

Caracterización de tilapia roja (*Oreochromis* sp.) con marcadores moleculares RAPD

Characterization of the red tilapia *Oreochromis* sp. through molecular markers RAPD

Julieta Torres Jaramillo,¹ Jaime Eduardo Muñoz,¹ Heiber Cárdenas,³ Luz Ángela Álvarez,⁴ y Juan Diego Palacio⁵

^{1,2,4} Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira, Laboratorio de Biología Molecular, ³ Universidad del Valle sección de genética, ⁵ Instituto Humboldt. Para correspondencia: tjulieta@gmail.com

Recibido: 10.06.09 Aceptado: 08.04.10

Resumen

Se utilizó la técnica RAPD (amplificación al azar de ADN polimórfico) para el estudio de la diversidad genética de *Oreochromis* sp. (tilapia roja) en cinco piscícolas del Valle del Cauca (Colombia) y en la determinación del nivel de introgresión de las especies parentales *Oreochromis mosambicus*, *O. niloticus* y *O. aureus*. Se evaluaron 25 cebadores, ocho fueron polimórficos y se obtuvieron 109 bandas. Los valores de heterocigosidad esperada (0.196 a 0.256) y la estructura genética ($G_{st} = 0.22$) para *Oreochromis* sp. indicaron un elevado grado de polimorfismo y alta estructuración genética. Estos resultados fueron consistente con el $\Phi_{st} = 0.268$ ($P < 0.0001$) dado por el Amova y el $G_{st} = 0.040$ del análisis de correspondencia múltiple. Los valores de similitud genética, el análisis de grupo, el análisis de correspondencia múltiple y el nivel de introgresión, indicaron diferencias significativas ($P \leq 0.0001$) en los niveles de introgresión. El bajo nivel de diferenciación genética entre poblaciones podría ser el resultado de peces con el mismo origen genético y la alta variación dentro de poblaciones se puede presentar por prácticas de manejo. La introgresión entre piscícolas es significativa para *O. aureus*, mientras que las especies *O. niloticus* y *O. mosambicus* se encuentran introgresadas de forma similar en las poblaciones de *Oreochromis* sp.

Palabras clave: *Oreochromis*, *mosambicus*, *O niloticus*, *O aureus*, Cichlidae, DNA fingerprinting, RAPD, variación genética, diferenciación de especies.

Abstract

Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers were used to study genetic diversity on red Tilapia (*Oreochromis* sp.) species collected from five fish farms located in the Valle del Cauca, Colombia and to determine the level of introgression from three parental species *O. mosambicus*, *O. niloticus* and *O. aureus* into local *Oreochromis* populations. From the 25 RAPD primers evaluated, eight were polymorphic and 109 banding patterns were observed, any of them were specific. The expected levels of heterozygosity (0.1964 to 0.2561) and genetic structure ($G_{st} = 0.22$) funded for *Oreochromis* sp. indicate high grade of polymorphism and genetic structuring. This results were observed following the analysis of molecular variance [AMOVA] ($\Phi_{st} = 0.268$ ($P < 0.0001$) and Multiple correspondence analysis ($G_{st} = 0.040$). The values of genetic similarity, the analysis of group, the analysis of multiple correspondence and the level of introgression, indicated that the differences in the introgression levels ($P = 0.0001$) were significant). The low level of observed genetic differentiation among populations, could be the result of fish with the same genetic origin, whereas the high variation within populations can be displayed by

handling practices and the pressure of selection to favor commercial phenotypes. The level of introgression among fish factories is significant for *O. aureus*, whereas species of *O. niloticus* and *O. mosambicus* are introgressed of similar way to the populations of *Oreochromis* sp.

Key words: *Oreochromis*, *mosambicus*, *O. niloticus*, *O. aureus*, Cichlidae, DNA fingerprinting, RAPD, Genetic variation, Species differentiation.

Introducción

Durante los últimos cuarenta años, la tilapia (*Oreochromis* sp.), un cichlido de origen africano se ha explotado en el mundo de manera intensiva. Las líneas de investigación han buscado mejorar los rendimientos mediante hibridación, regresión sexual, nutrición y sanidad (Wohlfart y Hulata, 1983). En las explotaciones acuícolas de Colombia, la tilapia roja (*Oreochromis* sp.) es la más explotada por su coloración atractiva, tolerancia a condiciones de manejo y por expresar entre sus características fenotípicas genes de las especies *O. niloticus*, *O. aureus*, *O. mosambicus* y *O. hornorum*.

Actualmente, la búsqueda de una mejor respuesta en los caracteres cuantitativos ha conducido a inadecuadas prácticas de hibridación y en consecuencia a altos niveles de depresión causados por la endogamia (Kocher, 1997). Los trabajos de investigación en el Valle del Cauca se han enfocado en programas de selección masal (Arango 1997; Martínez y Velásquez, 1998), sin embargo se desconoce la diversidad genética de las poblaciones de *Oreochromis* sp., siendo este el punto de partida para el mejoramiento de las poblaciones. La pérdida o aumento de la variabilidad genética en las explotaciones comerciales puede repercutir negativamente en caracteres productivos y de interés económico. Por lo anterior, los métodos convencionales de mejoramiento genético deben ser asistidos por técnicas como RAPD que contribuyen al conocimiento de la diversidad y estructura genética de las especies y de este modo contribuyen con el desarrollo de poblaciones superiores.

Los objetivos de este estudio fueron describir la variabilidad genética en poblaciones de tilapia roja (*Oreochromis* sp.) en el Valle del Cauca y determinar el grado de introgresión de las especies parentales en los núcleos de reproductores.

Materiales y métodos

Material biológico. El tejido muscular (30 g) de *Oreochromis* sp. se obtuvo de 25 alevinos de las piscícolas La Linda, la Mina, San Juan y Biológicos de Colombia, localizadas en el Valle del Cauca. Las aletas dorsales de las especies parentales *O. niloticus* y *O. aureus* se obtuvieron de ejemplares existentes en el lago Manzala (Egipto) y fueron suministradas por el Instituto Nacional de Investigación Agrícola (INRA). Las especies parentales provinieron de Francia y la especie *O. mosambicus* fue suministrada por el Instituto de Ciencias Animales de Israel. La cuarta especie parental, *O. hornorum*, no se pudo obtener.

Extracción de ADN. El método de extracción de ADN de tejido muscular y aleta fue el propuesto por Bardakci y Skibinski (1994). La reacción de amplificación fue desarrollada con un volumen final de 25 µl que contenía una solución inicial de 2.5 µl de buffer 10x y 1.5 mM MgCl₂, 2.0 µl de dNTP 2.5 mM, 1.0 µl de primer 0.1-0.8 µM, 14.3 µl de agua, 4 ng/µl de ADN genómico y 0.2 µl de Taq polimerasa. Se utilizaron 20 cebadores correspondientes a la serie Ap de Operon, y OPA 13, OPA 02, OPC 02, OPC 11, OPB 07. Las condiciones de amplificación se efectuaron en un termociclador PTC-100tm MJ Research Inc. programado para 34 ciclos, cada ciclo consistió en 1 min a 94 °C; 15 seg a 42 °C; 1 min y 10 seg a 72 °C. El producto PCR fue visualizado en geles de agarosa 1.5% en TBE 0.5X y se tiñeron con bromuro de etidio (0.8 µg/ml), agregado a la solución tampón de corrida TBE 0.5X (50µl/10lt), con una corriente de 170 V durante 1 h.

Análisis estadístico. La información de la lectura visual de las bandas fue organizada en una matriz de presencia (1) o ausencia (0) (Lynch y Milligan, 1994). Con el programa Popgene, versión 1.3.1 1999 se estimó la diversidad genética para las poblaciones de *Oreochromis* sp. y las especies parentales,

la estructura genética se calculó a través del estadístico G_{st} (Nei, 1978), el análisis de varianza molecular Amova (Excoffier et al., 1992) y el análisis de correspondencia múltiple. Las Amovas se realizaron mediante el programa Winamova 1.55 (<http://lgb.unige.ch/software/win/amova/>). La matriz de similaridad se construyó con el paquete estadístico NTSYS-pc versión 1.8 y los dendrogramas con el programa SAHN y TREE de NTSYS-pc versión 1.8 (Exeter Software, 1994). La tendencia de agrupamiento también se observó a través del análisis de correspondencia múltiple, usando el programa (Corresp del paquete estadístico SAS versión 6.12), y por las estimaciones del flujo genético (Popgene versión 1.3.1). El nivel de introgresión de las especies parentales en las poblaciones *Oreochromis* sp. se evaluó con la construcción de una matriz de loci fijos y únicos que se compararon en una tabla de contingencia con Chi-cuadrado.

Resultados

Análisis descriptivo

Ocho cebadores generaron 109 bandas, de las cuales 89 fueron polimórficas y base para el análisis genético, mientras que el total de bandas se utilizó para las estimaciones del

grado de introgresión de las especies parentales en las poblaciones de *Oreochromis* sp. del Valle del Cauca. El número de bandas visualizadas por cebador varió entre 9 y 2. El nivel de polimorfismo estuvo comprendido entre 9 y 21% para los cebadores OPB-07 y OPAP-08.

Número de loci

La distribución de los loci ausentes y presentes en las poblaciones de *Oreochromis* sp. varió entre 29 loci para los ejemplares de la piscícola Biológicos de Colombia, tres de ellos fueron únicos, y 44 en la piscícola Procampo, 10 de los cuales fueron únicos. El número de loci compartidos entre las piscícolas fue de 4 presentes y un número igual ausentes. Las poblaciones parentales compartieron 25 loci presentes y 12 ausentes. Mientras que el número de loci únicos fue de 15, 17 y 18 para *O. mosambicus*; *O. niloticus*; y *O. aureus*, respectivamente. El análisis de la población total mostró cuatro loci en común (Cuadro 1).

Análisis genético poblacional

El polimorfismo en poblaciones de *Oreochromis* sp. varió entre 67.8% y 73.3%, siendo para las especies parentales de 11.01% para *O. mosambicus*, 10.09% para *O. niloticus* y 2.75% para *O. aureus* (Cuadro 2).

Cuadro 1. Número de loci fijos y únicos en las poblaciones de *Oreochromis* sp. y poblaciones parentales (*O. mosambicus*; *O. niloticus* y *O. aureus*). Valle del Cauca, Colombia.

Poblaciones	Loci presentes (1)	Loci presentes únicos	Loci ausentes (0)	Loci ausentes únicos
Piscícolas:				
Biológicos de Colombia	19	0	10	3
San Juan	16	1	16	4
La Linda	21	0	14	3
La Mina	18	3	15	3
Procampo	20	2	22	8
Bandas compartidas entre piscícolas	4	-	4	-
<i>O. mosambicus</i>	57	17	52	0
<i>O. niloticus</i>	58	15	51	0
<i>O. aureus</i>	53	18	56	0
Bandas compartidas entre especies parentales	25	-	12	-
Bandas compartidas en la población total	4	-	0	-

Cuadro 2. Porcentaje de loci polimórficos, heterocigosidad esperada (diversidad genética), valores G_{st} y Nm en las poblaciones de *Oreochromis sp.* y especies parentales *O. mosambicus*, *O. niloticus* y *O. aureus*.

Poblaciones	He	S	% de loci polimórficos	G_{st}	Nm
<i>Oreochromis sp.</i>					
Piscícolas:					
Biológicos C.	0.256	0.192	73.3	–	–
San Juan	0.234	0.234	70.6	–	–
La Linda	0.243	0.205	67.8	–	–
La Mina	0.240	0.204	68.8	–	–
Procampo	0.196	0.195	68.3	–	–
Total <i>Oreochromis sp.</i>	0.300	0.166	91.7	0.221	1.758
Especies parentales:					
<i>O. mosambicus</i>	0.038	0.118	11.01	–	–
<i>O. niloticus</i>	0.035	0.116	10.09	–	–
<i>O. aureus</i>	0.009	0.0603	2.75	–	–
Total parentales	0.281	0.209	66.06	0.901	0.054
Población total:					
Total	0.313	0.154	66.33	0.523	0.455

Los niveles promedio de heterocigosidad esperada (H) (Cuadro 2) para la población vallecaucana de *Oreochromis sp.* fue de $H = 0.30$ y entre piscícolas varió entre 0.256 (Biológicos de Colombia) y 0.1964 (Procampo). Para las especies parental fue $H = 0.28$, pero la heterocigosidad dentro de las poblaciones varió de 0.009 para *O. aureus* y 0.038 para *O. mosambicus*.

La estructuración genética (G_{st} ; 0.221) para las poblaciones *Oreochromis sp.* en el Valle del Cauca se considera alta (Hartl y Clark, 1997), así, el valor de flujo genético (Nm) fue 1.75. Cuando se aparean las estaciones piscícolas, los valores de G_{st} y Nm indican una moderada diferenciación genética entre las piscícolas Biológicos de Colombia, la Linda, San Juan y la Mina, con valores de G_{st} entre 0.073 (La Linda y Biológicos de Colombia) y 0.154 (Biológicos de Colombia y la Mina). La piscícola Procampo presentó alta diferenciación genética con La Linda y San Juan (G_{st} : 0.198 y 0.202, respectivamente). Lo anterior es concordante con los valores de flujo genético entre las poblaciones más diferenciadas San Juan y Procampo (1.968), Procampo y La Linda (2.02); mientras que las menos diferenciadas presentaron amplio flujo genético –Nm = 6.27 para Biológicos de

Colombia y La Linda y Nm = 3.81 para La Mina y San Juan–. El valor de G_{st} para las especies parentales (0.901) indica una gran diferenciación genética.

En el Amova la partición de la varianza al considerar las cinco poblaciones de *Oreochromis sp.* se reveló que el $F_{st} = 0.268$ fue altamente significativo ($P < 0.0001$). El 73% de la variación genética total se debió a la variación dentro de poblaciones, no obstante, hay diferencias genéticas significativas entre las estaciones piscícolas vallecaucanas, F ($P < 0.0001$). En las poblaciones de explotaciones conocidas, el 64% del componente total de la varianza se explicó por la variación dentro de poblaciones. El valor de $F_{st} = 0.351$ fue altamente significativo ($P < 0.0001$).

El análisis de diversidad para la población de *Oreochromis sp.* y la población total a través del Análisis de Correspondencia Múltiple mostraron un $G_{st} = 0.04$ para *Oreochromis sp.* y para las poblaciones parentales un $G_{st} = 0.029$.

En la Figura 1 se incluyen las relaciones de los individuos de *Oreochromis sp.* con las especies parentales, se conformaron cuatro grupos con un coeficiente de similitud de 70% dentro de grupos y 64% entre grupos. Las poblaciones de la piscícola Procampo y *O. au-*

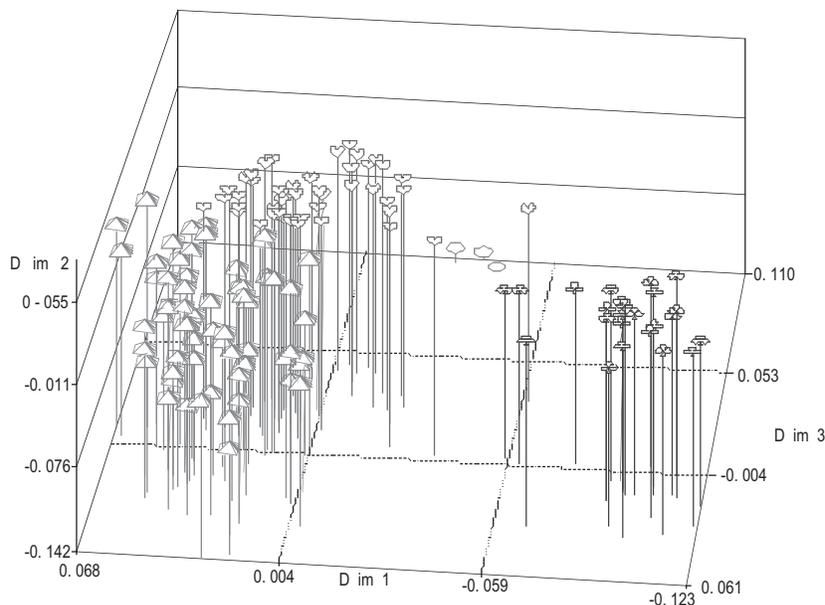


Figura 1. Estructura genética por análisis de correspondencia múltiple para las poblaciones *Oreochromis* sp. y *O. mosambicus*, *O. niloticus* y *O. aureus* en el Valle del Cauca, Colombia.
Grupo 1 ◆ *O. aureus*. **Grupo 2** △ *O. mosambicus*, (Biológicos de C, San Juan, La Linda, La Mina). **Grupo 3** ♥ *O. niloticus*, (San Juan, La Mina). **Grupo 4** □ Procampo.

reus formaron grupos aislados, mientras que algunos individuos de las piscícolas La Mina y San Juan se agruparon con *O. niloticus*; y *O. Mosambicus*, con las piscícolas Biológicos de Colombia y La Linda y algunos individuos de San Juan y La Mina. En el análisis de correspondencia múltiple se identificaron entre 3 y 5 grupos, la similitud dentro de grupos varió entre 82% y 60% y entre grupos 76% (Biológicos de Colombia) y 24% (San Juan).

Se halló un mayor grado de similitud genética (Cuadro 3) de *O. mosambicus* con la población de la piscícola Mina (0.796) y más lejana con la población de Procampo (0.702); *O. niloticus* mostró mayor identidad genética con los ejemplares de la piscícola La Mina (0.801) y menos con los de Biológicos de Colombia (0.736); para *O. aureus* la mayor identidad genética ocurrió con Biológicos de Colombia (0.704) y la menor con La Linda (0.659). Aparentemente las poblaciones de *Oreochromis* sp. revelaron mayor identidad entre las piscícolas Biológicos de Colombia y La Linda (0.953) y menor entre Procampo y San Juan (0.865), y Procampo y La Linda (0.865). La población de La Mina presentó

alta identidad genética con la de San Juan (0.924).

Cuadro 3. Identidad genética (ID) de las especies parentales de tilapia con respecto a las poblaciones de *Oreochromis* sp. en el Valle del Cauca, Colombia.

Identidad genética (ID)	<i>O. mosambicus</i>	<i>O. niloticus</i>	<i>O. aureus</i>
Piscícola:			
Biológicos	0.782	0.736	0.704
San Juan	0.778	0.776	0.669
La Linda	0.781	0.745	0.659
La Mina	0.796	0.801	0.679
Procampo	0.702	0.747	0.679

En el dendrograma (Figura 2), con 65% de similitud se formaron 13 grupos. Un clúster principal revela que la especie *O. aureus* se separa a una distancia de 0.58 del resto de las poblaciones, lo que indica un bajo grado de similaridad. Igualmente, a una distancia de 0.68 se forman dos clúster, con los individuos de *O. mosambicus* y el resto de las poblaciones (0.72), donde se agrupan los individuos de *O. niloticus* con las poblaciones de La Mina y San Juan y otro subclúster para Biológicos

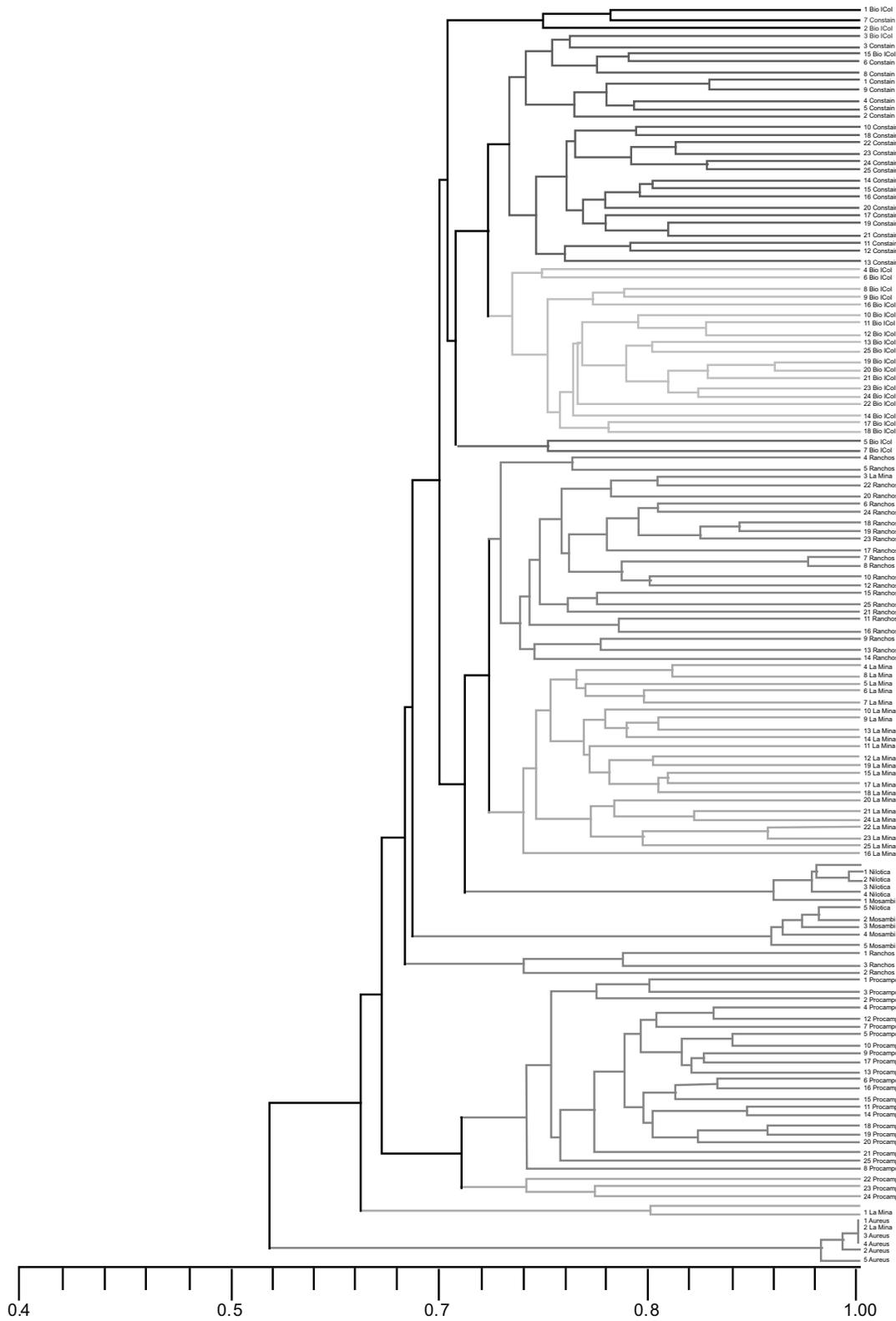


Figura 2. Dendrograma de la estructura genética de 140 individuos *Oreochromis* sp., basado en el coeficiente de similitud de Nei-Li (1972). Usando el programa SAHN y TREE de NTSYS-pc versión 1.8 (Exeter Software, Setauket, NY, USA, 1994).

*

de Colombia y La Linda. Mientras que la especie parental *O. mosambicus* no presenta similitudes específicas con las poblaciones de *Oreochromis* sp. del Valle del Cauca.

Con una similitud de 70% se formaron diez grupos para las poblaciones de *Oreochromis* sp. los cuales corresponden a las cinco poblaciones analizadas y cinco grupos formados por los individuos que se alejan de sus poblaciones originarias.

La estación piscícola más distante genéticamente fue Procampo que conforma el primer grupo a 66% de similitud, mientras que el resto de piscícolas se agruparon a un 70% de similitud. Las poblaciones con menos distancias entre ellas fueron las de las piscícolas San Juan y La Mina (72%) y Biológicos de Colombia y La Linda (71%).

El grado de introgresión entre *Oreochromis* sp. en el Valle del Cauca y las especies parentales *O. niloticus*, *O. mosambicus* y *O. aureus* fue estimado con marcadores específicos, para cada una de las especies parentales. El número total de loci específicos de las especies parentales varió entre 569 en

Biológicos de Colombia y 422 en Procampo y el nivel de introgresión para *O. mosambicus* varió entre 39.5% en Biológicos de Colombia y 47.8 % en San Juan. Para *O. niloticus* el número de loci varió entre 32.5% en Biológicos de Colombia y 42.9% en San Juan. En *O. aureus* las diferencias fueron de 9.3% en San Juan y 27.9% en Biológicos de Colombia (Cuadro 4). Las diferencias en los niveles de introgresión fueron significativas ($P \leq 0.000$), entre las piscícolas. Con base en la prueba de Chi-cuadrado, la variación para *O. aureus* fue significativa entre las piscícolas, mientras *O. niloticus* y *O. mosambicus* se encuentran introgresadas, de forma similar ocurre en las poblaciones de *Oreochromis* sp. del Valle del Cauca.

Discusión

Los marcadores RAPD usados en este estudio fueron altamente polimórficos e informativos y se consideran útiles para el estudio de diversidad genética en *Oreochromis* sp. y para la diferenciación genética entre especies del

Cuadro 4. Porcentaje de introgresión de las especies parentales *O. niloticus*; *O. mosambicus* y *O. aureus* en las poblaciones de tilapia *Oreochromis* sp. en el Valle del Cauca, Colombia.

Población	<i>O. mosambicus</i> (%)	<i>O. niloticus</i> (%)	<i>O. aureus</i> (%)	No. de loci totales por piscícola		
Piscícolas:						
Biológicos de Colombia	39.5	32.5	27.9	569		
San Juan	47.8	42.9	9.3	448		
La Linda	42.7	36.1	21.1	487		
La Mina	46.6	40.0	12.7	508		
Procampó	37.6	40.0	22.0	422		
Loci/especie parental						
	(%)	(no.)	(%)	(no.)	(%)	(no.)
Biológicos de Colombia	21.5	225	19.9	185	34.4%	159
San Juan	20.5	214	20.6	192	7.4	42
La Linda	19.9	208	18.9	176	22.2	103
La Mina	22.3	237	22.1	206	14.0	65
Procampo	15.1	159	18.2	170	20.1	93
Total	1043		929		462	

mismo género. Varios trabajos de investigación (Bardakci et al., 1994; Bardakci et al., 1995; Dinesh et al., 1996 y Mwanja et al., 1996) muestran igualmente la utilidad de este marcador.

La importancia de la diversidad radica en la habilidad de adaptación a cambios aleatorios que ésta le confiere a una especie en el largo plazo. Los cambios en las frecuencias de los caracteres neutrales son consecuencia de procesos aleatorios como deriva genética, 'cuellos de botella' y efecto fundador, entre otros. El análisis de estos marcadores neutrales permite una estimación de la diversidad genética y la inferencia sobre qué procesos están ocurriendo en la población y de qué manera determinan su estructura genética. La mayor variación dentro de grupos en las poblaciones de *Oreochromis* sp. fue evidenciada por los valores de G_{st} , el análisis de varianza molecular, el análisis de correspondencia múltiple para cada una de las piscícolas, la variación en el número de loci fijos, el número de loci únicos y el número de loci comunes entre las piscícolas, los porcentajes de loci polimórficos y los altos valores de diversidad genética. Lo anterior está asociado en un contexto histórico al comienzo de la cría tilapia roja en el Valle del Cauca y al constante flujo genético derivado del intercambio de semilla entre los productores. En el análisis por parejas los valores de G_{st} indicaron que algunas piscícolas están menos diferenciadas, lo cual evidencia ancestros comunes en la constitución de los núcleos de reproductores (efecto fundador). Las primeras líneas importadas de *Oreochromis* sp. fueron la Red Florida en 1988 por Acuicultivos Cali, la cual se cruzó posteriormente con *O. mosambicus*, *O. Niloticus* y *O. aureus* ya existentes en la región y de orígenes desconocidos. En el período 1989 - 1990 Colapia importó de Israel 2.000 individuos provenientes de la línea ND51 y 1000 de *O. aureus*.^{*} Por otra parte, Colapia reunía en un banco genético semilla de los Llanos Orientales de Colombia, semilla de Mariquita (Tolima), Red Florida Jamaica y Nilotica Jamaica. Con la liquidación de las empresas,

estas poblaciones constituyeron la base de los reproductores de las piscícolas vallecaucanas y de otras regiones del país. Posteriormente, las piscícolas se fueron diferenciando por los diversos manejos genéticos como el continuo intercambio de semilla entre productores basados en la apreciación de características de interés económico, lo cual aunado a las condiciones ambientales, generó una alta variación al interior de las poblaciones. Por otra parte, la alta estructura genética hallada para la población de Procampo se debe a la base genética de los reproductores de la Línea Stirling y ND-59 y al restringido flujo genético.

Algunas prácticas de manejo que se presentan en las piscícolas y que inciden en la diferenciación y diversidad genética están relacionadas con el tamaño efectivo de la población (N_e) el cual disminuye por una proporción sexual desigual y por la variación del éxito reproductivo (Nelson y Soule, 1987). En ocasiones el reemplazo de los reproductores no se realiza con hembras de 150 g y machos de 200 g, produciendo progenies con bajos porcentaje de viabilidad y sobrevivencia. En India los criaderos de carpa estimaron que el valor efectivo de reproductores (N_e) proviene de un número que varía entre 3 y 30 individuos (Eknath y Doyle, 1990). En las granjas piscícolas de Filipinas, muchas poblaciones de reproductores se han fundado con un número pequeño de individuos, como la línea de Israel, la cual se deriva de una sola introducción de 100 individuos posiblemente de una sola familia (Pulling y Capili, 1998). En poblaciones mejoradas se busca la uniformidad genética con el fin de mantener la homogeneidad en las características de las poblaciones. Sin embargo, se ha encontrado que esta uniformidad conduce a la vulnerabilidad de los peces, por la cual es importante determinar el valor de flujo genético (N_m) para diferentes tamaños poblacionales.

La alta variación encontrada dentro de poblaciones *Oreochromis* sp. y parentales se esperaba debido a que se analizaron ocho poblaciones con manejo genético, historias

* Comun. Pers. Carlos Espejo. ITALCOL. Colombia. Ceespejo85@hotmail.com

de vida y procedencias diferentes. El alto valor de diversidad genética observado para las especies parentales indica un efecto 'Wahlum', es decir, que en una población el promedio de homocigosidad disminuye cuando las subpoblaciones están unidas, ya que la heterocigosidad dentro de las poblaciones osciló entre 0.009 y 0.038, indicando que son poblaciones endocriadas, con el fin de obtener líneas puras como futuros reproductores. Resultados similares obtuvieron McAndrew y Majumdar (1983) quienes reportaron un índice de heterocigosidad promedio bajo para *O. mossambicus*, propiciado, probablemente, por la endogamia.

Introgresión

Cuando se utiliza un marcador dominante como los RAPD se parte de la hipótesis de la naturaleza neutral, es decir que los patrones mostrados no están ligados a genes que codifican para alguna característica de valor adaptativo y no son heredables. La naturaleza exacta de la variación de los fragmentos de RAPD aún no es clara y la evidencia sugiere que los fragmentos hallados pueden ser hereditarios en muchas especies (Warburton et al., 1996, Stott et al., 1997).

El nivel de introgresión de las especies parentales en *Oreochromis* sp. del Valle del Cauca se observó mediante los análisis de distancia genética (Nei, 1978) (Cuadro 3) (Figuras 1 y 2, Cuadro 4). Se infiere que la tendencia de agrupamiento de los individuos de las poblaciones analizadas está determinada por las especies estrechamente emparentadas y es el reflejo de la historia de cada piscícola y de las sucesivas introgresiones, sin el debido conocimiento de la base genética. La mayor introgresión de las especies parentales *O. niloticus* y *O. mosambicus* indica un mayor número de loci compartidos, lo cual puede ser producto de cruzamientos entre los híbridos de tilapia roja con las primeras especies introducidas para cultivos de subsistencia en la región como *O. niloticus* y *O. mosambicus*. Por otra parte, la línea Red Florida que participó en las poblaciones iniciales de las piscícolas se desarrolló a partir del mutante *O. mosambicus*. Además, no hay documentación que indique si los primeros híbridos Red Florida

introducidos en el Valle del Cauca provienen de Brasil o de Jamaica, en su forma original o después de haber sido cruzada con tilapia del Nilo (Popma y Rodríguez, 2000). Las diferencias estadísticamente significativas de la introgresión de *O. aureus* en las piscícolas pueden ser debidas a su más reciente introducción al país.

En el Valle del Cauca los procesos de mejoramiento de tilapia se han realizado mediante selección masal de caracteres como color y talla. La mayoría de características productivas están determinadas por un elevado número de genes que exhiben una variación continua. Cuando se cruzan los parentales sin una caracterización previa es posible que no se obtengan resultados positivos por la inmigración de alelos no-idóneos para el medio donde se desarrollan los cultivos. Así, por ejemplo, aquellas cepas de tilapia roja con ancestros de *O. mosambicus* y *O. hornorum* no toleran temperaturas de agua fría y presentan crecimientos más lentos que aquellas poblaciones con un mayor contenido de *O. mosambicus* y/o *O. hornorum* que crecen en agua dulce; igualmente, los híbridos rojos de tilapia Red Florida y la tilapia roja Taiwanesa presentan mejores crecimientos en agua de mar que en agua dulce (Watanabe et al., 1997).

De acuerdo con lo anterior y aprovechando la alta variación encontrada en las piscícolas es necesario trazar objetivos de trabajo a mediano y largo plazo con las poblaciones de *Oreochromis* sp., que permitan obtener líneas con producciones homogéneas. En programas de mejoramiento es conveniente que la cantidad de variación genética sea la suficiente para mejorar la producción (Eriksson, 2000). Por tanto la escogencia de futuros reproductores debe provenir de una fuente documentada que contenga variación genética suficiente para evitar 'cuellos de botella'. De igual manera, se deben tener en cuenta las especies parentales en las cuales se encuentre menos hibridación para potencializar los rendimientos, razón por la cual es preciso caracterizar y monitorear la diversidad genética de las especies cultivadas con marcadores codominantes, que proporcionen una información más fina de los procesos microevolutivos de las poblaciones explotadas.

Conclusión

- Los cebadores RAPD son altamente polimórficos y pueden generar un perfil de bandas de ADN únicas para la especie, por lo cual se pueden emplear en la valoración de la diversidad genética y diferenciación entre especies del género *Oreochromis*.
- Existe una elevada diversidad molecular y alta diferenciación genética en las poblaciones de *Oreochromis* sp. en el Valle del Cauca.
- Los niveles de introgresión de las especies parentales *O. niloticus* y *O. mosambicus* hallados para las poblaciones de *Oreochromis* sp. del Valle del Cauca revelaron que no hay diferencias estadísticamente significativas. No obstante, sí hay diferencias para el nivel de introgresión de *O. Aureus*.

Agradecimientos

Los autores agradecen a Jaime Eduardo Muñoz, Luz Ángela Álvarez, directivos de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, por la financiación del proyecto y trabajo de grado de la zootecnista J. Torres J., a partir del cual se generó la información presentada en este artículo y a Juan Diego Palacio por permitir el desarrollo del mismo en el laboratorio del Instituto Von Humboldt.

Referencias

- Arango, J F. 1997. Respuesta a la selección masal por talla y coloración en dos generaciones en Tilapia roja (*Oreochromis* sp.). Universidad Nacional de Colombia. sede Palmira. 68 p.
- Bardakci, F y Skibinski, D. O. F. 1994. Application of RAPD technique in tilapia fish: species and subspecies identification, *Heredity* 73:117-123.
- Bardakci, F.; Skibinski, D. O .F; Carvalho, G. R.; y Mair G.C. 1995. Multilocus DNA fingerprinting and RAPD reveal similar genetic relationships between strains of *Oreochromis niloticus* (pisces:cichlidae). *Mol. Ecol.* 4:271-274.
- Dinesh K. R; Lim T. M.; Changg, W. K.; y Phang, V. P. E. 1996. Genetic variation inferred from RAPD fingerprinting in three species of tilapia. *Aquac. Intern.* 4:19-30.
- Eknath A. y Doyle R. W. 1990. Effective population size and rate of inbreeding in aquaculture of Indian major carps. *Aquac.* 85:293 - 305.
- Eriksson G. 2000. Red Europea de Conservación de Recursos Genéticos de Frondosas Nobles. Department of Forest Genetics, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden. *Sist. Recur.* For: serie 2.
- Excoffier, L.; Smoise, P. E.; y Quatro, J. M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131:479 - 491.
- Hartl y Clark. 1997. Principles of population genetics. Sinauer, Sunderland, MA.
- Kocher, T. D. 1997. Tilapia Status Report. Proceedings of the Aquaculture Species Genome Mapping Workshop, May 18-19. Dartmouth, Massachusetts.
- Lynch, M. y Milligan, B. C. 1994. The similarity index and DNA fingerprinting. *Mol. Biol. Evol.* 3: 91 - 99.
- Martínez, R. J. y Velásquez, G. C. 1998. Estudio de crecimiento en cinco coloraciones de tilapia roja (*Oreochromis* sp.) en condiciones del Valle del Cauca. Universidad Nacional sede Palmira. 82 p.
- McAndrew, B. J.. y Majumdar, K. C. 1983. Tilapia stock identification using electrophoretic markers. *Aquac.* 30(1-4):249 - 261.
- Mwanja, W.; Booton, G. C.; Kaufman, L.; Chandler, M.; y Fuerst, P. 1996. Population and stock characterization of Lake Victoria. Tilapine fishes based on RAPD markers. In: Aquaculture Biotechnology Symposium Proceedings of the International Congress on the Biology of Fishes (ed, by E.M. Donaldson & D.D. Mackinlay), pp. 115-124 American Fisheries Society, San Francisco, CA, USA.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from small number of individuals. *Genetics* 89:583 - 590.
- Nelson, K. y Soule, M. 1987. Genetica conservation of exploited fishes. En: Ryman, N. and Utter, F. (eds.). Population genetics and fishery management. Washington Sea Grant Program, Seattle, p. 345 - 368.

- Popma, T. J. y Rodriguez F.B. 2000. Tilapia aquaculture in Colombia. In: Tilapia Aquaculture in the Americas. The World aquaculture Society.: 2; 141-150
- Pulling R.S, y Capili, J. B. 1998. Genetic improvement of tilapias: Problems and prospects. ICLARM. Manila, Philipinas. 259 - 266.
- Stott, W.; Ehseen P. Y.; y White, B. N. 1997. Inheritance of RAPD molecular makers in lake trout *Salvelinus namaycush*. Mol. Ecol. vol 6 - 7.
- Watanabe, W. O.; Olla; B. L.; Wicklund, R. I.; y Head, W. D. 1997. saltwater culture of the Florida red tilapia and other saline-tolerant tilapias. A Review. En: B. A. Costa Pierce and J. E. Rakocy (eds.). Tilapia Aquaculture in the Americas. World Aquaculture Society. Baton, Louisiana, United States. 1:54 - 141.
- Warburton, M. L.; Becerra, V.; Goffreda, J. C.; y Bliss, F. A. 1996. Utility of RAPD markers in identifying genetic linkages to genes of economic interest in Peach. *Theor. Appl. Genetic.*: 93:920 - 925.
- Wohlfarth, G.W y Hulata, G. 1983. Applied genetics of tilapias. ICLARM Studies and Reviews, Manila, Filipinas.