

## Resumen

Hemos analizado las secuencias repetidas presentes en el genoma de *Plesionika edwardsii*, una especie de camarón con posible interés para su cultivo en acuicultura. Utilizando el software RepeatExplorer, hemos detectado que los elementos repetidos más frecuentes son los elementos transponibles LINEs, seguidos por los LTRs. Los ADN satélites más abundantes ocupan entre el 1,2% y el 0,03% del genoma de esta especie. En total, tras cinco rondas de análisis, hemos caracterizado 33 familias de ADN satélite. Estas familias son ricas en AT y, en general, tienen subunidades de repetición pequeñas. No hemos detectado clusters sexo-específicos. Estos datos amplían nuestro conocimiento actual sobre el genoma de *P. edwardsii* y serán útiles en el proyecto de su secuenciación que estamos llevando a cabo.

## Introducción

Los genomas eucarióticos incluyen grandes cantidades de secuencias repetidas ya sean dispersas o en tándem. Dentro de las secuencias repetidas dispersas las más abundantes son los elementos móviles, destacando los LTRs, y los retrotransposones, entre los que destacan los LINEs. En este estudio, hemos querido caracterizar las secuencias repetidas de *P. edwardsii*, comúnmente conocida como quisquilla, una especie de camarón marino con interés pesquero en el Mediterráneo y con características interesantes para su cultivo. Este constituye uno de los primeros análisis de este tipo de secuencias de un crustáceo, grupo en el que en general hay pocas familias de ADN satélites descritas<sup>3</sup>. Este análisis ayudará en el ensamblado del genoma de *P. edwardsii* que estamos realizando.

## Materiales y métodos

Se obtuvieron machos y hembras de *P. edwardsii* procedentes del puerto de Motril (Granada) a los cuales se les extrajo ADN. Se evaluó su calidad y posteriormente se realizó una secuenciación Illumina HiSeq 2000 (Macrogen, Korea). Para la detección de las secuencias repetidas y su comparación se utilizó el software RepeatExplorer<sup>2</sup>. Además, para la caracterización del conjunto de las secuencias satélites se ha seguido el protocolo satMiner<sup>5</sup> que se basa en un filtrado inicial de las lecturas y varias rondas de detección de elementos repetidos con una muestra aleatoria, eliminando en cada ronda las lecturas que tuvieran homología con clusters previos y duplicando el número de lecturas utilizadas hasta no obtener más clusters de ADN satélite.

## Resultados y discusión

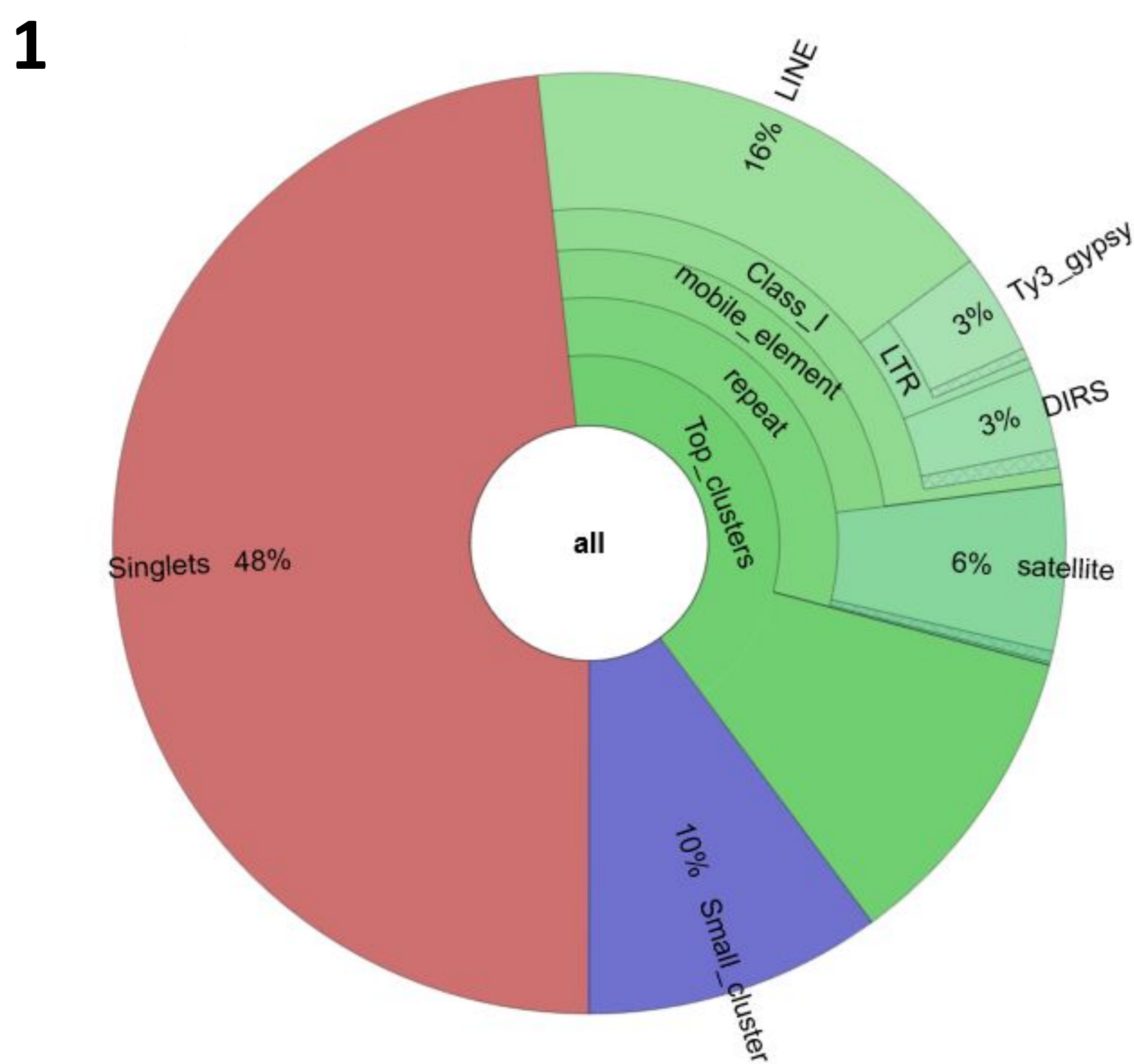


Figura 1. Diagrama de los elementos caracterizados por RepeatExplorer sobre las lecturas de *Plesionika edwardsii*.

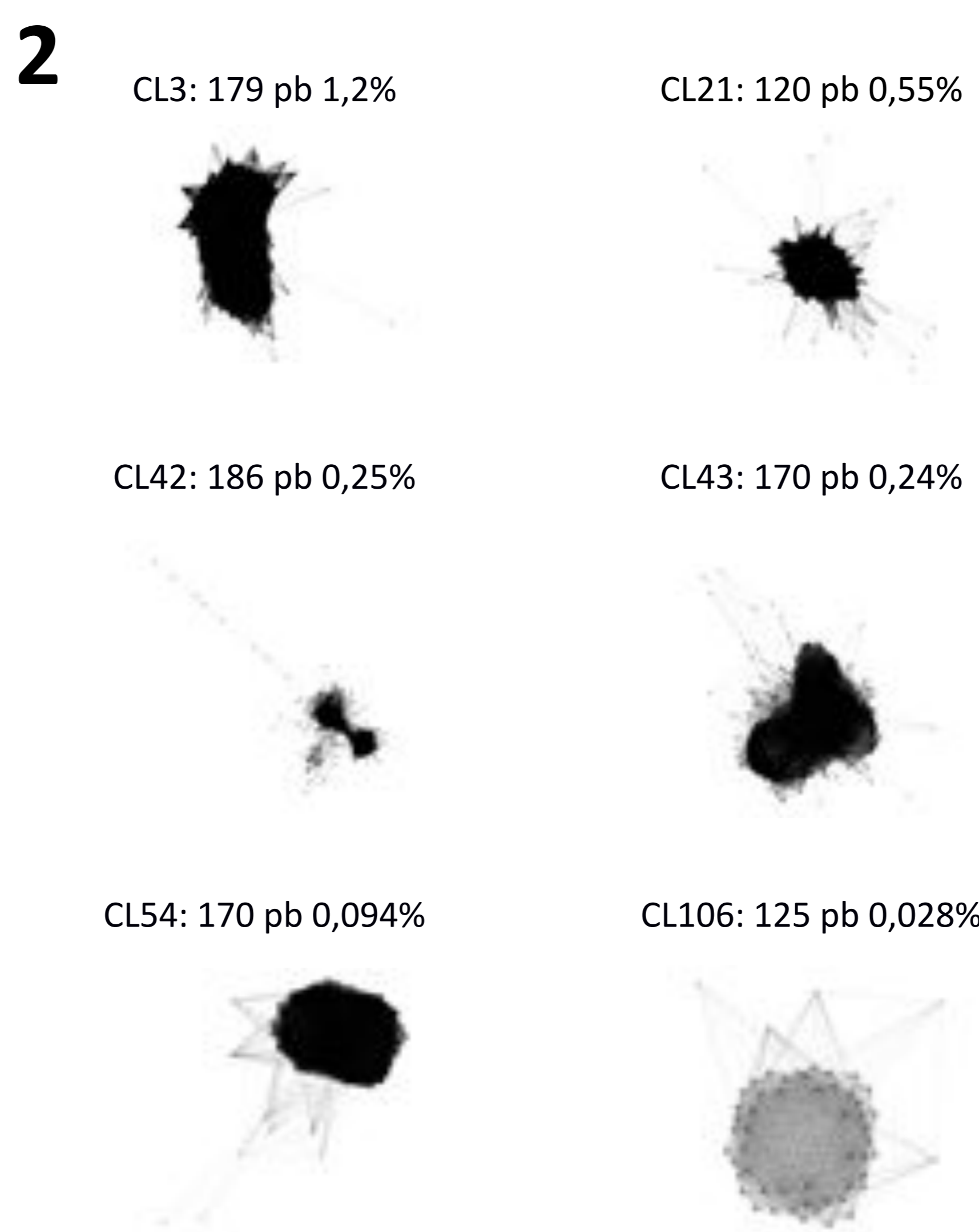


Figura 2. Clusters de ADN satélite obtenidos en la primera ronda de análisis mediante satMiner con el tamaño de monómeros de repetición y el porcentaje de las lecturas que los componen.

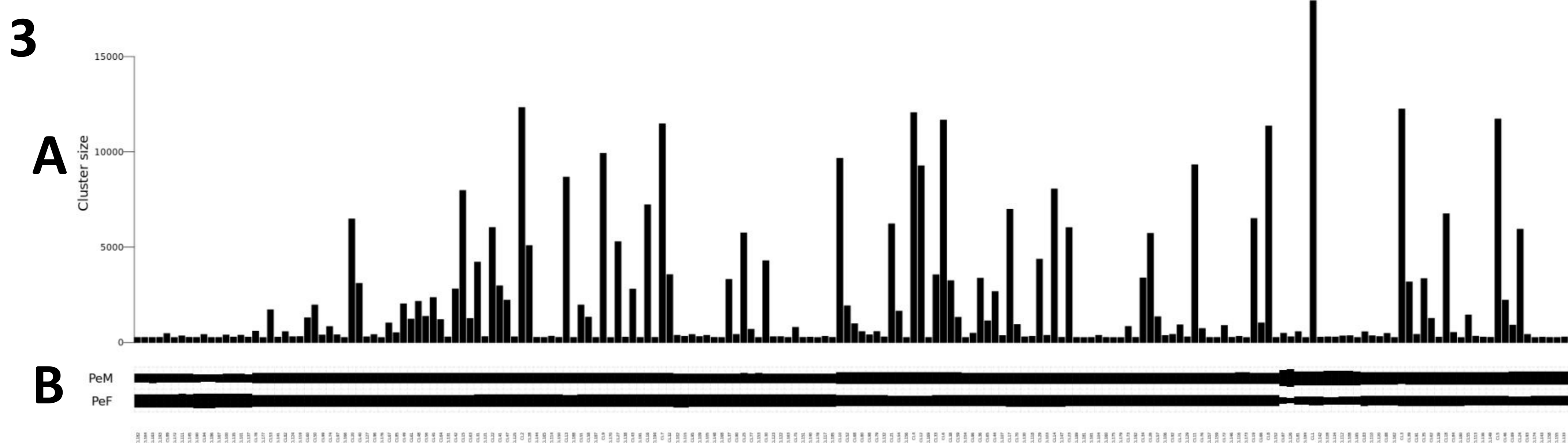


Figura 3. Análisis comparativo de los clusters de ADN repetido de un macho (PeM) y una hembra (PeF) de *Plesionika edwardsii*, se muestra (A) la abundancia de cada uno de los clusters y (B) una representación de la proporción de lecturas de cada una de las muestras que conforma ese cluster.

## 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.

## Referencias

- Baeza, J.A. 2020. Genome survey sequencing of the Caribbean spiny lobster *Panulirus argus*: Genome size, nuclear rRNA operon, repetitive elements, and microsatellite discovery. *PeerJ*, 8, e10554.
- Baeza, J.A. 2021. A first genomic portrait of the Florida stone crab *Menippe mercenaria*: Genome size, mitochondrial chromosome, and repetitive elements. *Marine genomics*, 57, 100821.
- Boštjančić, L.L., L. Bonassin, L. Anušić, L. Lovrenčić, V. Besendorfer, I. Maguire ... y J. Mlinarec. 2021. The *Pontastacus leptodactylus* (Astacidae) repeatome provides insight into genome evolution and reveals remarkable diversity of satellite DNA. *Frontiers in genetics*. 11: 611745.
- Novák, P., P. Neumann y J. Macas. 2020. Global analysis of repetitive DNA from unassembled sequence reads using RepeatExplorer2. *Nature Protocols*. 15(11): 3745-3776.
- Ruiz-Ruano, F.J., M.D. López-León, J. Cabrero y J.P.M. Camacho. 2016. High-throughput analysis of the satellitome illuminates satellite DNA evolution. *Scientific reports*. 6(1): 1-14.

## Relevancia del estudio del satelitoma:

- ☐ Identificación de marcadores taxonómicos
- ☐ Caracterización de centrómeros y telómeros
- ☐ Identificación de regiones específicas de cada sexo

En la Figura 1 se muestra el porcentaje del genoma que ocupan los distintos elementos repetidos obtenidos mediante RepeatExplorer, donde se observa que el ADN repetido corresponde con el 52% del genoma. Este valor es el porcentaje más bajo encontrado hasta ahora entre los decápodos analizados: 54,85% (*Pontastacus leptodactylus*)<sup>3</sup>, 69,02% (*Panulirus argus*)<sup>1</sup> y 95,69% (*Menippe mercenaria*)<sup>2</sup>. Los clusters más abundantes (>0,01% de las lecturas) constituyen el 42% del genoma de *P. edwardsii*, una proporción similar a otras especies<sup>1</sup>. Dentro de los elementos caracterizados, los LINEs son los que ocupan la mayor proporción en el genoma, seguidos de los LTRs y los clusters de ADN satélite, coincidiendo con lo encontrado en otros crustáceos<sup>2</sup>.

El análisis de esta secuenciación mediante el protocolo satMiner resultó, en la primera ronda, en seis clusters de ADN satélite con alto grado de confianza que constituirían entre el 1,2% y el 0,03% del genoma (Figura 2). El tamaño de los monómeros de repetición varió entre 100 y 200 pb y la mayoría presentaron un contenido alto en A+T, características comunes de los satélites descritos en crustáceos<sup>3</sup>. En total, se llevaron a cabo cinco rondas de análisis, llegando a constituir los elementos repetidos entre el 8,1% y el 3% de las lecturas, y siendo los clusters de ADN satélite el 0,5-0,01%. En total, se detectaron 33 familias de ADN satélite, un número pequeño comparado con las 258 familias de ADN satélite descritas en *Pontastacus leptodactylus*<sup>3</sup>.

El análisis comparativo entre sexos no mostró ningún cluster específico o que se encuentre significativamente sobrerrepresentado en macho o hembra (Figura 3).