Published on *Ciencia Puerto Rico* (https://www.cienciapr.org)

Investigación revela nuevo método de análisis de genes en especies de peces [1]

Enviado el 1 agosto 2017 - 1:22pm

Este artículo es reproducido por CienciaPR con permiso de la fuente original.

Contribución de CienciaPR:

No

Fuente Original:

UPRRP

Por:

UPRRP

Profesor de Biología en UPR Río Piedras, Ricardo Betancour

**La investigación del profesor Ricardo Betancur de la Facultad de Ciencias Naturales del Recinto de Río Piedras de la UPR, evidencia las relaciones genealógicas entre 200 especies de peces con base de datos genómicos.*

Como resultado de una investigación realizada por el profesor Ricardo Betancur del Departamento de Biología de la Universidad de Puerto Rico, Recinto de Río Piedras(UPR-RP), se pudieron esclarecer las relaciones *genealógicas o evolutivas* entre grupos de especies de peces de agua dulce.

En la investigación titulada *Genome-wide interrogation advances resolution of recalcitrant groups in the tree of life* se determinó la manera más efectiva para analizar las relaciones *genealógicas* de estos peces, usando datos *genómicos*. Se colectaron secuencias de ADN de más de 1,000 genes y se realizaron diversos análisis para inferir las relaciones *genealógicas* que explican la evolución de *Otophysi,* el mayor grupo de peces *dulceacuícolas* del mundo con cerca de 10,000

especies que incluyen los populares bagres, pirañas, carpas y anguilas eléctricas, entre otros.

Además, en esta investigación se demostró que a pesar de que análisis iniciales basados en la información *genómic*a conjunta daban respuestas ambiguas a las relaciones evolutivas, el 70% de los genes apoyaban una sola hipótesis, que coincide con la hipótesis anatómica propuesta por Fink & Fink en 1981. Ese es precisamente uno de los grandes aportes del estudio pues propone un nuevo enfoque práctico para examinar la historia *genealógica* de los grupos integrando cada gen por separado. De esta manera se concilió un conflicto de larga data entre estudios anteriores basados en datos *moleculares* y *morfológicos*

.

“Estudios previos usando poco genes, no había logrado resolver esta hipótesis; solo cuando usamos datos genómicos (más de 1,000 genes) y aplicamos nuestro método nuevo *Gene Genealogy Interrogation* (GGI) es que demostramos que más del 70% de los genes son congruentes con esta hipótesis”, explicó el profesor Betancur.

Añadió que los estudios de esta naturaleza típicamente lo que hacen es analizar todos los datos en conjunto de manera global, pero múltiples factores pueden causar que análisis globales de este tipo generen resultados errados.

Aclarando que en lugar de restringirse a conducir análisis globales, se optó también por usar pruebas estadísticas para interrogar a cada *gen* por separado sobre las posibles relaciones *genealógicas* que explican la evolución de este grupo de peces.

“Y para nuestra sorpresa, nuestro método arrojo resultados robustos, donde la mayor cantidad de genes son congruentes con la hipótesis anatómica de Fink & Fink. Aplicamos una gran variedad de análisis que usan GGI; por ejemplo, usando secuencias de ADN o de proteínas. Sin importar el tipo de datos, todos los resultados obtenidos con GGI demuestran que más del 70% de los genes resuelven el árbol filogenético de Fink & Fink”, comentó Betancur.

La investigación ha sido bien reciba por científicos de todas partes del mundo. Este nuevo método de análisis GGI no es solamente para los peces sino que también se puede aplicar a otros grupos. Por ejemplo, se usó este mismo método GGI para indagar quién es el pariente animal más lejano del ser humano. ¿Las esponjas o los ctenóforos?

“Para nuestra sorpresa la mayor cantidad de genes apoya la hipótesis de que los ctenóforos y no las esponjas son el grupo animal evolutivamente más lejano a los humanos”, explicó Betancur.

El profesor Ricardo Betancur inició dicho estudio en el año 2013, como parte de su post doctorado en el Instituto Smithsoniano en Washington, D.C., y contó con la colaboración de Dahiana Arcila, Guillermo Ortí, Richard Vari, Jonathan Armbruster, Melanie Stiassny, Kyung Ko, Mark Sabaj, John Lundberg y Liam Revell.

La revista *Nature Ecology & Evolution* publicó recientemente los resultados de la investigación. El artículo se puede acceder en el siguiente enlace http://www.nature.com/articles/s41559-016-0020 [2].

Esta informacion fue recibida mediante comunicado de prensa de parte de la Universidad de Puerto Rico, Recinto de Rio Piedras.

Tags:

- UPRRP [3]
- relaciones genealógicas [4]
- relaciones evolutivas [5]
- peces [6]

Categorías de Contenido:

- Ciencias biológicas y de la salud [7]

Copyright © 2006-Presente CienciaPR y CAPRI, excepto donde sea indicado lo contrario, todos los derechos reservados
Privacidad | Términos | Normas de la Comunidad | Sobre CienciaPR | Contáctenos

---

Source URL:https://www.cienciapr.org/es/external-news/investigacion-revela-nuevo-metodo-de-analisis-de-genes-en-especies-de-peces

Links
[1] https://www.cienciapr.org/es/external-news/investigacion-revela-nuevo-metodo-de-analisis-de-genes-en-especies-de-peces [2] http://www.nature.com/articles/s41559-016-0020 [3] https://www.cienciapr.org/es/tags/uprrp [4] https://www.cienciapr.org/es/tags/relaciones-genealogicas [5] https://www.cienciapr.org/es/tags/relaciones-evolutivas [6] https://www.cienciapr.org/es/tags/peces [7] https://www.cienciapr.org/es/categorias-de-contenido/biological-and-health-sciences-0