

La subfamilia Triatominae se caracteriza por su alimentación, que consiste en sangre de vertebrados e incluye a los principales vectores de la enfermedad de Chagas, causada por el protozoo *Trypanosoma cruzi* (Salazar et. al. 2016).

La tribu Triatomini presenta una amplia diversidad que le permite ocupar hábitats selváticos, peridomésticos y domésticos.

Triatominae incluye 15 géneros, siete de los cuales pertenecen a la tribu Triatomini: *Triatoma*, *Panstrongylus*, *Dipetalogaster*, *Paratriatoma*, *Linshcosteus*, *Hermanlenticia* y *Eratyrus* (Justi et. al. 2017).

Triatoma gerstaeckeri
mitochondrial genome
15,976 bp

Legend:

- complex I (NADH dehydrogenase)
- complex IV (cytochrome c oxidase)
- ATP synthase
- other genes
- transfer RNAs
- ribosomal RNAs

Phylogenetic tree showing relationships among Triatominae species, rooted with *Cimex lectularius*. Bootstrap values are indicated at the nodes. A scale bar of 0.5 is shown at the bottom left.

Species listed (from top to bottom):

- Cimex lectularius*_JQ739180_1
- Cimex lectularius*_NC_030043_1
- Reduvius tenebrosus*_NC_035756_1
- Reduvius gregoryi*_NC_037746_1
- Oncocephalus breviscutum*_NC_022816
- Canthesancus helluo*_NC_037745_1
- Cavernicola pilosol*_U37
- Microtriatoma trinidadensis*_U26
- Rhodnius prolixus*_MT556652_1
- Rhodnius prolixus*_R10
- Psammolestes coreodes*_TRIA_013
- Rhodnius robustus*_R2
- Rhodnius ecuadorensis*_TRIA_014
- Rhodnius pallescens*_MN824454_1
- Rhodnius pictipes*_NC_043846_1
- Rhodnius pictipes*_R13
- Triatoma dispar*_T2
- Triatoma carrioni*_TRIA_022
- Triatoma dispar*_U38
- Triatoma vitticeps*_MT556665_1
- Triatoma infestans*_MT561168_1
- Triatoma infestans*_KY640305_1
- Triatoma infestans*_NC_035547_1
- Triatoma bolivari*_TRIA_019
- Panstrongylus chinai*_TRIA_009
- Panstrongylus geniculatus*_P5
- Panstrongylus lignarius*_P12
- Panstrongylus rufotuberculatus*_P16
- Triatoma ryckmani*_T20
- Triatoma rubida*_MT556664_1
- Triatoma nitida*_MT556667_1
- Triatoma migrans*_NC_042881_1
- Triatoma rubrofasciata*_MH934953_1
- Triatoma barberi*_MT556655_1
- Triatoma protracta*_MT556662_1
- Triatoma peninsularis*_U34
- Dipetalogaster maximus*_MT556654_1
- Paratriatoma hirsuta*_T16
- Triatoma lecticularia*_MT556650_1
- Triatoma sanguisuga*_MT556653_1
- Triatoma brailovsky*_TRIA_021
- Triatoma gerstaeckeri*_NL0001
- Triatoma mexicana*_MT556647_1
- Triatoma picturata*_MT556661_1
- Triatoma recurva*_MT556663_1
- Triatoma mazzottii*_MT556651_1
- Triatoma longipennis*_MT556658_1
- Triatoma huehuetenanguensis*_MT55664
- Triatoma dimidiata*_Veracruz
- Triatoma dimidiata*_Chiapas
- Triatoma dimidiata*_U28
- Triatoma dimidiata*_NC_002609_1
- Triatoma dimidiata*_CR_MT556

Clade labels (from top to bottom):

- Cavernicolini
- Bolboderini
- Rhodniini
- Complejo *dispar*
- Complejo *infestans*
- Norte-Centro América
- Triatomini

REFERENCIAS

- Aguilera-Urbe M, Meza-Lázaro RN, Kieran TJ, Ibarra-Cerdeña CN, Zaldivar-Riverón A. Phylogeny of the North-Central American clade of blood-sucking reduviid bugs of the tribe Triatomini (Hemiptera: Triatominae) based on the mitochondrial genome. *Infect Genet Evol.* 2020 Oct;84:104373. doi: 10.1016/j.meegid.2020.104373. Epub 2020 May 23. PMID: 32454247.
- Barges MD, Kłisiwicz DR, Gonzalez-Candelas F, Ramsey JM, Monroy C, et al. (2008) Phylogeography and Genetic Variation of Triatoma dimidiata, the Main Chagas Disease Vector in Central America, and Its Position within the Genus Triatoma. *PLoS Negl Trop Dis* 2(5): e233. doi:10.1371/journal.pntd.0000233.
- Bernt, M., Donath, A., Jühling, F., Externbrink, F., Florentz, C., Fritzsch, G., Pütz, J., Middendorf, M., Stadler, P.F. (2013). MITOS: Improved de novo metazoan mitochondrial genome annotation. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 69:313–319.
- Darling, A. C., Mau, B., Blattner, F. R., & Perna, N. T. (2004). Mauve: multiple alignment of conserved genomic sequence with rearrangements. *Genome research*, 14(7), 1394-1403.
- Dierckxens N., Mardulyn P. and Smits G. (2016) NOVOPlasty: De novo assembly of organelle genomes from whole genome data. *Nucleic Acids Research*, doi: 10.1093/nar/gkw955.
- Jian-Jun Jin, Wen-Bin Yu, Jun-Bo Yang, Yu Song, Claude W. de Pamphilis, Ting-Shuang Yu, De-Zhu Li. GetOrganelle: a fast and versatile toolkit for accurate de novo assembly of organelle genomes. *Genome Biology* 21, 241 (2020). <https://doi.org/10.1186/s13059-020-01514-5>
- Justí S. y Galvão C. (2017). The Evolutionary Origin of Diversity in Chagas Disease Vectors. *Trends in Parasitology*. Vol. 33 (1), Pp: 42 - 51.
- Kearse, M., Moir, R., Wilson, A., Stones-Havas, S., Cheung, M., Sturrock, S. Drummard, A. (2012). Geneious Basic: An integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28(12), 1647–1649.
- Lanfear, R., Frandsen, P. B., Wright, A. M., Senfeld, T., Calcott, B. 2016. PartitionFinder 2: new methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution*, 34(3), 772-773.
- Salazar S. P. M., Bucio T. M. I., Cabrera B. M., Alba A. M. C., Castillo S. R. D., Centeno G. E. A., Rojo M. J., Fernández S. N. A. y Perea S. M. G. (2016). Chagas disease in SOTO: Revista de la Facultad de Medicina. *Bohemia* 59 (3). ISSN 2448-4865
- SOTO-VIVAS, Ana, LIRIA, Jonathan, & LUNA, Efraín de. (2011). Morfometría geométrica y filogenia en Rhodnius (Hemiptera, Reduviidae) de Venezuela. *Acta zoológica mexicana*, 27(1), 87-102. Recuperado en 24 de noviembre de 2020, de http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0065-17372011000100007&lng=es&tlng=es.

Los genomas mitocondriales obtenidos en este estudio fueron reconstruidos usando datos como subproducto de genotecas enriquecidas para obtener elementos ultraconservados (UCEs). Adicionalmente fueron descargados de Genbank 31 genomas.

Para identificar bloques sinténicos usamos Mauve 2.4.0 (Darling *et al.*, 2004) y las regiones identificadas fueron alineadas con MAFFT (Katoh, 2013). Las matrices fueron editadas en Mesquite 3.6.1 estableciendo particiones por gen y por posición del codón en las regiones codificantes. La mejor estrategia de partición se eligió con PartitionFinder v.2 (Lanfear *et al.*, 2016) en Cypres V.3.3.

El árbol de Máxima Verosimilitud (ML) fue reconstruido usando RaxML con el modelo GTR+CAT y 1000 réplicas de bootstrap (bs). Como grupo externo se utilizaron ejemplares de la tribu Rhodniini, Cavernicolini y Bolboderini y dos ejemplares de *Címex* de la familia Cimicidae.

Fueron obtenidos
23 genomas
mitocondriales de
9,654 a 16,850 pb.

Pocos rearrreglos
en el oren los
genes en la
subfamilia
Triatominae.

Rodniini es monofilética, pero *Rhodnius* es parafilético con respecto a *Psamolestes*.

El clado norte-centroamericano (Ibarra-Cerdeña *et al.*, 2014; Aguilera-Uribe *et al.*, 2020) es monofilético (bs=100) y su clado hermano (bs=100) está formado por representantes del complejo *infestans* (bs=100). Éstos forman el clado hermano del complejo *dispar*. Así, la tribu Triatomini es recuperada como monofilética.

Los genomas mitocondriales nos permiten filogenias más resueltas para entender a los Triatomíneos como vectores de Chagas.