



XXVI Comunicaciones Científicas y Tecnológicas

Orden Poster: CE-009 (ID: 1931)

Autor: Valdes, Jose Julian

Título: Estructura y análisis comparativo de los genomas mitocondriales de lagartijas del género *Liolaemus* con diferentes modos de reproducción y niveles de ploidía.

Director: Seijo, José Guillermo

Palabras clave: Genomas mitocondriales, lagartos, Liolaemidae, secuencias repetitivas.

Área de Beca: Cs. Naturales Y Exactas

Tipo Beca: Cyt - Perfeccionamiento

Periodo: 01/04/2020 al 31/03/2022

Lugar de trabajo: Ibone - Inst. De Botánica Del Nordeste

Proyecto: (16F012) Análisis Biogeográfico, Taxonómico y Ecológico de la Herpetofauna del Nordeste Argentino

Resumen:

Liolaemus es el género de lagartijas más diverso de América del Sur, presentando patrones de radiación y especiación excepcionales. La diversificación reciente que ha sufrido el género complica el tratamiento taxonómico formal y los análisis filogenéticos de este grupo, lo que hace que las relaciones entre especies sigan siendo controvertidas. Aquí utilizamos la secuenciación de próxima generación para hacer un análisis comparativo de la estructura y organización de los genomas mitocondriales completos de tres especies de *Liolaemus* con diferentes estrategias reproductivas y niveles de ploidía. Los genomas mitocondriales anotados de ca. 17 kb son los primeros de la familia Liolaemidae. A pesar de los altos niveles de similitud de secuencia entre los tres genomas mitocondriales en la mayor parte de sus longitudes, los análisis comparativos revelaron variaciones en los codones de terminación de los genes codificadores de proteínas y la estructura de los ARNt entre especies. La presencia de un asa de dihidrouridina no canónica es una novedad para los iguanidos pleurodentes. Pero el mayor nivel de variabilidad se observó en dos secuencias repetitivas de la región de control, que fueron responsables de la mayor parte de la heterogeneidad de longitud en los genomas mitocondriales analizados. Estas repeticiones en tandem pueden ser marcadores útiles para analizar las relaciones de especies de *Liolaemus* filogenéticamente cercanas y géneros relacionados. Así como también, para realizar estudios de población y filogenéticos.