscas de la Fruta - 2020
Nombre Particular:	<i>De novo</i> transcriptome assembly of third instar larvae of the West Indian Fruit Fly <i>Anastrepha obliqua</i> (Diptera: Tephritidae)
Ciudad y fechas:	2 -7 noviembre de 2020 (ver anexo)
Participantes:	Expositor: Sandra M. Velasco-Cuervo Autores: Sandra M. Velasco-Cuervo; Leonardo Galindo-González; Nelson Toro-Perea
Sitio de información:	Memorias del Congreso Americano de Moscas de la Fruta 2020
Formas organizativas:	Universidad del Valle Grupo de Estudios Ecogenéticos y Biología Molecular



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



Nelson Toro-Perea, MSc, PhD

Firma del investigador principal



VoBo. Vicedecano de Investigaciones

*Por favor presente su informe impreso y en formato digital en hoja tamaño carta, letra arial 11,
con espacios de 1 1/2*