



FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS Y BIOLÓGICAS
CARRERA PROFESIONAL DE BIOLOGÍA MARINA

**“DNA BARCODING OF FIVE BENTHIC INVERTEBRATE TAXA
FROM THE MACKELLAR COVE OF THE ANTARCTIC PENINSULA”**

Trabajo de Investigación para optar el grado académico de:
Bachiller en Biología Marina

Presentado por:

Norma Maroli Merino Valencia (0000-0002-8495-1879)

Asesor:

Giovanna Sotil Caycho (0000-0002-1583-8821)

Lima – Perú

ACTA DE SUSTENTACIÓN

Lima, 20 de abril del 2020

Los integrantes del comité:

Miembro: Dr. Héctor Alonso Aponte Ubillús
Miembro: Dra. Básłavi Marisbel Cóndor Luján
Miembro: Mg. Ulrike Inge Tarazona Janampa

Se reúnen para evaluar el trabajo de investigación titulado:

“DNA barcoding of five benthic invertebrate taxa from the Mackellar Cove of the Antarctic Peninsula”

Presentado por la estudiante:

- **Norma Mároli Merino Valencia**

Para optar el grado de Bachiller en **Biología Marina**

Asesorado por:

- **Mg. Giovanna Sotil Caycho**

Luego de haber evaluado el trabajo de investigación y evaluado el desempeño de la estudiante en la sustentación, concluyen de manera unánime (X) / por mayoría simple () calificar a:

Norma Maroli Merino Valencia			Nota (escrito): Dieciséis
Desaprobado ()	Aprobado ()	Aprobado - Muy buena(X)	Aprobado - Sobresaliente ()

Los miembros del jurado firman en señal de conformidad.



Dr. Héctor Aponte Ubillús



MSc. Ulrike Tarazona Janampa



Dra. Básłavi Cóndor Luján



Mg. Giovanna Sotil Caycho

ÍNDICE

Carátula	1
Acta de sustentación (copia)	2
Abstract	3
Introducción	4
Materiales y Métodos	5
Muestreo	5
Análisis Morfológico	6
Análisis Molecular	6
Divergencia Genética	8
Resultados	8
Descripción Morfológica	8
Análisis Molecular	16
Discusión	20
Referencias bibliográficas	23
Anexos	28

DNA barcoding of five benthic invertebrate taxa from the Mackellar Cove of the Antarctic Peninsula

Maroli Merino Valencia¹, Giovanna Sotil² y Aldo Indacochea³

¹marolimerino6@gmail.com; Carrera de Biología Marina, Universidad Científica del Sur. Carr. Panamericana Sur 19, Villa EL Salvador.

²gsotil@gmail.com; Laboratorio de Genética Molecular. Instituto del Mar del Perú. Esquina Gamarra y Gral. Valle s/n., Chucuito, Callao.

³aindacocheam@gmail.com; Colección Científica, Universidad Científica del Sur. Carr. Panamericana Sur 19, Villa EL Salvador.

Abstract

The Antarctic ecosystem presents benthic organisms with unique spatial and demographic distribution and exceptional adaptations to extreme conditions; however, the genetic diversity it hosts is little known. In order to characterize the molecular diversity of 25 benthic invertebrates collected in the Mackellar Cove during the Peruvian expedition ANTAR XXIV-2017, we analyzed nucleotide sequences obtained from the mitochondrial genes COI, ARNr 16S, and nuclear ARNr 18S and 28S (for molluscs). A morphological description of the 5 taxa between molluscs, bryozoans, polychaetes and crustaceans was made. The nucleotide sequences were recorded in open access databases (BOLD and GenBank) as *Margarella antarctica* (A1-A5), *Nacella concinna* (A11-A15), *Nematoflustra flagellata* (A16-A20), *Amphitrite kerguelensis* (A21-A25) and *Euphausia superba* (A26-A30).

Keywords: Benthos, COI, 16S, 18S, 28S, nucleotide diversity

INTRODUCTION

The Antarctic ecosystem, one of the most pristine ones in the world, contains high and endemic biodiversity, and a particular spatial and demographic distribution for benthic organisms (Ambroso, Salazar, Gili & Zapata, 2018). Since the first expeditions, species have been added to an inventory of invertebrates with a taxonomy based only on morphology. However, nowadays is easier to gain access to molecular techniques to evaluate this diversity at levels that were unattainable years ago (Stevens & Hogg 2006).

Lately, molecular markers have been used as great complementary tools to study intra and interspecific diversity in different taxonomic groups (Hebert, Cywinska, Ball & deWaard, 2003; Hebert & Gregory, 2005). The development of DNA barcoding has encouraged scientists to also apply molecular phylogenetic criteria, in both aquatic and terrestrial ecosystems, for ecological and systematic studies of biodiversity (Valentini *et al.* 2009). Therefore, this tool has been significantly useful to identify species which taxa are difficult to diagnose based only in morphology (Kerr *et al.* 2007).