

# ESTRUCTURA Y ANÁLISIS COMPARATIVOS DE LOS GENOMAS MITOCONDRIALES DE LAGARTIJAS DEL GÉNERO *LIOLAEMUS* CON DIFERENTES MODOS DE REPRODUCCIÓN Y NIVELES DE PLOIDÍA.

**Área del Conocimiento:** Ciencias Naturales.

**Facultad:** Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura.

**Becario:** VALDÉS, Jose Julian.

**E-mail:** Julianvaldes@hotmail.com.ar

**Director:** SEIJO, Guillermo.

## Objetivos

En el presente trabajo se ensamblaron los primeros genomas mitocondriales de la familia Liolaemidae (Squamata), utilizando tecnología de Secuenciación de Próxima Generación para hacer un análisis comparativo de la estructura y organización de los mitogenomas de tres especies de *Liolaemus* relacionadas de diferente manera, con diferentes estrategias reproductivas y niveles de ploidía. Las especies fueron seleccionadas de diferentes clados filogenéticos, es decir, *L. darwini* y *L. parthenos* pertenecen al clado *L. darwini* mientras que *L. millcayac* pertenece al clado más basal de *L. anomalus*. Además, *L. darwini* y *L. millcayac* son especies de reproducción sexual, mientras que *L. parthenos* es la única especie triploide partenogenética conocida para los lagartos iguanidos pleurodontes, y los estudios proponen que se originó a partir de la hibridación entre *L. darwini* y otras especies desconocidas del género (Abdala et al., 2016).

## Materiales y Métodos

Se trabajó con material depositado en la colección herpetológica de la Fundación Miguel Lillo (FML, Tucumán, Argentina). Para la secuenciación del genoma, se aisló el ADN genómico de tres especies de *Liolaemus* (*L. darwini*, *L. parthenos* y *L. millcayac*) a partir de muestras de hígado conservadas con etanol, utilizando el protocolo de extracción de Aljanabi (1997). Las muestras se remitieron a Macrogen Inc., Corea, para la construcción de la biblioteca y secuenciación. Los ensamblajes *de novo* de genomas mitocondriales se realizaron utilizando NOVOPlasty v2.6.3 (Dierckxsens, Mardulyn & Smits, 2017), con el genoma mitocodrial de *Anolis punctatus* como genoma de referencia (NCBI RefSeq NC\_044125.1). El ensamblado de los mitogenomas de las tres especies de *Liolaemus* se anotaron usando el software GeSeq (Tillich et al., 2017). Los mapas de mitogenomas se dibujaron utilizando la herramienta en línea GenomeVx (Conant & Wolfe, 2008). Se compararon los mitogenomas de *Liolaemus* ensamblados para calcular la composición de nucleótidos, el uso de codón sinónimo relativo (RSCU), las sustituciones no sinónimas (Ka) y sinónimas (Ks), la reordenación de genes y los sitios de variación. Las estadísticas de uso de codones se calcularon utilizando DnaSP versión 5.0 (Librado & Rozas, 2009). Las secuencias de nucleótidos de cada PCG se alinearon basándose en las secuencias de aminoácidos en TranslatorX (Abascal, Zardoya & Telford, 2010) con el algoritmo MAFFT. Las proporciones de sustituciones no sinónimas (Ka) y sustituciones sinónimas (Ks) se estimaron en DnaSP versión 5.0 (Librado & Rozas, 2009). Para evaluar la variación interespecífica, se realizaron comparaciones por pares entre los tres genomas mitocondriales de *Liolaemus* con el programa mVISTA (Frazer et al., 2004).

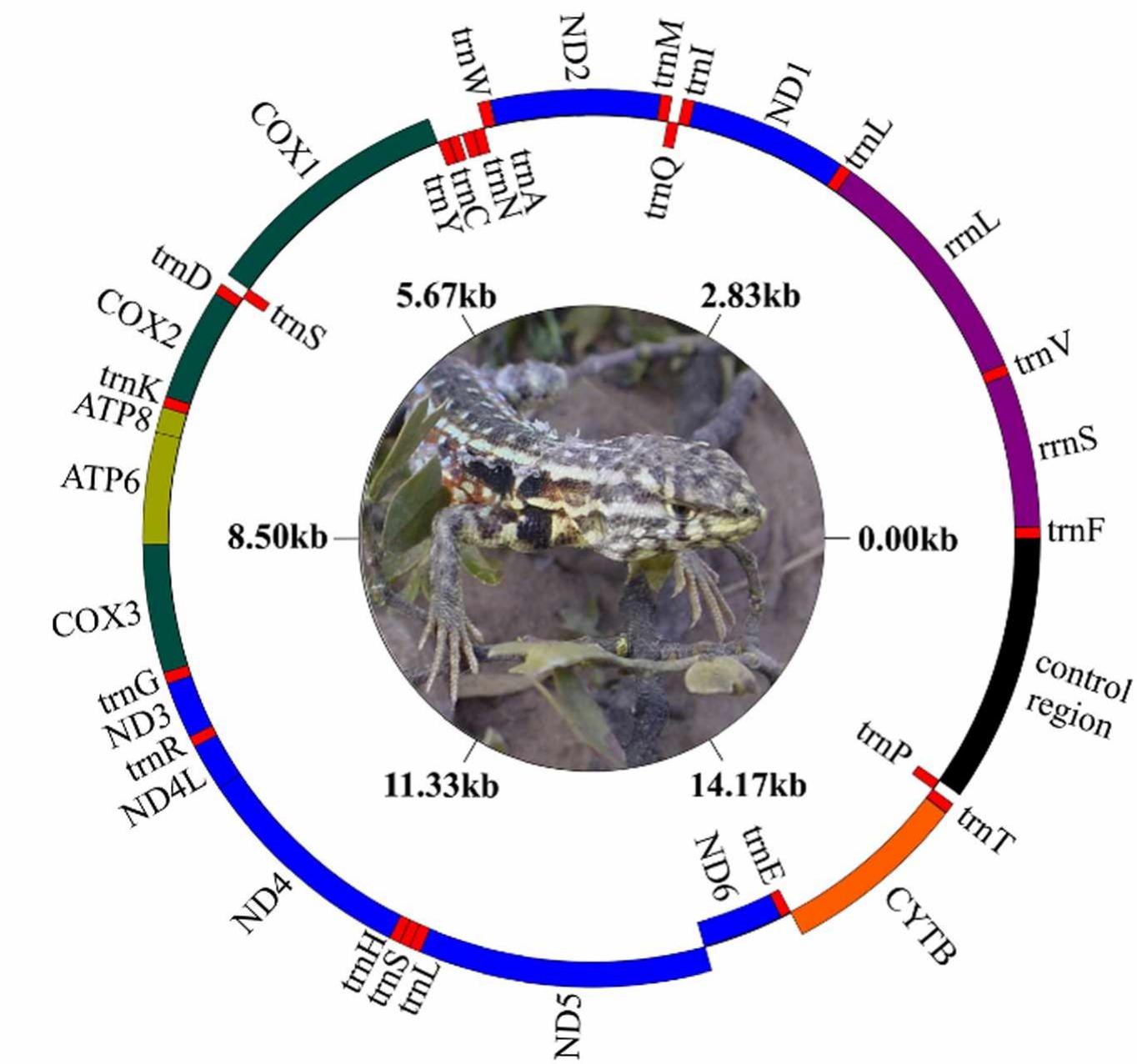


Fig 1. Mapa del mitogenoma completo de *Liolaemus darwini*.

## Resultados y Discusión

Los mitogenomas ensamblados de *Liolaemus parthenos*, *L. darwini* y *L. millcayac* consisten en moléculas circulares de 16.838 pb, 16.974 pb y 16.945 pb, respectivamente. Están compuestos por 37 genes (13 PCG, 22 ARNt y dos ARNr) y dos regiones no codificantes (el origen de la replicación de la hebra ligera y una región de control) mostrando una organización idéntica y la alineación reveló una alta similitud de secuencia entre las 3 especies analizadas. La Fig 1 es representativa de las 3 especies. El contenido de A + T de los genes codificantes de proteínas (PCG) fue de aproximadamente el 61% en las tres especies analizadas. El análisis de la diversidad de nucleótidos reveló una alta conservación de las secuencias de nucleótidos de los 13 PCG. El análisis del uso de codones sinónimos relativos (RSCU) reveló la presencia de 60 codones que representan 22 aminoácidos. Las proporciones de sustituciones no sinónimas (Ka) versus sinónimas (Ks) de los 13 PCG fueron menores que 1; Esta relación sugiere que una fuerte selección purificadora y negativa puede estar operando en estos genes. Las secuencias de todos los genes de ARNt mostraron la estructura secundaria típica de hoja de trébol. Sin embargo, se observó gen trnC que carece de un brazo DHU canónico, que no es común en los mitogenomas de los vertebrados y hasta ahora solo se ha encontrado en lagartos acrodontes (Macey, Schulte & Larson, 2000). La Región Control (RC) de *L. darwini*, *L. parthenos* y *L. millcayac* fueron de 1,645 pb, 1,511 pb y 1,626 pb de longitud, respectivamente, como se esperaba para Iguanidae (Okajima & Kumazawa, 2010). A pesar de la organización general conservada, se encontraron dos tipos de secuencias ricas en AT muy variables,  $(A^x T^y)^n$  y  $(T A)^n$ , en el dominio 3 de la RC en las tres especies de *Liolaemus*. Nuestro estudio evidenció que esta región puede ser muy útil para analizar las relaciones de especies estrechamente relacionadas o a nivel infraespecífico y, para realizar estudios de estructura de la población en *Liolaemus*.