



LIVRO DE RESUMOS
XXVII ENCONTRO BRASILEIRO DE
MALACOLOGIA
XXVII EBRAM
"Um Planeta, Um Oceano"

Edição Virtual
Porto Alegre, UFCSPA
4 a 8 de outubro de 2021



**XXVII Encontro Brasileiro de Malacologia
V Simpósio Latino Americano de Jovens Taxonomistas**

**LIVRO DE RESUMOS
do
XXVII EBRAM**

04 a 08 de outubro de 2021

Edição Virtual
<https://www.even3.com.br/xxviiembram2021/>

Sociedade Brasileira de Malacologia - SBMa

Encontro Brasileiro de Malacologia

Livro de Resumos do XXVII Encontro Brasileiro de Malacologia e V Simpósio Latino-Americano de Jovens Taxonomistas. Edição Virtual, 04 a 08 de outubro de 2021. Organização: Sociedade Brasileira de Malacologia. Editoração: Cristiane Xerez Barroso, Eliane Pintor de Arruda, Isabela Cristina Brito Gonçalves, Gisele Orlandi Introíni, Lenita de Freitas Tallarico e Luis Fernando Marcelino Braga.

Rio de Janeiro: Sociedade Brasileira de Malacologia.

iiiiv + 231 p. (livro digital, 6.104 KB).

ISBN: 978-65-87912-01-1.

1.Malacologia-Brasil-Congressos. 2. Moluscos-Brasil

Congressos. I-Sociedade Brasileira de Malacologia. II- Título.

CDD 590 CDU 594

Editora: Sociedade Brasileira de Malacologia-SBMA
Universidade do Estado do Rio de Janeiro - UERJ
Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes
Departamento de Zoologia, Laboratório de Malacologia
Pavilhão Haroldo Lisboa da Cunha, sala 525/2
Rua São Francisco Xavier, 524
Maracanã, Rio de Janeiro, RJ. CEP: 20550-900 Tel: (21) 23340626
www.sbmMalacologia.com.br
sbmalacologia@yahoo.com.br
ISBN: © Sociedade Brasileira de Malacologia, 2021

O conteúdo dos resumos aqui apresentados é de responsabilidade de seus autores. Os resumos contidos neste livro podem ser citados e reproduzidos, desde que devidamente referenciados.



Diversidad genética del gasterópodo dulciacuícola *Pseudosuccinea columella* (Say, 1817) en el sur del Bosque Atlántico: un abordaje filogenético

Samanta Molina^{1,*}; Juana Guadalupe Peso¹; Ariel Aníbal Beltramino¹; Roberto E. Vogler¹

¹Grupo de Investigación en Genética de Moluscos (GIGeMol), Instituto de Biología Subtropical (IBS), CONICET – UNaM, Posadas, Argentina; [*samantamolina@fceqyn.unam.edu.ar](mailto:samantamolina@fceqyn.unam.edu.ar); sam12molina@gmail.com

Pseudosuccinea columella (Say, 1817) (Gastropoda: Lymnaeidae) es una especie dulciacuícola de distribución cosmopolita descrita por primera vez en Pensilvania, Estados Unidos. Este caracol reviste de importancia médico-veterinaria debido a que actúa como hospedador intermediario (HI) de *Fasciola hepatica* (Linnaeus, 1758) y *F. gigantica* (Cobbold, 1855) (Trematoda: Digenea). Un estudio reciente ha caracterizado la variabilidad genética de la especie a partir de 80 poblaciones a nivel mundial mediante diferentes marcadores moleculares. Para el Bosque Atlántico fueron analizadas dos poblaciones, una en Paraguay y otra en Argentina. Los resultados indicaron que la especie presenta gran variación en los genes analizados, encontrándose un haplotipo “IF” (COI + 16S-ARNr) ampliamente distribuido a nivel mundial. Sin embargo, para el sur de Sudamérica únicamente se ha caracterizado el haplotipo “KH”, combinación que no se ha encontrado en ninguna otra región. Debido al bajo número de poblaciones analizadas para el sur de Sudamérica, en este trabajo se analiza el *background* genético de poblaciones argentinas de *Pseudosuccinea columella* procedentes del Bosque Atlántico, con el objeto de evaluar posibles orígenes y número de introducciones de la especie, así como sus probables rutas de invasión-dispersión en la región. Para ello, se analizaron siete poblaciones de la provincia de Misiones, Argentina. El ADN se extrajo del pie muscular de los individuos utilizando un protocolo de CTAB clásico. Se amplificaron los dos marcadores mitocondriales previamente mencionados mediante PCR utilizando condiciones estandarizadas. Luego de la purificación, ambas hebras de ADN fueron secuenciadas y posteriormente editadas. Las nuevas secuencias obtenidas fueron comparadas con aquellas disponibles en GenBank, y posteriormente fueron empleadas para estimar distancias genéticas y realizar reconstrucciones filogenéticas mediante los métodos de Maximum Likelihood e Inferencia Bayesiana. A partir de estos análisis se generó la primera información genética de *P. columella* para la provincia de Misiones, evidenciándose: a) cinco haplotipos para el gen COI y cuatro haplotipos para el gen 16S-ARNr; b) presencia por primera vez del haplotipo “IF”, así como de nuevas combinaciones: “ML”, “NL”, “OH” y “OM”, no registrándose el haplotipo “KH” previamente documentado para el sur de América del Sur; c) distancias genéticas máximas del orden del 4,41% y 1,78% para COI y 16S-ARNr, respectivamente; d) niveles de diversidad genética altos para el gen COI y medio bajos para el gen 16S-ARNr; e) posicionamiento de las secuencias de Misiones en dos agrupamientos diferentes en las reconstrucciones filogenéticas, y f) evidencia de la introducción de la especie al territorio provincial en al menos dos eventos de introducción a partir de diferentes orígenes. Así, nuestros resultados evidencian una mayor variabilidad genética que la previamente descrita para *P. columella* en el sur de Sudamérica. Se espera que los nuevos datos obtenidos contribuyan a una mejor comprensión de los procesos de invasión de la especie en el Bosque Atlántico.

Palavras-chave: Hospedador intermediario; Marcador mitocondrial; Variabilidad genética; Lymnaeidae.

Agência financiadora: FCEQyN-UNaM (Proyectos 16Q1227-PI y 16/Q1559-PI); Asociación Argentina de Malacología (Premio J.J. Parodiz edición 2020).