Caracterización del perfil transcriptómico de *Chironomus* expuesto al impacto minero usando tecnologías de secuenciación de última generación

Resumen

Los insectos de la familia Chironomidae poseen amplia diversidad en los ecosistemas de agua dulce y son integrantes importantes de las cadenas tróficas de estos ambientes. Las larvas cuentan con el potencial fisiológico para tolerar el estrés ambiental ante la baja concentración de oxígeno, la presencia de sustancias tóxicas, los cambios de temperatura y salinidad. En Colombia, el desarrollo de las actividades mineras está causando impactos ambientales en los ecosistemas acuáticos por el vertimiento de metales pesados. El objetivo del presente estudio fue determinar los genes Chironomus spp inducidos por estrés de tensores de minería, mediante el uso de tecnologías de secuenciación de última generación. El estudio comprendió el análisis del transcriptoma de larvas de cuarto instar de Chironomus columbiensis cultivados en laboratorio y de Chironomus spp colectados en campo. De las larvas de C. columbiensis expuestas a aguas provenientes de minería (IL) se obtuvieron 64, 116,811 lecturas de ADNc y de las aguas provenientes de la zona de referencia (RL) se obtuvieron 67,427,782 ADNc . De las colectas en campo de Chironomus spp se obtuvieron 68, 232,016 lecturas de ADNc de larvas de una zona impactada por minería (MI) y 69,390, 786 lecturas de ADNc de larvas de una zona de referencia (MR). El ensamble de novo del transcriptoma de C. columbiensis generó 41,355 unigenes. El análisis de los perfiles de expresión genética entre C. columbiensis y Chironomus spp, generó 768 genes que se expresan diferencialmente (p < 0.01), de los cuales 261 mostraron aumento de la expresión y 507 mostraron inhibición de la expresión. Las respuestas genéticas al impacto minero tanto de Chironomus spp como de C. columbiensis están involucradas en las rutas metabólicas de la hemoglobina, la fosforilación oxidativa, la síntesis de proteínas y los antioxidantes del glutatión y la ferritina.

Palabras clave: *Chironomus* spp, ecotoxicología, transcriptoma, expresión genética, rutas metabólicas