

ANÁLISE MOLECULAR E MORFOMÉTRICA DE VITTA VIRGINÉA E VITTA MELEAGRIS (MOLLUSCA, GASTROPODA, NERITIDAE) NA COSTA BRASILEIRA.

Encontro de Bioincrustação, Ecologia Bêntica e Biotecnologia Marinha, 15^a edição, de 26/06/2023 a 29/06/2023
ISBN dos Anais: 978-65-5465-050-2

SILVA; Patrícia Albuquerque da¹, CALAZANS; Sávio Henrique Calazans², COUTINHO; Ricardo³

RESUMO

Moluscos da família Neritidae possuem conchas com variação de coloração e formato, ocupando ambientes estuarinos e marinhos. O gênero *Vitta* é amplamente distribuído no Brasil e Caribe, sendo *Vitta meleagris* confundida no Brasil com *Vitta virginéa*. Este estudo investigou a morfometria e a diversidade genética de *V. meleagris* e *V. virginéa* em diferentes regiões costeiras do Brasil. Foram avaliadas populações das seguintes praias: 1-Camocim/CE, 2-Arpoeiras/CE, 3-Grossos/RN, 4-Manguinhos/RJ, 5-Ilha Grande/RJ, 6-Baía do Araçá/SP, e 7-Itacaré/BA. Os estudos de morfometria ocorreram nos pontos de 1 a 6. Três transectos traçados perpendicularmente à linha d'água foram realizados, sendo coletados 5 quadrados (25cmx25cm) em cada transecto. As variáveis morfométricas medidas com paquímetro foram: Altura e largura da concha; Altura e largura da abertura. A variação morfométrica entre as espécies e entre os locais foi avaliada com a PERMANOVA. O estudo alométrico foi realizado através de regressão linear. As análises moleculares foram realizadas em três localidades: Arpoeiras, Manguinhos e Itacaré (n=30/site) usando marcador molecular COI de DNA extraído do músculo do pé. Foram gerados alinhamentos utilizando ClustalW com sequências de 634pb. As relações filogenéticas reconstruídas por inferência bayesiana com 5×10^6 gerações utilizando modelo evolutivo pré-selecionado. A rede de haplótipos construída usando o algoritmo TCS. A diversidade e a variância genética das populações foram estimadas com F_{st} pareado e AMOVA. Sequências adicionais de populações do Caribe e Brasil foram obtidas através do GenBank. A morfometria apresentou diferenças entre espécies e populações ao longo da costa brasileira, apresentando conchas com crescimento alométrico negativo em todas as relações, com exceção de *V. virginéa* em Grossos. A reconstrução filogenética mostrou clados com separação das espécies de *V. virginéa* e *V. meleagris* superior a 70% com agrupamentos de populações de regiões distintas. A espécie *V. virginéa* apresentou 56 haplótipos e alta diversidade genética ($h=0,95$), compartilhados Brasil e Caribe. A diversidade genética de Arpoeiras ($h=1,00 \pm 0,05$) foi maior, seguido de Panamá ($h=0,95 \pm 0,05$), Itacaré ($h=0,94 \pm 0,04$). A AMOVA identificou variância genética significante ($p<0,05$) entre as populações ($\phi_{st}=0,18$) e entre regiões ($\phi_{ct}=0,18$). As populações de *V. meleagris* não apresentaram estruturação. Apresentaram 12 haplótipos e alta diversidade ($h=0,78$) com semelhanças entre regiões do Brasil. A diversidade de Arpoeiras ($h=0,83 \pm 0,12$) foi maior, seguido de Manguinhos ($h=0,80 \pm 0,1131$) e Piauí ($h=0,6667 \pm 0,31$). Portanto, as espécies foram distintas morfometricamente, apresentando alta diversidade genética, sendo *V. virginéa* bastante similar em relação Brasil e Caribe, e pouca estruturação nas suas populações.

PALAVRAS-CHAVE: Alometria, Neritina, COI

¹ Programa de Pós Graduação em Biotecnologia Marinha - IEAPM/UFF, patricia.silva.albuquerque@gmail.com

² Departamento de Biotecnologia Marinha , Instituto de Estudos do Mar Almirante Paulo Moreira (IEAPM), saviocalazans@gmail.com

³ Departamento de Biotecnologia Marinha , Instituto de Estudos do Mar Almirante Paulo Moreira (IEAPM), rcoutinhosa@yahoo.com