Caracterización del genoma mitocondrial de la quisquilla (*Plesionika edwardsii* Brandt, 1851) y comparación con otras especies del infraorden Caridea

Claudio A. Jimenez Ruiz, Francisca Robles Rodríguez, Rafael Navajas Pérez, Carmelo Ruiz Rejón, Roberto de la Herrán Moreno
Departamento de Genética, Universidad de Granada

Resumen

La quisquilla, *Plesionika edwardsii* es una especie de camarón de la familia Pandalidae con valor económico en la región mediterránea y con perspectivas para su cultivo acuícola. Hemos secuenciado y ensamblado su genoma mitocondrial completo, que tiene 15.956 pb de longitud e incluye 37 genes. El orden de sus genes y el contenido de nucleótidos es similar a la mayoría de genomas mitocondriales del infraorden Caridea. En cuanto a sus genes codificantes de proteínas todos parecen estar bajo selección purificadora, aunque las diferencias en los ratios Ka:Ks sugieren que hay disparidad en la presión selectiva de algunos genes. En la región control hemos sido capaces de encontrar una secuencia conservada descrita previamente y comprobar que esta secuencia forma una estructura de horquilla. Finalmente, se ha utilizado el genoma mitocondrial para evaluar las relaciones filogenéticas de *P. edwardsii* con otras especies de pandálidos. Este estudio, por tanto, aporta un nuevo recurso genómico para *P. edwardsii*, siendo además el ADN mitocondrial de gran interés por su utilidad en estudios filogenéticos, taxonómicos y poblacionales.

Introducción

Plesionika edwardsii (Brandt, 1851), conocida comúnmente como quisquilla, es una especie de crustáceo marino de la familia Pandalidae con un gran interés económico en la región mediterránea. Es una especie con características interesantes para su cultivo, como son su amplia distribución y su extenso periodo reproductivo. *P. edwarsii* es una especie cosmopolita que habita principalmente aguas templadas, se puede encontrar entre los 50 y 680 metros de profundidad[1] y en esta especies se observan hembras ovígeras durante todo el año[6]. A pesar de estas características todavía hay pocos datos genéticos publicados de esta especie. Uno de los principales recursos genéticos que se están publicando de las especies cultivadas de crustáceos son los genomas mitocondriales (mitogenomas). Estos genomas tienen un gran interés a la hora de realizar estudios taxonómicos, comparar poblaciones y establecer la filogenia de especies en estudio, por contar con genes muy conservados y regiones con distinta tasa evolutiva.

Materiales y métodos

1. Secuenciación Illumina HiSeq 2000
2. Ensamblado con GetOrganelle v1.7.6.1[3]
3. Anotación mediante MITOS y MITOS2[2]
4. Corrección manual de las anotaciones

El mitogenoma anotado fue analizado mediante Geneious Prime 2022.0.2 y MEGA11 para obtener la proporción de AT y el uso relativo de codones sinonimos. El ratio Ka:Ks, que indica si una región está bajo selección purificadora, se obtuvo mediante el software KaKs calculator 2.0 comparando con el mitogenoma de *Plesionika sindoi*. La estructura secundaria de la zona control se obtuvo mediante Mfold. Para estudiar las relaciones filogenéticas entre *P. edwardsii* y los mitogenomas descritos de otras especies de la familia Pandalidae, se utilizó el software MitoPhAST[5] para construir un árbol filogenético con el método de máxima verosimilitud sobre un alineamiento de la concatenación de los 13 genes mitocondriales codificantes de proteínas, utilizando *Macrobrachium lanchesteri* (familia Palaemonidae) y *Stenopus scutellatus* (infraorden Stenopodidea) como especies externas a esta familia.

Resultados y discusión

Este es el primer ensamblado del mitogenoma de *P. edwardsii.* Este ensamblado tiene una cobertura media de 148.7x. El genoma circular completo tiene una longitud de 15.956 pb y en él se pudieron anotar los 37 genes típicos de los genomas mitocondriales animales. El orden de los genes corresponde con el orden ancestral descrito en crustáceos que comparte la mayoría de especies del infraorden Caridea (Figura 1)[4]. Este mitogenoma presenta más AT que GC (AT: 65,2%; GC: 34,8%) y sus genes codificantes de proteínas tienen un sesgo hacia los codones ricos en AT. El ratio Ka:Ks es menor de 1 en todos los genes, mostrando presión selectiva, presentando los genes *atp6*, *cob*, *cox1* y *nad1* menor valor del ratio Ka:Ks y *nad2* y *nad6* mayor valor. El mitogenoma de *P. edwardsii* también presenta una región no codificante de 1.118 pb que incluye la región de control (CR), en la cual hemos detectado una secuencia conservada (CSB) previamente descrita en otros pandalidos[4] la cual forma una estructura en horquilla (Figura 2). El análisis filogenético del ADN mitocondrial muestra la estrecha relación de esta especies con otras de la misma familia (Figura 3).

1

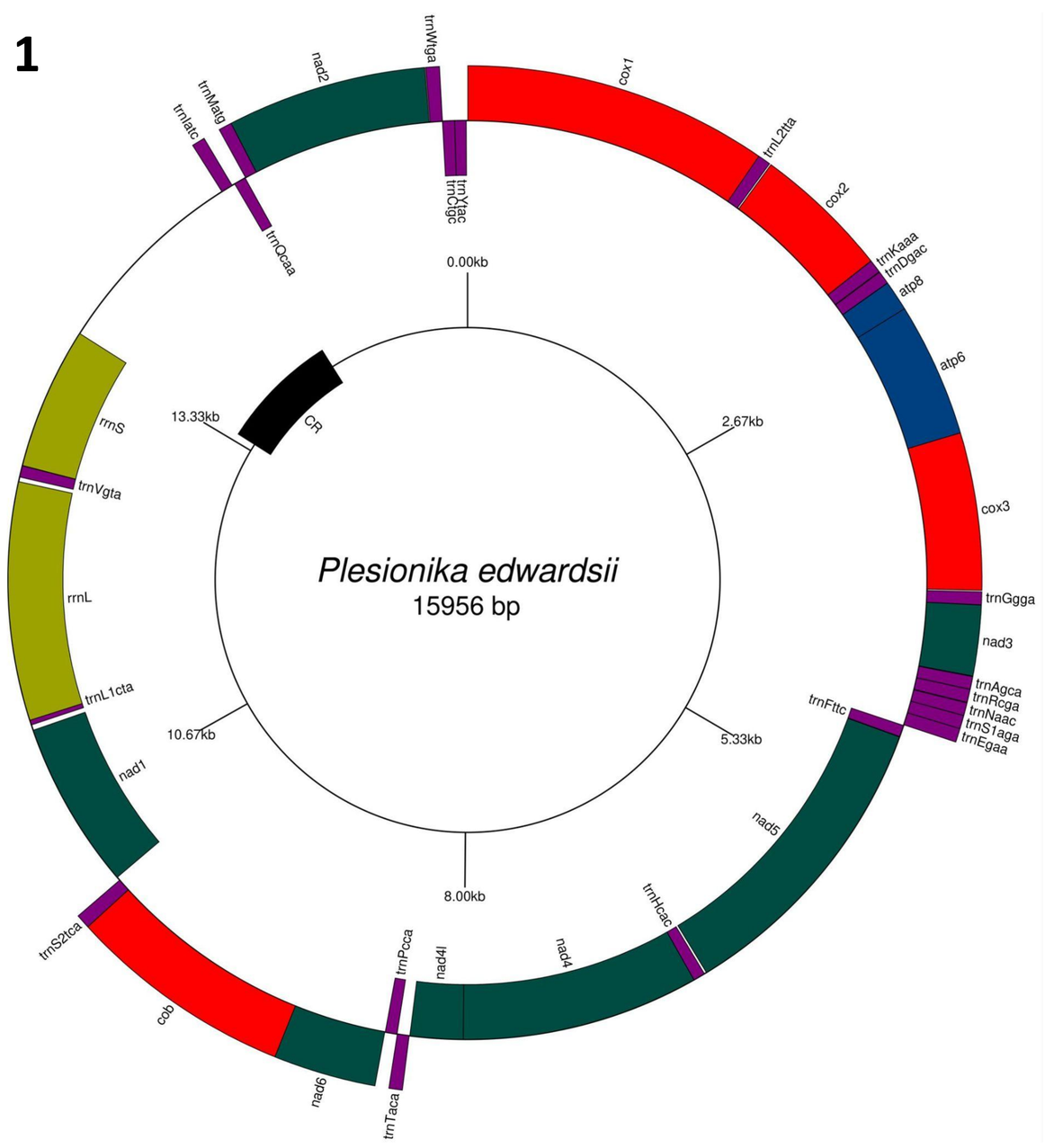

Figura 1. Representación del genoma mitocondrial de *Plesiona edwardsii*, distinguiéndose los genes codificados por la hebra positiva (parte exterior) y los codificados por la hebra negativa (parte interior).

2

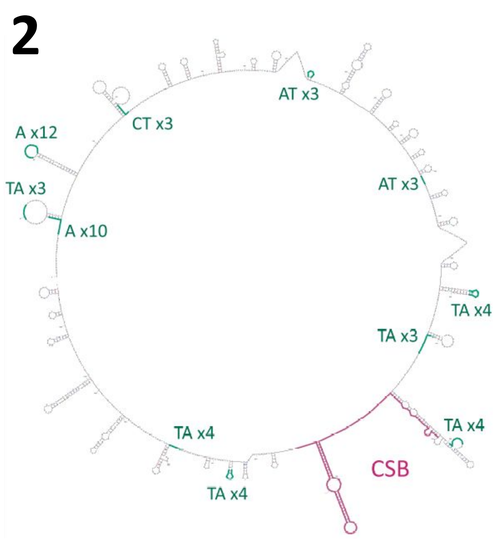

Figura 2. Estructura secundaria de la región de control, donde se reesalta la secuencia conservada en varios pandálidos (CSB) y los micorsatellites presentes.

3

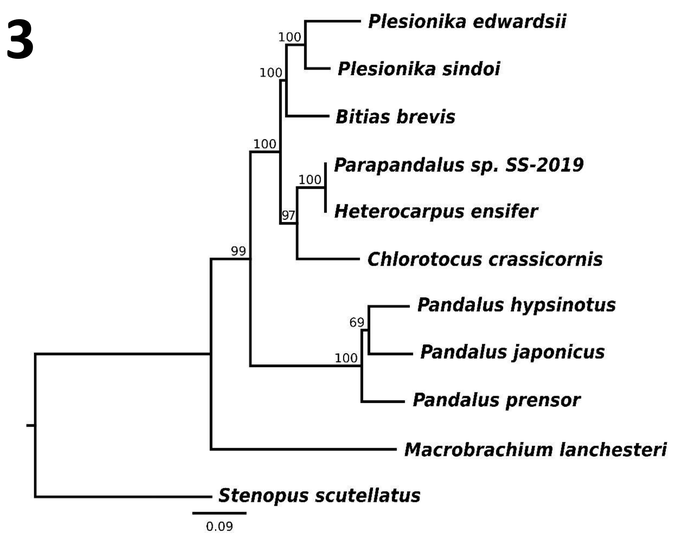

Figura 3. Filogenia de los genomas mitocondriales de pandálidos, realizada mediante el método de maxima verosimilitud sobre una concatenación de los genes codificantes.

Referencias

1. Chan, T.Y. y H.P. Yu. 1991. Two similar species: *Plesionika edwardsii* (Brandt, 1851) and *Plesionika crosnieri*, new species (Crustacea: Decapoda: Pandalidae). *Proceedings of the Biological Society of Washington*. 104(3): 545-555.
2. Donath, A., F. Jühling, M. Al-Arab, S.H. Bernhart, F. Reinhardt, P.F. Stadler, ... y M. Bernt (2019). Improved annotation of protein-coding genes boundaries in metazoan mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 47(20): 10543-10552.
3. Jin, J.J., W.B. Yu, J.B. Yang, Y. Song, C.W. Depamphilis, T.S. Yi y D.Z. Li. 2020. GetOrganelle: A fast and versatile toolkit for accurate de novo assembly of organelle genomes. *Genome Biology*. 21(1): 1-31.
4. Sun, SE., J. Cheng, S. Sun y Z. Sha (2020). Complete mitochondrial genomes of two deep-sea pandalid shrimps, Heterocarpus ensifer and Bitias brevis: insights into the phylogenetic position of Pandalidae (Decapoda: Caridea). *Journal of Oceanology and Limnology*. 38(3): 816–825.
5. Tan, M.H., H.M. Gan, M.B. Schultz y C.M. Austin. 2015. MitoPhAST, a new automated mitogenomic phylogeny tool in the post-genomic era with a case study of 89 decapod mitogenomes including eight new freshwater crayfish mitogenomes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. *85*: 180–188.
6. Triay-Portella, R., R. Ruiz-Díaz, J.G. Pajuelo y J.A. González. 2017. Ovarian maturity, egg development, and offspring generation of the deep-water shrimp *Plesionika edwardsii* (Decapoda, Pandalidae) from three isolated populations in the eastern North Atlantic. *Marine Biology Research*. 13(2): 174-187.

Agradecimientos

Este trabajo se ha realizado en el proyecto "Análisis genético de *Plesionika edwardsii* en poblaciones del Mar de Alborán (PLESIGEN)" B-BIO-678-UGR20, financiado por los Proyectos I+D+i del Programa Operativo FEDER Andalucía 2020 de la Consejería de Transformación Económica. Industria, Conocimiento y Universidades de la Junta de Andalucía. Nuestro agradecimiento al Aula del Mar de la Universidad de Granada por la recogida e identificación del material utilizado.