

# Caracterización del genoma mitocondrial de *Tecia solanivora* (Lepidoptera: Gelechiidae) y sus relaciones filogenéticas con otros insectos del orden lepidoptera

Viviana Ramírez-Ríos<sup>1</sup>, Nicolás D. Franco-Sierra<sup>1</sup>, Javier Correa Alvarez<sup>1</sup>,  
Clara I. Saldamando-Benjumea<sup>2</sup>, Diego F. Villanueva-Mejía<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> Universidad EAFIT

<sup>2</sup> Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín

El estudio de los genomas mitocondriales de insectos ha ganado importancia en los últimos años, principalmente debido a su propiedad de herencia uniparental con una molécula de ADN conservada y útil para el desarrollo de estudios filogenéticos, filogeografía, genética de poblaciones y diagnóstico molecular. Para el año 2015, se contaba con aproximadamente 270 mitogenomas de insectos del orden Lepidoptera reportados en las bases de datos genéticas. Sin embargo, es escaso el conocimiento de mitogenomas y de la filogenia de lepidópteros pertenecientes a la familia Gelechiidae, a la cual pertenece *Tecia solanivora*, considerada actualmente la plaga entomológica más perjudicial para el cultivo de la papa (*Solanum tuberosum*).

A causa de la carencia de conocimiento de la familia Gelechiidae y de la genética de *Tecia solanivora*, se secuenció, se anotó, se caracterizó y se comparó su genoma mitocondrial con otras 140 especies del orden Lepidoptera. Este mitogenoma es una molécula circular de 15.251 pb, contiene 37 genes (13 genes codificantes de proteínas (PCGs), 22 genes de RNAs de transferencia, dos genes de RNA ribosomal y una región rica en A+T). La organización de los genes es idéntica a la encontrada en otros mitogenomas de lepidópteros, pero diferente al orden ancestral de la mayoría de insectos en cuanto al gen de RNA de transferencia tRNA-Met (región A+T, tRNA-I, tRNA-Q, tRNA-M). El mitogenoma de *T. solanivora* tiene una alta tendencia a las bases nitrogenadas A+T (78,2%) y todos los PCGs inician su traducción con codones típicos

Autora para correspondencia: vivianaramirez0830@gmail.com

de inicio ATN, excepto para el gen Citocromo Oxidasa subunidad I (COI), el cual inicia con CGA, adicionalmente, la mayoría de PCGs presentan un codón completo de parada (TAA ó TAG), solo los genes COII y NAD5 presentan un codón incompleto de parada, el cual consiste en una simple T. La región rica en A+T presenta 332 pb de longitud y contiene características comunes de los lepidópteros, incluyendo el motivo 'ATAGA', una región poli-T de 17 pb y un microsatélite (AT)<sub>8</sub> precedido por el motivo 'ATTTA'. Además, dentro del mitogenoma se pudieron identificar 20 secuencias espaciadoras intergénicas. Las relaciones filogenéticas inferidas entre *T. solanivora* con otras 28 familias de lepidópteros (12 superfamilias) coinciden con la clasificación taxonómica tradicional realizada por caracteres morfológicos. La familia Gelechiidae representa un grupo monofilético, sugiriendo que *T. solanivora* y *Pectinophora gossypiella* tienen un ancestro común reciente.