

Caracterización del genoma de *Plesionika edwardsii*: tamaño, elementos repetidos y cluster de ARNr nuclear

Claudio A. Jimenez Ruiz, Aaron Gálvez Salido, Mateo Zapata Pereira, Rafael Navajas Pérez, Carmelo Ruiz Rejón, Francisca Robles Rodríguez, Roberto de la Herrán Moreno

Departamento de Genética, Universidad de Granada

RESUMEN

La quisquilla, *Plesionika edwardsii*, es una especie de crustáceo con gran interés económico. En este estudio hemos realizado la primera estimación del tamaño del genoma de *P. edwardsii* y analizado los elementos repetidos presentes en él, incluyendo el cluster de genes ribosómicos. El tamaño del genoma haploide de *P. edwardsii* se estimó en 8,3-8,7 Gb. Los elementos repetidos comprenden más del 50% del genoma, entre los elementos anotados los más frecuentes son los LINEs. El cluster de los genes ribosomales en *P. edwardsii* comprende el 0,37% del genoma y hemos identificado sus genes y secuencias espaciadoras.



INTRODUCCIÓN

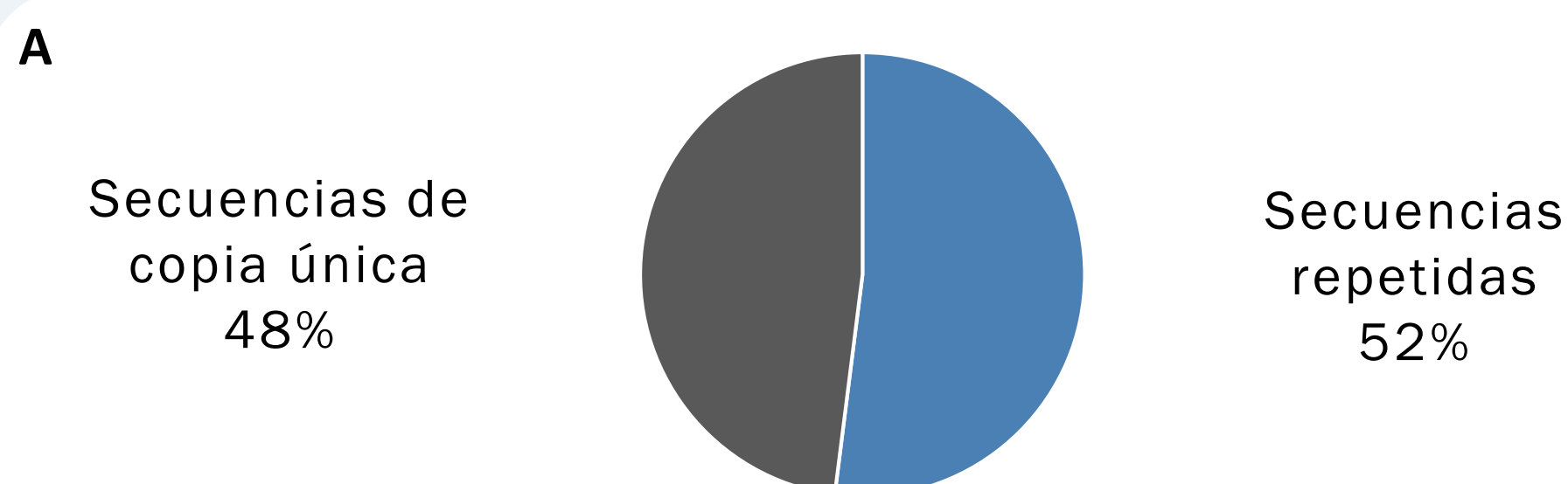
La quisquilla es una especie de crustáceo decápodo marino de la familia Pandalidae que habita aguas templadas y se puede encontrar entre los 50 y los 680 metros de profundidad. Su pesca es frecuente en el Mediterráneo y muy valorada en la costa granadina (Mar de Alborán). No obstante, no hay estudios publicados sobre el genoma de esta especie, por lo que en el presente análisis se ha realizado una primera aproximación sobre algunas características básicas de este como son su tamaño, el porcentaje de elementos repetidos y la caracterización de una fracción de interés como es el cluster de genes ribosómicos 45S.

MATERIALES Y MÉTODOS

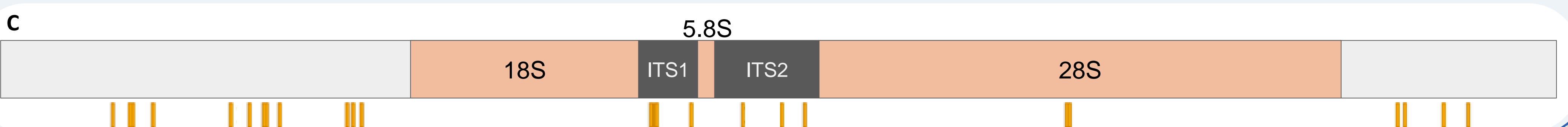
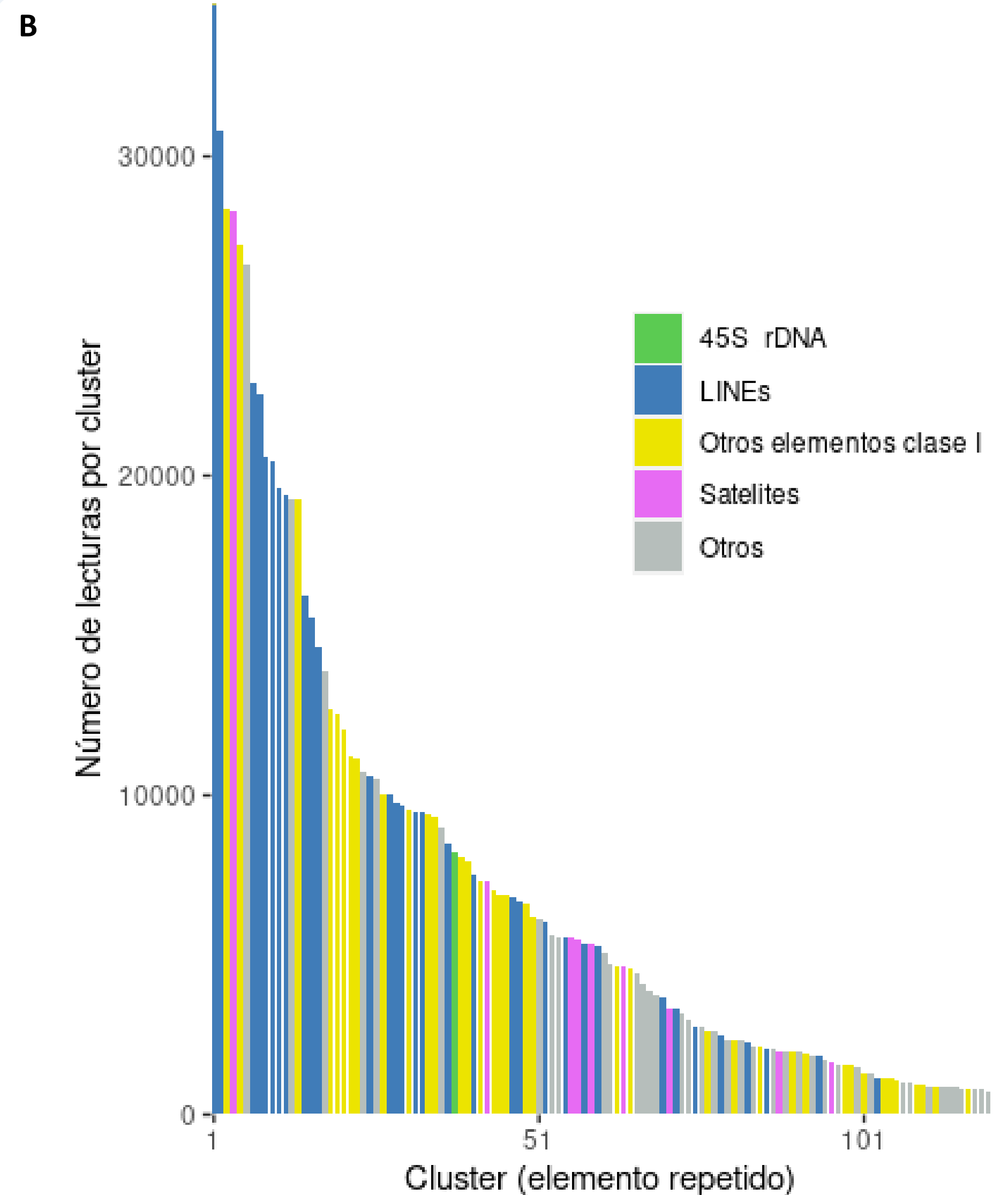
Se extrajo ADN genómico de *P. edwardsii* y se realizó una secuenciación de lecturas pareadas mediante Illumina HiSeq 2000. Las lecturas fueron filtradas y se estimó el tamaño del genoma mediante Jellyfish-2 y el server GenomeScope 2.0. Se utilizó el software RepeatExplorer2 para detectar y anotar los elementos repetidos. El cluster de genes ribosómicos 45S fue ensamblado mediante GetOrganelle, la secuencia de los ITS fue anotada mediante ITSx y los genes ribosómicos fueron anotados mediante barnap. Se realizó un alineamiento de las lecturas sobre el cluster ensamblado mediante Bowtie2 para analizar la cobertura y detectar variantes que tuvieran frecuencia >25%.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El tamaño estimado del genoma haploide de *P. edwardsii* es de 8,3-8,7 Gb, este tamaño es similar al de especies cercanas como *Pandalus montagui* (8,5 Gb). Presenta una heterocigosidad del 4,1-5,2%. La mayor parte del genoma está constituido por secuencias repetidas (A). Entre los elementos repetidos anotados destacan los LINEs como los más numerosos y los que ocupan el mayor porcentaje del genoma (B). El porcentaje de ADN satélite se estimó en un 6% del genoma, siendo esta fracción de importancia ya que se suele localizar en regiones centroméricas y subteloméricas.



En la secuencia consenso del cluster de los genes ribosomales (0,37% del genoma) se pudo identificar el 18S ARNr (1.905 pb), el 5.8S ARNr (162 pb) y el 28S ARNr (4.292 pb) y los espaciadores el ITS1 (440 pb) e ITS2 (860 pb). Mediante un análisis de variabilidad utilizando las lecturas obtenidas se detectaron diferentes posiciones polimórficas (SNPs) con un MAFF>25%, estas secuencias polimórficas se concentran en los ITSs y el IGS (C).



CONCLUSIONES

Este es el primer estudio genómico realizado en *P. edwardsii*. En él se ha estimado el tamaño de su genoma a partir de lecturas cortas, siendo similar a especies cercanas. Se han identificado y caracterizado los elementos repetidos entre los que destacan los elementos móviles de clase I. También se ha ensamblado, anotado y detectado posiciones polimórficas en el cluster de los genes ribosomales. Estos datos podrán ser utilizados en el ensamblado del genoma, especialmente difícil en especies con genomas tan grandes como este.

AGRADECIMIENTOS

Este estudio ha sido financiado como parte de un proyecto de investigación, desarrollo e innovación de la Junta de Andalucía del programa FEDER 2020 (B-BIO-678-UGR20).