

# Caracterización de las regiones centroméricas del lenguado senegalés (*Solea senegalensis*, Kaup 1858)

Aaron Gálvez Salido, Claudio Jimenez, Ismael Manzanares García, Mateo Zapata, Roberto de la Herrán, Francisca Robles, Carmelo Ruiz Rejón, Rafael Navajas-Pérez



## Introducción

El lenguado senegalés es una especie de teleosteo perteneciente al orden Pleuronectiformes, grupo que engloba a todos los peces planos. A pesar del alto número de especies que componen el grupo, únicamente se han caracterizado las regiones centroméricas de un reducido número de especies. En el caso del lenguado chino, *Cynoglossus semilaevis*, se han localizado marcadores de microsatélites asociados a la región centromérica (Ji et al., 2009). En el resto de especies, usando digestiones con enzimas de restricción, se han aislado familias de ADN satélite en esta posición. En concreto, en el lenguado *Achirus lineatus* se detectó la secuencia de ADN satélite *HindIII* (Carvalho de Azevedo et al. 2005), en la acedía, *Dicologlossa cuneata*, la familia *DraI* (de la Herrán et al., 2008), y en el halibut, *Hippoglossus hippoglossus*, se asoció el centrómero con la familia de ADN satélite *SacI*. Esta última familia se ha localizado mediante hibridación *in situ* y se sabe que se encuentra acumulada en la región centromérica de todos los cromosomas del complemento, excepto en dos parejas (Robles et al., 2017). En *S. senegalensis* se ha caracterizado una secuencia de ADN satélite, la familia *PvuII*, que se acumula específicamente en las regiones centroméricas de 19 parejas de cromosomas (Robles et al., 2017)

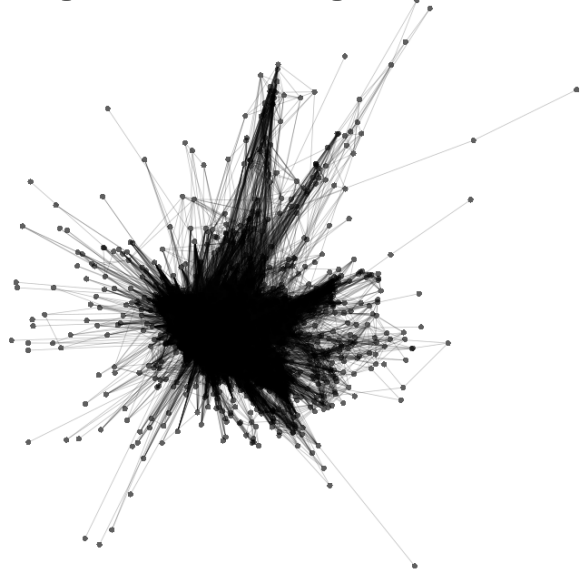
## Material y Métodos

Se realizó un análisis bioinformático desde dos aproximaciones diferentes:

- Estudio de clusterización mediante **RepeatExplorer2** de lecturas de Illumina para detección de secuencias repetidas en tándem
- Estudio de la composición en elementos móviles con **RepeatMasker** usando el ensamblaje del genoma

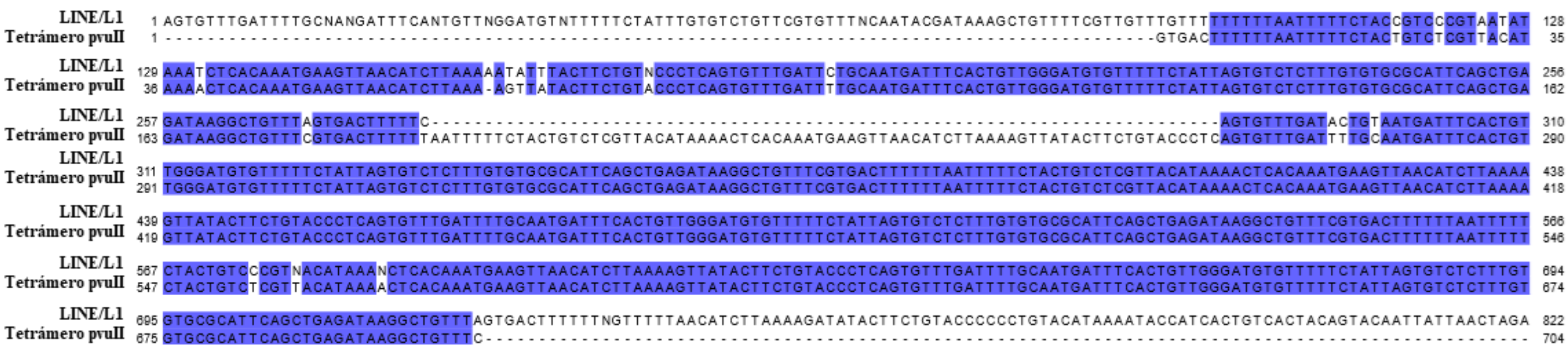
Para las anotaciones de las secuencias de forma manual se utilizó una **base de datos secuencias repetidas de peces planos**, proporcionada por el grupo de Microbiología Aplicada y Genética Molecular del departamento de Biomedicina, Biotecnología y Salud Pública de la Universidad de Cádiz. Las secuencias detectadas mediante los análisis anteriores se mapearon sobre los cromosomas del ensamblaje con **BLASTn** para obtener las coordenadas y se representaron con un script en Python para realizar Ideogramas. Para comprobar la estructura secundaria de las secuencias de ADN satélite centromérico se utilizó **RNAfold**. También se hicieron análisis más precisos mediante dotplots y **Tandem Repeat Finder** en los cromosomas 7 y 8 para caracterizar la región centromérica

## Cluster 3 RepeatExplorer2



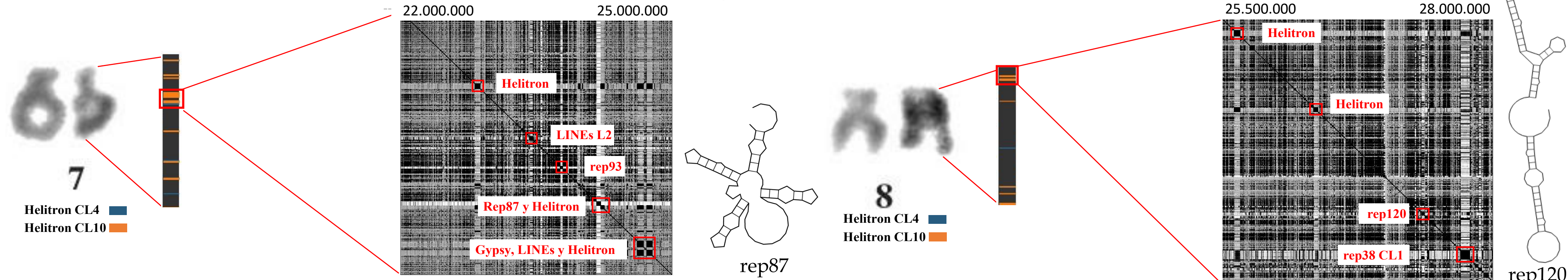
Identidad del 91,5 % a la familia de ADN satélite *PvuII* previamente caracterizada en esta especie como una secuencia localizada en la región centromérica

## Alineamiento consenso cluster 3 y elemento tipo LINE tipo L1



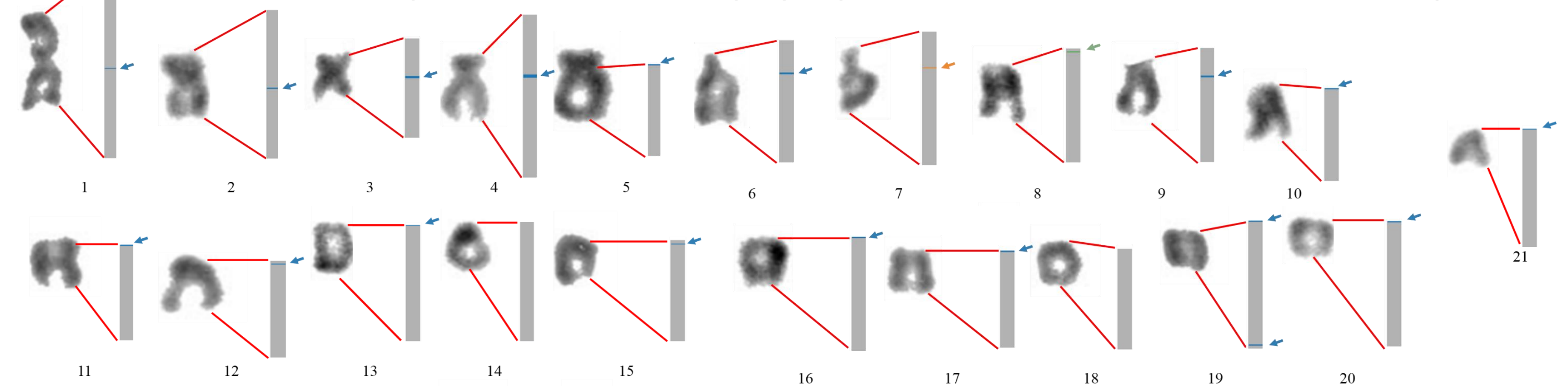
Se descubrió mediante BLASTn que esta secuencia satélite se asocia con un elemento repetido encontrado en la base de datos de peces planos, clasificado como LINE de tipo L1. El alineamiento de la secuencia consenso del cluster 3 frente a la secuencia de la LINE L1 verificó su homología. El alineamiento mostró que dentro de la LINE L1 se encontraban varias repeticiones (4) en tándem de la secuencia consenso

## Resultados: Caracterización de las regiones centroméricas de los cromosomas 7 y 8



Exploración de la región centromérica candidata mediante dotplots, Tandem Repeats Finder, BLASTn y RNAfold para estimar la estructura secundaria en los cromosomas 7 y 8

## Resultados: Comparación con el cariotipo y la posición centromérica sobre el ensamblaje



Cromosomas modificados del cariotipo de Vega et al., 2002. Los cromosomas del cariotipo están a escala entre sí y los ideogramas de cada uno también. Las flechas azules indican las posiciones donde se ha detectado *PvuII*, la flecha naranja indica la posición de la secuencia rep87 y la flecha verde indica la posición de la secuencia rep120

**Conclusión:** La secuencia *PvuII*, la cual corresponde a al consenso del cluster 3, presenta homología con un elemento móvil de tipo LINE L1. Posiblemente el origen de este satélite sea la homogeneización de una parte del elemento móvil. Los centrómeros de *S. senegalensis* están ocupados principalmente por secuencias de ADN satélite: las regiones centroméricas de los cromosomas del 1 al 6, del 9 al 13, del 15 al 17, 20 y 21 estarían ocupadas por la familia de ADN satélite *PvuII*, las del cromosoma 7 por la familia rep87 y la del cromosoma 8 por la familia rep120. Además, las posiciones sobre el ensamblaje se corresponden salvo algunas excepciones con el la morfología cromosómica que se observa en el cariotipo

