



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/xxviiebram2021/>

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.



El genoma mitocondrial de *Lissachatina immaculata* (Gastropoda: Achatinidae): primera caracterización y actualización de la filogenia de Stylommatophora

Leila Belén Guzmán^{1,*}; Emiliano Martí²; Ariel Aníbal Beltramino¹; Roberto Eugenio Vogler¹

¹Grupo de Investigación en Genética de Moluscos (GIGeMol), Instituto de Biología Subtropical (IBS), CONICET–UNaM, Posadas, Argentina; ²Departamento de Biologia Geral e Aplicada, Instituto de Biociências (IB), UNESP, Rio Claro, Brasil; *leilaguzman95@gmail.com

Los genomas mitocondriales completos se han vuelto un recurso cada vez más frecuente en las reconstrucciones filogenéticas a diferentes niveles taxonómicos de diversos grupos animales. No obstante, a pesar de que el phylum Mollusca es el segundo grupo animal con mayor número de especies, poco más de 1.400 tienen su mitogenoma caracterizado. En este sentido, las últimas filogenias con base en mitogenomas realizadas en el orden Stylommatophora cuentan con la mayor representatividad en el suborden Helicina (clado no achatinoideo), mientras que Achatinina (clado achatinoideo) solo cuenta con un mitogenoma y Scolodontina con ninguno. Con el objetivo de incrementar la representatividad del suborden Achatinina se caracterizó por primera vez en este trabajo el genoma mitocondrial completo del caracol gigante africano *Lissachatina immaculata* (Lamarck, 1822). El ensamblaje del genoma mitocondrial se realizó por medio del software NOVOPlasty. Para ello se descargaron del NCBI datos crudos obtenidos de la secuenciación del genoma completo ya publicado (BioProject PRJNA561271). La anotación del genoma se llevó a cabo mediante el uso de los programas y herramientas MITOS2, ORFinder, ARWEN, así como por la comparación con *Lissachatina fulica* (Bowdich, 1822), el único representante de Achatinoidea que tiene su mitogenoma secuenciado. Para los análisis filogenéticos (Inferencia Bayesiana y Máxima Verosimilitud) se utilizaron secuencias de aminoácidos concatenadas de los 13 genes codificantes para proteínas de 40 especies de Stylommatophora. Tres especies de Systellommatophora, Hygrophila y Ellobiida fueron utilizadas como grupo externo. El mitogenoma de *L. immaculata* se constituyó de 15.077 pb con un alto contenido de A+T (66,3 %) y se identificaron los 37 genes típicos de Metazoa. Se encontraron 22 regiones intergénicas, mientras que ocho pares de genes presentaron codificación superpuesta. Al igual que *L. fulica* se caracterizó una extensa región no codificante rica en A+T (66,8 %) entre los genes *cox1* y *ARNt-Val* de 589 pb, asignada a una posible región control. El arreglo de genes de *L. immaculata* estuvo conservado en relación con el informado para *L. fulica*. Los modelos de estructura secundaria de los genes de ARN de transferencia presentaron la forma estándar a excepción de *ARNt-Ser1* que presentó el brazo D truncado. Como resultado de las reconstrucciones filogenéticas se recuperó a Stylommatophora como un grupo monofilético. Por su parte, *L. immaculata* se agrupó junto a *L. fulica* posicionándose como basales dentro de Stylommatophora. Los nuevos datos generados permitirán fortalecer las reconstrucciones filogenéticas futuras, así como también evaluar posibles diferencias en las características genómicas entre las especies de *Lissachatina*, así como del suborden Achatinina.

Palavras-chave: ADNmt; ARNt; Filogenómica; Mitogenómica; Mollusca.

Agência financiadora: FCEQyN-UNaM (Proyecto 16Q1227-PI).