

Biotempo (Lima)



<https://revistas.urp.edu.pe/index.php/Biotempo>



ORIGINAL ARTICLE / ARTÍCULO ORIGINAL

REPORT OF THE VARIABILITY OF THE SEQUENCE OF THE KITLG A RECEPTOR GENE ASSOCIATED WITH PIGMENTATION IN *MIKROGEOPHAGUS RAMIREZI* (MYERS & HARRY, 1948) (PERCIFORMES: CICHLIDAE)

REPORTE DE LA VARIABILIDAD DE LA SECUENCIA DEL GEN DEL RECEPTOR KITLG A ASOCIADO A LA PIGMENTACIÓN EN *MIKROGEOPHAGUS RAMIREZI* (MYERS & HARRY, 1948) (PERCIFORMES: CICHLIDAE)

Carlos Scotto-Espinoza¹; Catalina Díaz-Cachay²; Betty Gamero-Collado³;
Paul Baltazar⁴ & Andrea Huatuco¹

¹ Laboratorio de Mejora Genética & Reproducción Animal. Facultad de Ciencias Naturales y Matemática. Universidad Nacional Federico Villarreal. Jirón Río Chepén s/n. El Agustino. Lima, Perú. E-mail: cscotto@unfv.edu.pe

² Laboratorio de Acuicultura. Facultad de Oceanografía, Pesquería, Ciencias Alimentarias y Acuicultura. Universidad Nacional Federico Villarreal. Calle Roma 350. Miraflores. Lima, Perú. E-mail: cdiaz@unfv.edu.pe; cattydiaz@hotmail.com

³ Laboratorio de Genética Aplicada. Facultad de Oceanografía, Pesquería, Ciencias Alimentarias y Acuicultura. Universidad Nacional Federico Villarreal. Calle Roma 340. Miraflores. Lima, Perú. Email: bgamero@unfv.edu.pe; bettygamero@gmail.com

⁴ Laboratorio de Investigación en Cultivos Marinos (LICMA), Dirección General de Investigación, Desarrollo e Innovación, Universidad Científica del Sur, Av. Genaro Medrano N° 486, San Andrés-Pisco, Perú. E-mail: pbaltazar@cientifica.edu.pe

* Corresponding author: cscotto@unfv.edu.pe

Carlos Scotto-Espinoza:  <https://orcid.org/0000-0003-1592-0419>

Catalina Díaz-Cachay:  <https://orcid.org/0000-0003-1981-5616>

Betty Gamero-Collado:  <https://orcid.org/0000-0002-6008-423X>

Paul Baltazar:  <https://orcid.org/0000-0003-4071-4772>

Andrea Huatuco:  <https://orcid.org/0000-0001-5789-420X>

ABSTRACT

Dwarf cichlid cycles are very popular in cooking in Peru. However, the difference in color of pigmentation due to its wide range of varieties of different species for future genetic improvement by molecular selection limits its commercial development. The genetic basis of the variation of pigmentation can also be ignored. In this study, we followed the genus *Kitlg* a des varieties Velo and German Blue of the cyclid *Mikrogeophagus ramirezi* (Myers & Harry, 1948). A following consensus was generated of 176 pb which was used as a comparative reference with other ornamental fish species reported where the similarity ratio (%) was: 25 with the Cebra fish (*Danio rerio* Hamilton, 1822), 11.9 with the Goldfish (*Carassius auratus*, (Linnaeus, 1758), 11.4 with the Espada (*Xiphophorus helleri* Heckel, 1848) and the Platy (*Xiphophorus maculatus* Günther, 1866) and 15.9 with the Guppy (*Poecilia reticulata* Peters, 1860). These first

results at the molecular level will facilitate a better understanding of the mechanisms of color pigmentation differentiation in the *Mikrogeophagus* genus.

Key words: amazon cichlid – coloration – Kitlg – genetic variability

RESUMEN

Los cíclidos enanos son muy populares en la producción acuícola en el Perú. Sin embargo, la diferenciación del color de la pigmentación debido a su amplia gama de variedades de las diferentes especies para un futuro mejoramiento genético por selección molecular limita su desarrollo comercial pues aún se desconoce la base genética de la variación de la pigmentación. En este estudio, se secuenció el gen *Kitlg* a de dos variedades Velo y German Blue del cíclido *Mikrogeophagus ramirezi* (Myers & Harry, 1948). Se generó una secuencia consenso de 176 pb que se utilizaron como referencia comparativa con otras especies ictícolas ornamentales reportados donde el porcentaje de similitud (%) fueron de: 25 con el pez *Cebra* (*Danio rerio* Hamilton, 1822), 11,9 con el Goldfish (*Carassius auratus*, Linnaeus, 1758), 11,4 con el pez Espada (*Xiphophorus helleri* Heckel, 1848) y el pez Platy (*Xiphophorus maculatus* Günther, 1866) y 15,9 con el pez Guppy (*Poecilia reticulata* Peters, 1860). Estos primeros resultados a nivel molecular facilitarían una mejor comprensión de los mecanismos de la diferenciación del color de la pigmentación en el género *Mikrogeophagus*.

Palabras claves: cíclido amazónico – coloración – *Kitlg* – variabilidad genética

INTRODUCCIÓN

El Perú es considerado como uno de los 12 países megadiversos a nivel global, los que en conjunto albergan el 70% de la diversidad biológica del mundo. De las 117 zonas de vida reconocidas en el mundo, 84 se encuentran en el Perú con el primer lugar en diversidad de peces (Ley N° 26839, 1997). A nivel mundial, la industria de los peces ornamentales es un negocio multimillonario que involucra por lo menos a 125 países y más de 2 500 especies, de las cuales, 60% son de agua dulce (Dey, 2016; Inocente-Julca, 2021).

La composición taxonómica de los peces continentales del Perú está conformada por 1 064 especies: 393 Characiformes, 393 Siluriformes, 83 Gymnotiforme, 91 Perciformes, 56 Cyprinodontiformes, 11 Clupeiformes, 12 Myliobatiformes 6 Pleuronectiformes, 5 Beloniformes y ocho órdenes más con 12 especies en total (IIAP, 2011; Ortega *et al.*, 2012). Los peces ornamentales exóticos introducidos al Perú provienen generalmente de países africanos y asiáticos y corresponden a los órdenes Cypriniformes, Perciformes, Cyprinodontiformes y Characiformes y a las familias Cyprinidae, Osphronemidae, Cichlidae, Poeciliidae y Characidae (Zafra *et al.*, 2018; FishBase, 2024).

La variación genética del grupo de peces neotropicales es extremadamente alta a nivel genético molecular (Farias *et al.*, 1999; Farias *et al.*, 2000; Cal *et al.*, 2017; McLean, 2021). Existen diversos peces ornamentales se encuentran distribuidos por todo el mundo, destacándose principalmente por su belleza y colorido los Sudamericanos, debido a la influencia de los factores medioambientales de este continente por presentar una mayor diversidad en intensidad, en tonos y colores (Kullander, 1986; Lessa, 1992; Kasagi *et al.*, 2020). Sin embargo, existe poco conocimiento sobre la estructura genética de estas poblaciones icticas y de sus variedades de diversas familias de peces ornamentales cultivadas o capturadas en sus ambientes naturales. Muchas se encuentran en riesgo de desaparecer puesto que están sometidas a una considerable presión, debido a la sobrepesca, sobrepoblación humana, contaminación de las fuentes de agua, deforestación de bosques y cambio climático. Por tal razón, estas especies deben ser consideradas para iniciar un programa de repoblación en donde hace muchos años era su hábitat natural (Kullander, 1998).

Los “cíclidos enanos” se encuentran distribuidos en casi toda Sudamérica, ocupando diversos nichos ecológicos (Mesa & Lasso, 2011). Se considera que el género *Mikrogeophagus* es el que posee mayor diversidad de los cíclidos neotropicales, compuesta con alrededor de 94 especies formalmente descritas (Harpaz & Padowicz,

2007; Estivals *et al.*, 2020; GBIF Secretariat, 2023). Los patrones de color que desarrollan los cíclidos enanos son muy complejos puesto que tienen relación con su proceso evolutivo cumpliendo un rol importante en su comportamiento reproductivo, territorial y camuflaje, como en la definición del nicho y hábitat. Existiendo rasgos y patrones que se utilizan para diferenciarlos (Mesa & Lasso, 2011).

Un grupo de investigadores procedentes de varias universidades (Miller *et al.*, 2007), publicaron sobre las piezas de la maquinaria genética de la coloración en peces. Para el estudio utilizaron al pez *Gasterosteus aculeatus* (Linnaeus, 1758) para comenzar a entender la base genética de los cambios de los diferentes patrones de pigmentación y encontraron un gen llamado Kitlg asociado con la herencia de la pigmentación. Este gen permite la producción de una proteína que ayuda a mantener a los melanocitos. El Kitlg codifica receptores de factores de crecimiento epidermal que es necesario para la migración y supervivencia de los precursores de melanocitos. Sus mutaciones o variantes (alelos) pueden afectar la migración de los melanocitos alterando el patrón de coloración del animal. Así mismo, este gen en peces se presenta por duplicado a diferencia de los tetrápodos, lo cual puede hacer variar la expresión fenotípica del patrón cromático (Miller *et al.*, 2007; Kottler *et al.*, 2013).

Existen casi una docena de genes que estarían contribuyendo al patrón cromático de los peces como son: SLC24A5, Mir, Tyrp1, Sox10, Mitf, Kitlg y Ednrb (Basolo, 2006; Braasch, 2007; Irion & Nüsslein-Volhard, 2019).

Las variantes del gen Kitlg producen alteraciones de la pigmentación en animales. Se ha demostrado que las variantes de secuencia en Kitlg causan hiperpigmentación o hipopigmentación (Wang *et al.*, 2009; Zhang *et al.*, 2015). La variante o alelo "a" es la que está más asociada a la pigmentación. El Kitlg controla la proliferación, migración, diferenciación y supervivencia de los receptores Kit que se expresan en los melanocitos (Wehrle-Haller, 2003, Vissio *et al.*, 2021). En los peces mutantes del gen Kitlg a muestran una reducción severa de melanóforos. En larvas y juveniles, los melanóforos están casi completamente ausentes. Los peces adultos muestran rayas longitudinales medianas que contienen solo el 15% del número normal de melanóforos (Johnson *et al.*, 1995; Parichy *et al.*, 1999; Hultman *et al.*, 2007). Existen pocos reportes del gen Kitlg a en peces amazónicos (Scotto *et al.*, 2015; Scotto, 2021).

El mercado de peces ornamentales se valoró en 12 840 millones de dólares en el 2024, con un crecimiento previsto hasta los 20 880 millones de dólares en 2032 (Global Growth Insights, 2025).

El Perú cuenta con diversos grupos de peces ornamentales muy cotizados dentro de la acuicultura ornamental. Destacándose por su belleza e intensidad de diversos colores. Sin embargo, a pesar de que el país es originario de mucha de esta diversidad biológica. El comercio mundial de peces ornamentales involucra a unos 125 países de todo el mundo. Este total está dominado (90%) por peces de agua dulce, la mayoría de los cuales provienen de instalaciones de cría ubicadas en países en desarrollo, generalmente en Asia o América del Sur. Siendo los cíclidos ornamentales una de las especies ictícolas nativas más comercializadas y debe ser priorizada a futuro (Inocente-Julca, 2021; MINAM, 2021). De las 2 550 especies de peces amazónicas validas (Oberdorff *et al.*, 2019), 980 ya fueron registrados en el Perú. Muchos de ellos son especies de pequeño a mediano porte que se caracterizan por poseer patrones de coloración y morfología llamativos que atrae la atención de los acuariólogos (García-Dávila *et al.*, 2021). De esta manera la riqueza genética existente en nuestro país viene siendo aprovechada y explotada por entidades extranjeras, las cuales iniciaron diversos estudios de mejoramiento genético, selección y estudios de biodiversidad en diversas especies ornamentales desde hace décadas. La gran diversidad y mercado de esta especie debe ser aprovechada en aras de desarrollar mejoramiento genético a mediano y largo plazo y empezar a exportar nuevas variedades como a preservar a las variedades ya existentes. Las técnicas moleculares disponibles (Caso el PCR) como las desarrolladas en el presente trabajo permitirán implementar rápidamente técnicas de caracterización molecular (Cornejo *et al.*, 2014). Al poder obtenerse individuos con mejores rasgos fenotípicos en cuanto al color corporal, utilizándose técnicas moleculares que identifiquen genes de interés como es el caso de los genes de colores (Gen Kitlg), se podría dar valor agregado a varias de nuestras especies nativas ornamentales con alto potencial e incrementar las exportaciones con mayor valor agregado. Así mismo, se evitaría la erosión genética por su sobreexplotación al reproducirse en cautiverio e iniciar programas de mejoramiento genético para la obtención de líneas comerciales.

El presente trabajo tuvo como objetivo general la amplificación e identificación molecular del polimorfismo de la secuencia nucleotídica del gen del receptor Kitlg a asociado a la pigmentación en diversas especies ornamentales

del género *Mikrogeophagus* de interés comercial y que den las bases genético-moleculares sobre las cuales se puedan iniciar diversos estudios referidos a la potenciación de la acuicultura ornamental peruana futura.

MATERIALES Y MÉTODOS

El presente trabajo fue realizado en el Laboratorio de Mejora Genética y Reproducción Animal de la Facultad de Ciencias Naturales y Matemática de la Universidad Nacional Federico Villarreal (UNFV) en la ciudad de Lima, Perú,

Material biológico

Se tomaron dos peces al azar de las variedades “Velo” y “German Blue” de la especie *Mikrogeophagus ramirezi* (Myers & Harry, 1948) previamente identificadas. Ambos especímenes fueron machos, de colores uniformes y llamativos, los cuales se fotografiaron antes de su sacrificio por eutanasia a través de la disminución gradual de la temperatura.

Cada espécimen de pez cíclido ornamental fue adquirido de acuarios de Lima Metropolitana los cuales fueron fotografiados antes de la extracción de tejido y del ADN.

Extracción de ADN de tejido muscular del pez

Para la estandarización del protocolo de extracción de ADN, se obtuvo aproximadamente un centímetro del músculo de cada pez (Lopera-Barrero *et al.*, 2008). Se transfirió la porción del músculo a un tubo de microcentrífuga de 1,5 mL y seguidamente se agregó 200 µL de tampón GST y 20 µL de la proteinasa K. Luego se incubó a 60 °C durante 30 min para la digestión del músculo. Luego de la incubación se realizó la centrifugación durante dos minutos a 15 000g para la lisis celular y cuidadosamente se transfirió el sobrenadante a un nuevo tubo de microcentrífuga de 1,5 mL. Adicionando luego 200 µL de Buffer GSB y agitando durante 10 seg. Se añadió 200 µL de etanol absoluto al lisado de la muestra y se mezcló nuevamente durante 10 segundos, colocando una columna GS en un tubo de colecta de 2 mL para transferir toda la mezcla a esta. La centrifugación se realizó a 15 000 g durante un min en una centrífuga refrigerada marca Centurión. Se desechó el tubo de recogida de 2 mL que contenía el sobrenadante. A continuación, se transfirió la columna GS a un nuevo tubo de recogida de 2 mL, se añadió 400 µL de tampón W1 a la columna GS y se

centrifugó posteriormente a 15 000g durante 30 seg. El flujo sobrante se desechó y la columna GS se colocó nuevamente en el tubo de recogida de 2 mL. Se añadió 600 µL de tampón de lavado a la columna GS, centrifugando nuevamente a 15 000 g durante 30 seg y se desechó el flujo sobrante. La columna GS se colocó nuevamente en el tubo de recogida de 2 mL y se volvió a centrifugar durante tres minutos para el secado de la columna. La columna GS seca fue transferida a un tubo limpio de microcentrífuga y se añadió 100 µL de Buffer de Disolución precalentado dejando reposar durante al menos 3 min, finalmente se centrifugó a 15 000g durante 30 seg para diluir el ADN purificado.

Diseño de Primers para el gen *Kitlg a*

Para determinar la presencia del gen *Kitlg* se sintetizaron primers específicos utilizándose el programa online Primer3Plus (<https://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi>) (Untergasser *et al.*, 2007), cuyas secuencias diseñadas fueron las siguientes: *Kitlg a* Forward: 3'-CACAGTTGCTGCCTATTCCA-5' y *Kitlg a* Reverse: 5'-TGAATCCTCCAAACCAGGTC-3'.

Análisis molecular por PCR para la amplificación del gen *Kitlg a*

La reacción de PCR se llevó a cabo utilizando la polimerasa ADN polimerasa i-Taq™ termoestable de 94KDa en un termociclador MultiGene™ OptiMax Thermal Cycler. Se preparó una mezcla o maestra Master mix Solution calculándose de acuerdo al número de muestras utilizadas. Luego se dispensó 5 µL de 2X PCR Master mix Solution en tubos de PCR, seguidamente se agregó la muestra de ADN y los primers Forward y Reverse en los mismos tubos de PCR. El ADN genómico de cada muestra para cada especie utilizada fue de 1 µL. La cantidad apropiada de primer Forward y Reverse fue de 0,5 µL en ambos casos. Se agregó 2 µL de agua libre de nucleasas en los tubos a un volumen total de 10 µL y se realizó una breve centrifugación en una centrifugadora refrigerada marca Centurión. Las fases y condiciones del PCR se observan en la Tabla 1.

Tabla 1. Condiciones de PCR.

Etapa	Temperatura	Ciclos
Desnaturalización	95°C x 10 min	1 ciclo
Desnaturalización	95°C x 15 min	35 ciclos
Alineación	62°C x 30 seg	1 ciclo
Extensión	72°C x 10 min	1 ciclo
Conservación	4°C x infinito	1 ciclo

Se corrieron los geles de agarosa al 1,5% durante 40 min a 70 V. Se utilizó como marcador de peso molecular el GeneRuler 100 bp DNA Ladder by Thermo Fisher Scientific y fueron visualizados bajo luz ultravioleta en un transiluminador de la marca Cleaver Scientific. Los amplificadores de Kitlg fueron purificados y enviados a secuenciar a la empresa Macrogen de Corea del Sur. Las secuencias Consenso fueron obtenidas utilizándose el programa CLC Genomics Workbench (Versión 3.6.5) (<https://digitalinsights.qiagen.com/>) (Software CLC, 2024).

Análisis *in silico* de las variantes del gen de Kitlg a

Con la información molecular se buscó la secuencia de

consenso y se editó las secuencias con el programa BioEdit. Luego se alineó las secuencias con el Programa Clustal X, por último, se alineó las secuencias nucleotídicas de las variantes del gen Kitlg con el programa Mega X para obtener el árbol filogenético comparativo con otras secuencias nucleotídicas de otras especies ictícolas (Kumar *et al.*, 2018).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se colectó especímenes de dos variedades de *M. ramirezi* mostrados en la Figura 1.



Figura 1. Dos variedades de peces macho de *Mikrogeophagus ramirezi*: A. Variedad Velo. B. Variedad German Blue.

En la Figura 2, se visualiza los resultados de las corridas electroforéticas para las muestras de ADN extraídas de las dos variedades de *M. ramirezi* por duplicado. Se obtuvo

una banda única amplificada de aproximadamente 21 000 pb que demuestra que no hay degradación del material genético.

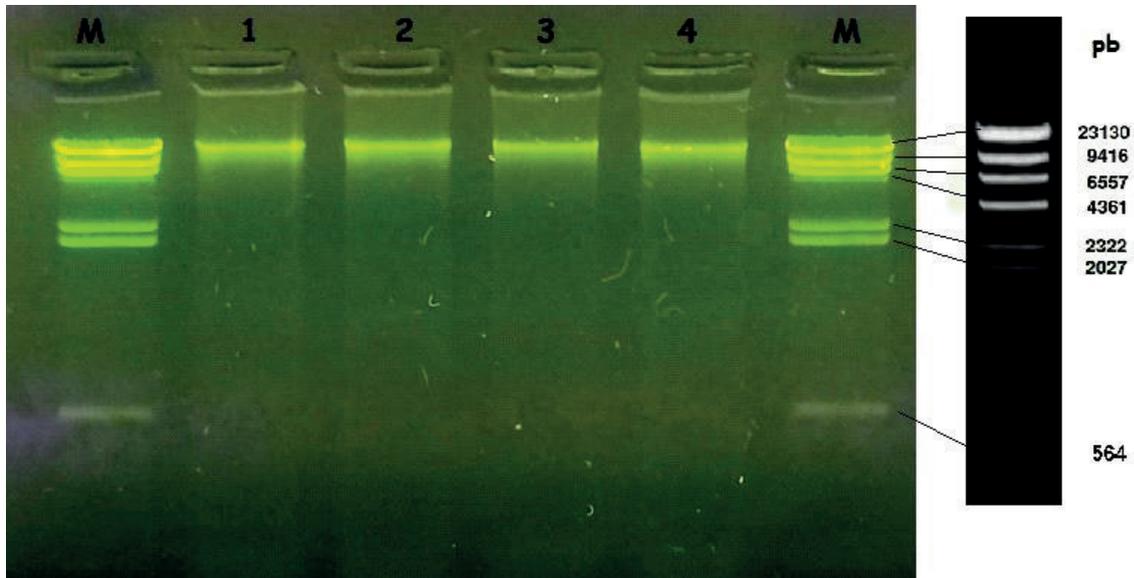


Figura 2. Corrida electroforética de las muestras de ADN extraídas (Banda amplificada de 21 000 pb aproximadamente). Especímenes de peces: 1, 2 = Velo, 3, 4 = German Blue (M = Marcador de peso molecular fago lambda digerido con Hind III).

En la Figura 3, se observa que las bandas del ADN amplificadas del gen *Kitlg* a tuvieron un tamaño

aproximado entre 200 a 300 pb.



Figura 3. Gel de amplificado de las variedades de peces *Mikrogeophagus ramirezi*: 1, 2 = Velo, 3, 4 = German Blue (M = Marcador de peso molecular de 100pb).

Se comparó las secuencias nucleotídicas consenso del gen *Kitlg* a de las variedades “Velo” y “German Blue” del *M. ramirezi* con las secuencias nucleotídicas de otros peces ornamentales existentes en el Genbank (2020abcd). Se

utilizó el programa Bioedit para alinear y eliminar los “Gaps” quedando una secuencia consenso final de 176 nucleótidos.

Con el programa MEGA se realizó el análisis filogenético. En la Figura 4, se observa el árbol filogenético obtenido

de la comparación de las secuencias nucleotídicas del gen de Kitlg a con las dos variedades de *M. ramirezi*.

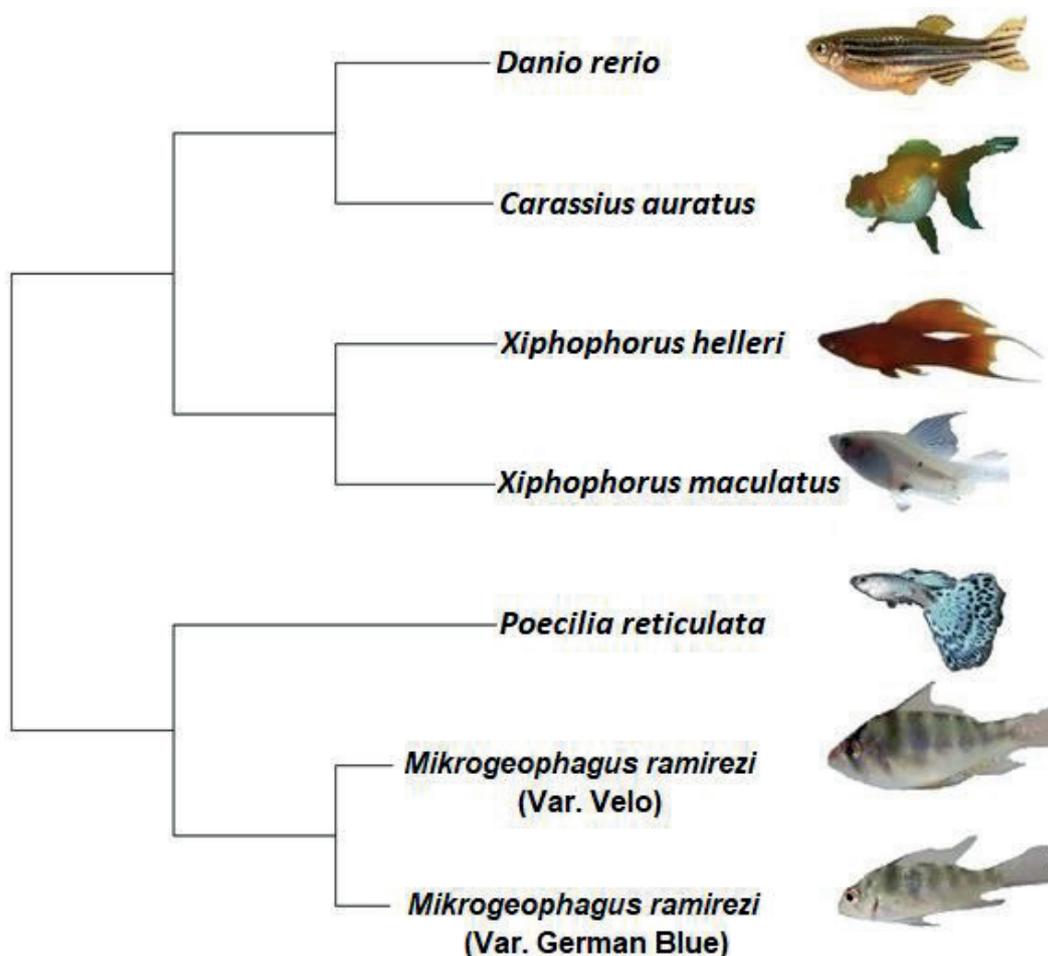


Figura 4. Árbol filogenético obtenido de las secuencias del gen Kitlg a de las variedades de *Mikrogeophagus ramirezi* con otras especies de peces. De arriba hacia abajo: *Carassius auratus*, *Xiphophorus helleri*, *Xiphophorus maculatus* y *Poecilia reticulata*.

DISCUSIÓN

La coloración de los peces, derivada de la selección y la adaptación, es una característica destacada de notables méritos en acuicultura. Los peces poseen más tipos de células pigmentarias que cualquier otro vertebrado y constituyen un excelente modelo para el estudio de los mecanismos que subyacen a la coloración y la pigmentación de la piel, desde la genética molecular hasta la biología de sistemas. La mejora eficaz del color de la piel en peces ornamentales y de la acuicultura ha sido durante mucho tiempo un objetivo prioritario en los programas de cría selectiva (Luo *et al.*, 2021).

La coloración está determinada principalmente por diversos pigmentos sintetizados por cromatóforos o células pigmentarias. Una diversidad de células pigmentarias, asociadas con una serie de factores celulares, nutricionales, fisiológicos, genéticos y ambientales, hacen que la piel de los peces se pigmente en un proceso biológico complicado. Hasta ahora, seis tipos de células pigmentarias, incluidos los melanocitos (negro, oscuro marrón), xantóforos (amarillo), eritróforos (rojo y naranja), iridóforos (reflectantes), leucóforos (blanco) y cianóforos (azul), se han reportado en vertebrados (Barreiro-Docío *et al.*, 2024). Los peces teleósteos, que reflejan iridóforos, poseen los seis tipos de células pigmentarias (Kelsh, 2004). Se ha reportado que docenas de genes están involucrados en el

proceso de pigmentación a través de la identificación de las mutaciones de pigmentación, pero los mecanismos moleculares del color de la piel de los peces es una de la menos comprendida. Queda aún por investigar en el futuro. Cómo estos y otros genes de pigmentación “clásicos” se integran con las vías metabólicas necesarias para el fenotipo pigmentario final (Braasch *et al.*, 2007; Parichy, 2006; Lewis *et al.*, 2019; Orteu & Jiggins, 2020).

Actualmente se dispone del genoma completo secuenciado del pez Espada (*Xiphophorus helleri* Heckel, 1848) (Genbank, 2020d). También se tiene el genoma completo del pez Cebra (*Danio rerio* Hamilton, 1822) donde está la secuencia nucleotídica del gen del Kitlg a del que sirvió para diseñar los primers para amplificar el mencionado gen (Genbank, 2020a).

En cuanto al proceso de extracción de ADN éste fue óptimo evidenciándose sólo una banda muy detallada para el proceso de amplificación por PCR. Todas las muestras dieron positivo para el gen Kitlg a con una secuencia de una longitud aproximada entre 200 a 300pb muy semejante a lo reportado en el gen Kitlg a del pez Cebra en el Genbank con No. de acceso AY929068.1 (Figuras 1 y 2). Lo cual demostró un buen diseño de los primers para Kitlg a.

Así mismo, se logró identificar la secuencia consenso del gen Kitlg a en dos variedades del pez *M. ramirezi* no antes reportado (Figura 3). Se encontró más similitud entre las secuencias nucleotídicas del gen Kitlg a entre las dos variedades del *M. ramirezi* (Velo y German Blue) con un valor de cerca de un 45,4% comparado con la secuencia consenso del Kitlg a del pez Cebra que fue entre 25 y 26% de similitud. Con respecto a otras especies analizadas el porcentaje de similitud fueron de: 11,9% con *Carassius auratus* (Linnaeus, 1758), 11,4% con *X. helleri* y *Xiphophorus maculatus* Günther, 1866, y 15,9% con *Poecilia reticulata* Peters, 1860 (Figura 4). Estos resultados evidenciaron la relación evolutiva con cierto grado de filogenia con el género *Mikrogeophagus* que pertenece a la familia Cichlidae. Así se obtuvo homología con otras especies ornamentales dentro del mismo clado como fueron el pez Cebra (*D. rerio*) y el Goldfish (*C. auratus*) de la familia Cyprinidae que son peces modelo en la acuicultura ornamental. Además, estuvieron en otro clado de la familia Poeciliidae como fueron el pez Espada (*X. helleri*) y el pez Platy (*X. maculatus*). Previamente reportados por varios autores (Pielberg *et al.*, 2002; Basolo, 2006; Weich *et al.*, 2020). Existe una mayor similitud que guardan ambas variedades con el pez Guppy (*P. reticulata*), pudiendo guardar mucha convergencia evolutiva entre ambas especies o deberse a la fuerte selección artificial

producto del mejoramiento genético del pez Guppy que ha dado lugar a un gran número de variedades. Lo cual podría ser muy parecido a lo obrado por la selección natural en el género *Mikrogeophagus*, aspecto que podría dar lugar a usar el polimorfismo genético presente en las diferentes variedades de este pez y emplearlo para futuros programas de mejoramiento genético a nivel del color o pigmentación de la piel de estos peces.

Estas investigaciones permitirán determinar los diferentes fenotipos del color en los peces de genes específicos como el Kitlg a y ofrecen excelentes oportunidades para estudiar y aprender de ejemplos individuales de algunas especies para inferir patrones generales respecto a la evolución de la pigmentación en peces ornamentales obtenidos por selección natural y artificial utilizados por la acuicultura ahora y en el futuro.

Author contributions: CRediT (Contributor Roles Taxonomy)

CSE = Carlos Scotto-Espinoza

CDC = Catalina Díaz-Cachay

BGC = Betty Gamero-Collado

PBG = Paul Baltazar Guerrero

AHA = Andrea Huatuco Asencios

Conceptualization: CSE, CDC

Data curation: CDC, BGC

Formal Analysis: CSE, BGC, CDC

Funding acquisition: CSE

Investigation: CSE, CDC

Methodology: CSE, PBG

Project administration: CSE, PBG

Resources: CSE, BGC

Software: CSE, AHA

Supervision: CSE, CDC

Validation: CSE, CDC

Visualization: CSE, BGC

Writing – original draft: CSE, CDC

Writing – review & editing: CSE, CDC

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Barreiro-Docío, E., Méndez-Martínez, L., Guerrero-Peña, L., Costas, C., & Rotllant, J. (2024). Desentrañando los mecanismos de pigmentación en pez cebra: Aproximación basada en datos de single-cell y bulk RNAseq del mutante del receptor 2 de melanocortinas (mc2rKO), https://digital.csic.es/bitstream/10261/362510/1/Desentra%C3%B1ando_mecanismos_poster_2024.pdf
- Basolo, A. (2006). Genetic Linkage and Color Polymorphism in the Southern Platyfish (*Xiphophorus maculatus*): A Model System for Studies of Color Pattern Evolution. *Zebrafish*, 3, 65-83.
- Braasch, I., Scharl, M., & Volff, J. (2007). Evolution of pigment synthesis pathways by gene and genome duplication in fish. *BMC Evolutionary Biology*, 7, 14-18.
- Cal, L., Suarez-Bregua, P., Cerdá-Reverter, J.M., Braasch, I., & Rotllant, J. (2017). Fish pigmentation and the melanocortin system. *Comparative Biochemistry & Physiology Parte A: Molecular integrative Physiology*, 211, 26-33.
- Cornejo, A., Serrato, A., Rendón, A. & Aguilar, B., & Rocha, G. (2014). *Herramientas moleculares aplicadas en ecología: aspectos teóricos y prácticos*. Instituto Nacional de Ecología y Cambio Climático (INECC).
- Dey, V. (2016). Global Trade in Ornamental Fish. *INFOFISH International*, 4, 52-55.
- Estivals, G., Duponchelle F., Römer, U., García-Dávila, C., Airola E., Deléglise, M., & Renno J. (2020). The Amazonian dwarf cichlid *Apistogramma agassizii* (Steindachner, 1875) is a geographic mosaic of potentially tens of species: Conservation implications. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 30, 1521-1539.
- Farias, I.P., Ortí, G., Sampaio, I., Schneider, H., & Meyer, A. (1999). Mitochondrial DNA phylogeny of the family Cichlidae: monophyly and fast molecular evolution of the neotropical assemblage. *Journal of Molecular Evolution*, 48, 703-711.
- Farias, I. P., Ortí, G., & Meyer, A. (2000). Total evidence: Molecules, morphology, and the phylogenetics of cichlid fishes. *Journal of Experimental Zoology*, 288, 76-92.
- FishBase (2024). *FishBase*. Froese, R., & Pauly, D. (Eds), <https://www.fishbase.de/>
- García-Dávila, C., Estivals, G., Mejia, J., Flores, M.; Angulo, C., Sánchez, H., Nolorbe, C., Chuquipiondo, C., Castro-Ruiz, D., García, A., Ortega, H., Pinedo, L., Oliveira, C., Römer, U., Mariac, C., Duponchelle, F., & Renno, J.F. (2021). Peces ornamentales de la amazonia peruana. *Instituto de Investigaciones de la Amazonia Peruana (IIAP)*.
- GBIF Secretariat (2023). *Mikrogeophagus ramirezi* (Myers & Harry, 1948), <https://www.gbif.org/es/species/2373104>.
- Genbank. (2020a). *Secuencia del Kit ligando a (Kitlg a) de pez Cebra (Danio rerio)*, No. de acceso: AY929068.1, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/AY929068.1?report=fasta>
- Genbank. (2020b). *kit ligando a Xiphophorus hellerii (Cola de espada verde)*. No. de acceso: NC_045673.1, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/116708098/>
- Genbank. (2020c). *Chromosome 3 Poecilia reticulata*. No. de acceso: NC_LR880647, [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/LR880647.1?report=genbank&log\\$=nucltop&blast_rank=1&RID=U84KR7CZ013](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/LR880647.1?report=genbank&log$=nucltop&blast_rank=1&RID=U84KR7CZ013)
- Genbank. (2020d). *Xiphophorus hellerii cepa 12219 cromosoma 4, Xiphophorus_hellerii-4.1, secuencia del genoma completo*. No. de acceso: NC_045675, https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC_045675.1
- Global Growth Insights (2025). *Tamaño del mercado de peces ornamentales, participación, crecimiento y análisis de la industria, por tipos (peces de agua dulce, peces marinos), aplicaciones (aplicaciones comerciales, aplicaciones residenciales) e información regional y pronóstico para 2032*, <https://www.globalgrowthinsights.com/es/market-reports/ornamental-fish-market-103358#faq>
- Han, J., Kraft, P., Nan, H., Guo, H., Chen, C., Qureshi, A., Hankinson, E., Hu, F., Duffy, D., Zhao, Z.,

- Martin, N., Montgomery, G., Hayward, N., & Hunter, A. (2008). Genome-wide association study identifies novel alleles associated with hair color and skin pigmentation. *PLoS Genetic*, *4*, 1-11.
- Harpaz, S., & Padowicz, D. (2007). Color enhancement in the ornamental dwarf cichlid *Microgeophagus ramirezi* by addition of plant carotenoids to the fish diet. *Israeli Journal of Aquaculture Bamidgeh*, *59*, 195–200.
- Hultman, K., Bahary, N., Zon, L., & Johnson, S. (2007). Gene Duplication of the Zebrafish kit ligand and Partitioning of Melanocyte Development Functions to kit ligand a. *PLoS Genetics*, *3*, 89-102.
- Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP) (2011). *Peces ornamentales amazónicos*. Catálogo 2011. Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana- IIAP, http://repositorio.iiap.org.pe/bitstream/IIAP/138/1/sanchez_libros_2011.pdf
- Inocente-Julca, R. (2021). *Cadena de valor de peces ornamentales: Estudio prospectivo* (1.^a ed.). Programa Nacional de Innovación en Pesca y Acuicultura (PNIPA), <https://pnipa.gob.pe/wp-content/uploads/2021/06/libro-de-prospectiva-PNIPA-peces-ornamentales.pdf>
- Irion, U., & Nüsslein-Volhard, C. (2019). The identification of genes involved in the evolution of color patterns in fish. *Current Opinion in Genetics & Development*, *57*, 31-38.
- Johnson, S. L., Africa, D., Walker, C., & Weston, J. A. (1995). Genetic control of adult pigment stripe development in zebrafish. *Developmental Biology*, *167*, 27-33.
- Kasagi, S., Miura, M., Okazaki, T., Mizusawa, K., & Takahashi, A. (2020). Effects of tank color brightness on the body color, somatic growth, and endocrine systems of rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*. *General and Comparative Endocrinology*, *298*, 113581.
- Kelsh, R. N. (2004). Genetics and evolution of pigment patterns in fish. *Pigment Cell Research*, *17*, 326–336.
- Kottler, V., Fadeev, A., Weigel, D., & Dreyer, C. (2013). Pigment pattern formation in the guppy, *Poecilia reticulata*, involves the Kita and Csf1ra receptor tyrosine kinases. *Genetics*, *194*, 631–646.
- Kullander, S. O. (1986). *Cichlid fishes of the Amazon river drainage of Peru*. Swedish Museum of Natural History. https://svenkullander.se/publications/Kullander_Peru_1986.pdf
- Kullander, S. O. (1998). A phylogeny and classification of the South American Cichlidae (Teleostei: Perciformes). p. 462. *In*: Malabarba, L. R., R. E., Reis, R. P., Vari, Z. M. S., Lucena & C. A.S., Lucena (ed.), *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*. EDIPUCRS.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, *35*, 1547-1549.
- Lessa, E. P. (1992). Rapid surveying of DNA sequence variation in Natural populations. *Molecular Biology and Evolution*, *9*, 323-330.
- Lewis, V., Saunders, L., Larson, T., Baina, E., Sturialea, S., Gure, D., Chowdhury, S., Flynn, J., Allen, M., Deheyn, D., Lee, J., Simon, J., Lippincott-Schwartz, J., Raible, D., & Parichy, D. (2019). Fate plasticity and reprogramming in genetically distinct populations of *Danio leucophores*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *11*, 11806-11811.
- Ley N° 26839. (1997). *Ley sobre la conservación y aprovechamiento sostenible de la diversidad biológica*, <<http://www.minam.gob.pe/wp-content/uploads/2017/04/Ley-N%C2%B0-26839.pdf>>_
- Lopera-Barrero, N.M., Povh, J.A., Ribeiro, R.P., Gomes, P.C., Jacometo, C.B., & Silva-Lopes, T. (2008). Comparación de protocolos de extracción de ADN con muestras de aleta y larva de peces: extracción modificada con cloruro de sodio. *Ciencia e investigación agraria*, *35*, 77-86.
- Luo, M., Lu, G., Yin, H., Wang, L., Atuganile, M., & Dong, Z. (2021). Pigmentación y coloración de los peces: Mecanismos moleculares y perspectivas en acuicultura. *Reseñas en Acuicultura*, *13*, 2395–2412.

- McLean, E. (2021). Fish tank color: An overview. *Aquaculture*, 530, 735750.
- Mesa, L. M., & Lasso, C. A. (2011). *III. Revisión del género Apistogramma regan, 1913 (Perciformes, Cichlidae) en la cuenca del río Orinoco*. Serie Editorial Recursos Hidrobiológicos y Pesqueros Continentales de Colombia. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander Von Humboldt. 192 pp. <http://repository.humboldt.org.co/bitstream/handle/20.500.11761/31452/14.pdf>
- Miller, C., Beleza, S., Pollen, A., Schluter, D., Kittles, A., Shriver, M., & Kingsley, D. (2007). *cis*-Regulatory Changes in *Kit Ligand* Expression and Parallel Evolution of Pigmentation in Sticklebacks and Humans. *Cell*, 131, 1179-1189.
- Ministerio del Ambiente (MINAM) (2021). *Línea de base de los peces ornamentales con fines de bioseguridad en el Perú*. (1.^a ed.). Ministerio del ambiente, https://bioseguridad.minam.gob.pe/wp-content/uploads/2020/02/sist_ldb_pecesornam_19.pdf
- Oberdorff, T., Dias, M.S., Jézéquel, C., Albert, J.S., Arantes, C.C., Bigorne, R., Carvajal-Valleros, F.M., De Wever, A., Frederico R.G., Hidalgo, M., Hugueny, B., Leprieur, F., Maldonado, M., Maldonado-Ocampo, J., Martens, K., Ortega, H., Sarmiento, J., Tedesco, P.A., Torrente-Vilara, G., Winemiller, K.O., & Zuanon, J. (2019). Unexpected fish diversity gradients in the Amazon basin. *Science Advances*, 5, eaav8681.
- Orteu, A., & Jiggins, C. (2020). The genomics of coloration provides insights into adaptive evolution. *Nature Reviews Genetics*, 21, 461-475.
- Ortega, H., Hidalgo, M., Trevejo, G., Correa, E., Cortijo, A., Meza, V., & Espino, J. (2012). *Lista anotada de los peces de aguas continentales del Perú: Estado actual del conocimiento, distribución, usos y aspectos de conservación*. Ministerio del Ambiente, Dirección General de Diversidad Biológica Eds. Museo de Historia Natural de la UNMSM. 2^{da} ed.
- Parichy, D. M., Rawls, J. F., Pratt, S. J., Whitfield, T. T., & Johnson, S. L. (1999). Zebrafish sparse corresponds to an orthologue of *c-kit* and is required for the morphogenesis of a subpopulation of melanocytes, but is not essential for hematopoiesis or primordial germ cell development. *Development*, 12, 3425-3436.
- Parichy, D. M. (2006). Evolution of danio pigment pattern development. *Heredity* (Edinb), 97, 200-210.
- Pielberg, G., Olsson, C., Syvanen, A., & Andersson, L. (2002). Unexpectedly high allelic diversity at the *kit* locus causing dominant white color in the domestic pig. *Genetics*, 160, 305-311.
- Scotto, C., Angeles, B., & Miglio, M. C. (2015). Amplificación e identificación molecular del polimorfismo genético de los genes de color *Kitlg* y *Tyrb1b* en los peces de la amazonía peruana *Symphysodon aequifasciatus aequifasciatus* y *Festivus* sp. (*Mesonauta festivus*) (Perciformes: Cichlidae). *Cátedra Villarreal*, 3, 37-46.
- Scotto, C. (2021). Secuenciamiento de las variantes del gen *kitlg* a asociado a la pigmentación en el pez ornamental *Platy* (*Xiphophorus maculatus*, Günther, 1866). *Revista Campus*, 26, 51-62.
- Software CLC (2024). Genomics Workbench (Versión 3.6.5), <https://digitalinsights.qiagen.com/f>
- Sugimoto, M. (2002). Morphological color changes in fish: regulation of pigment cell density and morphology. *Microscopy Research and Technique*, 58, 496-503.
- Untergasser, A., Nijveen, H., Rao, X., Bisseling, T., Geurts, R., & Leunissen J. (2007). Primer3Plus, an enhanced web interface to Primer3. *Nucleic Acids Research*, 35, W71-W74.
- Vissio, P.G., Darias, M.J., Di Yorio, M.P., Perez Sirkin, D.I., & Delgadín, T.H. (2021). Fish skin pigmentation in aquaculture: The influence of rearing conditions and its neuroendocrine regulation. *General and Comparative Endocrinology*, 301, 113662.
- Wang, Z.Q., Si, L., Tang, Q., Lin, D., Fu, Z., Zhang, J., Cui, B., Zhu, Y., Kong, X., Deng, M., Xia, Y., Xu, H., Le, W., Hu, L., & Kong, X. (2009). Gain-of-function mutation of *KIT* ligand on melanin synthesis causes familial progressive hyperpigmentation. *The American Journal of Human Genetics*, 84, 672-677.
- Wehrle-Haller, B. (2003). The role of *Kit*-ligand in melanocyte development and epidermal homeostasis. *Pigment Cell Research*, 16, 287-296.

Weich, K., Affolter, V., York, D., Rebhun, R., Grahn, R., Kallenberg, A., & Bannasch, D. (2020). Pigment intensity in dogs is associated with a copy number variant upstream of *Kitlg*. *Genes*, *11*,1-13.

Zafra, A., Díaz, M., Dávila, F., Vela, K., & Colchado, J. (2018). Catálogo de peces ornamentales en Trujillo, La Libertad, Perú. *Arnaldoa*, *25*, 757-786.

Zhang, J., Liu, F., Cao, J., & Liu, X. (2015) Skin Transcriptome Profiles Associated with Skin Color in Chickens. *PLoS ONE*, *10*, e0127301.

Received January 15, 2025.

Accepted March 17, 2025.