

UNIVERSIDAD NACIONAL DEL SANTA
FACULTAD DE CIENCIAS
ESCUELA PROFESIONAL DE BIOLOGIA EN ACUICULTURA



Identificación molecular de gasterópodos marinos provenientes de siete departamentos del litoral peruano (de Tumbes a Ica), mediante el uso del Código de barras de ADN (*DNA Barcode*)

TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO PROFESIONAL DE BIÓLOGO ACUICULTOR

Tesista:

Bach. Claudia Jacqueline Ingar Velásquez

Asesor:

Blga. Eliana Victoria Zelada Mázmela Dra.

Co-asesor:

Blgo. Lorenzo Eduardo Reyes Flores Mg. (c).

Nuevo Chimbote – Perú

2022

UNIVERSIDAD NACIONAL DEL SANTA
FACULTAD DE CIENCIAS
ESCUELA PROFESIONAL DE BIOLOGIA EN ACUICULTURA



Identificación molecular de gasterópodos marinos provenientes de siete departamentos del litoral peruano (de Tumbes a Ica), mediante el uso del Código de barras de ADN (*DNA Barcode*)

**TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO PROFESIONAL DE BIÓLOGO
ACUICULTOR**

Revisado y firmado por el Asesor y Co – Asesor

Blga. Eliana Victoria Zelada Mázmela Dra.

 [0000-0002-5813-0954](https://orcid.org/0000-0002-5813-0954)

Blgo. Lorenzo Eduardo Reyes Flores Mg. (c).

 [0000-0002-1993-8010](https://orcid.org/0000-0002-1993-8010)

Nuevo Chimbote, octubre del 2022

2022

UNIVERSIDAD NACIONAL DEL SANTA
FACULTAD DE CIENCIAS
ESCUELA PROFESIONAL DE BIOLOGIA EN ACUICULTURA



Identificación molecular de gasterópodos marinos provenientes de siete departamentos del litoral peruano (de Tumbes a Ica), mediante el uso del Código de barras de ADN (*DNA Barcode*)

**TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO PROFESIONAL DE BIÓLOGO
ACUICULTOR**

Revisado y aprobado por el Jurado Evaluador

MSc. Lucio Encomendero Yopez
Presidente

iD 0000-0002-2525-2349

Blga. Carmen Gabriela Yzásiga Barrera
Secretaria

iD 0000-0003-2430-9945

Dra. Eliana Victoria Zelada Mázmela
Integrante

iD 0000-0002-5813-0954

Nuevo Chimbote, octubre del 2022

ACTA DE CALIFICACIÓN DE LA SUTENTACIÓN DE LA TESIS

En el Distrito de Nuevo Chimbote, en la Universidad Nacional de Santa, en el Lab. de Genética, Fisiología y Reproducción, siendo las 12:00 horas del día 18 de octubre del 2022, dando cumplimiento a la Resolución N° 355-2022-UNS-Fc se reunió el Jurado Evaluador presidido por Lucio Encarnación Yáñez, teniendo como miembros a Carmen Yzasiya Barrera (secretario) (a), y Eliana Zalcda Nazma (integrante), para la sustentación de tesis a fin de optar el título de Biólogo Acuicultor realizado por el, (la), (los) tesista (as)

Claudia Jacqueline Ingar Velásquez, quien (es) sustentó (aron) la tesis intitulada:

Identificación molecular de gasterópodos marinos presentes de siete departamentos del litoral peruano (de Tumbes a Ica), mediante el uso del Código de barras de ADN (DNA Barcode)

Terminada la sustentación, el (ia), (los) tesista (as)s respondió (ieron) a las preguntas formuladas por los miembros del jurado.

El Jurado después de deliberar sobre aspectos relacionados con el trabajo, contenido y sustentación del mismo y con las sugerencias pertinentes, declara la sustentación como EXCELENTE asignándole un calificativo de 19 puntos, según artículo 111° del Reglamento General de Grados y Títulos vigente (Resolución N° 580-2022-CU.-R-UNS)

Siendo las 14:00 horas del mismo día se dio por terminado el acto de sustentación firmando los miembros del Jurado en señal de conformidad

Lucio Encarnación Yáñez
Nombre: Lucio Encarnación Yáñez
Presidente

Carmen Yzasiya Barrera
Nombre: Carmen Yzasiya Barrera
Secretario

Eliana Zalcda Nazma
Nombre: Eliana Zalcda Nazma
Integrante

Distribución: Integrantes J.E (3), tesis (1) y archivo (02).





UNS
UNIVERSIDAD
NACIONAL DEL SANTA

DECLARACION JURADA DE AUTORIA

Yo, **CLAUDIA JACQUELINE INGAR VELÁSQUEZ**

Facultad	Ciencias	X	Educación		Ingeniería	
Escuela Profesional		Biología en Acuicultura				
Departamento Académico		Biología, Microbiología y Biotecnología				
Escuela de Posgrado	Maestría	-	Doctorado	-		
Programa: -						
De la Universidad Nacional del Santa; declaro que el trabajo de investigación intitulado						
Identificación molecular de gasterópodos marinos provenientes de siete departamentos del litoral peruano (de Tumbes a Ica), mediante el uso del Código de barras de ADN (DNA Barcode)						
Presentado en 131 Folios, para la obtención del Grado académico						
Título profesional	X	Investigación anual				
<ul style="list-style-type: none">➤ He citado todas las fuentes empleadas, no he utilizado otra fuente distinta a las declaradas en el presente trabajo.➤ Este trabajo de investigación no ha sido presentado con anterioridad ni completa, ni parcialmente para la obtención de grado académico o título profesional.➤ Comprendo que el trabajo de investigación será publico y por lo tanto sujeto a ser revisado electrónicamente para la detección de plagio por el VRIN.➤ De encontrarse uso de material intelectual sin el reconocimiento de su fuente o autor, me someto a las sanciones que determinan el proceso disciplinario.						
Nuevo Chimbote, 22 de diciembre de 2022						
Nombres y Apellidos: Claudia Jacqueline Ingar Velásquez						
DNI: 71081814						

NOTA: Esta Declaración Jurada simple indicando que su investigación es un trabajo inédito, no exime a tesis y a investigadores, que ni bien se retome el servicio con el software antiplagio, está tendrá que ser aplicado antes que el informe final sea publicado en el Repositorio Institucional Digital UNS.

DEDICATORIA

*Para el ser Todopoderoso, la razón de todo lo que poseo,
y por darme las fuerzas para continuar...*

Gracias

*A mi familia, por su paciencia, cariño y
ayuda.*

Por ayudarme a seguir con mis sueños...

Gracias

AGRADECIMIENTO

La realización y termino de esta tesis es el resultado de mucho esfuerzo. Como parte de este viaje muchas personas me apoyaron, a las cuales quiero expresar mi agradecimiento.

A mi asesora de tesis, la Dra. Eliana Zelada Mázmela, por darme la oportunidad para realizar mi tesis y ser parte del laboratorio, por su labor y esfuerzo para hacer ciencia, así como contagiar a los demás para continuar por ese camino. Por demostrarme que el camino no será fácil, pero se debe seguir persistiendo por lo que realmente se quiere. Muchas gracias por hacer sentir a cada uno del laboratorio parte de una familia.

A mi co-asesor, el Blgo. Eduardo Reyes, por su apoyo en la culminación de esta tesis, por su paciencia y guía durante este proceso. Le agradezco por crear un ambiente de alegría en el laboratorio y ayudarnos a seguir adelante. Muchas gracias.

A la profesora, Blga. Carmen Izasiga, por su buen humor, alegría, optimismo, y demostrando que al final haciendo las cosas bien, todo puede resultar. Muchas gracias por su ejemplo y acompañarnos.

A los responsables e integrantes del Círculo de investigación “Catalogando la biodiversidad marina del Perú, código de barras de ADN para el estudio, conservación y uso sostenible de los recursos”, gracias permitirme cooperar un poco con la investigación de la biodiversidad marina del Perú.

A una de las personas que me inspira, Julissa, por ser un ejemplo de dedicación. Me demostraste que con mucho esfuerzo se puede conseguir lo que se sueña, por ayudarme con mis dudas y aconsejarme. Me enseñaste a seguir superándome y a ser mejor persona. Siempre estaré agradecida.

A una de las personas que conocí en el proceso de mi tesis, Rosmery, gracias por ofrecermte tu amistad y compartir momentos conmigo, no olvidare nuestras conversaciones. Gracias por tu apoyo y confianza, y hacerme reír con nuestras ocurrencias, siempre lo recordare. Muchas gracias.

A la tesista de maestría, Karen, por ayudarme cuando inicie mi tesis, aclarar mis dudas y aconsejarme en el manejo de mis muestras y procesamiento de las mismas. Muchas gracias.

A todos los integrantes del laboratorio, los que estuvieron cuando inicié mi tesis, los que se fueron, los que aún permanecen y a los que se integraron en el camino. Gracias por crear un ambiente de cordialidad y alegría.

A mi madre, por seguir apoyándome aun cuando me estaba demorando en culminar mi tesis, gracias por tu paciencia. Por creer en mí, ayudarme en todo lo que estaba a tu alcance y tu apoyo incondicional, nunca me alcanzara las palabras para decirte lo mucho que estoy agradecida. Gracias por darme la vida.

A mis hermanos, Leslie y Alberto, que a pesar que no entendían mucho de lo que estaba haciendo, me apoyaron en continuar adelante. Leslie, gracias por ser un ejemplo para mí, nunca olvidare tus consejos, eres la mejor. Alberto, gracias por las charlas bizarras que teníamos, me hacían olvidar por un momento mis preocupaciones. Gracias a ambos, por su apoyo incondicional.

A todos y cada uno de ustedes, mi enorme gratitud y cariño.

ÍNDICE

DEDICATORIA	<i>iv</i>
AGRADECIMIENTO	<i>v</i>
RESUMEN	xiii
Abstract	xiv
I. INTRODUCCIÓN	15
II. MARCO TEÓRICO	19
2.1. Clase Gastropoda	19
2.1.1. Clasificación	19
2.1.2. Ciclo de Vida	20
2.1.3. Descripción morfológica	21
2.1.4. Comportamiento y Ecología	28
2.1.5. Situación de la pesquería de gasterópodos	30
2.2. ADN Mitocondrial	31
2.3. Gen <i>Citocromo C oxidasa subunidad I (COI)</i>	32
2.4. Código de barras de ADN	33
2.5. Distancias genéticas	34
2.6. Delimitación de especies	35
2.7. <i>Barcode gap</i>	36
III. OBJETIVOS	37
3.1. Objetivo General	37
3.2. Objetivos específicos	37
IV. MATERIALES Y MÉTODOS	38
4.1. Recolecta de la muestra biológica	38
4.2. Identificación de las especies de gasterópodos marinos, con base en sus caracteres morfológicos y mediante sus secuencias de un fragmento del gen mitocondrial <i>COI</i> en las bases de datos BOLD y GenBank.	40
4.2.1. Identificación morfológica.....	40
4.2.2. Identificación de las secuencias de un fragmento del gen mitocondrial <i>COI</i> en las bases de datos BOLD y GenBank	41
4.3. Definición de las agrupaciones de las secuencias de gasterópodos marinos (MOTU's) mediante métodos de delimitación de especies y sus distancias genéticas interespecíficas e intraespecíficas.	44
4.3.1. Delimitación de especies	44
4.3.2. Distancias genéticas	46

V. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	47
5.1. RESULTADOS.....	47
5.1.1. Identificación de las especies de gasterópodos marinos, con base en sus caracteres morfológicos y mediante sus secuencias de un fragmento del gen mitocondrial <i>COI</i> en las bases de datos BOLD y GenBank.....	47
5.1.2. Definición de las agrupaciones de las secuencias de gasterópodos marinos (MOTU's) mediante métodos de delimitación de especies y sus distancias genéticas interespecíficas e intraespecíficas.....	67
5.2. DISCUSIÓN	90
VI. CONCLUSIONES	98
VII. RECOMENDACIONES	99
VIII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	100
IX. ANEXOS.....	117
9.1. Anexo 1. Información de secuencias <i>COI</i> disponibles en GenBank y BOLD, incluidas en los análisis.	117
9.2. Anexo 2. Fichas taxonómicas de las especies que no tuvieron relación con sus MOTUs.	117

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Lugares y coordenadas de los sitios de muestreo de gasterópodos marinos.	38
Tabla 2. Lista de oligonucleotidos para la amplificación del gen <i>COI</i> en gasterópodos.....	42
Tabla 3. Clasificación taxonómica de los gasterópodos marinos de la subclase Patellogastropoda, con base en su identificación morfológica	48
Tabla 4. Clasificación taxonómica de los gasterópodos marinos de la subclase Vetigastropoda, con base en su identificación morfológica	48
Tabla 5. Clasificación taxonómica de los gasterópodos marinos de la subclase Neritimorpha, con base en su identificación morfológica	48
Tabla 6. Clasificación taxonómica de los gasterópodos marinos de la subclase Caenogastropoda, con base en su identificación morfológica.....	49
Tabla 7. Clasificación taxonómica de los gasterópodos marinos de la subclase Heterobranchia, con base en su identificación morfológica	51
Tabla 8. Total de especímenes con el porcentaje requerido en ambas bases de datos por cada subclase.....	53
Tabla 9. Número de especímenes congruentes entre las bases de datos y su designación nominal	53
Tabla 10. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Patellogastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD.	54
Tabla 11. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Vetigastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD.	55
Tabla 12. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Neritimorpha según las bases de datos GenBank y BOLD.	57
Tabla 13. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Heterobranchia según las bases de datos GenBank y BOLD.	58
Tabla 14. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Caenogastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD.	59
Tabla 15. Distancias generales intra e inter – MOTU´s de las especies de gasterópodos de la subclase Patellogastropoda.	68
Tabla 16. Distancias genéticas K2P de los MOTUs generados por los análisis PTP, bPTP y GMYC de las especies de gasterópodos de la subclase Patellogastropoda.....	69
Tabla 17. Distancias generales intra e inter – MOTU´s de las especies de gasterópodos de la subclase Vetigastropoda.	72
Tabla 18. Distancias genéticas K2P de los MOTUs generados por los análisis PTP, bPTP y GMYC de las especies de gasterópodos de la subclase Vetigastropoda.	73
Tabla 19. Distancias genéticas K2P de los MOTUs generados por los análisis PTP, bPTP y GMYC de las especies de gasterópodos de la subclase Neritimorpha.....	75
Tabla 20. Distancias generales intra e inter – MOTU´s de las especies de gasterópodos de la subclase Neritimorpha.	76
Tabla 21. Especies nominales congruentes con los MOTUs generados por PTP, bPTP, GMYC y BIN.	78
Tabla 22. Distancias genéticas K2P de los MOTUs generados por los análisis PTP, bPTP y GMYC de las especies de gasterópodos de la subclase Caenogastropoda.....	84

Tabla 23. Distancias generales intra e inter – MOTU’s de las especies de gasterópodos de la subclase Caenogastropoda. 86

Tabla 24. Distancias genéticas K2P de los MOTUs generados por los análisis PTP, bPTP y GMYC de las especies de gasterópodos de la subclase Heterobranchia. 88

Tabla 25. Distancias generales intra e inter – MOTU’s de las especies de gasterópodos de la subclase Heterobranchia 88

Tabla 26. Congruencia entre los análisis de delimitación de especies y la designación nominal en cada subclase 89

ÍNDICE DE FIGURAS

- Figura 1.** Ciclo de vida del gasterópodo marino *Tegula atra*. Imagen tomada de Olguín (2006), p. 5. 21
- Figura 2.** Esquema idealizado del proceso de torción en gasterópodos marinos. A. Gasterópodo hipotético sin el proceso de torción; B. Inicio del proceso de torción. Las branquias y el ano giran en sentido opuesto a las manecillas del reloj. C. Gasterópodo con torsión. Las branquias y el ano quedan en posición anterior. Imagen tomada de Camacho y Del Rio (2007), p. 325.... 22
- Figura 3.** Tipos de conchas en la clase Gasteropoda: a. Globosa (*Malea ringens*). b. Ovoide (*Macrocypreaa cervinetta*). c. Turritelada (*Turritella leucostoma*). d. Turbinada (*Prisogaster niger*). e. Lenticular (*Crepidula striolata*). f. Pateliforme (*Fissurella peruviana*). g. Conchaausente (*Felimare sechurana*). h. Conchareducida e interna (*Aplysia sp.*). Imagen tomada de Hoover *et al.* (2017) y Montes (2018), p. 42. 23
- Figura 4.** Dirección del enrollamiento de una concha helicoidal. a. Dextrógira (*Ficus ventricosa*) y b. Levógira (*Busycon contrarium*). Imagen tomada de Montes (2018), p. 40.... 23
- Figura 5.** Morfología general de las lapas. A y B. Vistas de la superficie externa e interna de la concha (secciones superior e inferior corresponden a *Fissurella latimarginata* y *F. maxima*, respectivamente. Imagen tomada de Carbajal-Enzian *et al.* (2018)..... 24
- Figura 6.** Morfología general de la concha de un Calyptraeidae. A. Vista dorsal. B. Vista ventral (*Crepidatella cf. peruviana* superior y *Trochita trochiformis* inferior). 24
- Figura 7.** Locomoción en gasterópodos nadadores. a. Parapodios (*Aplysia fasciata*), b. Movimiento de los parapodios en el nado de *Aplysia*. 25
- Figura 8.** Tipos de opérculos en gasterópodos. a. Multiespiral con núcleo central (*Tegula melaleucos*). b. Unguiculado (*Conus fergusonii*). c. Concentrico con núcleo apical o terminal (*Solenosteira fusiformis*). d. Córneo redondeado (*Prisogaster niger*). e. Pauciespiral con núcleo subcentral (calcáreo) (*Natica unifasciata*). 26
- Figura 9.** Manto. a. *Felicioliva peruviana*, b. *Felimida purpurea* y c. *Fissurella latimarginata* 26
- Figura 10.** Órganos sensoriales en gasterópodos. a. Tentáculos cefálicos (*Fissurella cumingi*). b. Rinóforos (*Felimare cantabrica*). c y d. Ojos (*Flabellina affinis* y *Fissurella pulchra*). 27
- Figura 11.** Representación del ADN mitocondrial, junto con los genes que lo conforman. Rojo: genes ligados a los eventos de respiración. Verde: genes de RNA ribosomal. Puntos en azul: genes de RNA de transferencia. 32
- Figura 12.** Mapa de la ubicación de los lugares de colecta de los especímenes de gasterópodos del presente estudio. Los números de los puntos están de acuerdo a la Tabla 1 39
- Figura 13.** Fotografías de vouchers de gasterópodos con su respectiva codificación. a. *Crossata ventricosa*. b. *Bostrycapulus calyptraeiformis*. 40

Figura 14. Gel de agarosa al 1% con extractos de ADN de gasterópodos. Carril M: marcador molecular. Bandas del 1 al 8 corresponden a <i>Lottia orbigny</i> . Bandas 9 y 10 corresponden a <i>Scurria ceciliana</i> . Todas las muestras fueron procedentes de Puerto Santa, Ancash.	41
Figura 15. Gel de agarosa al 1% con productos de PCR de muestras de gasterópodos. Carril M: marcador molecular. La banda 1 corresponde a <i>Acanthais callaoensis</i> , las bandas 2 y 3 corresponden a <i>Stramonita biserialis</i> y las bandas del 4 al 8 corresponden a <i>Bulla sp.</i> , procedentes de Bayovar, La Gramita y Zarumilla, respectivamente.	43
Figura 16. Árbol bayesiano de la matriz Patellogastropoda. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas.....	68
Figura 17. Análisis del <i>barcode gap</i> de especies de la subclase Patellogastropoda. Los puntos por encima de la línea punteada representan que la mínima distancia interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.....	70
Figura 18. Árbol bayesiano de la matriz Vetigastropoda. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas.....	71
Figura 19. Análisis del <i>barcode gap</i> de especies de la subclase Vetigastropoda. Los puntos por encima de la línea punteada representan que la mínima distancia interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.	74
Figura 20. Árbol bayesiano de la matriz Neritimorpha. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas.....	75
Figura 21. Análisis del <i>barcode gap</i> de especies de la subclase Neritimorpha. Los puntos por encima de la línea punteada representan que la mínima distancia interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.	76
Figura 22. Árbol bayesiano de la matriz Caenogastropoda. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas.....	79
Figura 23. Análisis del <i>barcode gap</i> de especies de la subclase Caenogastropoda. Los puntos por encima de la línea punteada representan que la mínima distancia interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.	86
Figura 24. Árbol bayesiano de la matriz Heterobranchia. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas.....	87
Figura 25. Análisis del <i>barcode gap</i> de especies de la subclase Heterobranchia. Los puntos por encima de la línea punteada representan que la mínima distancia interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.	89

Identificación molecular de gasterópodos marinos provenientes de siete departamentos del litoral peruano (de Tumbes a Ica), mediante el uso del Código de barras de ADN (*DNA Barcode*)

RESUMEN

La clase Gastropoda perteneciente al filo Mollusca, resalta entre otros grupos debido a su enorme radiación adaptativa, plasticidad morfológica y variabilidad funcional. Estas características, sin embargo, han generado sesgo en sus clasificaciones taxonómicas. El objetivo de este trabajo fue identificar a nivel molecular los gasterópodos marinos provenientes de siete departamentos del litoral peruano (de Tumbes a Ica) mediante el Código de barras de ADN, utilizando un fragmento del gen mitocondrial *Citocromo c oxidasa subunidad I (COI)*. Se identificaron taxonómicamente 58 especies, entre ellas, 40 especies pertenecieron a la subclase Caenogastropoda, siete especies a la subclase Vetigastropoda, seis especies a la subclase Heterobranchia, cuatro especies a la subclase Patellogastropoda y una especie perteneció a la subclase Neritimorpha. Por otro lado, los análisis de delimitación de especies sugirieron la presencia de posibles especies crípticas o sub especies en los géneros *Crucibulum*, *Fisurella* y *Prisogaster*, así como posibles morfotipos en el género *Scurria*, y las especies *Tegula atra*, *T. luctuosa* y *T. euryomphala*. La técnica del Código de barras de ADN resultó efectiva para la identificación molecular de gasterópodos marinos de las subclases Neritimorpha y Heterobranchia; sin embargo, en las subclases Patellogastropoda, Vetigastropoda y Caenogastropoda, se identificó incongruencias entre su identificación morfológica y los análisis de delimitación de especies.

Palabras claves: Código de barras de ADN; Gastropoda; morfotipos, subespecies, crípticas.

Molecular identification of marine gastropods from seven regions of the Peruvian coast (from Tumbes to Ica) through DNA Barcode

Abstract

Gastropods are a class of the phylum Mollusca that stand out among other groups due to their enormous adaptive radiation, morphological plasticity and functional variability. These features, however, have inserted bias into their taxonomic descriptions. The objective of this work was to identify at the molecular level the marine gastropods from seven departments of the Peruvian coast (from Tumbes to Ica) by means of the DNA barcode, using a fragment of the mitochondrial gene *Cytochrome c oxidase subunit I (COI)*. Taxonomically 58 species were identified, among them, 40 species belonged to the subclass Caenogastropoda, seven species to the subclass Vetigastropoda, six species to the subclass Heterobranchia, four species to the Patellogastropoda subclass, and one specie belonged to the subclass Neritimorpha. Interestingly, species delimitation analyzes suggested the presence of possible cryptic species or subspecies in the genera *Crucibulum*, *Fisurella*, and *Prisogaster*, as well as possible morphotypes in the genera *Scurria*, and species *Tegula atra*, *T. luctuosa*, and *T. euryomphala*. The DNA barcode technique was effective for the molecular identification of marine gastropods of the subclasses Neritimorpha and Heterobranchia; however, in the subclasses Patellogastropoda, Vetigastropoda and Caenogastropoda, inconsistencies were identified between their morphological identification and the species delimitation analyses.

Keywords: DNA barcode; Gastropoda; morphotypes; subspecies, cryptic.

I. INTRODUCCIÓN

La clase Gastropoda es el grupo más diverso del filo Mollusca, con un estimado de 100 000 a 130 000 especies, que se dividen en: lapas, caracoles y babosas (Ardila *et al.*, 2002, p. 25; Geiger, 2006, p. 295; Cuezco, 2009, p. 595; Fatma, 2020, p. 739). Las especies de esta clase poseen una enorme radiación adaptativa, plasticidad morfológica y variabilidad funcional, características que permiten su adaptación a diferentes hábitats (marinos, de agua dulce y terrestres), estilos de vida, y modos de reproducción (Grande y Zardoya, 2012, p. 214; Haszprunar y Wanninger, 2012, p. 511). Esta capacidad adaptativa de los gasterópodos hace que jueguen un papel importante para la comprensión de los esquemas de diversidad, mecanismos de supervivencia, y características de colonización y distribución (Ardila *et al.*, 2002, p. 25; Torreblanca-Ramírez *et al.*, 2014, p. 548).

Los gasterópodos también cumplen un rol social significativo debido a que pueden llegar a representar el 2% del total de capturas con respecto a la pesca mundial de moluscos (Leiva y Castilla, 2002, p. 285). En Perú, los gasterópodos como *Thaisella chocolata*, *Malea ringens*, *Sinum cymba*, *Hexaplex brassica*, *Concholepas concholepas* y *Fissurella spp.*, representan del 0.6 al 1% del desembarque total de moluscos (PRODUCE, 2017, p. 54; 2018, p. 57; 2019, p. 55 y 2020, p. 48), formando parte importante del comercio nacional, así como para la gastronomía del Perú, donde se incluyen en platillos como: ceviche, arroz con mariscos, parihuela y jaleas (Rios y Velasquez, 2016, p. 33).

Los gasterópodos también han adquirido un rol esencial en el ámbito académico, por ejemplo, el gasterópodo *Aplysia californica* es usado como modelo neurobiológico para el estudio neuronal del aprendizaje y la memoria, contribuyendo al entendimiento de como los organismos adquieren, almacenan y eventualmente usan sus experiencias (Haszprunar y Wanninger, 2012, p. 510; Aggio y Derby, 2019, p. 4). Asimismo, el estudio de *Elysia rufescens* y *Dollabella auriculata*, ha llevado a descubrir moléculas que pueden funcionar como agentes antitumorales en diferentes tipos de cáncer, como melanoma, carcinoma hepatocelular, cáncer de pulmón no microcítico, cáncer de mama, próstata y colon (De la Calle, 2009, p. 150; Salazar *et al.*, 2013, p. 80). Estudiando el veneno producido por especies del género *Conus*, varios autores reportaron el uso de estas sustancias para reducir el dolor crónico, disminuir la actividad neuronal, y tratar diferentes enfermedades como hipertensión, desórdenes cardiovasculares e incontinencia

urinaria (Pereañez y Vargas, 2009, p. 156; Landa *et al.*, 2013, p. 42; Kumar *et al.*, 2015, p. 340; Silva *et al.*, 2015, p. 56; Valdéz, 2019, p. 4).

En el ámbito medio ambiental, los gasterópodos son útiles como indicadores y controladores biológicos, debido a la facilidad para identificarlos, medirlos, y su rápida respuesta ante perturbaciones. Por ejemplo, la asociación existente entre los géneros *Scurria* - *Lessonia*, como indicador ecológico, ayudan a monitorear la integridad ecológica de las praderas explotadas de *Lessonia berteroana* (Vega *et al.*, 2016, p. 339). De igual manera, *F. latimarginata*, *C. concholepas* y *T. chocolata* ayudan a detectar acumulación de metales pesados como el cobre, arsénico y cadmio, debido a que son grandes bioacumuladores de estos metales (Cárdenas, 2017, p. 115). Los miembros de la subclase Caenogastropoda, a su vez, son eficaces para identificar la presencia de tributilestaño (TBT) en el mar, una sustancia que produce el desarrollo de un pene en las hembras, un fenómeno llamado *imposex* (Cruz, 2013, p. 78; Guabloche *et al.*, 2013, p. 245; Primost, 2014, p. 131; Guabloche *et al.*, 2017, p. 6).

A pesar de su importancia, la identificación de los gasterópodos, en su mayoría, es basada en su morfología, teniendo como principal caracter morfológico a la concha, sin embargo, este caracter refleja altos niveles de homoplasia, y sus patrones de variación se pueden desestabilizar por un cambio en el ambiente (Véliz *et al.*, 2003, p. 131; Vermeij, 2004, p. 73; Sánchez, 2009, p. 41; Olivares-Paz *et al.*, 2011, p. 340; Zhao *et al.*, 2013, p. 2; Uribe, 2016, p. 26). De esta manera, los caracteres morfológicos usados en la clasificación o en los escenarios evolutivos, pueden dar lugar a falsas identidades, provocando inestabilidad taxonómica (Hebert *et al.*, 2003a, p. 97; Packer *et al.*, 2009, p. 43; Congrains, 2010, p. 10; Galindo *et al.*, 2016, p. 4; Trivedi *et al.*, 2016, p. 165). Por ejemplo, las especies del género *Conus*, presentan conchas con patrones de pigmentación muy complejos, que varían en especies estrechamente relacionadas, haciendo difícil caracterizar sus similitudes y diferencias (Kumar *et al.*, 2015, p. 339). Asimismo, en la familia Lottiidae, la concha presenta altos grados de convergencia y paralelismo, haciendo difícil inferir las relaciones entre los miembros (Espoz *et al.*, 2004, p. 258).

Por tal motivo, los enfoques moleculares para la identificación, tienen el potencial para mejorar la cantidad y calidad de los datos en taxonomía, sistemática y filogenia, permitiendo evaluar si las variaciones morfológicas corresponden a diferentes especies (Neigel *et al.*, 2007, p. 496; Moreno, 2015, p. 6; Uribe *et al.*, 2017, p. 2); y proporcionar una estabilidad taxonómica, así

como una evaluación precisa de la biodiversidad y estudios evolutivos (Krug *et al.*, 2016, p. 124). Por ende, la aplicación de técnicas moleculares es considerada como una oportunidad única para incrementar el conocimiento de la diversidad en el Perú (von May *et al.*, 2012, p. 350).

Dentro de las técnicas moleculares, el Código de Barras de ADN se presenta como una herramienta útil, confiable, rentable y ampliamente aplicable para la identificación de especies usando un pequeño fragmento de secuencia de ADN (Hebert *et al.*, 2003a, p. 98; Bucklin *et al.*, 2011, p. 473; Bandyopadhyaya *et al.*, 2013, p. 78; Chiu *et al.*, 2015, p. 5; Ali *et al.*, 2016, p. 5). La utilidad de esta técnica va desde su aplicación para identificar y descubrir especies hasta su uso como mecanismo para evaluar la biodiversidad y realizar estudios ecológicos (Lanteri, 2007, p. 17; Sáez, 2009, p. 5; Ali *et al.*, 2016, p. 7; Miralles *et al.*, 2016, p. 1; Rosales y Moreno, 2016, p. 48).

La identificación de especies utilizando el Código de Barras de ADN, se realiza través de una combinación única de caracteres generados por marcadores moleculares; entre ellos, el gen mitocondrial *Citocromo C oxidasa subunidad 1 (COI)* es el principal marcador molecular (Zou *et al.*, 2011, p. 2). *COI* permite identificar especies gracias a que su tasa de sustitución es aproximadamente diez veces más rápida que el ADN nuclear (Aguilera-Muñoz *et al.*, 2009, p. 18). En el caso de gasterópodos, es importante destacar el alto grado de diversificación de la organización génica mitocondrial, la que está asociada a una tasa de reorganización relativamente alta (Grande y Zardoya, 2012, p. 215); ello significa, que existe una mayor variabilidad en el ordenamiento de los genes (Olivares, 2007, p. 101).

Ejemplo del uso del marcador *COI* para establecer límites taxonómicos en la clase Gastropoda es en la identificación de especies del género *Atlanta*. Utilizando este marcador, Moreno (2015) validó taxonómicamente 13 especies de las 18 estudiadas y descubrió que las especies identificadas taxonómicamente como *A. gaudichaudi*, *A. pacifica* y *A. peronii*, integraron una sola especie, mientras que *A. echinogyra* y *A. plana* integraron otra especie (p. 60). En la familia Siphonariidae, Güller *et al.* (2016) reconocieron tres especies válidas para América del Sur: *Siphonaria lessonii*, *Siphonaria lateralis* y *Siphonaria macgillivrayi*. Además, los autores reportaron la existencia de dos linajes mitocondriales en *S. lessonii*: un clado del Atlántico

presente en el suroeste del atlántico y el canal Beagle y un clado del pacífico, el cual abarca el centro de Chile y el suroeste del puerto Madryn en el atlántico (p. 93)

De igual manera, estudiando la filogenia de los gasterópodos del Pacífico oriental, Uribe *et al.* (2017) descubrieron dos especies nuevas (*L. mcdonaldi sp. nov.* y *L. antofagastensis sp. nov.*) para la provincia biogeográfica panameña. Los autores encontraron que la divergencia genética entre especímenes de *L. cockerelli* fue alta (10.7%) y la variabilidad genética intraespecífica fue menor al 1%, referido a su distribución (p. 16). Por otro lado, utilizando taxonomía integrativa Aissaoui *et al.* (2016) hallaron la presencia de linajes crípticos dentro del género *Aplus* en el Mar Mediterráneo, ocho especies estudiadas pertenecientes a este género presentaron una divergencia genética alta (mayor al 10%) a pesar de su similitud morfológica (p. 532).

Con lo mencionado, los gasterópodos tienen un gran potencial para expandir nuestro conocimiento sobre la biodiversidad, siendo un grupo idóneo para estudios paleontológicos, evolutivos y filogenéticos (Uribe, 2016, p. 25; Cunha *et al.*, 2019, p. 249). Pero, a pesar de su diversidad, es un grupo taxonómico que no se ha estudiado muy a fondo y la aplicación de nuevos métodos en la identificación basados en técnicas moleculares aun es muy exiguo en sus especies (Uribe, 2016, p. 39), lo que genera incertidumbre taxonómica en la asignación de especies.

En Perú, el Consejo Nacional del Ambiente (D.S N° 102-2001-PCM) y la Ley N° 26821 “*Ley Orgánica para el aprovechamiento sostenible de los recursos naturales*”, señalan que la investigación científica en diversidad biológica debe orientarse al inventario, taxonomía, características e interacciones con el medio ambiente, así como, la calidad, composición, potencialidad y gestión de los recursos naturales. Sin embargo, la generación de bioconocimiento en nuestro país es todavía insuficiente, a pesar de que muchas especies representan un valor ecológico, económico, cultural y paisajístico. Por lo tanto, es necesario describir y catalogar gran parte del mar peruano (von May *et al.*, 2012, p. 351), y de esta manera hacer que las especies de la clase Gastropoda descritas en Perú, presenten una estabilidad taxonómica.

II. MARCO TEÓRICO

2.1. Clase Gastropoda

2.1.1. Clasificación

La primera clasificación general de la clase Gastropoda la hace Thiele (Thiele, 1929), la cual se basó en caracteres del sistema respiratorio, dividiéndolas en tres subclases: Prosobranchia, Opisthobranchia y Pulmonata. Luego, en 1980, se propuso una nueva clasificación basada en los sistemas nerviosos, que los dividió en dos subclases: Streptoneura y Euthyneura (Haszprunar, 1988, p. 428). En 1997, Ponder y Lindberg (1997) dividieron a los gasterópodos en dos subclases: Eogastropoda y Orthogastropoda basándose en caracteres morfológicos, ultraestructurales, y de desarrollo embrionario (p.181). Esta investigación, fue la base para la siguiente clasificación general de los gasterópodos, propuesta por Bouchet y Rocroi (2005), sobre la base de estructuras morfológicas y estudios moleculares, dividiéndolas en seis subclases: Patellogastropoda, Cocculiniformia, Vetigastropoda, Neritimorpha, Caenogastropoda y Heterobranchia (p. 240). Esta clasificación se actualizó en el 2017, con el cambio de la subclase Cocculiniformia por Neomphaliones (Bouchet *et al.*, 2017, p. 334).

En Perú, se han reportado especies de la familia Lottiidae, perteneciente a la subclase Patellogastropoda, conocidas como “lapas reales” (Espoz *et al.*, 2004, p. 279; Montes, 2018, p. 100); los ordenes Lepetellida y Trochida, parte de la subclase Vetigastropoda (Paredes *et al.*, 1999, p. 7; Montes, 2018, p. 78), y la subclase Neritimorpha, con especies de la superfamilia Neritoidea (Montes, 2018, p. 106).

La subclase Caenogastropoda, conforman el 60% de las especies de gasterópodos vivientes con concha (Ponder *et al.*, 2007, p. 331), y en Perú, se registran las familias Muricidae, Columbelloidea, Naticidae, Buccinidae y Calyptraeidae (Paredes *et al.*, 1999, p. 8; Ramírez *et al.*, 2003, p. 229; Paredes y Cardoso, 2007, p. 177; Paredes *et al.*, 2011, p. 13). Por último, para la subclase Heterobranchia, en Perú se ha reportado el superorden Sacoglossa, los ordenes Nudibranchia, Cephalaspidea, Anaspidea, Thecosomata y Umbraculida, las superfamilias Acteonoidea, Architectonicoidea, Siphonarioidea y

Ellobioidea, y las familias Tylodinoidea y Acochliidae (Nakamura, 2007, p. 256; Uribe *et al.*, 2013b, p. 47; Schrödl y Hooker, 2014, p. 47; Montes, 2018, p. 228).

2.1.2. Ciclo de Vida

En los gasterópodos, los huevos presentan una característica conocida como huevos mosaicos, y su división sigue un patrón en espiral (Fatma, 2020, p. 789). Presentan dos estadios larvales: una larva trocófora, que se desarrolla dentro del huevo, y una larva veliger. Las especies de las subclases Caenogastropoda y Heterobranchia eclosionan como una larva veliger, mientras que, las especies de las subclases Patellogastropoda y Vetigastropoda, presentan una trocófora nadadora (Camacho y Del Rio, 2007, p. 337; Yuvero, 2017, p. 14).

En larva veliger ocurre el proceso de torsión, aparece el opérculo, y presentan una concha delgada denominada protoconcha (Camacho y Del Rio, 2007, p. 337). Esta larva se clasifica en planctotrófica la cual se desarrolla en el plancton, se alimenta del mismo y se dividen en pelágicas y demersales. Por otro lado, las larvas no planctotrófica, se dividen en lecitotróficas, que se alimentan de nutrientes del huevo y la metamorfosis ocurren dentro del mismo (Hermosillo, 2006, p. 5). El otro tipo de larva veliger no planctotrófica, es la incubada por los padres, los cuales protegen la masa de huevos en las espiras de la concha, en la zona umbilical o en la cavidad del manto (Hermosillo, 2006, p. 6; Uribe, 2016, p. 28). En los Caenogastropodos más avanzados, los huevos no son protegidos por los progenitores luego de la oviposición (Zabala, 2012, p. 89), mientras que en los gasterópodos sin concha (Opisthobranchios), la larva puede presentar cilios para la locomoción (Hermosillo, 2006, p. 4; Martínez, 2018, p. 44).

En el desarrollo posterior, comienza el crecimiento de la cabeza, la torsión de la parte posterior dorsal del cuerpo, el crecimiento en espiral de la masa visceral y la concha, además de la secreción del opérculo en la parte posterior dorsal del pie (Fatma, 2020, p. 800).



Figura 1. Ciclo de vida del gasterópodo marino *Tegula atra*. Imagen tomada de Olguín (2006), p. 5.

2.1.3. Descripción morfológica

La morfología de los gasterópodos, está caracterizada por un pie ventral bien desarrollado, una cabeza visceral y una masa visceral dorsal cubierta por el manto y la concha (Gofas *et al.*, 2011, p. 7), aunque la torsión del cuerpo es el fenómeno más resaltante en su desarrollo (Fatma, 2020, p. 800) (Fig. 2).

En algunos gasterópodos ocurre un proceso de detorsión, lo que está asociado a la reducción o pérdida de la concha (Anaspidea, Opisthobranchios) (Hermosillo, 2006, p. 13; Camacho y Del Rio, 2007, p. 325; Fatma, 2020, p. 802). Por otro lado, el enrollamiento de la masa visceral (algo distinto a la torsión) es debido a que un lado de la masa visceral crece más rápido, por lo cual este se retuerce en una espira compacta, y así no interfiere en el equilibrio del animal (Fatma, 2020, p. 802).

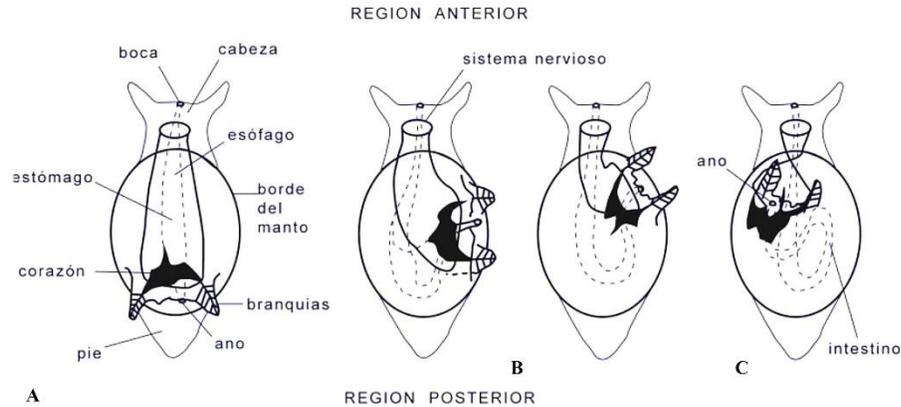


Figura 2. Esquema idealizado del proceso de torsión en gasterópodos marinos. A. Gasterópodo hipotético sin el proceso de torsión; **B.** Inicio del proceso de torsión. Las branquias y el ano giran en sentido opuesto a las manecillas del reloj. **C.** Gasterópodo con torsión. Las branquias y el ano quedan en posición anterior. Imagen tomada de Camacho y Del Rio (2007), p. 325.

La concha, compuesta por carbonato de calcio secretado por el manto, comúnmente toma una forma helicoidal; pudiendo presentar formas aplanadas tipo “lapa” (Patellogastropoda, Fissurellidae, Calyptraeidae), así como reducirse o desaparecer (Anaspeida, Nudibranchia) (Palmer, 1992, p. 1379; Gorrostieta *et al.*, 2011, p. 3; Uribe, 2016, p. 26) (Fig. 3); estos últimos están correlacionados con el proceso de detorsión (Fatma, 2020, p. 802).

Una concha helicoidal presenta una dirección del enrollamiento, que puede ser dextrógira (derecha) o levógira (izquierda) (Frýda y Ferrova, 2011, p. 765; Castillo-Rodríguez, 2014, p. 421) (Fig. 4). Este tipo de conchas tienen un soporte central llamado *columella*, la cual da rigidez a la concha y provee un punto de agarre para las partes blandas vía el músculo columelar (Brown y Lydeard, 2010, p. 278).

En contraste, las conchas con forma tipo *lapa*, como las especies de la familia Fissurellidae, poseen una perforación apical o foramen, consecuencia de la pérdida de una protoconcha espiralada, que cambia con el crecimiento y la especie (Yuvero, 2017, p. 11) (Fig. 5). En el caso de la familia Calyptraeidae, presentan el septo, ubicado en el lado ventral, divide la concha y provee protección a la masa visceral (Fig. 6).

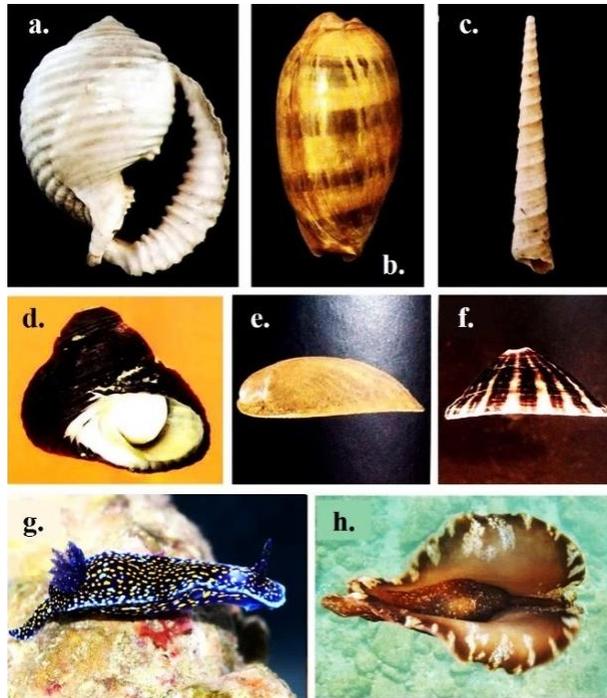


Figura 3. Tipos de conchas en la clase Gasteropoda: a. Globosa (*Malea ringens*). **b.** Ovoide (*Macrocypraea cervinetta*). **c.** Turritelada (*Turritella leucostoma*). **d.** Turbinada (*Prisogaster niger*). **e.** Lenticular (*Crepidula striolata*). **f.** Pateliforme (*Fissurella peruviana*). **g.** Conchaausente (*Felimare sechurana*). **h.** Conchareducida e interna (*Aplysia sp.*). Imagen tomada de Hoover *et al.* (2017) y Montes (2018), p. 42.

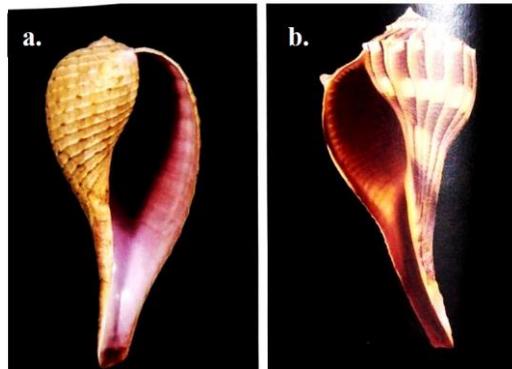


Figura 4. Dirección del enrollamiento de una concha helicoidal. a. Dextrógira (*Ficus ventricosa*) y **b.** Levógira (*Busycon contrarium*). Imagen tomada de Montes (2018), p. 40.

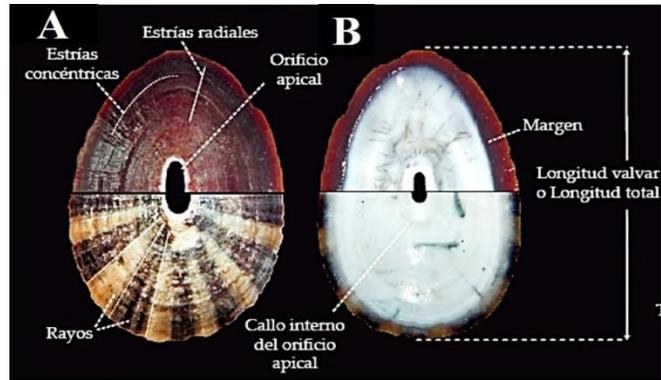


Figura 5. Morfología general de las lapas. A y B. Vistas de la superficie externa e interna de la concha (secciones superior e inferior corresponden a *Fissurella latimarginata* y *F. maxima*, respectivamente. Imagen tomada de Carbajal-Enzian *et al.* (2018).

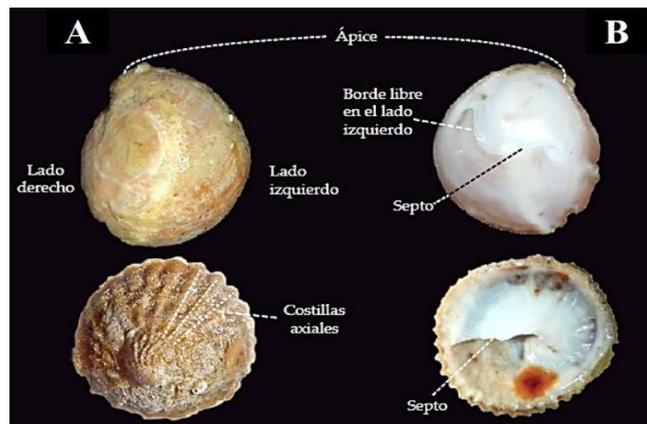


Figura 6. Morfología general de la concha de un Calyptraeidae. A. Vista dorsal. B. Vista ventral (*Crepipatella cf. peruviana* superior y *Trochita trochiformis* inferior). Imagen tomada de Carbajal-Enzian *et al.* (2018).

La concha tiene una composición externa llamado periostraco, de composición orgánica (generalmente proteína) que limita la abrasión o disolución (Brown y Lydeard, 2010, p. 278). El tamaño de la concha puede variar entre unos pocos milímetros, hasta 0.50 m de largo (Monge-Nájera, 2003, p. 2), y su función principal es la protección al cuerpo del animal. En Nudibranchia y algunas especies de Sacoglossa, al no poseer concha, sintetizan metabolitos secundarios tóxicos como mecanismo de defensa (Marín y Ros, 2004, p. 229; Hermosillo, 2006, p. 12).

El pie de los gasterópodos esta provisto de un epitelio secretor, utilizado para la locomoción por medio de ondas de contracción, empujando al animal hacia delante y deslizarse mediante reptación, natación, excavación o perforación (Camacho y Del Rio, 2007, p. 328; Brown y Lydeard, 2010, p. 279; Silva *et al.*, 2015, p. 56). En Nudibranchia, la locomoción también es dada por los cilios del pie (Herrero, 2015, p. 15); mientras que, en Anaspidea, se realiza por medio de grandes aletas (parapodios), que se proyectan ventralmente y cubren dorsalmente al cuerpo (Camacho y Del Rio, 2007, p. 328) (Fig. 7).

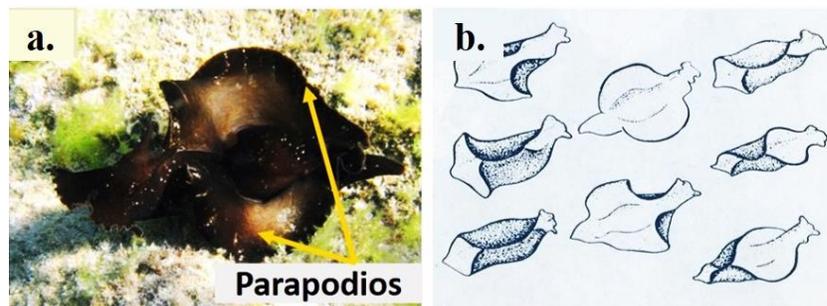


Figura 7. Locomoción en gasterópodos nadadores. a. Parapodios (*Aplysia fasciata*), **b.** Movimiento de los parapodios en el nado de *Aplysia*. Imagen tomada de Ruppert y Barnes (1996) y WORMS (acceso, 30/09/20).

El pie presenta un opérculo, una estructura planoespiral de composición córnea o calcificada, cuya función es cerrar herméticamente la abertura de la concha cuando el animal se retrae en ella (Ardila *et al.*, 2002, p. 25; González-Villarreal, 2005, p. 34; Castillo-Rodríguez, 2014, p. 421). El opérculo puede ser ultiespiral (líneas poco espaciadas) o pausiespiral (líneas más distanciadas entre sí) (Fig. 8). En Patellogastropoda, Fissurellidae, Calyptraeidae, Haliotidae, Nudibranchia y Anaspidea, el opérculo desaparece cuando ocurre la detorsión.

El manto en gasterópodos, bordea la concha por dentro y cubre las partes blandas, formando el integumento cuando se adhiere a la masa visceral, pero al separarse en la abertura forma la cavidad del manto (González-Villarreal, 2005, p. 34). Para Nudibranchia, el manto puede ser liso, rugoso o presentar prolongaciones o espículas según la especie (Herrero, 2015, p. 14; Martínez, 2018, p. 43) (Fig. 9).

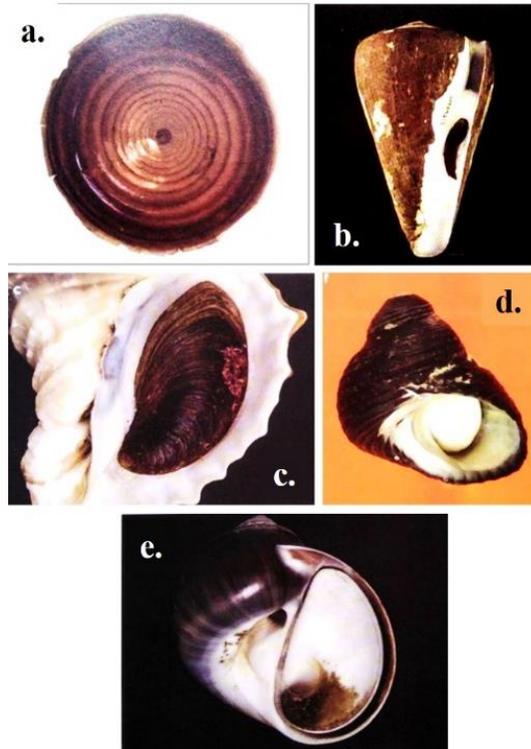


Figura 8. Tipos de opérculos en gasterópodos. a. Multiespiral con núcleo central (*Tegula melaleucos*). **b.** Unguiculado (*Conus fergusonii*). **c.** Concentrico con núcleo apical o terminal (*Solenosteira fusiformis*). **d.** Córneo redondeado (*Prisogaster niger*). **e.** Pauciespiral con núcleo subcentral (calcáreo) (*Natica unifasciata*). Imagen tomada de Montes (2018), p. 49.

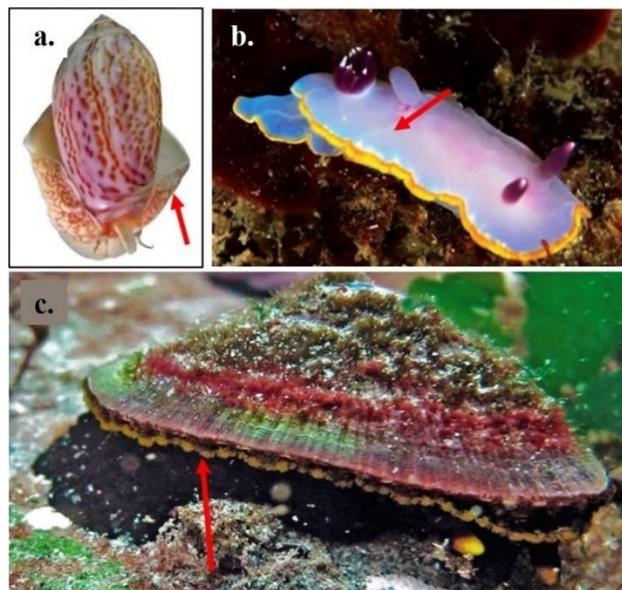


Figura 9. Manto. a. *Felicioliva peruviana*, **b.** *Felimida purpurea* y **c.** *Fissurella latimarginata*. Imagen tomada de Carbajal-Enzian et al. (2018) y Martínez (2018).

La masa visceral en gasterópodos está dominada por la glándula digestiva y el sistema reproductivo (Zabala, 2012, p. 3). El sistema excretor y reproductivo se encuentran relacionados, debido a que uno de los nefridios, se reduce para cumplir funciones reproductivas (Lindberg y Matzen, 2004, p. 214).

Los gasterópodos también presentan órganos sensoriales como tentáculos cefálicos o rinóforos, apéndices constituidos por células quimiorreceptoras y táctiles que sobresalen de la cabeza del animal (Gorrostieta *et al.*, 2011, p. 4; Herrero, 2015, p. 15; Martínez, 2018, p. 44) (Fig. 10 a); asimismo, en los ordenes Nudibranchia, Aplysiida, Notaspidea y Sacoglossa, los rinóforos suelen ser enrollados y con forma de orejas de conejo (Hermosillo, 2006, p. 12; Martínez, 2018, p. 43) (Fig. 10 b).

Otro órgano sensorial de los gasterópodos son los ojos, ubicados en la base de cada tentáculo cefálico o rinóforo, son simples depresiones con células fotorreceptoras y pigmentarias que proporcionan una visión primitiva, detectando cambios de luminosidad (Gorrostieta *et al.*, 2011, p. 6; Herrero, 2015, p. 16; Silva *et al.*, 2015, p. 56; Martínez, 2018, p. 44) (Fig. 10 c y d); también presentan el osfradio, el cual detecta sustancias químicas, y los estatocistos que favorecen al equilibrio, ambos ubicados en la región anterior del pie (Gorrostieta *et al.*, 2011, p. 6).

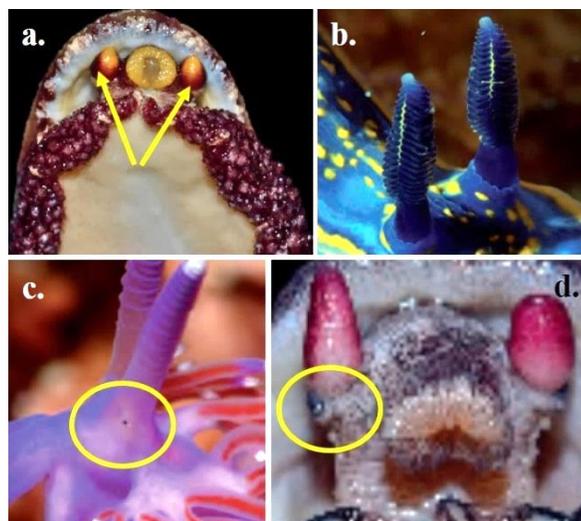


Figura 10. Órganos sensoriales en gasterópodos. a. Tentáculos cefálicos (*Fissurella cumingi*). **b.** Rinóforos (*Felimare cantabrica*). **c y d.** Ojos (*Flabellina affinis* y *Fissurella pulchra*). Imagen tomada de Carbajal-Enzian *et al.* (2018) y Martínez (2018).

2.1.4. Comportamiento y Ecología

El hábitat de los gasterópodos se extiende desde el litoral rocoso, en zonas supralitoral, mediolitoral e infralitoral, hasta profundidades abisales (Leyva, 2015, p. 4; Tejada-Pérez *et al.*, 2018, p. 50); asimismo, se han adaptado a zonas salobres y dulces, ambientes reducidos bajo rocas y sobre los cuerpos de otros animales (Camacho y Del Rio, 2007, p. 360; Zabala, 2012, p. 65; Castillo-Rodríguez, 2014, p. 420).

La diversidad de hábitats de los gasterópodos hacen que también presenten hábitos alimenticios muy variados, aunque generalmente son herbívoros, se ha observado especies detritívoras, filtradoras, cavadoras, parásitos, carnívoras y carroñeras; pudiendo estas dos últimas contener una mezcla de péptidos tóxicos específicos de los neuroreceptores de sus presas predilectas (Voltzow 1994, p. 120; Camacho y Del Rio, 2007, p. 362; Camus *et al.*, 2013, p. 334; Castillo-Rodríguez, 2014, p. 421; Arizala *et al.*, 2017, p. 22).

Los Patellogastrópodos, son comunes y frecuentes en las comunidades intermareales rocosas (Espoz *et al.*, 2004, p. 279), con algunos géneros como *Scurria* y *Lottia*, que se presentan en los niveles supralitoral y mediolitoral, ya sean expuestos o protegidos, en plataformas verticales, horizontales y en pozas intermareales, que solo abandonan para buscar alimento (Espoz *et al.*, 2004, p. 280; Camacho y Del Rio, 2007, p. 360; Aldea y Rosenfeld, 2011, p. 117; Reyes, 2015, p. 4).

En los Vetigastrópoda, la familia Fissurellidae habita en la zona bentónica del litoral rocoso, especialmente en la zona intermareal media y baja, y la zona submareal (Olivares, 2007, p. 62; Olivares-Paz *et al.*, 2011, p. 340; Cerros-Cornelio *et al.*, 2017, p. 10; Yuvero, 2017, p. 13). La familia Trochidae, está asociada a fondos rocosos en la zona intermareal y submareal, en los niveles del mediolitoral e infralitoral, pero en algunos casos se encuentran en las áreas mencionadas debido a marea alta u otros factores (Reyes, 2015, p. 4; Tejada-Pérez *et al.*, 2018, p. 50).

Ambas subclases, Patellogastropoda y Vetigastropoda, son herbívoros y su actividad influyen en la estructura de la comunidad del intermareal rocoso (Olivares, 2007, p. 73; Reyes, 2015, p. 4; Uribe, 2016, p. 26), de esta manera, su dieta está compuesta por

microalgas, macroalgas, y en los Vetigastropoda, ingieren pasivamente diatomeas o larvas de invertebrados (Olivares, 2007, p. 75; Reyes, 2015, p. 6); en muchos géneros de la familia Fissurellidae se alimentan de esponjas y detritos (Yuvero, 2017, p. 13).

En Caenogastropoda, sus especies viven en los niveles sublitorales o infralitorales en cualquier tipo de fondo, incluyendo aquellas especies que siendo sublitorales, alcanzan la zona intermareal (Paredes *et al.*, 2009, p. 74). La familia Calyptraeidae, mayormente sedentarios, habitan fondos rocosos desde la zona intermareal hasta sublitoral (Paredes y Cardoso, 2007, p. 177) mientras que la familia Littorinidae, se hallan presentes en el intermareal alto y hasta supralitoral, pero en algunos casos pueden estar en el mediolitoral (Scarabino *et al.*, 2006, p. 50; Reyes, 2015, p. 6; Tejada-Pérez *et al.*, 2018, p. 51).

Los hábitos alimenticios de los Caenogastropodos son más diversificados, desde herbívoros (Littorinimorpha), filtradores (Vermetidae, Calyptraeidae, Capulidae), detritívoros (Cerithioidea), carroñeros (Nassariidae), ramoneadores sobre animales sésiles (Ovulidae) y depredadores (Neogastropoda) (Camacho y Del Rio, 2007, p. 362; Uribe, 2016, p. 26); para el caso de los filtradores, su alimentación depende del flujo del agua sobre la superficie que se encuentran (Morse *et al.*, 2016, p. 290).

Los Heterobranchia se encuentran especialmente en fondos marinos, submareal, epifaunal, debajo de rocas o bajo rocas hundidas (Araya y Valdés, 2016, p. 4); asimismo, las especies del género *Siphonaria* se presentan en los niveles supralitoral y mediolitoral, y en el caso de la familia Aplysiidae (gasterópodos nadadores) se encuentran presentes en la masa de agua ligada al bento.

Los Heterobranchia, cuentan con una abundante representación consumidora de algas, como son los Aplysiidae y los Sacoglossa (Hermosillo, 2006, p. 9; Camacho y Del Rio, 2007, p. 362, Uribe, 2016, p. 27). En algunas especies de Sacoglossa, ingieren el contenido celular de las algas, para asimilar y utilizar los cloroplastos en sus tejidos, y de esta manera continuar con la función fotosintética y energética, además de mimetizarse con el ambiente (Marín y Ros, 2004, p. 229; Herrero, 2015, p. 18). Por otro lado, en los Euopistobranquios, sus hábitos son especializados y varían entre herbívoros,

espongiarios, cnidarios y briozoos (Hermosillo, 2006, p. 9; Bertsch y Hermosillo, 2007, p. 74); en el caso del orden Nudibranchia, las especies son carnívoras selectivas, alimentándose estrictamente de un único género o especie, entre ellas, esponjas, cnidarios (anémonas, corales, hidrozoos), briozoos, tunicados, ascidias, incluso de otros nudibranchios (Herrero, 2015, p. 15; Martínez, 2018, p. 38).

2.1.5. Situación de la pesquería de gasterópodos

En el 2018, los gasterópodos marinos representaron el 2.9% (172 963 t) de la pesca mundial de moluscos (FAO, 2020, p. 100), con el continente americano como su principal pesquería y países como: Chile, México, Perú y Estados Unidos, representaron del 77% al 95% del total de capturas del continente (Leiva y Castilla, 2002, p. 285).

En Perú, las capturas de gasterópodos son caracterizadas por una elevada diversidad de especies, entre las que destacan *C. concholepas*, *Fissurella latimarginata* y *T. chocolata* (Leiva y Castilla, 2002, p. 286; LCILO, 2003, p. 98), constituyendo una importante pesquería artesanal a lo largo del litoral peruano. *C. concholepas*, conocida como chanque, tolina o abalon, tiene sus mayores desembarques en los puertos de Ilo, Pisco, Morro Sama y Matarani (Rabi *et al.*, 1996, p. 4; Barriga *et al.*, 2001, p. 20), que durante el período 2001-2010, sus capturas fluctuaron de 522 t a 2 237 t, pero en el 2015, descendió a 480 t, y en el 2018, desembarcó 163 t (Fernández *et al.*, 2000, p. 10; PRODUCE, 2010, p. 37; PRODUCE, 2016, p. 39; Tejada *et al.*, 2017, p. 517; PRODUCE, 2019, p. 55; Tejada *et al.*, 2019, p. 560).

El nombre “lapa”, reúne a las especies del género *Fissurella* descritas en las costas del Perú, e importantes para las pesquerías de Arequipa, Moquegua y Tacna. Durante el período 2001-2007, tuvo un desembarque que varió de 306 a 402 t (Sueiro, 2009, p. 20), y en los años 2012, 2013, 2014 y 2015, desembarcó en el puerto de Matarani, 47, 25, 26 y 27 t respectivamente (Gomez, 2016, p. 14).

En el caso del recurso caracol, lo conforma principalmente la especie *T. chocolata*, pero también se incluyen las especies, *M. ringens*, *S. cymba*, *H. brassica* y *Crossata ventricosa*, cuya extracción se realiza a lo largo del litoral costero, y sus principales puertos son Paita, Pisco y Chimbote (IMARPE, 2002, p. 25; Sueiro, 2009, p. 20).

Durante el periodo 2001-2010, su extracción varió de 4 995 a 2 389 t (PRODUCE, 2010, p. 37) y para los años siguientes, se mantuvieron entre 2 000 y 3 000 t, a excepción del 2017, que descendió a 1 573 t, pero al año siguiente desembarcó 2 104 t (PRODUCE, 2016, p. 39; PRODUCE, 2018, p. 57; PRODUCE, 2019, p. 55).

Actualmente en el Perú, los gasterópodos marinos reciben una fuerte presión de pesca, afectando a sus bancos naturales e incidiendo en el stock juvenil, por consiguiente, la presencia de individuos por debajo de la talla mínima de extracción (TME) es muy común en los desembarques (IMARPE, 2002, p. 26; Argüelles, 2004, p. 10; Alfaro *et al.*, 2016, p. 70). Asimismo, *C. concholepas* y “lapa”, especialmente la especie *F. latimarginata*, representan un alto valor económico y altas demandas en el mercado extranjero, haciendo que experimenten una permanente explotación de sus bancos naturales (Gomez, 2016, p. 15; Tejada *et al.*, 2017, p. 517; Tejada *et al.*, 2019, p. 560).

Por otro lado, la acuicultura de gasterópodos marinos, consiste en el repoblamiento de bancos naturales de *C. concholepas*, ubicados en el litoral de Tacna (IMARPE, 2007, p. 20; PRODUCE, 2017, p. 54). Las concesiones para el repoblamiento de *C. concholepas*, registraron en el año 2008, 2009 y 2010, una cosecha de 11.92, 8.28 y 0.30 t, respectivamente; luego no registran cosechas hasta el 2015, con 0.50 t (PRODUCE, 2018, p. 57; PRODUCE, 2019, p. 55).

2.2. ADN Mitocondrial

El ADN mitocondrial (ADNmt), es una molécula generalmente circular, que se transmite por vía vertical materna, cuyo contenido génico es altamente conservado y los genes no poseen intrones (Olivares, 2007, p. 99; Bleidorn, 2017, p. 175).

El ADNmt posee 13 genes que codifican proteínas ligadas a los eventos de respiración oxidativa y generación de ATP; 2 genes para la subunidad mayor y menor del RNA ribosomal y 22 genes de RNA de transferencia (Hatzoglou *et al.*, 1995, p. 1354; Bleidorn, 2017, p. 175); estos genes presentan tasas de sustitución más rápidas que los genes nucleares, proporcionando información adecuada del tiempo de la divergencia de los linajes (Olivares, 2007, p. 100).

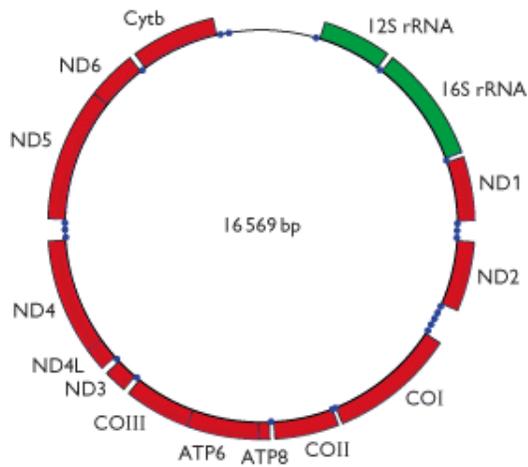


Figura 11. Representación del ADN mitocondrial, junto con los genes que lo conforman. Rojo: genes ligados a los eventos de respiración. Verde: genes de RNA ribosomal. Puntos en azul: genes de RNA de transferencia.

Con sus tasas de sustitución más rápidas, los genes mitocondriales se convirtieron en marcadores ideales para estudios de población genética, filogeográfica, filogenética y en mejorar la identificación taxonómica (Bleidorn, 2017, p. 176). Además, sus propiedades más interesantes en tipos de estudios como los filogeográficos, son su alta tasa de evolución (sustitución) a nivel de secuencias de nucleótidos; su, prácticamente, nula recombinación; su gran variación intraespecífica y su herencia estrictamente materna (Muñoz, 2009, p. 15).

2.3. Gen *Citocromo C oxidasa subunidad I (COI)*

El gen *COI* es un gen mitocondrial ligado a los eventos de respiración oxidativa y generación de ATP, por lo cual desempeña un papel central en el metabolismo de los organismos eucariotas (Strüder-Kypke y Lynn, 2010, p. 134).

Este gen se caracteriza por poseer regiones conservadas y polimórficas; las primeras ayudan a la identificación entre grupos taxonómicos, mientras que las regiones polimórficas permiten realizar identificaciones más específicas entre géneros y especies relacionados (Hebert *et al.*, 2003b, p. 96; Paine *et al.*, 2007, p. 354); por este motivo es usualmente empleado para estudios de filogenia y genética poblacional, además de ser

una de las moléculas que ha ayudado en la identificación de especies (Romero, 2010, p. 15).

La identificación basada en el gen *COI* es altamente efectiva, por lo que un fragmento de 658 pares de bases (pb) es suficiente para obtener una resolución en todos los niveles, presentándose como el marcador molecular estándar para la identificación del reino animal con el Código de Barras de ADN (Hebert *et al.*, 2003a, p. 97; Hebert y Gregory, 2005, p. 853; Schander y Willassen, 2005, p. 79; Bucklin *et al.*, 2011, p. 474; Márquez, 2015, p. 35).

2.4. Código de barras de ADN

El Código de Barras de ADN, es una técnica para la identificación de especies mediante fragmentos de ADN de un gen específico, cuyo principal propósito es identificar las especies de manera indiscutible (Márquez, 2015, p. 36); permitiendo, en términos figurativos, obtener datos equivalentes a una huella digital, o un código de barras, a nivel molecular (von May *et al.*, 2012, p. 347).

El empleo de la técnica del Código de Barras de ADN para la identificación, implica la extracción de una pequeña muestra de tejido, su amplificación y secuenciación de genes estandarizados (Neigel *et al.*, 2007, p. 488) utilizando para ello *primers* universales, junto con el uso de herramientas bioinformáticas para corroborar y validar los resultados (Vera *et al.*, 2012, p. 197). La técnica se ha desarrollado con mayor éxito en animales, donde el gen *COI* se utiliza como marcador estándar (Bleidorn, 2017, p. 177), debido a la existencia de pares de cebadores casi universales para el fragmento *COI* (Folmer *et al.*, 1994, p. 296), su disponibilidad en un número de copias por célula mucho mayor que el ADN nuclear y una elevada variabilidad interespecífica pero una baja variabilidad intraespecífica; es decir, son muy diferentes entre organismos de distintas especies, pero muy similares en organismos de una misma (Hebert *et al.*, 2003b, p. 98).

El proceso de Código de Barras de ADN implica dos pasos básicos: (i) construir la biblioteca de código de barras de ADN de especies conocidas y (ii) hacer coincidir la secuencia del código de barras de la muestra desconocida con la biblioteca de códigos de barras para su identificación (Ali *et al.*, 2016, p. 7). Todos estos datos forman parte

del sistema de datos de Código de Barras de la vida - BOLD SYSTEM (www.barcodinglife.org), creado en el 2004 (Orengo, 2013, p. 15), el cual proporciona una bioinformática integrada para el análisis de Código de Barras de ADN.

El Bold System también se constituye en un repositorio para los registros de especímenes y secuencias de todos los estudios de Código de Barras (Huertas y Arrieta, 2015, p. 78), por lo tanto, facilita y economiza la tarea de identificación de especies, y contribuye a revitalizar las colecciones biológicas, así como a acelerar el inventario de la biodiversidad (Tautz *et al.*, 2003, p. 71; Gregory, 2005, p. 1068; Hebert y Gregory, 2005, p. 854; Schindel y Miller, 2005, p. 17).

Asimismo, el Código de Barras de ADN ofrece varias aplicaciones prácticas que incluyen protección de especies en peligro de extinción, autenticación de productos, control de especies invasoras y plagas, análisis de dietas, vinculación de larvas de desarrollo con etapas adultas y el descubrimiento de nuevas especies (Bleidorn, 2017, p. 176).

2.5. Distancias genéticas

Las distancias genéticas, son el grado de diferencia genética entre especies o poblaciones que se mide mediante algún método numérico (Nei, 1987, p. 193); en otras palabras, las secuencias de ADN provenientes de un ancestro común, divergen gradualmente en el tiempo por la sustitución de nucleótidos que se pueden estimar, permitiendo obtener la tasa de divergencia entre ellas y se pueden expresar en número absoluto o como porcentaje de sustitución por sitio (Olivares, 2007).

En el Código de Barras de ADN, el principio básico es tener una baja divergencia de secuencias de ADN entre individuos de la misma especie que entre las especies; es decir, la distancia genética entre organismos de la misma especie, denominada distancia intraespecífica, debería ser baja en comparación con la distancia genética entre especies diferentes, denominada distancia interespecífica (Akbar *et al.*, 2016, p. 126).

2.6. Delimitación de especies

Las especies son grupos de organismos que evolucionan independientemente de otros grupos similares, por lo tanto, divergen en unidades discretas de variación morfológica y genética (Fujisawa y Barraclough, 2013, p.707), de este modo, una tarea central en el Código de Barras de ADN, es clasificar las secuencias moleculares en entidades que corresponden a especies (Sun *et al.*, 2012, p. 109) y de esta manera identifica y delimita las especies, utilizando su similitud para asociar lecturas con rangos taxonómicos (Zhang *et al.*, 2013, p. 2870).

Para identificar especies se utilizan métodos independientes de la taxonomía para agrupar las secuencias en las llamadas unidades taxonómicas operativas moleculares (MOTU) (Goldstein y DeSalle, 2011, p. 138), pero qué métodos deben utilizarse para la delimitación de especies también es un problema. En la última década se han desarrollado varios enfoques para delimitar especies basados en datos moleculares (Gao *et al.*, 2021, p. 203), entre los que se encuentran:

- ***Generalized Mixed Yule Coalescent (GMYC)***: este método delimita grupos genéticos optimizando el conjunto de secuencias que definen las transiciones entre procesos inter e intraespecíficos, así la optimización procede al encontrar la solución de máxima verosimilitud (ML) para un modelo que combina la diversificación entre especies y la ramificación genealógica dentro de las especies (Fujisawa y Barraclough, 2013, p.708). De esta manera, se utiliza para inferir el punto de transición entre los eventos de ramificación causados por la especiación y la unión de alelos, dado que se espera que la especiación ocurra a una tasa mucho más lenta que la unión de alelos (Fonseca *et al.*, 2021, p. 488).
- ***Poisson Tree Processes (PTP)***: Modela los procesos de ramificación en función al número de sustituciones esperadas acumuladas entre eventos de especiación posteriores, de esta manera, intenta determinar el punto de transición de un proceso entre especies a uno dentro de la especie asumiendo un modelo de dos parámetros, uno para la especiación y otro para el proceso coalescente. Dentro de las especies, los eventos de ramificación serán frecuentes, mientras que entre las especies serán

más escasos, por lo tanto, el número de sustituciones hasta el próximo evento de especiación se puede modelar mediante una distribución exponencial (Kapli *et al.*, 2017, p. 1631).

- ***The Bayesian Implementation of the Poisson Tree Processes (bPTP)***: Para el análisis de bPTP, las longitudes de las ramas representan el número de sustituciones, no el tiempo, lo que elimina los problemas asociados con la necesidad de un árbol calibrado cuando no se dispone de información a priori sobre el tiempo de divergencia (Gao *et al.*, 2021, p. 209).

Otro método usado para la delimitación de especies es *The Barcode Index Number (BIN)*, un algoritmo de cluster el cual se obtiene en la plataforma del BOLD SYSTEM. Este algoritmo trabaja con las unidades taxonómicas operativas (OTU), las cuales asigna a cada espécimen, basándose en tres características reconocidas como deseables en un sistema taxonómico provisional: la unicidad global de los nombres, la estabilidad del nombre asignado a cada espécimen (o una pista de auditoría limpia) y el uso de un léxico distintivo para evitar la confusión con los nombres linneanos (Ratnasingham y Hebert, 2013, p. 3).

2.7. Barcode gap

El *Barcode gap* representa la relación entre las distancias intraespecíficas y las distancias interespecíficas de las secuencias obtenidas, por lo tanto, se comparan distancias entre secuencias de la misma especie y secuencias entre especies (Vera *et al.*, 2012, p. 197), así cuanto mayor sea la distancia interespecífica de la variación intraespecífica, la discriminación entre especies será más precisa (Hebert *et al.*, 2003b, p. 98; Meyer y Paulay, 2005, p. 3); de esta manera, se considera que un *barcode gap* es óptimo cuando la distancia interespecífica es 10 veces mayor que la distancia intraespecífica (Virgilio *et al.*, 2012, p. 2).

La determinación del *barcode gap* se realiza graficando el mínimo de la distancia interespecífica vs el máximo de la distancia intraespecífica, asegurando que la distancia interespecífica es mayor que la distancia intraespecífica (Vera *et al.*, 2012, p. 197).

Finalmente, con lo expuesto se demuestra la necesidad de aplicar nuevas tecnologías en investigación científica, como son las herramientas moleculares que proporcionan información importante en la identificación de especies. Por lo tanto, se plantea el problema ¿Se identificarán molecularmente a los gasterópodos marinos del litoral peruano de Tumbes a Ica, mediante el uso del Código de barras de ADN (*DNA Barcode*)?

III. OBJETIVOS

3.1. Objetivo General

- Identificar a nivel molecular los gasterópodos marinos provenientes de siete departamentos del litoral peruano (de Tumbes a Ica), susceptibles a ser capturados, mediante el Código de barras de ADN.

3.2. Objetivos específicos

- Identificar las especies de gasterópodos marinos, con base en sus caracteres morfológicos y mediante sus secuencias de un fragmento del gen mitocondrial *COI* en las bases de datos BOLD y GenBank.
- Definir las agrupaciones de las secuencias de gasterópodos marinos (MOTU's) mediante métodos de delimitación de especies y sus distancias genéticas interespecíficas e intraespecíficas.

IV. MATERIALES Y MÉTODOS

4.1. Recolección de la muestra biológica

Las muestras de gasterópodos marinos fueron colectadas durante los años 2017 y 2019, de 26 localidades diferentes, distribuidas desde Tumbes a Ica (Fig.12, Tabla 1).

Tabla 1. Lugares y coordenadas de los sitios de muestreo de gasterópodos marinos.

N°	Departamento	Provincia	Lugar de colecta	Latitud	Longitud
1	Tumbes	Tumbes	Manglar	-3.6290	-80.5773
2	Tumbes	Zarumilla	Zarumilla	-3.462	-80.279
3	Tumbes	Contalmirante Villar	Punta Sal	-3.983	-80.983
4	Piura	Talara	Playa Las Pocitas	-4.116	-81.084
5	Piura	Talara	La Punta	-4.106	-81.059
6	Piura	Sechura	Petroperú	-5.791	-81.059
7	Piura	Sechura	La Pared	-5.794	-81.086
8	Piura	Sechura	La Punta del Faro	-5.781	-81.069
9	Lambayeque	Chiclayo	Santa Rosa	-6.891	-79.916
10	La Libertad	Pacasmayo	Morrocape	-7.579	-79.495
11	Ancash	Casma	Isla Tortugas	-9.380	-78.435
12	Ancash	Casma	Tortugas	-9.362	-78.413
13	Ancash	Casma	El Mero	-9.362	-78.420
14	Ancash	Casma	La Gramita	-9.378	-78.430
15	Ancash	Casma	Playa La Gramita	-9.724	-78.296
16	Ancash	Huarmey	El Faro	-10.107	-78.186
17	Ancash	Huarmey	Antamina	-10.098	-78.179
18	Ancash	Huarmey	Puerto Grande	-10.097	-78.176
19	Ancash	Santa	Puerto Santa	-8.991	-78.653
20	Ancash	Santa	Playa El Dorado	-9.194	-78.566
21	Ancash	Santa	Isla Blanca	-9.105	-78.622
22	Lima	Cañete	Playa Melchorita	-13.249	-76.304
23	Lima	Lima	Pucusana	-12.417	-76.783
24	Ica	Pisco	Pisco	-14.272	-76.126
25	Ica	Nazca	Marmol	-15.004	-78.313
26	Ica	Nazca	Playa Hermosa	-15.356	-75.171

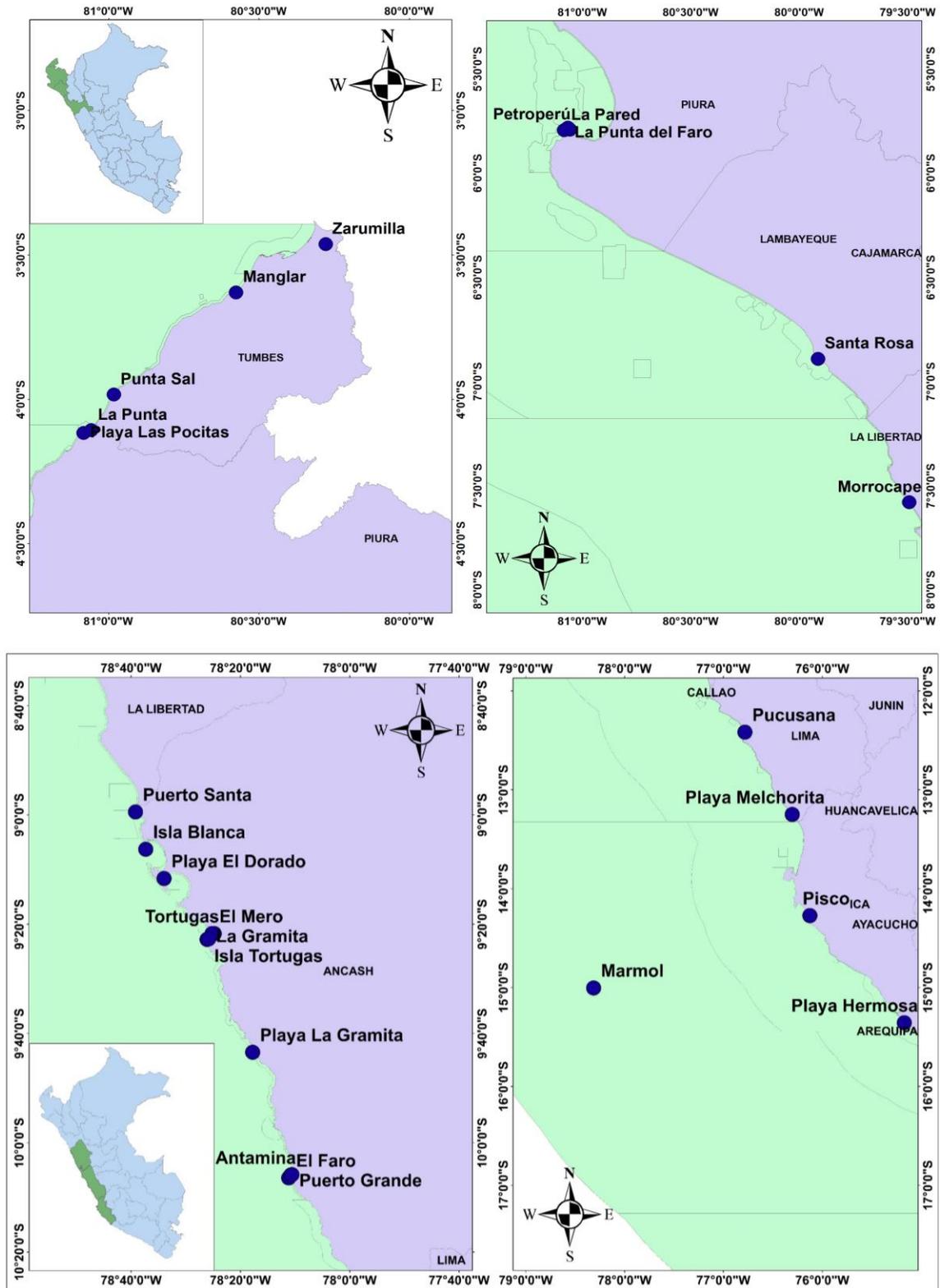


Figura 12. Mapa de la ubicación de los lugares de colecta de los especímenes de gasterópodos del presente estudio. Los números de los puntos están de acuerdo a la Tabla 1.

Las muestras fueron colectadas de manera manual y buceo de las zonas intermareal y submareal, teniéndose en cuenta recolectar siete ejemplares como máximo por cada especie. Luego fueron almacenados en recipientes con alcohol al 96%, hasta su procesamiento en el laboratorio de Genética, Fisiología y Reproducción de la Universidad Nacional del Santa, el cual consistió en clasificar, codificar y rotular según cada especie, recambiándose posteriormente el alcohol de transporte.

Del cuerpo de cada espécimen, obtenido por ruptura mecánica de la envoltura calcárea, se retiró el tejido necesario para la extracción de ADN; el mismo que se colocó en tubos Eppendorf de 1.5 mL junto con alcohol al 96% previamente rotulados y se asignó una identificación con un código PEMAR. Asimismo, se realizó un registro fotográfico de cada especie, con la ayuda de una cámara Canon PowerShot G1X (Canon USA, Melville, New York, USA).

4.2. Identificación de las especies de gasterópodos marinos, con base en sus caracteres morfológicos y mediante sus secuencias de un fragmento del gen mitocondrial *COI* en las bases de datos BOLD y GenBank.

4.2.1. Identificación morfológica

De cada especie de gasterópodo se tomó un ejemplar representativo al que se le denominó *voucher* (Fig. 13), que fue almacenado en recipientes con alcohol al 96% y depositados en la colección del Instituto del Mar del Perú (IMARPE)

Designación nominal: Cada *voucher* fue identificado basándose en sus caracteres morfológicos (Uribe *et al.*, 2013a, p. 1 - 159; Álamo & Valdivieso, 1997, p. 1 - 195 y Forcelli, 2000, p. 1-113) por un taxónomo especializado, lo que dio como resultado una ficha taxonómica, constituyendo cada ficha la designación nominal de cada especie.

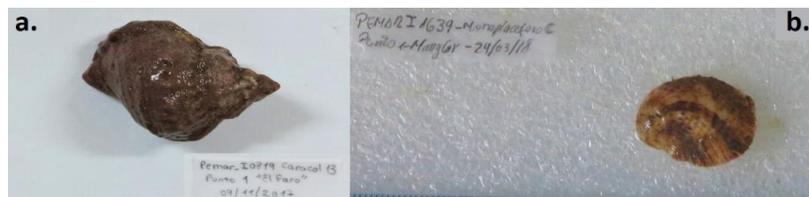


Figura 13. Fotografías de *vouchers* de gasterópodos con su respectiva codificación. a. *Crossata ventricosa*. b. *Bostrycapulus calyptraeiformis*.

4.2.2. Identificación de las secuencias de un fragmento del gen mitocondrial *COI* en las bases de datos BOLD y GenBank

4.2.2.1. Extracción de ADN

La extracción de ADN se realizó mediante el método CTAB-Fenol-Cloroformo (2% CTAB, 0.1 M Tris-HCl pH 8.0, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA) y Proteinasa K (Promega, Madison, USA) (modificado de Zuccarello y Lokhorst, 2005, p. 385). Se utilizó aproximadamente 5 mg de tejido del músculo columelar en caracoles y manto o pie en lapas y babosas (Aissaoui *et al.*, 2016, p. 522; Aragón, 2013, p. 19).

La integridad y calidad del ADN se evaluó por electroforesis en geles de agarosa al 1%, mediante el uso de una cámara electroforética *Clever scientific MultiSUB Choice ST*, con buffer de corrida TBE 0.5X (Tris-HCL, Ácido Bórico, EDTA). La corrida electroforética se llevó a cabo aplicando 80W de voltaje y 115A de corriente durante 45 min.

La muestra de ADN se cargó junto con el agente intercalante *GelRed Nucleic Acid Gel Stain* y *6X DNA Loading Dye* como visualizador de la corrida (ThermoFisher Scientific) en el gel de agarosa al 1%, además se utilizó *MassRuler ADN Ladder low range* de 10 000 pb como marcador molecular, para determinar el peso molecular de las bandas. La visualización del gel fue bajo luz UV utilizándose para ello un fotodocumentador *MyECL* (Thermo Scientific) (Fig. 14).

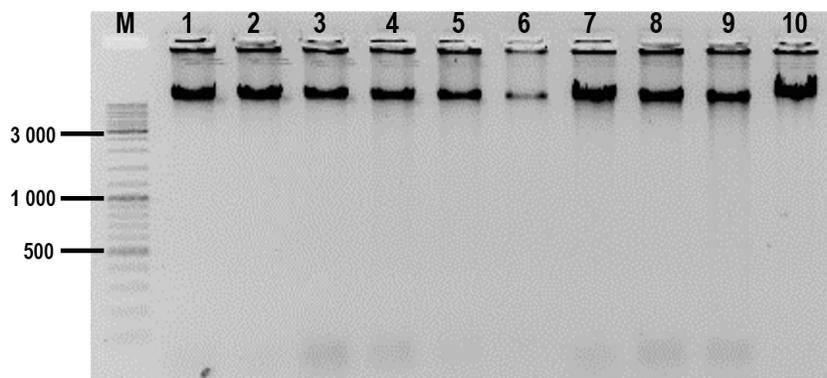


Figura 14. Gel de agarosa al 1% con extractos de ADN de gasterópodos. Carril M: marcador molecular. Bandas del 1 al 8 corresponden a *Lottia orbigny*. Bandas 9 y 10 corresponden a *Scurria ceciliana*. Todas las muestras fueron procedentes de Puerto Santa, Ancash.

4.2.2.2. Cuantificación de ADN

El ADN obtenido fue cuantificado por espectrofotometría en un equipo *Epoch* (Biotek), empleando el ratio de absorción 260/280 nm de longitud de onda, donde un valor entre 1.8 y 2.0, nos indicaron una alta pureza de los extractos de ADN. Luego fueron diluidos con agua de PCR ultrapura a una concentración stock de 20 ng μL^{-1} para su posterior uso en las reacciones de PCR.

4.2.2.3. Amplificación de un fragmento del gen *COI*

En la amplificación de los fragmentos se utilizaron oligonucleótidos ubicados en el extremo 5' del gen *COI*, cuyas secuencias están descritas en la Tabla 2. El volumen final de la reacción fue de 18 μL , y estuvo conformada por 10.6 μL de agua PCR, 1.8 μL de *Reaction Buffer* (10X), 1.3 μL de MgCl_2 (25 mM), 0.8 μL de dNTPs (2.5 mM), 0.2 μL de cada *primer* (25 μM), 0.2 μL de *Taq* DNA Polymerase (5 U μL^{-1}) y 2.5 μL de ADN (20 ng μL^{-1}). En casos de muestras difíciles de amplificar por presencia de inhibidores, se agregó 3.6 μL de TBT-PAR 5X (1 mg mL^{-1} BSA, 1% Tween 20, 8.5 mM Tris HCL pH 8) (Samarakoon y Alford, 2013, p. 3).

Las reacciones de PCR se realizaron en un termociclador *Veriti 96 Well Thermal Cycler* (Applied Biosystems) y bajo las siguientes condiciones: una desnaturalización inicial de 4 min a 95° C, luego 35 ciclos de 45 s a 92° C, un *annealing* de 45 s con extensión de 70 s a 72° C, después una extensión final de 7 min a 72° C, para finalmente mantenerlo en 10° C. Para la temperatura de *annealing*, el rango de variación osciló entre 55 a 60 °C dependiendo de la especie.

Tabla 2. Lista de oligonucleotidos para la amplificación del gen *COI* en gasterópodos.

Primers	Secuencia	Referencia
LCO1490	5'- GGTCACAAATCATAAAGATATTGG-3'	Folmer <i>et al</i>
HCO2198	5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3'	(1994).
dgLCOF	5' GGTCAACAAATCATAAAGAYATYGG 3'	Meyer P. <i>et al</i>
dgHCOR	5' TAAACTTCAGGGTGACCAARAAYCA 3'	(2003)

Para verificar el éxito de la amplificación del fragmento, se realizó el mismo protocolo descrito para la electroforesis de extracción de ADN (Fig. 15). Finalmente, los productos de PCR se conservaron a -20°C para evitar su degradación.

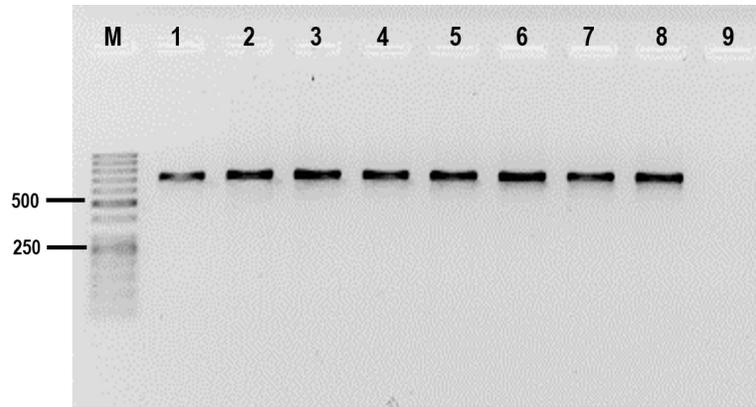


Figura 15. Gel de agarosa al 1% con productos de PCR de muestras de gasterópodos. Carril M: marcador molecular. La banda 1 corresponde a *Acanthais callaoensis*, las bandas 2 y 3 corresponden a *Stramonita biserialis* y las bandas del 4 al 8 corresponden a *Bulla sp.*, procedentes de Bayovar, La Gramita y Zarumilla, respectivamente.

4.2.2.4. Secuenciación

Los productos de PCR positivos fueron enviados a la empresa MACROGEN (<http://www.macrogen.com/eng/>) de los Estados Unidos de América, para secuenciación por electroforesis capilar de ambas hebras.

Los resultados obtenidos de la secuenciación, fueron dos archivos tipo *ab1* que representaron la secuencia forward y reverse de cada muestra enviada.

4.2.2.5. Edición de secuencias

Los archivos tipo *ab1* de cada muestra secuenciada se ingresaron al programa *CodonCode Aligner v. 8.0.1* (Codon Code Corporation, Dedham, Massachusetts), para el ensamble de la secuencia forward y reverse de cada muestra. Posterior a ello, se eliminaron los extremos de la secuencia de baja calidad y las secuencias de los oligonucleótidos, para finalmente obtener la secuencia consenso, la cual fue exportada en un archivo tipo *Fasta*.

4.2.2.6. Identificación de las secuencias en las bases de datos BOLD y GenBank

Se realizó una identificación en dos bases de datos, para corroborar que las secuencias consenso correspondían a la amplificación del gen *COI* de las especies de gasterópodos identificadas nominalmente. De esta manera, todas las secuencias consenso se identificaron en el Sistema de identificación BOLD (<http://www.boldsystems.org>), donde se usó la base de datos de identificación animal y se seleccionó para que realice una identificación a nivel de especie. Asimismo, se usó la herramienta *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) implementada en el GenBank (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), donde se mantuvieron los parámetros por defecto. Al realizar la identificación en ambas bases de datos, se consideró un porcentaje de 99% de identidad hacia su coincidencia más cercana (Pejovic *et al.*, 2016, p. 170).

4.3. Definición de las agrupaciones de las secuencias de gasterópodos marinos (MOTU's) mediante métodos de delimitación de especies y sus distancias genéticas interespecíficas e intraespecíficas.

4.3.1. Delimitación de especies

4.3.1.1. Elaboración de la matriz general de secuencias

Se elaboraron cinco matrices con las secuencias consenso de gasterópodos, que representaron las cinco subclases, denominados de la siguiente manera: Patellogastropoda, Vetigastropoda, Neritimorpha Caenogastropoda y Heterobranchia. En cada matriz se realizó un alineamiento múltiple utilizando el algoritmo Clustal W (Thompson *et al.*, 1994, p. 4673-4680), implementado en el programa *MEGA v.7* (Kumar *et al.*, 2016, p.1870-1874), eliminándose los extremos en cada una de las matrices, así como las regiones de baja calidad.

Para el alineamiento, se tuvo en cuenta que las secuencias tuvieran el mismo número de pares de bases (pb), el que no debió ser menor a 500 pb.

4.3.1.2. Ingreso de datos en el BOLD SYSTEMS

Para el ingreso de datos en la plataforma del *Bold Systems* (<http://www.boldsystems.org/>), se tuvo en cuenta el código PEMAR asignado, la información taxonómica de cada espécimen identificado y la información geográfica del lugar de colecta. Posterior a ello, la plataforma asignó a cada espécimen un código PMINV, lo que permitió el ingreso de las secuencias consenso y los archivos tipo *abl*. Luego, la plataforma asignó *The Barcode Index Number System* (BIN), que fue usado en los análisis posteriores.

4.3.1.3. Análisis filogenético

Para el análisis filogenético, previamente se obtuvo los parámetros del modelo de sustitución nucleotídica, mediante el programa *jModeltest 2* (Darriba *et al.*, 2012, p.772), siguiendo el criterio Bayesiano - *Bayesian Information Criterion* (BIC); seleccionándose los modelos HKY+G, HKY+G, HKY+I, GTR+I+G y GTR+I para las matrices de las subclases Patellogastropoda, Vetigastropoda, Neritimorpha Caenogastropoda y Heterobranchia, respectivamente.

El árbol de especies bayesiana multilocus (BST) se estimó empleando el programa informático *Beast 2.5* (Bouckaert *et al.*, 2019, p. 1-28), implementado a través del servidor web CIPRES *Science Gateway* (Miller *et al.*, 2010, p.1-8). Se usaron los parámetros de *relaxed clock lognormal*, los modelos de sustitución nucleotídica seleccionados y un modelo de *birth and death*, además de un burn-in del 10% y 60, 70, 60, 300 y 700 millones de generaciones de *Markov Chain Monte Carlo* (MCMC) para la matriz Patellogastropoda, Vetigastropoda, Neritimorpha Caenogastropoda y Heterobranchia, respectivamente.

De los archivos resultantes del servidor web CIPRES *Science Gateway* (Miller *et al.*, 2010, p.1-8), se analizaron el archivo tipo *.log* y el *.trees*. El archivo *.log* fue visualizado por un software *Tracer v 1.7.1* (Rambaut *et al.*, 2018, p. 1-3), que permitió analizar las generaciones de MCMC mediante los valores de tamaño de muestra efectivo (ESS), los cuales fueron superiores a 200, indicando estimaciones estables.

El archivo *.trees*, se analizó en el software *LOG COMBINER 2.5.3* (Bouckaert *et al.*, 2019, p. 1-28), el cual redujo la cantidad de árboles generados para obtener un archivo tipo *.tree*, el mismo que se ingresó al programa *TREE ANNOTATOR 2.6.3* (Bouckaert *et al.*, 2019, p. 1-28) para obtener un árbol consenso; empleándose para ello, un *burn-in* del 10% y seleccionando que sea un árbol de una única credibilidad máxima de clado (MCC). El árbol consenso se visualizó en el programa *FIGTREE v1.4.1* (Rambaut *et al.*, 2018, p. 1-3), pudiéndose exportar en formato Newick (NWK).

4.3.1.4. Análisis de delimitación de especies

En los análisis de delimitación de especies se utilizaron los métodos GMYC (Fujisawa y Barraclough, 2013, p.707), PTP (Zhang *et al.*, 2013, p. 2871) y bPTP (Zhang *et al.*, 2013, p. 2871), los cuales agruparon a las secuencias en unidades taxonómicas operativas moleculares (MOTU). Todos estos resultados fueron calculados mediante el desarrollo de un script en Python (<https://github.com/jolobito/SPdel>).

Adicionalmente, se usó un algoritmo de clúster empleando *The Barcode Index Number System* (BIN) (Ratnasingham y Hebert, 2013, p.355), y se usó para los parámetros los valores predeterminados.

4.3.2. Distancias genéticas

4.3.2.1. Análisis de distancias

Para los análisis de distancias se utilizó el modelo de sustitución nucleotídica Kimura 2-parámetros (K2P) (Kimura, 1980, p.111- 120). Utilizándose estos valores para calcular el promedio, máximos y mínimos de las distancias intraespecíficas e interespecíficas.

4.3.2.2. Análisis del *barcode gap*

El análisis de *barcode gap*, representó la relación entre las distancias intraespecíficas y las distancias interespecíficas de las secuencias y fue calculado mediante el desarrollo de un script en Python (<https://github.com/jolobito/SPdel>).

V. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

5.1. RESULTADOS

5.1.1. Identificación de las especies de gasterópodos marinos, con base en sus caracteres morfológicos y mediante sus secuencias de un fragmento del gen mitocondrial *COI* en las bases de datos BOLD y GenBank.

5.1.1.1. Identificación morfológica

Se identificaron morfológicamente un total de 58 especies, comprendidas en 25 familias, 9 órdenes y 5 subclases de la clase Gastropoda (Tabla 3, 4, 5, 6 y 7). La subclase que presentó mayor diversidad fue Caenogastropoda, con 40 especies (Tabla 6), representando el 68.96% del total de gasterópodos identificados.

Cada especie tuvo una ficha taxonómica que representó su designación nominal, a excepción de una especie de la subclase Caenogastropoda, cuyo *voucher* no se logró identificar con base en sus caracteres morfológicos; debido a ello, solo se realizó una identificación en las bases de datos BOLD y GenBank a nivel de género, asignándosele como *Argobuccinum sp.* (Tabla 6).

5.1.1.2. Identificación de las secuencias de un fragmento del gen mitocondrial *COI* en las bases de datos BOLD y GenBank.

Se obtuvieron 226 secuencias de un fragmento del gen *COI*, que fueron identificadas en las bases de datos del BOLD y GenBank; de este modo 9 pertenecieron a la subclase Patellogastropoda, 39 a la subclase Vetigastropoda, 5 a la subclase Neritimorpha, 155 fueron de la subclase Caenogastropodos y 18 de la subclase Heterobranchia.

Tabla 3. Clasificación taxonómica de los gasterópodos marinos de la subclase Patellogastropoda, con base en su identificación morfológica

Clase	Subclase	Orden	Familia	Nombre científico	Nombre común
Gastropoda	Patellogastropoda	-	Lottidae	<i>Lottia orbigny</i>	Patela
		-	Lottidae	<i>Scurria ceciliana</i>	Patela
		-	Lottidae	<i>Scurria viridula</i>	Patela, señorita
		-	Lottidae	<i>Scurria variabilis</i>	Patela

Tabla 4. Clasificación taxonómica de los gasterópodos marinos de la subclase Vetigastropoda, con base en su identificación morfológica

Clase	Subclase	Orden	Familia	Nombre científico	Nombre común
Gastropoda	Vetigastropoda	Lepetellida	Fissurellidae	<i>Fissurella asperella</i>	Lapa
		Lepetellida	Fissurellidae	<i>Fissurella virescens</i>	Lapa
		Trochida	Turbinidae	<i>Prisogaster niger</i>	Caracol perlado, caracolito negro
		Trochida	Tegulidae	<i>Tegula euryomphala</i>	Caracol negro, caracol turbante
		Trochida	Tegulidae	<i>Tegula atra</i>	Caracol turbante, caracol negro
		Trochida	Tegulidae	<i>Tegula luctuosa</i>	Caracol negro
		Trochida	Tegulidae	<i>Tegula verrucosa</i>	Caracolito negro

Tabla 5. Clasificación taxonómica de los gasterópodos marinos de la subclase Neritimorpha, con base en su identificación morfológica

Clase	Subclase	Orden	Familia	Nombre científico	Nombre común
Gastropoda	Neritimorpha	Cycloneritida	Neritidae	<i>Vitta luteofasciata</i>	Nerita

Tabla 6. Clasificación taxonómica de los gasterópodos marinos de la subclase Caenogastropoda, con base en su identificación morfológica

Clase	Subclase	Orden	Familia	Nombre científico	Nombre común
Gastropoda	Caenogastropoda	Littorinimorpha	Bursidae	<i>Crossata ventricosa</i>	Caracol rosado
		Littorinimorpha	Bursidae	<i>Marsupina nana</i>	Caracol, caracol rayado
		Littorinimorpha	Calyptraeidae	<i>Bostrycapulus calyptraeiformis</i>	-
		Littorinimorpha	Calyptraeidae	<i>Crepidula onyx</i>	Pique, señorita
		Littorinimorpha	Calyptraeidae	<i>Crepidatella dilatata</i>	Pique, señorita
		Littorinimorpha	Calyptraeidae	<i>Crepidatella peruviana</i>	Pique, señorita
		Littorinimorpha	Calyptraeidae	<i>Crucibulum spinosum</i>	Pique, señorita
		Littorinimorpha	Calyptraeidae	<i>Crucibulum scutellatum</i>	Pique, señorita
		Littorinimorpha	Calyptraeidae	<i>Trochita trochiformis</i>	Picacho, pique, señorita
		Littorinimorpha	Cymatiidae	<i>Monoplex wiegmanni</i>	Caracol peludo
		Littorinimorpha	Cypraeidae	<i>Pseudozonaria arabicula</i>	Ciprea
		Littorinimorpha	Littorinidae	<i>Echinolittorina peruviana</i>	Caracolito
		Littorinimorpha	Littorinidae	<i>Littoraria variegata</i>	Caracolito, bígaro
		Littorinimorpha	Littorinidae	<i>Littoraria varia</i>	Caracolito
		Littorinimorpha	Naticidae	<i>Sinum cymba</i>	Tapadera, orejón, abulón, babosa
		Littorinimorpha	Naticidae	<i>Polinices uber</i>	Caracol blanco
		Littorinimorpha	Naticidae	<i>Natica unifasciata</i>	Caracol luna
		Littorinimorpha	Tonidae	<i>Malea ringens</i>	Caracol blanco, caracol bola
		Neogastropoda	Columbellidae	<i>Columbella major</i>	-
		Neogastropoda	Fascioliariidae	<i>Goniofusus spectrum</i>	Caracol dos puntas, caracol fresa, caracol cerezo
Neogastropoda	Marginellidae	<i>Prunum curtum</i>	Caracolito, Porcelanita		
Neogastropoda	Ocenebrinae	<i>Xanthochorus cassidiformis</i>	Caracol		
Neogastropoda	Ocenebrinae	<i>Xanthochorus buxeus</i>	-		

Tabla 6. Clasificación taxonómica de los gasterópodos marinos de la subclase Caenogastropoda, con base en su identificación morfológica (continuación).

Clase	Subclase	Orden	Familia	Nombre científico	Nombre común
Gastropoda	Caenogastropoda	Neogastropoda	Rapaninae	<i>Acanthais brevidentata</i>	Caracol
		Neogastropoda	Rapaninae	<i>Acanthais callaoensis</i>	Caracol
		Neogastropoda	Rapaninae	<i>Neorapana muricata</i>	Caracol
		Neogastropoda	Rapaninae	<i>Plicopurpura columellaris</i>	Caracol
		Neogastropoda	Rapaninae	<i>Stramonita biserialis</i>	Caracol
		Neogastropoda	Rapaninae	<i>Thaisella chocolata</i>	Caracol negro
		Neogastropoda	Rapaninae	<i>Thaisella kiosquiformis</i>	Caracol, perforador de ostras
		Neogastropoda	Nassariidae	<i>Nassarius dentifer</i>	Caracol carroñero
		Neogastropoda	Nassariidae	<i>Phrontis luteostoma</i>	-
		Neogastropoda	Olividae	<i>Felicioliva peruviana</i>	Oliva
		Neogastropoda	Olividae	<i>Olivella volutella</i>	Olivita
		Neogastropoda	Olividae	<i>Olivella columellaris</i>	Olivita
		Neogastropoda	Pisaniidae	<i>Solenosteira fusiformis</i>	Buccinio
		Neogastropoda	Pisaniidae	<i>Gemophos gemmatus</i>	Caracol buccinio
		Neogastropoda	Pisaniidae	<i>Gemophos janellii</i>	Buccinio
		-	Modulidae	<i>Trochomodulus catenulatus</i>	Conchazapato
Littorinimorpha	Cymatiidae	<i>Argobuccinum sp.</i> **	-		

** : Identificado solo en GenBank y BOLD Systems.

Tabla 7. Clasificación taxonómica de los gasterópodos marinos de la subclase Heterobranchia, con base en su identificación morfológica

Clase	Subclase	Orden	Familia	Nombre científico	Nombre común
Gastropoda	Heterobranchia	Aplysiida	Aplysiidae	<i>Aplysia juliana</i>	Liebre de mar
		Siphonariida	Siphonariidae	<i>Siphonaria lessonii</i>	-
		Siphonariida	Siphonariidae	<i>Siphonaria maura</i>	-
		-	Plakobranchidae	<i>Elysia crispata</i>	Babosa marina
		Cephalaspidea	Bullidae	<i>Bulla sp.</i>	Caracol burbuja
		Nudibranchia	Facelinidae	<i>Phidiana lottini</i>	Babosa marina

En el caso de la subclase Patellogastropoda, se identificaron cinco especímenes (55.5%), pertenecientes al género *Scurria*, con un porcentaje mayor a 99% según la base de datos del GenBank (Tabla 8, 10), mientras que, con la plataforma BOLD, solo se identificó un espécimen (11.1%) mayor a 99%, perteneciente a la especie *S. variabilis* (Tabla 8, 10). Ello demostró un mayor alcance de identificación con porcentajes > 99% en GenBank que el BOLD (Tabla 8, 9). Sin embargo, las identidades arrojadas por el GenBank para las secuencias de la subclase Patellogastropoda que obtuvieron el porcentaje requerido (> 99%), no coincidieron en la mayoría con su identificación nominal (Tabla 10).

Por otro lado, para la subclase Vetigastropoda, el GenBank identificó dos especímenes (5.12%) mayor a 99% de identidad (Tabla 8, 11); en tanto BOLD identificó cinco especímenes (12.82%) con porcentajes mayores a 99% (Tabla 8, 11); referidos en ambas bases de datos a individuos pertenecientes al género *Tegula*. Asimismo, en ambas bases de datos, las identidades asignadas a las secuencias no coincidieron con la identificación nominal, a pesar de superar el 99%; por lo que, en algunas de ellas no se llegó a identificar a nivel de especie (Tabla 9, 11).

Con respecto a la subclase Neritimorpha, está fue conformada por cinco secuencias de la especie *Theodoxus luteofasciatus*, con un porcentaje de identidad superior a 99% en ambas bases de datos (Tabla 8, 9, 12), asegurando la identidad morfológica. Para el caso de la subclase Heterobranchia, el GenBank logró identificar ocho especímenes (44.44%), pertenecientes a las especies *E. crispata*, *S. lessonii* y *S. maura*, con porcentajes mayores a 99% (Tabla 8, 13). De lo contrario, en BOLD, fueron 17 especímenes (99%) con un porcentaje mayor a 99% (Tabla 8, 13), siendo la especie *Phidiana lottini* la única que no superó el porcentaje de identidad requerido (Tabla 9, 13). Estos resultados demostraron que las designaciones nominales de los especímenes fueron más concordantes con los resultados arrojados por la base de datos BOLD (Tabla 9), y en medida confirmó la identidad taxonómica de las especies de la subclase Heterobranchia.

Con respecto a la subclase Caenogastropoda, en donde se obtuvo la mayor diversidad de especies de gasterópodos (68.96%), la base de datos GenBank, identificó 48 especímenes (30.97 %) mayor a 99% de identidad (Tabla 8, 14); en cambio para el BOLD, fueron 88

especímenes (56.77 %) los que superaron el porcentaje requerido mayor a 99% (Tabla 8, 14), e igualmente que para las otras subclases los resultados del BOLD fueron más concordantes con sus designaciones nominales (Tabla 9). A pesar de ello, los valores de coincidencia resultaron bajos para referirse a una subclase muy diversa (Tabla 9), por lo tanto, se considera que existe una falta de secuencias de referencia de la subclase Caenogastropoda e igualmente de la clase Gastropoda.

Tabla 8. Total de especímenes con el porcentaje requerido en ambas bases de datos por cada subclase.

Subclase	n	GenBank		BOLD	
		>99%	<99%	>99%	<99%
Patellogastropoda	9	55.5	44.4	11.11	88.88
Vetigastropoda	39	5.12	94.87	12.82	87.17
Neritimorpha	5	20	80	20	80
Caenogastropoda	155	30.97	69.03	56.77	43.23
Heterobranchia	18	44.44	55.56	94.44	5.55
Promedio		31.20	68.77	39.03	60.97

Valores dados en porcentaje (%).

Tabla 9. Número de especímenes congruentes entre las bases de datos y su designación nominal

Subclase	n	GenBank		BOLD	
		Coincidencia	No coincidencia	Coincidencia	No coincidencia
Patellogastropoda	9	1	8	5	4
Vetigastropoda	39	11	28	10	29
Neritimorpha	5	5	-	5	-
Caenogastropoda	155	53	102	81	74
Heterobranchia	18	2	16	11	7
Total	226	72	154	112	114

Tabla 10. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Patellogastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD.

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Patellogastropoda	<i>Lottia orbigny</i>	PEMAR_I0725	<i>L. strigatella</i>	74.79	<i>L. orbigny</i>	81.80	AEH0062
Patellogastropoda	<i>L. orbigny</i>	PEMAR_I2300	<i>L. strigatella</i>	74.40	<i>L. orbigny</i>	82.26	AEH0062
Patellogastropoda	<i>L. orbigny</i>	PEMAR_I2301	<i>L. strigatella</i>	74.40	<i>L. orbigny</i>	82.26	AEH0062
Patellogastropoda	<i>L. orbigny</i>	PEMAR_I2302	<i>L. strigatella</i>	74.40	<i>L. orbigny</i>	81.88	AEH0062
Patellogastropoda	<i>Scurria ceciliana</i>	PEMAR_I0713	<i>S. dalcahuina</i>	99.45*	<i>S. dalcahuina</i>	95.40	AAJ5800
Patellogastropoda	<i>S. viridula</i>	PEMAR_I0715	<i>S. viridula</i>	99.07*	<i>S. viridula</i>	97.15	AAJ5802
Patellogastropoda	<i>S. variabilis</i>	PEMAR_I0303	<i>S. silvana</i>	99.25*	<i>S. viridula</i>	99.51**	AAJ5802
Patellogastropoda	<i>S. variabilis</i>	PEMAR_I2117	<i>S. dalcahuina</i>	99.33*	<i>S. dalcahuina</i>	95.17	AAJ5800
Patellogastropoda	<i>S. variabilis</i>	PEMAR_I2119	<i>S. dalcahuina</i>	99.64*	<i>S. dalcahuina</i>	98.20	AAJ5800

*: Porcentajes > a 99% en GenBank.

** : Porcentajes > a 99% en BOLD.

Tabla 11. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Vetigastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD.

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Vetigastropoda	<i>Fisurella asperella</i>	PEMAR_I1174	<i>F. clenchi</i>	83.60	Fissurellidae (familia)	83.75	AEH5047
Vetigastropoda	<i>F. asperella</i>	PEMAR_I1175	<i>F. rosea</i>	83.23	Gastropoda (clase)	83.42	AEH5047
Vetigastropoda	<i>F. asperella</i>	PEMAR_I1176	<i>F. rosea</i>	83.28	Fissurellidae (familia)	83.57	AEH5047
Vetigastropoda	<i>F. asperella</i>	PEMAR_I1177	<i>F. rosea</i>	83.76	Fissurellidae (familia)	98.10	AEH5047
Vetigastropoda	<i>F. asperella</i>	PEMAR_I1178	<i>F. rosea</i>	83.23	Fissurellidae (familia)	83.57	AEH5047
Vetigastropoda	<i>F. asperella</i>	PEMAR_I1179	<i>F. rosea</i>	83.76	Fissurellidae (familia)	98.08	AEH5047
Vetigastropoda	<i>Fissurella virescens</i>	PEMAR_I2218	<i>F. volcano</i>	83.44	Fissurellidae (familia)	96.73	AEH3990
Vetigastropoda	<i>F. virescens</i>	PEMAR_I2219	<i>F. volcano</i>	83.36	Fissurellidae (familia)	96.49	AEH3990
Vetigastropoda	<i>F. virescens</i>	PEMAR_I2220	<i>F. rosea</i>	83.16	Fissurellidae (familia)	83.33	AEH5047
Vetigastropoda	<i>F. virescens</i>	PEMAR_I2221	<i>F. volcano</i>	83.47	Fissurellidae (familia)	96.53	AEH3990
Vetigastropoda	<i>Prisogaster niger</i>	PEMAR_I0362	<i>P. niger</i>	98.94	<i>P. niger</i>	98.75	AAH7617
Vetigastropoda	<i>P. niger</i>	PEMAR_I2303	<i>P. niger</i>	92.85	<i>P. niger</i>	92.81	AEG2653
Vetigastropoda	<i>P. niger</i>	PEMAR_I2304	<i>P. niger</i>	92.99	<i>P. niger</i>	92.97	AEG2653
Vetigastropoda	<i>P. niger</i>	PEMAR_I2305	<i>P. niger</i>	93.01	<i>P. niger</i>	92.97	AEG2653
Vetigastropoda	<i>P. niger</i>	PEMAR_I2306	<i>P. niger</i>	93.12	<i>P. niger</i>	92.33	AEG2653
Vetigastropoda	<i>P. niger</i>	PEMAR_I2307	<i>P. niger</i>	92.71	<i>P. niger</i>	92.66	AEG2653
Vetigastropoda	<i>Tegula euryomphala</i>	PEMAR_I0137	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.70	<i>T. atra</i>	93.67	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. euryomphala</i>	PEMAR_I0138	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.77	<i>T. atra</i>	93.73	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. euryomphala</i>	PEMAR_I0139	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.76	<i>T. atra</i>	93.73	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. euryomphala</i>	PEMAR_I0140	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.73	<i>T. atra</i>	93.73	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. euryomphala</i>	PEMAR_I0141	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.91	<i>T. atra</i>	93.88	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. atra</i>	PEMAR_I0679	<i>T. atra</i> (haplotipo 1)	100.0*	<i>T. atra</i>	100.0**	ACQ0911

Continúa...

Tabla 11. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Vetigastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD (continuación).

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Vetigastropoda	<i>T. atra</i>	PEMAR_I0878	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.69	<i>T. atra</i>	93.67	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. atra</i>	PEMAR_I0879	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.73	<i>T. atra</i>	93.70	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. atra</i>	PEMAR_I1950	<i>T. atra</i> (haplotipo 1)	100.0*	<i>T. atra</i>	100.0**	ACQ0911
Vetigastropoda	<i>T. luctuosa</i>	PEMAR_I2031	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.54	<i>T. atra</i>	100.0**	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. luctuosa</i>	PEMAR_I2032	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.57	<i>T. atra</i>	93.52	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. luctuosa</i>	PEMAR_I2033	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.53	<i>T. atra</i>	99.68**	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. luctuosa</i>	PEMAR_I2034	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.54	<i>T. atra</i>	100.0**	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. luctuosa</i>	PEMAR_I2440	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.60	<i>T. atra</i>	93.55	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. luctuosa</i>	PEMAR_I2441	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.76	<i>T. atra</i>	93.73	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. luctuosa</i>	PEMAR_I2442	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.92	<i>T. atra</i>	93.88	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. luctuosa</i>	PEMAR_I2443	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.77	<i>T. atra</i>	93.73	ADN2803
Vetigastropoda	<i>Tegula luctuosa</i>	PEMAR_I2445	<i>T. atra</i> (haplotipo 30)	93.58	<i>T. atra</i>	93.55	ADN2803
Vetigastropoda	<i>T. verrucosa</i>	PEMAR_I2170	<i>T. verrucosa</i>	96.08	Gastropoda (clase)	96.47	AEG8479
Vetigastropoda	<i>T. verrucosa</i>	PEMAR_I2171	<i>T. verrucosa</i>	96.24	Gastropoda (clase)	96.48	AEG8479
Vetigastropoda	<i>T. verrucosa</i>	PEMAR_I2172	<i>T. verrucosa</i>	96.16	Gastropoda (clase)	96.52	AEG8479
Vetigastropoda	<i>T. verrucosa</i>	PEMAR_I2173	<i>T. verrucosa</i>	96.24	Gastropoda (clase)	96.47	AEG8479
Vetigastropoda	<i>T. verrucosa</i>	PEMAR_I2174	<i>T. verrucosa</i>	96.08	Gastropoda (clase)	96.31	AEG8479

*: Porcentajes > a 99% en GenBank.

** : Porcentajes > a 99% en BOLD.

Tabla 12. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Neritimorpha según las bases de datos GenBank y BOLD.

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Neritimorpha	<i>Theodoxus luteofasciatus</i>	PEMAR_I1415	<i>Vitta luteofasciatus</i>	99.52	<i>V. luteofasciatus</i>	99.52	AAW7090
Neritimorpha	<i>T. luteofasciatus</i>	PEMAR_I1426	<i>V. luteofasciatus</i>	99.51	<i>V. luteofasciatus</i>	99.51	AAW7090
Neritimorpha	<i>T. luteofasciatus</i>	PEMAR_I1428	<i>V. luteofasciatus</i>	99.36	<i>V. luteofasciatus</i>	99.36	AAW7090
Neritimorpha	<i>T. luteofasciatus</i>	PEMAR_I1432	<i>V. luteofasciatus</i>	99.05	<i>V. luteofasciatus</i>	99.21	AAW7090
Neritimorpha	<i>T. luteofasciatus</i>	PEMAR_I1433	<i>V. luteofasciatus</i>	98.57	<i>V. luteofasciatus</i>	98.71	AAW7090

Tabla 13. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Heterobranchia según las bases de datos GenBank y BOLD.

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Heterobranchia	<i>Aplysia juliana</i>	PEMAR_I0779	<i>A. californica</i>	95.87	<i>A. juliana</i>	100.0**	AEB9721
Heterobranchia	<i>A. juliana</i>	PEMAR_I2234	<i>A. californica</i>	95.30	<i>A. juliana</i>	100.0**	AEB9721
Heterobranchia	<i>A. juliana</i>	PEMAR_I2235	<i>A. californica</i>	95.41	<i>A. juliana</i>	100.0**	AEB9721
Heterobranchia	<i>A. juliana</i>	PEMAR_I2236	<i>A. californica</i>	95.56	<i>A. juliana</i>	99.84**	AEB9721
Heterobranchia	<i>Bulla sp.</i>	PEMAR_I2360	<i>Haminoea vesicula</i>	96.63	<i>Bulla</i>	100.0**	AEB9917
Heterobranchia	<i>Bulla sp.</i>	PEMAR_I2361	<i>H. vesicula</i>	96.63	<i>Bulla</i>	100.0**	AEB9917
Heterobranchia	<i>Bulla sp.</i>	PEMAR_I2362	<i>H. vesicula</i>	96.92	<i>Bulla</i>	100.0**	AEB9917
Heterobranchia	<i>Bulla sp.</i>	PEMAR_I2363	<i>H. vesicula</i>	96.63	<i>Bulla</i>	100.0**	AEB9917
Heterobranchia	<i>Bulla sp.</i>	PEMAR_I2364	<i>H. vesicula</i>	96.94	<i>Bulla</i>	100.0**	AEB9917
Heterobranchia	<i>Elysia crispata</i>	PEMAR_I2160	<i>E. diomedea</i>	99.67*	<i>E. diomedea</i>	99.67**	ADK7570
Heterobranchia	<i>E. crispata</i>	PEMAR_I2163	<i>E. diomedea</i>	99.83*	<i>E. diomedea</i>	99.83**	ADK7570
Heterobranchia	<i>E. crispata</i>	PEMAR_I2164	<i>E. diomedea</i>	99.34*	<i>E. diomedea</i>	100.0**	ADK7570
Heterobranchia	<i>E. crispata</i>	PEMAR_I2165	<i>E. diomedea</i>	99.17*	<i>E. diomedea</i>	100.0**	ADK7570
Heterobranchia	<i>Phidiana lottini</i>	PEMAR_I2562	<i>P. hiltoni</i>	83.99	<i>P. lynceus</i>	84.33	AEH6384
Heterobranchia	<i>Siphonaria lessonii</i>	PEMAR_I0310	<i>S. lessonii</i>	100.0*	<i>S. lessonii</i>	100.0**	ACH6232
Heterobranchia	<i>S. lessonii</i>	PEMAR_I0703	<i>S. lessonii</i>	99.39*	<i>S. lessonii</i>	99.82**	ACH6232
Heterobranchia	<i>Siphonaria maura</i>	PEMAR_I2215	<i>Siphonaria sp.</i>	99.85*	<i>Siphonaria sp.</i>	99.84**	ACQ3995
Heterobranchia	<i>S. maura</i>	PEMAR_I2216	<i>Siphonaria sp.</i>	99.69*	<i>Siphonaria sp.</i>	99.69**	ACQ3995

*: Porcentajes > a 99% en GenBank.

** : Porcentajes > a 99% en BOLD.

Tabla 14. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Caenogastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD.

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Caenogastropoda	<i>Acanthais brevidentata</i>	PEMAR_I1156	<i>A. brevidentata</i>	98.93	<i>A. brevidentata</i>	100.0**	ACH2528
Caenogastropoda	<i>A. brevidentata</i>	PEMAR_I1157	<i>A. brevidentata</i>	99.70*	<i>A. brevidentata</i>	100.0**	ACH2528
Caenogastropoda	<i>A. brevidentata</i>	PEMAR_I1158	<i>A. brevidentata</i>	98.78	<i>A. brevidentata</i>	100.0**	ACH2528
Caenogastropoda	<i>A. brevidentata</i>	PEMAR_I2155	<i>A. brevidentata</i>	98.94	<i>A. brevidentata</i>	99.54	ACH2528
Caenogastropoda	<i>A. brevidentata</i>	PEMAR_I2156	<i>A. brevidentata</i>	99.39*	<i>A. brevidentata</i>	100.0**	ACH2528
Caenogastropoda	<i>A. callaoensis</i>	PEMAR_I1324	<i>Thais callaoensis</i>	98.33	<i>A. callaoensis</i>	100.0**	ACB8250
Caenogastropoda	<i>Argobuccinum sp.</i>	PEMAR_I2568	<i>A. pustulosum</i>	93.45	<i>A. pustulosum</i>	92.54	AEH4508
Caenogastropoda	<i>Bostrycapulus calyptraeiformis</i>	PEMAR_I1639	<i>B. calyptraeiformis</i>	100.0*	<i>B. calyptraeiformis</i>	100.0**	AAB4922
Caenogastropoda	<i>Columbella major</i>	PEMAR_I2176	<i>C. major</i>	91.42	<i>C. major</i>	100.0**	AEC0014
Caenogastropoda	<i>Crepidula onyx</i>	PEMAR_I1655	<i>Crepidula aff. marginalis</i>	99.85*	<i>C. onyx</i>	100.0**	AAJ6223
Caenogastropoda	<i>C. onyx</i>	PEMAR_I1656	<i>C. aff. marginalis</i>	99.69*	<i>C. onyx</i>	100.0**	AAJ6223
Caenogastropoda	<i>C. onyx</i>	PEMAR_I1658	<i>C. aff. marginalis</i>	99.85*	<i>C. onyx</i>	100.0**	AAJ6223
Caenogastropoda	<i>C. onyx</i>	PEMAR_I1659	<i>C. aff. marginalis</i>	99.85*	<i>C. onyx</i>	100.0**	AAJ6223
Caenogastropoda	<i>C. onyx</i>	PEMAR_I1660	<i>C. aff. marginalis</i>	99.69*	<i>C. onyx</i>	100.0**	AAJ6223
Caenogastropoda	<i>Crepidatella dilatata</i>	PEMAR_I0186	<i>C. peruviana</i>	99.68*	<i>C. peruviana</i>	99.84**	AAD1064
Caenogastropoda	<i>C. dilatata</i>	PEMAR_I0187	<i>C. fecunda</i>	99.69*	<i>C. dilatata</i>	100.0**	AAD1064
Caenogastropoda	<i>C. peruviana</i>	PEMAR_I0298	<i>C. fecunda</i>	99.85*	<i>C. peruviana</i>	100.0**	AAD1064
Caenogastropoda	<i>C. peruviana</i>	PEMAR_I0299	<i>C. peruviana</i>	99.52*	<i>C. peruviana</i>	99.68**	AAD1064
Caenogastropoda	<i>C. peruviana</i>	PEMAR_I0300	<i>C. peruviana</i>	100.0*	<i>C. peruviana</i>	100.0**	AAD1064
Caenogastropoda	<i>C. peruviana</i>	PEMAR_I0302	<i>C. peruviana</i>	99.68*	<i>C. peruviana</i>	100.0**	AAD1064

*: Porcentajes > a 99% en GenBank.

** : Porcentajes > a 99% en BOLD.

Continúa...

Tabla 14. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Caenogastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD (continuación).

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Caenogastropoda	<i>Crepidatella peruviana</i>	PEMAR_I2009	<i>C. peruviana</i>	99.34*	<i>C. peruviana</i>	99.50**	AAD1064
Caenogastropoda	<i>C. peruviana</i>	PEMAR_I2426	<i>C. fecunda</i>	99.85*	<i>C. fecunda</i>	100.0**	AAD1064
Caenogastropoda	<i>C. peruviana</i>	PEMAR_I2427	<i>C. fecunda</i>	99.69*	<i>Bostrycapulus calyptraeformis</i>	100.0**	AAD1064
Caenogastropoda	<i>C. peruviana</i>	PEMAR_I2429	<i>C. fecunda</i>	99.85*	<i>C. fecunda</i>	100.0**	AAD1064
Caenogastropoda	<i>C. peruviana</i>	PEMAR_I2430	<i>C. fecunda</i>	99.69*	<i>B. calyptraeformis</i>	100.0**	AAD1064
Caenogastropoda	<i>Crossata ventricosa</i>	PEMAR_I0142	<i>Marsupina nana</i>	94.98	<i>C. ventricosa</i>	100.0**	ADM2660
Caenogastropoda	<i>C. ventricosa</i>	PEMAR_I0821	<i>M. nana</i>	94.79	<i>C. ventricosa</i>	100.0**	ADM2660
Caenogastropoda	<i>C. ventricosa</i>	PEMAR_I0862	<i>M. nana</i>	94.98	<i>C. ventricosa</i>	100.0**	ADM2660
Caenogastropoda	<i>C. ventricosa</i>	PEMAR_I0864	<i>M. nana</i>	94.30	<i>C. ventricosa</i>	100.0**	ADM2660
Caenogastropoda	<i>C. ventricosa</i>	PEMAR_I0865	<i>M. nana</i>	94.77	<i>C. ventricosa</i>	100.0**	ADM2660
Caenogastropoda	<i>C. ventricosa</i>	PEMAR_I1322	<i>M. nana</i>	94.59	<i>Bursa ventricosa</i>	99.83**	ADM2660
Caenogastropoda	<i>C. ventricosa</i>	PEMAR_I2584	<i>M. nana</i>	94.76	<i>C. ventricosa</i>	100.0**	ADM2660
Caenogastropoda	<i>C. ventricosa</i>	PEMAR_I2585	<i>M. nana</i>	94.93	<i>B. ventricosa</i>	99.49**	ADM2660
Caenogastropoda	<i>Crucibulum spinosum</i>	PEMAR_I0183	<i>Crucibulum sp. 'spinosum'</i>	98.76	<i>C. spinosum</i>	100.0**	AAR4781
Caenogastropoda	<i>C. spinosum</i>	PEMAR_I0220	<i>C. sp. 'spinosum'</i>	98.61	<i>C. spinosum</i>	100.0**	AAR4781
Caenogastropoda	<i>C. spinosum</i>	PEMAR_I0221	<i>Crucibulum sp. 'spinosum'</i>	98.92	Littorinimorpha (Orden)	100.0**	AAR4781
Caenogastropoda	<i>C. spinosum</i>	PEMAR_I1662	<i>Crucibulum sp. 'spinosum'</i>	97.99	<i>C. spinosum</i>	100.0**	AAR4781
Caenogastropoda	<i>C. spinosum</i>	PEMAR_I1663	<i>Crucibulum sp. 'spinosum'</i>	98.45	<i>C. spinosum</i>	100.0**	AAR4781
Caenogastropoda	<i>C. scutellatum</i>	PEMAR_I1327	<i>C. scutellatum</i>	98.73	<i>C. scutellatum</i>	98.73	AAR4779
Caenogastropoda	<i>C. scutellatum</i>	PEMAR_I1328	<i>C. scutellatum</i>	91.81	<i>C. scutellatum</i>	100.0**	AEG7893

*: Porcentajes > a 99% en GenBank.

** : Porcentajes > a 99% en BOLD.

Continúa...

Tabla 14. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Caenogastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD (continuación).

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Caenogastropoda	<i>Crucibulum scutellatum</i>	PEMAR_I1329	<i>C. scutellatum</i>	91.65	<i>C. scutellatum</i>	100.0**	AEG7893
Caenogastropoda	<i>Echinolittorina peruviana</i>	PEMAR_I0151	<i>E. peruviana</i>	99.07*	<i>E. peruviana</i>	100.0**	AAF6005
Caenogastropoda	<i>E. peruviana</i>	PEMAR_I0152	<i>E. peruviana</i>	98.61	<i>E. peruviana</i>	100.0**	AAF6005
Caenogastropoda	<i>E. peruviana</i>	PEMAR_I0689	<i>E. peruviana</i>	99.53*	<i>E. peruviana</i>	99.84**	AAF6005
Caenogastropoda	<i>E. peruviana</i>	PEMAR_I0690	<i>E. peruviana</i>	99.54*	<i>E. peruviana</i>	100.0**	AAF6005
Caenogastropoda	<i>E. peruviana</i>	PEMAR_I0691	<i>E. peruviana</i>	99.07*	<i>E. peruviana</i>	99.69**	AAF6005
Caenogastropoda	<i>E. peruviana</i>	PEMAR_I0693	<i>E. peruviana</i>	98.77	<i>E. peruviana</i>	99.39**	AAF6005
Caenogastropoda	<i>E. peruviana</i>	PEMAR_I0694	<i>E. peruviana</i>	99.38*	<i>E. peruviana</i>	99.54**	AAF6005
Caenogastropoda	<i>Felicioliva peruviana</i>	PEMAR_I0144	Olividae (familia)	89.55	<i>Oliva spicata</i>	89.7	ADO0178
Caenogastropoda	<i>F. peruviana</i>	PEMAR_I0147	Olividae (familia)	89.68	<i>O. spicata</i>	89.54	ADO0178
Caenogastropoda	<i>F. peruviana</i>	PEMAR_I0148	Olividae (familia)	89.49	<i>O. spicata</i>	89.59	ADO0178
Caenogastropoda	<i>F. peruviana</i>	PEMAR_I0149	Olividae (familia)	89.66	<i>O. spicata</i>	89.59	ADO0178
Caenogastropoda	<i>F. peruviana</i>	PEMAR_I2571	Olividae (familia)	89.42	<i>O. spicata</i>	89.54	ADO0178
Caenogastropoda	<i>F. peruviana</i>	PEMAR_I2572	Olividae (familia)	90.02	<i>O. spicata</i>	89.54	ADO0178
Caenogastropoda	<i>Gemophos gemmatus</i>	PEMAR_I1161	<i>Pisania striata</i>	91.08	<i>G. gemmatus</i>	98.77	AEG2506
Caenogastropoda	<i>G. gemmatus</i>	PEMAR_I1163	<i>P. striata</i>	90.72	<i>G. tinctus</i>	93.73	AEG2506
Caenogastropoda	<i>G. gemmatus</i>	PEMAR_I1164	<i>P. striata</i>	90.98	<i>G. tinctus</i>	93.86	AEG2506
Caenogastropoda	<i>G. gemmatus</i>	PEMAR_I1165	<i>P. striata</i>	91.34	<i>G. tinctus</i>	94.19	AEG2506
Caenogastropoda	<i>G. gemmatus</i>	PEMAR_I1166	<i>P. striata</i>	91.01	<i>G. tinctus</i>	93.86	AEG2506

*: Porcentajes > a 99% en GenBank.

** : Porcentajes > a 99% en BOLD.

Continúa...

Tabla 14. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Caenogastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD (continuación).

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Caenogastropoda	<i>G. gemmatus</i>	PEMAR_I1167	<i>P. striata</i>	90.98	<i>G. tinctus</i>	93.86	AEG2506
Caenogastropoda	<i>Gemophos gemmatus</i>	PEMAR_I2158	<i>Pisania striata</i>	90.76	<i>G. tinctus</i>	93.43	AEG2506
Caenogastropoda	<i>G. janellii</i>	PEMAR_I1325	<i>P. striata</i>	92.60	Gastropoda (clase)	97.39	AEG2487
Caenogastropoda	<i>Goniofusus spectrum</i>	PEMAR_I1389	<i>Fusinus salisburyi</i>	93.95	<i>Fasciolaridae</i>	93.95	AEG0033
Caenogastropoda	<i>Littoraria variegata</i>	PEMAR_I1626	<i>L. variegata</i>	99.09*	<i>L. variegata</i>	99.08**	ACH2651
Caenogastropoda	<i>L. variegata</i>	PEMAR_I1627	<i>L. variegata</i>	99.85*	<i>L. variegata</i>	99.85**	ACH2651
Caenogastropoda	<i>L. variegata</i>	PEMAR_I1628	<i>L. variegata</i>	99.85*	<i>L. variegata</i>	99.85**	ACH2651
Caenogastropoda	<i>L. varia</i>	PEMAR_I1630	<i>L. varia</i>	99.54*	<i>L. varia</i>	99.54**	ACH2653
Caenogastropoda	<i>Malea ringens</i>	PEMAR_I1335	<i>Eudolium crosseanum</i>	89.09	<i>E. crosseanum</i>	89.09	AEF9713
Caenogastropoda	<i>M. ringens</i>	PEMAR_I1336	<i>E. crosseanum</i>	89.94	<i>E. crosseanum</i>	88.94	AEF9713
Caenogastropoda	<i>Marsupina nana</i>	PEMAR_I2154	<i>Tutufa bufo</i>	90.9	Gastropoda (clase)	99.24**	AEB9681
Caenogastropoda	<i>Monoplex wiegmanni</i>	PEMAR_I1318	<i>M. parthenopeum</i>	98.47	<i>Cymatium (Monoplex) parthenopeum</i>	98.46	ADC5956
Caenogastropoda	<i>Nassarius dentifer</i>	PEMAR_I0384	<i>Nassarius sp.</i>	87.33	Gastropoda (clase)	92.01	ADM9318
Caenogastropoda	<i>N. dentifer</i>	PEMAR_I0385	<i>N. velvetosus</i>	87.23	Gastropoda (clase)	91.90	ADM9318
Caenogastropoda	<i>N. dentifer</i>	PEMAR_I2446	<i>N. sinusigerus</i>	87.13	<i>N. dentifer</i>	98.85	ADM9318
Caenogastropoda	<i>N. dentifer</i>	PEMAR_I2447	<i>Nassarius sp</i>	87.23	<i>N. dentifer</i>	99.50**	ADM9318
Caenogastropoda	<i>N. dentifer</i>	PEMAR_I2448	<i>Nassarius sp</i>	87.22	<i>N. dentifer</i>	99.67**	ADM9318
Caenogastropoda	<i>N. dentifer</i>	PEMAR_I2449	<i>Nassarius sp</i>	86.93	<i>N. dentifer</i>	98.69	ADM9318
Caenogastropoda	<i>N. dentifer</i>	PEMAR_I2450	<i>Nassarius sp</i>	87.05	<i>N. dentifer</i>	98.85	ADM9318
Caenogastropoda	<i>Natica unifasciata</i>	PEMAR_I1444	<i>Lunatia gilva</i>	87.84	Gastropoda (clase)	98.47	ADF0092

*: Porcentajes > a 99% en GenBank.

** : Porcentajes > a 99% en BOLD.

Continúa...

Tabla 14. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Caenogastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD (continuación).

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Caenogastropoda	<i>Natica unifasciata</i>	PEMAR_I1445	<i>Tritonoharpa angasi</i>	88.46	Gastropoda (clase)	98.78	ADF0092
Caenogastropoda	<i>N. unifasciata</i>	PEMAR_I1446	<i>T. angasi</i>	88.75	Gastropoda (clase)	100.0**	ADF0092
Caenogastropoda	<i>N. unifasciata</i>	PEMAR_I1447	<i>Tritonoharpa angasi</i>	88.63	Gastropoda (clase)	99.85**	ADF0092
Caenogastropoda	<i>N. unifasciata</i>	PEMAR_I1449	<i>T. angasi</i>	88.73	Gastropoda (clase)	100.0**	ADF0092
Caenogastropoda	<i>N. unifasciata</i>	PEMAR_I1450	<i>T. angasi</i>	88.58	<i>Gastropoda (clase)</i>	99.69**	ADF0092
Caenogastropoda	<i>Neorapana muricata</i>	PEMAR_I1323	<i>Menathais tuberosa</i>	99.84*	<i>Thais muricata</i>	100.0**	ACB7070
Caenogastropoda	<i>N. muricata</i>	PEMAR_I2308	<i>M. tuberosa</i>	99.20*	<i>T. muricata</i>	99.20**	ACB7070
Caenogastropoda	<i>N. muricata</i>	PEMAR_I2309	<i>M. tuberosa</i>	99.84*	<i>T. muricata</i>	99.84**	ACB7070
Caenogastropoda	<i>N. muricata</i>	PEMAR_I2151	<i>M. tuberosa</i>	98.92	<i>T. muricata</i>	99.07**	ACB7070
Caenogastropoda	<i>N. muricata</i>	PEMAR_I2152	<i>Thais muricata</i>	98.93	<i>T. muricata</i>	99.38**	ACB7070
Caenogastropoda	<i>Olivella volutella</i>	PEMAR_I1604	<i>O. volutella</i>	89.81	Gastropoda (clase)	97.33	AEG4766
Caenogastropoda	<i>O. columellaris</i>	PEMAR_I1632	<i>O. volutella</i>	88.50	Gastropoda (clase)	88.53	AEG0533
Caenogastropoda	<i>O. columellaris</i>	PEMAR_I1634	<i>O. olssoni</i>	87.64	Gastropoda (clase)	88.23	AEG0533
Caenogastropoda	<i>O. columellaris</i>	PEMAR_I1636	<i>O. volutella</i>	88.32	Gastropoda (clase)	88.69	AEG0533
Caenogastropoda	<i>O. columellaris</i>	PEMAR_I2065	<i>O. volutella</i>	88.35	Gastropoda (clase)	88.58	AEG0533
Caenogastropoda	<i>O. columellaris</i>	PEMAR_I2066	<i>O. volutella</i>	88.03	Gastropoda (clase)	88.02	AEG0533
Caenogastropoda	<i>Phrontis luteostomus</i>	PEMAR_I1641	<i>P. luteostomus</i>	99.53*	<i>P. luteostomus</i>	99.84**	ADK7493
Caenogastropoda	<i>P. luteostomus</i>	PEMAR_I1642	<i>P. luteostomus</i>	98.46	<i>P. luteostomus</i>	99.38**	ADK7493
Caenogastropoda	<i>P. luteostomus</i>	PEMAR_I1643	<i>P. luteostomus</i>	99.24*	<i>P. luteostomus</i>	99.24**	ADK7493
Caenogastropoda	<i>P. luteostomus</i>	PEMAR_I1644	<i>P. luteostomus</i>	99.53*	<i>P. luteostomus</i>	99.84**	ADK7493
Caenogastropoda	<i>P. luteostomus</i>	PEMAR_I1645	<i>P. luteostomus</i>	99.39*	<i>P. luteostomus</i>	99.54**	ADK7493

*: Porcentajes > a 99% en GenBank.

** : Porcentajes > a 99% en BOLD.

Continúa...

Tabla 14. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Caenogastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD (continuación).

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Caenogastropoda	<i>Plicopurpura columellaris</i>	PEMAR_I2223	<i>P. columellaris</i>	100.0*	<i>P. columellaris</i>	100.0**	ACB7383
Caenogastropoda	<i>P. columellaris</i>	PEMAR_I2224	<i>P. columellaris</i>	100.0*	<i>P. columellaris</i>	100.0**	ACB7383
Caenogastropoda	<i>Polinices uber</i>	PEMAR_I2422	<i>Mammilla melanostomoides</i>	92.27	Gastropoda (clase)	94.73	AEG6637
Caenogastropoda	<i>Prunum curtum</i>	PEMAR_I2452	<i>P. marginatum</i>	88.25	<i>P. marginatum</i>	88.18	AEG4295
Caenogastropoda	<i>P. curtum</i>	PEMAR_I2453	<i>Polychaeta sp</i>	83.72	<i>P. curtum</i>	100.0**	AEG4295
Caenogastropoda	<i>P. curtum</i>	PEMAR_I2454	<i>P. marginatum</i>	88.20	<i>P. marginatum</i>	88.12	AEG4295
Caenogastropoda	<i>P. curtum</i>	PEMAR_I2456	<i>Polychaeta sp</i>	83.80	<i>P. curtum</i>	100.0**	AEG4295
Caenogastropoda	<i>P. curtum</i>	PEMAR_I2457	<i>Prunum marginatum</i>	88.43	<i>P. marginatum</i>	88.12	AEG4295
Caenogastropoda	<i>Pseudozonaria arabicula</i>	PEMAR_I2168	<i>P. robertsi</i>	99.19*	Gastropoda (clase)	99.39**	AAH7966
Caenogastropoda	<i>Sinum cymba</i>	PEMAR_I1317	<i>Cryptonatica aleutica</i>	88.89	Gastropoda (clase)	91.74	AEG8282
Caenogastropoda	<i>S. cymba</i>	PEMAR_I2415	<i>Euspira fusca</i>	89.19	Gastropoda (clase)	91.74	AEG8282
Caenogastropoda	<i>S. cymba</i>	PEMAR_I2416	<i>Naticarius hebraeus</i>	89.35	Gastropoda (clase)	92.05	AEG8282
Caenogastropoda	<i>S. cymba</i>	PEMAR_I2417	<i>E. fusca</i>	89.35	Gastropoda (clase)	92.20	AEG8282
Caenogastropoda	<i>S. cymba</i>	PEMAR_I2419	<i>E. fusca</i>	88.74	Gastropoda (clase)	91.90	AEG8282
Caenogastropoda	<i>S. cymba</i>	PEMAR_I2420	<i>C. aleutica</i>	88.89	Gastropoda (clase)	91.74	AEG8282
Caenogastropoda	<i>S. cymba</i>	PEMAR_I2421	<i>E. fusca</i>	89.04	Gastropoda (clase)	91.90	AEG8282
Caenogastropoda	<i>Solenosteira fusiformis</i>	PEMAR_I0127	<i>S. macrospira</i>	91.79	<i>S. macrospira</i>	91.67	AEG8122
Caenogastropoda	<i>S. fusiformis</i>	PEMAR_I0128	<i>S. macrospira</i>	91.30	<i>S. macrospira</i>	91.21	AEG8122
Caenogastropoda	<i>S. fusiformis</i>	PeMar_I0129	<i>S. macrospira</i>	91.82	<i>S. fusiformis</i>	99.84**	AEG8122
Caenogastropoda	<i>S. fusiformis</i>	PeMar_I0130	<i>S. macrospira</i>	91.74	<i>S. fusiformis</i>	99.34**	AEG8122

*: Porcentajes > a 99% en GenBank.

** : Porcentajes > a 99% en BOLD.

Continúa...

Tabla 14. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Caenogastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD (continuación).

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Caenogastropoda	<i>Stramonita biserialis</i>	PEMAR_I0361	<i>S. delessertiana</i>	99.02*	<i>S. delessertiana</i>	99.01**	ACH2558
Caenogastropoda	<i>S. biserialis</i>	PEMAR_I0697	<i>S. delessertiana</i>	99.67*	<i>S. delessertiana</i>	99.67**	ACH2558
Caenogastropoda	<i>S. biserialis</i>	PEMAR_I0698	<i>S. delessertiana</i>	99.18*	<i>S. delessertiana</i>	99.18**	ACH2558
Caenogastropoda	<i>Stramonita biserialis</i>	PEMAR_I0699	<i>S. delessertiana</i>	99.35*	<i>S. delessertiana</i>	99.34**	ACH2558
Caenogastropoda	<i>S. biserialis</i>	PEMAR_I0700	<i>S. delessertiana</i>	98.86	<i>S. delessertiana</i>	98.85	ACH2558
Caenogastropoda	<i>S. biserialis</i>	PEMAR_I0701	<i>S. delessertiana</i>	98.69	<i>S. delessertiana</i>	98.69	ACH2558
Caenogastropoda	<i>S. biserialis</i>	PEMAR_I2124	<i>S. delessertiana</i>	99.33*	<i>S. biserialis</i>	99.37**	ACH2558
Caenogastropoda	<i>S. biserialis</i>	PEMAR_I2125	<i>S. delessertiana</i>	98.67	<i>S. biserialis</i>	98.75	ACH2558
Caenogastropoda	<i>S. biserialis</i>	PEMAR_I2575	<i>S. delessertiana</i>	98.45	<i>S. biserialis</i>	98.49	ACH2558
Caenogastropoda	<i>S. biserialis</i>	PEMAR_I2577	<i>S. delessertiana</i>	98.96	<i>S. biserialis</i>	99.00**	ACH2558
Caenogastropoda	<i>Thaisella chocolata</i>	PEMAR_I0171	<i>T. chocolata</i>	98.33	<i>T. chocolata</i>	98.32	ACH3302
Caenogastropoda	<i>T. chocolata</i>	PEMAR_I0175	<i>T. chocolata</i>	98.48	<i>T. chocolata</i>	98.94	ACH3302
Caenogastropoda	<i>T. chocolata</i>	PEMAR_I0817	<i>T. chocolata</i>	97.86	<i>T. chocolata</i>	97.86	ACH3302
Caenogastropoda	<i>T. chocolata</i>	PEMAR_I0868	<i>T. chocolata</i>	99.39*	<i>T. chocolata</i>	99.39**	ACH3302
Caenogastropoda	<i>T. chocolata</i>	PEMAR_I1752	<i>T. chocolata</i>	98.01	<i>T. chocolata</i>	99.31**	ACH3302
Caenogastropoda	<i>T. chocolata</i>	PEMAR_I1753	<i>T. chocolata</i>	97.85	<i>T. chocolata</i>	98.61	ACH3302
Caenogastropoda	<i>T. chocolata</i>	PEMAR_I1754	<i>T. chocolata</i>	98.48	<i>T. chocolata</i>	98.47	ACH3302
Caenogastropoda	<i>T. kiosquiformis</i>	PEMAR_I1646	<i>T. kiosquiformis</i>	99.24*	<i>T. kiosquiformis</i>	99.24**	ACB7122
Caenogastropoda	<i>T. kiosquiformis</i>	PEMAR_I1649	<i>T. kiosquiformis</i>	98.93	<i>T. kiosquiformis</i>	98.93	ACB7122
Caenogastropoda	<i>T. kiosquiformis</i>	PEMAR_I1650	<i>T. kiosquiformis</i>	99.24*	<i>T. kiosquiformis</i>	99.24**	ACB7122
Caenogastropoda	<i>T. kiosquiformis</i>	PEMAR_I1652	<i>T. kiosquiformis</i>	98.93	<i>T. kiosquiformis</i>	98.93	ACB7122

*: Porcentajes > a 99% en GenBank.

** : Porcentajes > a 99% en BOLD.

Continúa...

Tabla 14. Identificación de las secuencias de gasterópodos marinos de la subclase Caenogastropoda según las bases de datos GenBank y BOLD (continuación).

Subclase	Designación nominal	Código	GenBank		BOLD		BIN
			Especie	ID (%)	Especie	ID (%)	
Caenogastropoda	<i>T. kiosquiformis</i>	PEMAR_I1654	<i>T. kiosquiformis</i>	99.19*	<i>T. kiosquiformis</i>	99.02**	ACB7122
Caenogastropoda	<i>Trochita trochiformis</i>	PEMAR_I2579	<i>T. calyptraeformis</i>	95.39	<i>T. calyptraeformis</i>	95.38	AEH7086
Caenogastropoda	<i>Trochomodulus catenulatus</i>	PEMAR_I1597	<i>Alia carinata</i>	84.46	<i>A. carinata</i>	84.81	AEG2974
Caenogastropoda	<i>T. catenulatus</i>	PEMAR_I1598	<i>Alia carinata</i>	84.46	<i>A. carinata</i>	84.81	AEG2974
Caenogastropoda	<i>T. catenulatus</i>	PEMAR_I1599	<i>A. carinata</i>	84.46	<i>A. carinata</i>	84.81	AEG2974
Caenogastropoda	<i>T. catenulatus</i>	PEMAR_I1600	<i>A. carinata</i>	84.44	<i>A. carinata</i>	84.72	AEG2974
Caenogastropoda	<i>T. catenulatus</i>	PEMAR_I1602	<i>A. carinata</i>	84.46	<i>A. carinata</i>	84.81	AEG2974
Caenogastropoda	<i>Xanthochorus cassidiformis</i>	PEMAR_I0131	<i>X. cassidiformis</i>	98.93	<i>X. cassidiformis</i>	99.08**	ACQ2927
Caenogastropoda	<i>X. cassidiformis</i>	PEMAR_I0881	<i>X. cassidiformis</i>	99.08*	<i>X. cassidiformis</i>	99.23**	ACQ2927
Caenogastropoda	<i>X. buxeus</i>	PEMAR_I2433	<i>X. cassidiformis</i>	97.62	<i>X. cassidiformis</i>	97.62	ACQ2927
Caenogastropoda	<i>X. buxeus</i>	PEMAR_I2434	<i>X. cassidiformis</i>	97.61	<i>X. cassidiformis</i>	97.00	ACQ2927
Caenogastropoda	<i>X. buxeus</i>	PEMAR_I2435	<i>X. cassidiformis</i>	97.40	<i>X. cassidiformis</i>	96.53	ACQ2927
Caenogastropoda	<i>X. buxeus</i>	PEMAR_I2437	<i>X. cassidiformis</i>	97.00	<i>X. cassidiformis</i>	96.84	ACQ2927
Caenogastropoda	<i>X. buxeus</i>	PEMAR_I2580	<i>X. cassidiformis</i>	97.56	<i>X. buxea</i>	99.81**	ACQ2927

*: Porcentajes > a 99% en GenBank.

** : Porcentajes > a 99% en BOLD.

5.1.2. Definición de las agrupaciones de las secuencias de gasterópodos marinos (MOTU's) mediante métodos de delimitación de especies y sus distancias genéticas interespecíficas e intraespecíficas.

El alineamiento múltiple de las matrices de las subclases Patellogastropoda, Vetigastropoda, Neritimorpha Caenogastropoda y Heterobranchia dio como resultado 534 pares de bases en cada una, con 204, 215, 76, 236 y 218 sitios informativos, respectivamente. Además, se agregaron secuencias de un fragmento del gen *COI* de dos especies de la subclase Patellogastropoda, dos especies de la subclase Vetigastropoda, una de la subclase Neritimorpha, diez de la subclase Caenogastropoda y una de la subclase Heterobranchia, disponibles en BOLD y GenBank (Anexo 1), con motivo de dar robustez al árbol filogenético y apoyar a la definición de los MOTUs generados por los análisis PTP, bPTP, GMYC y BIN.

Por otro lado, en los análisis de distancias se obtuvieron valores en porcentaje de las distancias medias intraespecíficas, máximas intraespecíficas, y las distancias mínimas interespecíficas de los MOTUs generados, así como su vecino más cercano (NN). Además de ello, se realizó el análisis de distancias genéticas teniendo en cuenta solo la designación nominal de las especies.

5.1.2.1. Delimitación de especies y distancias genéticas en la subclase Patellogastropoda

La matriz de la subclase Patellogastropoda, estuvo conformada por las especies nominales *Lottia orbigny*, *Scurria ceciliana*, *S. variabilis* y *S. viridula*. Entre ellas, la especie nominal *Lottia orbigny* fue la única que presentó congruencia entre el MOTU generado por los métodos de delimitación de especies y su designación nominal, por lo que representó el 25% del total de especies en la subclase (Figura 16; Tabla 26).

En el caso de las tres especies nominales del género *Scurria*, los análisis PTP, bPTP, GMYC y BIN fueron concordantes entre sí, pero discreparon con la designación nominal, por lo que resultaron en tres MOTUs. De esta manera, las secuencias de la especie nominal *S. variabilis* formaron dos MOTU's diferentes, de forma que sus secuencias PEMAR_I2117 y PEMAR_I2119 se unieron con la secuencia PEMAR_I0713 de la especie nominal *S. ceciliana* resultando en un MOTU; mientras que su secuencia PEMAR_I0303 se unió con la secuencia de la especie nominal *S. viridula* para formar el otro MOTU (Figura 16).

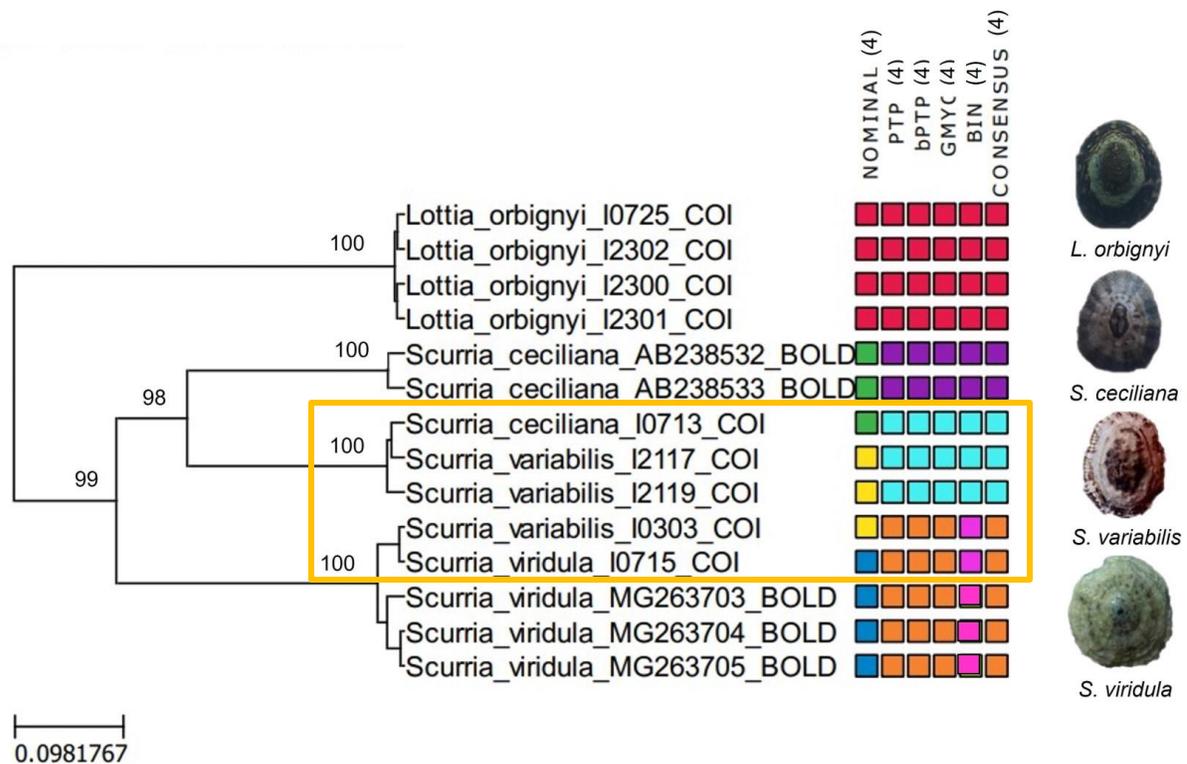


Figura 16. Árbol bayesiano de la matriz Patellogastropoda. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas. Secuencias enmarcadas: no coincidencia entre MOTU y designación nominal.

Para los análisis de distancias de la matriz de la subclase Patellogastropoda, la media general de las distancias intra-MOTU fue de 0.54%, la distancia máxima intra-MOTU fue de 1.13% (*S. cecilians* - BOLD) y la media de las distancias inter-MOTU fue de 31.29% (Tabla 15); mientras que sus valores mínimos y máximos de las distancias interespecífica fue de 21.45% y 36.94%, respectivamente (Tabla 15).

Tabla 15. Distancias generales intra e inter – MOTU’s de las especies de gasterópodos de la subclase Patellogastropoda.

Subclase Patellogastropoda			
	Mínima	Media	Máxima
Intra - MOTU	0.0	0.54	1.13
Inter - MOTU	21.45	31.29	36.94

Valores dados en porcentajes (%).

Referente a las distancias genéticas intraespecíficas e interespecíficas de los MOTUs generados (Tabla 16), éstos apoyaron al MOTU *S. variabilis* – *S. ceciliana* cuya distancia máxima intraespecífica fue de 0.56%, y al MOTU *S. variabilis* – *S. viridula* que tuvo 1.13% de distancia máxima intraespecífica (Tabla 16), demostrando que cada MOTU correspondería a una especie.

Asimismo, las distancias genéticas de las especies nominales analizadas, resultó que la máxima distancia intraespecífica fue de 27.26% correspondiente a *S. variabilis* (Tabla 16), cuyo alto porcentaje entre sus especímenes, demuestra que no se trata de una especie y apoya a la formación de los MOTUs para esta especie.

Tabla 16. Distancias genéticas K2P de los MOTUs generados por los análisis PTP, bPTP y GMYC de las especies de gasterópodos de la subclase Patellogastropoda.

Subclase Patellogastropoda				
PTP, bPTP y GMYC MOTUs	Mean Intra.	Max Intra.	NN	Min Inter.
<i>Lottia orbigny</i>	0.0	0.0	<i>Scurria ceciliana</i>	32.80
<i>Scurria ceciliana</i> (BOLD)	1.13	1.13	<i>Scurria variabilis</i>	21.45
<i>Scurria ceciliana</i> (PEMAR_I0713) – <i>Scurria variabilis</i> (PEMAR_I2117, PEAR_I2119)	0.50	0.56	<i>Scurria ceciliana</i> (BOLD)	21.45
<i>Scurria variabilis</i> (PEMAR_I0303) – <i>Scurria viridula</i>	0.83	1.13	<i>Scurria variabilis</i> (PEMAR_I2119)	26.36
Nominal	Mean Intra.	Max Intra.	NN	Min Inter.
<i>Scurria ceciliana</i>	14.86	21.72	<i>Scurria variabilis</i> (PEMAR_I2117)	0.37
<i>Scurria variabilis</i>	18.17	27.26	<i>Scurria viridula</i> (PEMAR_I0715)	0.0
<i>Scurria viridula</i>	0.81	1.13	<i>Scurria variabilis</i> (PEMAR_I0303)	0.0

-: No posee distancia intraespecífica por ser secuencia única. PTP (Poisson Tree Processes), bPTP (The Bayesian Implementation of the Poisson Tree Processes), GMYC (Generalized Mixed Yule Coalescent), NN (vecino más cercano).

Asimismo, las distancias intra e inter específicas en la subclase Patellogastropoda confirman la existencia de un *barcode gap* mediante diagramas de dispersión (Figura 17), lo cual apoya la formación de los MOTUs.

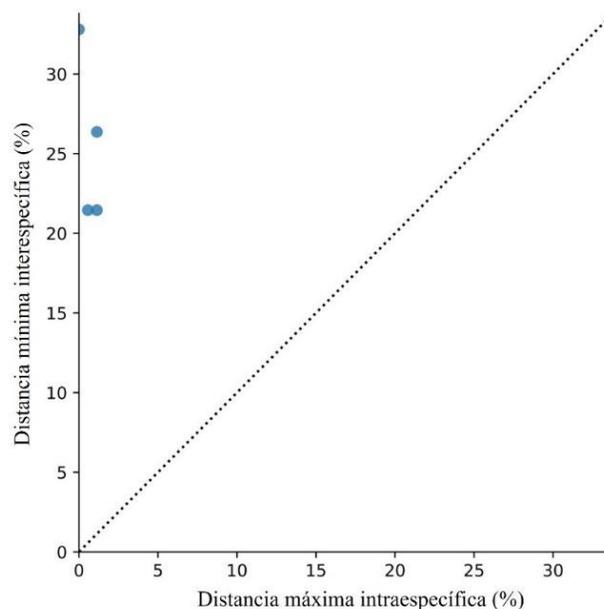


Figura 17. Análisis del *barcode gap* de especies de la subclase Patellogastropoda. Los puntos por encima de la línea punteada representan que la mínima distancia interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.

5.1.2.2. Delimitación de especies y distancias genéticas en la subclase Vetigastropoda.

Para la matriz de la subclase Vetigastropoda, compuesta por siete especies nominales, las secuencias de la especie nominal *Tegula verrucosa*, la cual representó el 14.29% del total de especies (Tabla 26), demostró congruencia entre los análisis de delimitación de especies y su designación nominal (Fig. 18), lo cual reafirmó su identidad taxonómica.

Sin embargo, las especies nominales *Fissurella asperella*, *F. virescens*, *Prisogaster niger*, *Tegula atra*, *T. luctuosa* y *T. euryomphala*, tuvieron concordancia con los seis BINs que establece el BOLD System (Fig. 18); pero, discreparon con los análisis PTP, bPTP y GMYC que los dividen en siete MOTUs, debido a que las especies nominales *Fissurella asperella* y *Prisogaster niger*, formaron dos MOTUs cada una (Fig. 18), mientras que *Tegula luctuosa*, *T. euryomphala* y *T. atra* (PEMAR_I0878, PEMAR_I0879), formaron un solo MOTU en todos los análisis (Fig. 18).

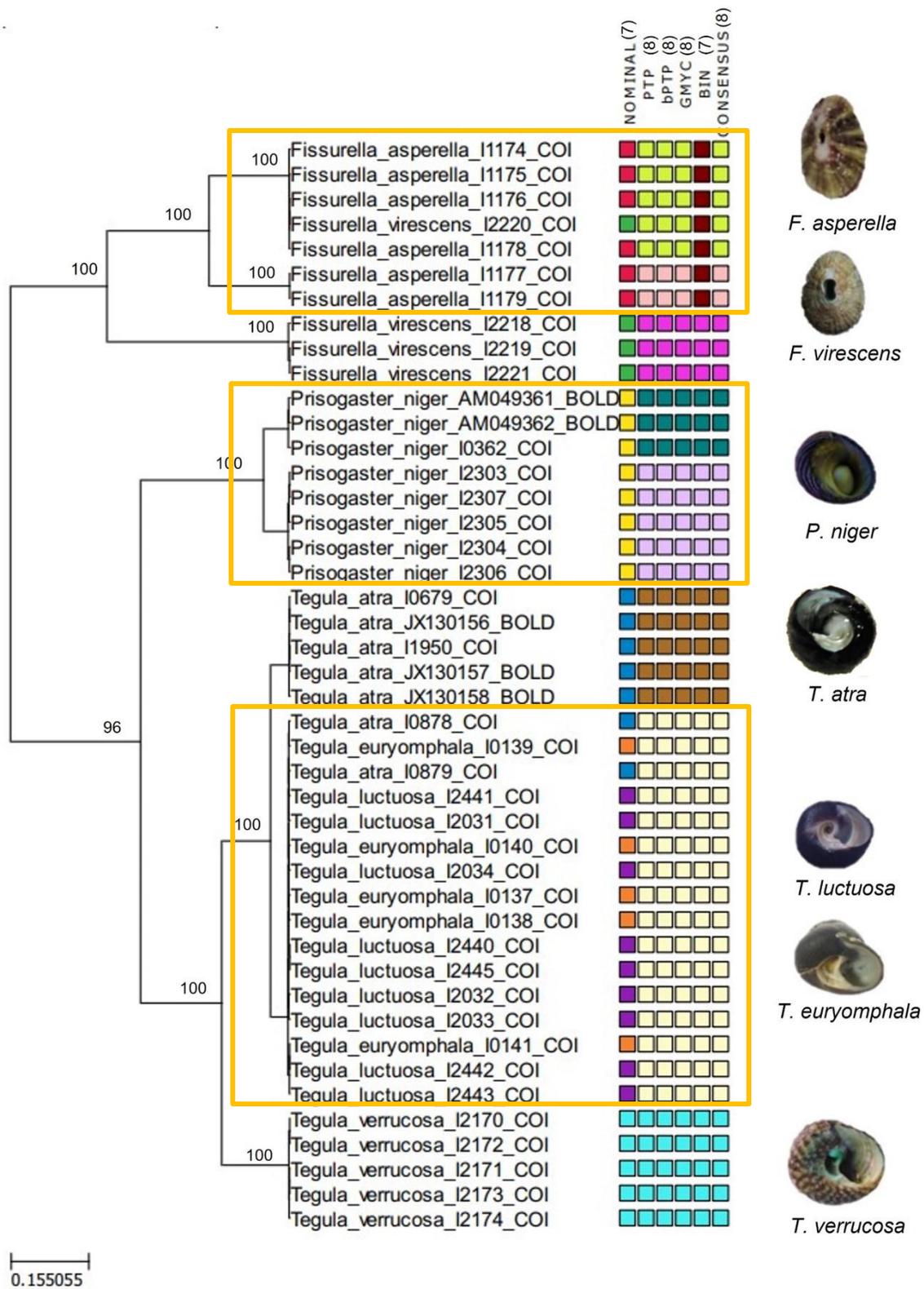


Figura 18. Árbol bayesiano de la matriz Vetigastropoda. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas. Secuencias enmarcadas: no coincidencia entre MOTU y designación nominal.

La media general de las distancias intra-MOTU de la subclase Vetigastropoda fue de 0.25%, la distancia máxima intra-MOTU fue de 0.94% (*P. niger*) y la media de las distancias inter-MOTU fue de 23.46% (Tabla 17); mientras que los valores mínimos y máximos de las distancias interespecífica fueron de 6.99% y 35.63%, respectivamente (Tabla 17).

Tabla 17. Distancias generales intra e inter – MOTU’s de las especies de gasterópodos de la subclase Vetigastropoda.

Subclase Vetigastropoda			
	Mínima	Media	Máxima
Intra - MOTU	0.0	0.25	0.94
Inter - MOTU	6.99	23.46	35.63

Valores dados en porcentajes (%).

Las distancias intraespecíficas e interespecíficas en la subclase Vetigastropoda, fueron congruentes con los MOTUs generados; mostrando, en los dos MOTUs de *P. niger* un bajo porcentaje intraespecífico (0.75% - 0.94%) y un alto porcentaje interespecífico (7.63%) (Tabla 18). Estos valores se encuentran apoyados al tomar la distancia máxima intraespecífica (8.72%) de la especie nominal *P. niger*, cuyo valor se consideró elevado para ser de una sola especie (Tabla 18), de modo que se reafirmó la formación de los dos MOTUs.

Caso similar ocurrió con los dos MOTUs de *F. asperella*, cuyas distancias intraespecíficas fueron de 0.18% - 0.0% y su distancia interespecífica fue de 18.27% en ambos MOTUs (Tabla 18). Así mismo, la distancia máxima intraespecífica de 18.53% de la especie nominal, al considerarse alto para una sola especie, demostró que entre los especímenes de *F. asperella* cabe la existencia de más de una especie (Tabla 18).

Para el gran MOTU formado por *T. luctuosa*, *T. euryomphla* y *T. atra* (PEMAR_I0878, PEAR_I0879) su distancia máxima intraespecífica (0.94%) nos indicó que se refiere a una especie (Tabla 18), el cual fue apoyado por las distancias mínimas interespecíficas de las especies nominales *T. luctuosa*, *T. euryomphla* y *T. atra*, que fue de 0.0% (Tabla 18), demostrando que los especímenes de las tres especies del género *Tegula*, solo se refieren a una sola.

Tabla 18. Distancias genéticas K2P de los MOTUs generados por los análisis PTP, bPTP y GMYC de las especies de gasterópodos de la subclase Vetigastropoda.

Subclase Vetigastropoda				
PTP, bPTP y GMYC MOTUs	Mean Intra.	Max Intra.	NN	Min Inter.
<i>Fissurella virescens</i> (PEMAR_I I2218, I2219, I2221)	0.37	0.56	<i>Fissurella asperella</i>	22.64
<i>Fissurella asperella</i> (PEMAR_I1174, I1175, I1176, I1178) – <i>F. virescens</i> (PEMAR_I2220)	0.07	0.18	<i>Fissurella asperella</i> (PEMAR_I1177)	18.27
<i>Fissurella asperella</i> (PEMAR_I1177, I1179)	0.0	0.0	<i>Fissurella asperella</i> (PEMAR_I1174)	18.27
<i>Prisogaster niger</i> (PEMAR_I0362, AM049361_BOLD, AM049362_BOLD)	0.50	0.75	<i>Prisogaster niger</i> (PEMAR_I2306)	7.63
<i>Prisogaster niger</i> (PEMAR_I2303, PEMAR_I2304, PEMAR_I2305, PEMAR_I2306, PEMAR_I2307)	0.48	0.94	<i>Prisogaster niger</i> (AM049362_BOLD)	7.63
<i>Tegula atra</i> (PEMAR_I0679, PEMAR_I1950, JX130156_BOLD, JX130157_BOLD, JX130158_BOLD)	0.07	0.18	<i>Tegula atra</i> (PEMAR_I0878)	6.99
<i>Tegula atra</i> (PEMAR_I0878, PEMAR_I0879) – <i>Tegula euryomphala</i> – <i>Tegula luctuosa</i>	0.26	0.94	<i>Tegula atra</i> (JX130158_BOLD)	6.99
<i>Tegula verucosa</i>	0.18	0.37	<i>Tegula luctuosa</i>	15.58
Nominal	Mean Intra.	Max Intra.	NN	Min Inter.
<i>Fissurella virescens</i>	13.45	26.62	<i>Fissurella asperella</i> (PEMAR_I1175)	0.0
<i>Fissurella asperella</i>	9.88	18.53	<i>Fissurella virescens</i> (PEMAR_I2220)	0.0
<i>Prisogaster niger</i>	4.63	8.72	<i>Tegula verrucosa</i> (PEMAR_I2174)	19.80
<i>Tegula atra</i>	3.45	7.21	<i>Tegula euryomphala</i> (PEMAR_I0137)	0.0
<i>Tegula euryomphala</i>	0.15	0.37	<i>Tegula atra</i> (PEMAR_I0878)	0.0
<i>Tegula luctuosa</i>	0.38	0.94	<i>Tegula atra</i> (PEMAR_I0878)	0.0

–: No posee distancia intraespecífica por ser secuencia única. PTP (Poisson Tree Processes), bptp (The Bayesian Implementation of the Poisson Tree Processes), GMYC (Generalized Mixed Yule Coalescent), NN (vecino más cercano).

Además, el gráfico de la distancia máxima intraespecífica vs la distancia mínima interespecífica de la subclase Vetigastropoda, confirman la existencia de un *barcode gap*, lo cual facilitó identificar los MOTUs y asegurar su formación (Fig. 19).

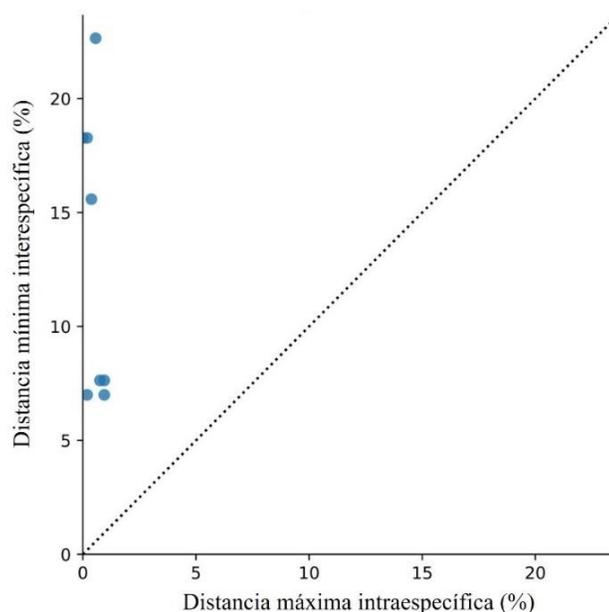


Figura 19. Análisis del *barcode gap* de especies de la subclase Vetigastropoda. Los puntos por encima de la línea punteada representan que la mínima distancia interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.

5.1.2.3. Delimitación de especies y distancias genéticas en la subclase Neritimorpha.

La subclase Neritimorpha estuvo formada por la especie nominal *Theodoxus luteofasciatus* y por secuencias conocidas de *Theodoxus danubialis* provenientes de la plataforma BOLD. El análisis de delimitación de especies PTP, bPTP, además del BIN arrojaron dos MOTUs conforme a las dos especies nominales (Fig. 20); sin embargo, el análisis GMYC dio como resultado tres MOTUs, haciendo que la secuencia PEMAR_I1433 de la especie nominal *T. luteofasciatus* forme un MOTU diferente al resto de las secuencias (Fig. 20). Sin embargo, el análisis consenso, lo define como dos MOTUs correspondiente a las dos especies nominales (Fig. 20). Ello representó un 100% de éxito en la congruencia entre el MOTU generado y su designación nominal en la subclase Neritimorpha (Tabla 26).

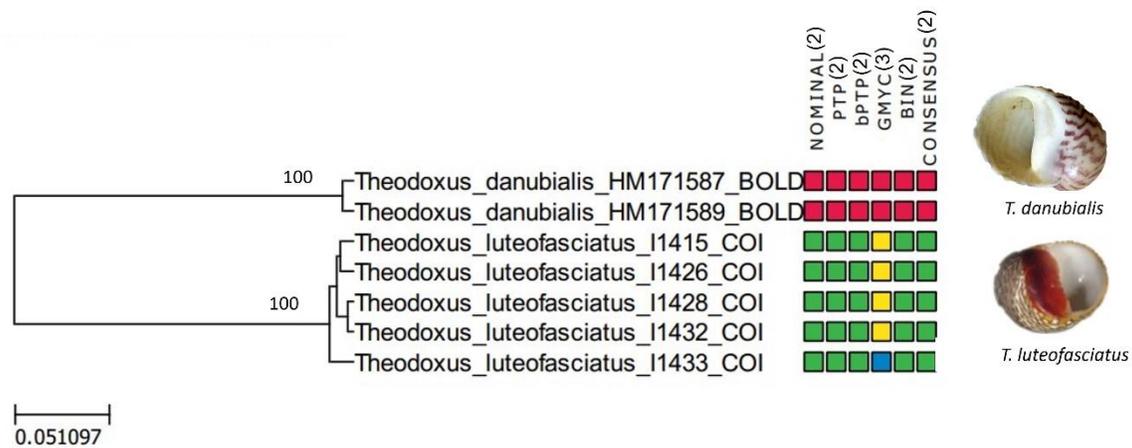


Figura 20. Árbol bayesiano de la matriz Neritimorpha. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas.

Asimismo, los bajos porcentajes de las distancias intraespecíficas (0.56% y 1.32%) y altos porcentajes de las distancias interespecíficas (15.90%) (Tabla 19), demostraron coherencia con los dos MOTUs generados, lo que consolida la identificación taxonómica de la especie registrada para la subclase Neritimorpha.

Tabla 19. Distancias genéticas K2P de los MOTUs generados por los análisis PTP, bPTP y GMYC de las especies de gasterópodos de la subclase Neritimorpha.

Subclase Neritimorpha				
PTP, bPTP y GMYC MOTUs	Mean	Max	NN	Min
	Intra.	Intra.		Inter.
<i>Theodoxus danubialis (BOLD)</i>	0.56	0.56	<i>Theodoxus luteofasciata</i>	15.90
<i>Theodoxus luteofasciata</i>	0.71	1.32	<i>Theodoxus danubialis (BOLD)</i>	15.90

-: No posee distancia intraespecífica por ser secuencia única. PTP (Poisson Tree Processes), bptp (The Bayesian Implementation of the Poisson Tree Processes), GMYC (Generalized Mixed Yule Coalescent), NN (vecino más cercano).

La media general de las distancias intra-MOTU de la subclase Neritimorpha fue de 0.70%, la distancia máxima intra-MOTU fue de 1.32% (*Theodoxus luteofasciata*) y la media de las distancias inter-MOTU fue de 16.33% (Tabla 20); mientras que los valores mínimos y máximos de las distancias interespecífica fue de 15.90% y 16.86%, respectivamente (Tabla 20).

Tabla 20. Distancias generales intra e inter – MOTU’s de las especies de gasterópodos de la subclase Neritimorpha.

Subclase Neritimorpha			
	Mínima	Media	Máxima
Intra - MOTU	0.18	0.70	1.32
Inter - MOTU	15.90	16.33	16.86

Valores dados en porcentajes (%).

De igual manera, los datos de la distancia máxima intraespecífica vs la distancia mínima interespecífica de la subclase Neritimorpha, confirman la existencia de un *barcode gap*, lo cual facilitó identificar los MOTUs mediante sus distancias del gen *COI* (Fig. 21).

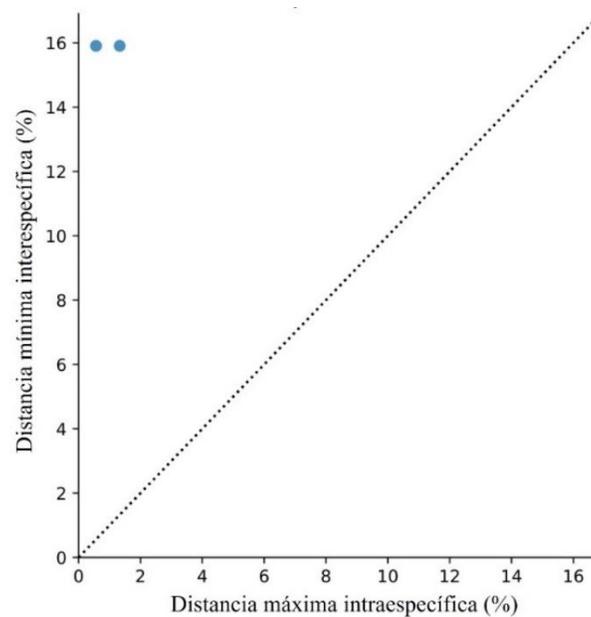


Figura 21. Análisis del *barcode gap* de especies de la subclase Neritimorpha. Los puntos por encima de la línea punteada representan que la mínima distancia interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.

5.1.2.4. Delimitación de especies y distancias genéticas en la subclase Caenogastropoda.

La matriz de la subclase Caenogastropoda, estuvo integrada por 40 especies, 36 de las cuales fueron congruentes con los MOTUs generados por los análisis de delimitación de especies para cada una de ellas (Tabla 21), lo que significó que el 87.5% del total de especies descritas, reafirme su identificación con base en sus caracteres morfológicos (Tabla 26).

Sin embargo, se evidenció especies nominales como *Crepipatella dilatata* y *C. peruviana* cuyos análisis de delimitación de especies (PTP, bPTP, GMYC y BIN) discreparon con sus designaciones nominales, dando como resultado un MOTU conformado por las secuencias de ambas, refiriéndolas como una especie (Fig. 22). El MOTU fue apoyado por sus distancias intraespecífica e interespecífica (0.94% - 17.29%) (Tabla 22). Asimismo, al tomar las distancias mínimas interespecíficas de las especies nominales *C. dilatata* y *C. peruviana*, resultó en 0.0% en ambas (Tabla 22), afirmándose que solo es una especie y respalda el MOTU generado por los análisis de delimitación de especies.

Caso similar, fueron con las secuencias de *Xanthochorus buxeus* y *X. cassidiformis*, cuyos análisis de delimitación de especies determinan un MOTU (Fig. 22) y difiere a lo que establece su identificación morfológica. Asimismo, su distancia intraespecífica fue de 2.68% y su distancia interespecífica fue de 13.95% (Tabla 22), siendo estos valores aceptados para considerarse una especie, por tanto, se reafirma la formación el MOTU obtenido de los análisis de delimitación de especies. De igual manera, los resultados obtenidos se respaldaron por la distancia nominal interespecífica de ambas especies (2.10%) (Tabla 22), el cual se consideró bajo para referirse a dos especies diferentes.

En el caso de la especie nominal *Crucibulum scutellatum*, los análisis PTP, bPTP, GMYC y BIN arrojaron dos MOTUs para sus secuencias, indicando la existencia de dos especies en las secuencias de *Crucibulum scutellatum* (Fig. 22), con características morfológicas muy parecidas. Las distancias intraespecíficas de los MOTUs generados fueron de 1.51% y 0.94% (Tabla 22), mientras que su distancia interespecífica fue de 9.62% en ambos MOTUs (Tabla 22), confirmando la correcta formación de los mismos. Igualmente, se analizó las distancias nominales intraespecífica de *C. scutellatum*, el cual fue de 10.30% (Tabla 22), encontrándose alto para referirse a una especie y por consiguiente, respaldó a los MOTUs generados.

Tabla 21. Especies nominales congruentes con los MOTUs generados por PTP, bPTP, GMYC y BIN.

Subclase	Orden	Designación nominal	N° de secuencias	N° de MOTUs en PTP, bPTP, GMYC y BIN
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Crossata ventricosa</i>	8	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Marsupina nana</i>	1	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Bostrycapulus calyptraeiformis</i>	1	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Crepidula onyx</i>	5	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Crucibulum spinosum</i>	5	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Trochita trochiformis</i>	1	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Monoplex wiegmanni</i>	1	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Argobuccinum sp.</i>	1	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Pseudozonaria arabicula</i>	1	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Echinolittorina peruviana</i>	7	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Littoraria fasciata</i>	3	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Littoraria varia</i>	1	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Sinum cymba</i>	7	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Polinices uber</i>	1	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Natica unifasciata</i>	6	1
Caenogastropoda	Littorinimorpha	<i>Malea ringens</i>	2	1
Caenogastropoda	Neogastropoda	<i>Columbella major</i>	1	1
Caenogastropoda	Neogastropoda	<i>Goniofusus spectrum</i>	1	1
Caenogastropoda	Neogastropoda	<i>Prunum curtum</i>	5	1
Caenogastropoda	Rapaninae	<i>Acanthais brevidentata</i>	5	1
Caenogastropoda	Rapaninae	<i>Acanthais callaensis</i>	1	1
Caenogastropoda	Rapaninae	<i>Neorapana muricata</i>	5	1
Caenogastropoda	Rapaninae	<i>Plicopurpura columellaris</i>	2	1
Caenogastropoda	Rapaninae	<i>Stramonita biserialis</i>	10	1
Caenogastropoda	Rapaninae	<i>Thaisella chocolata</i>	7	1
Caenogastropoda	Rapaninae	<i>Thaisella kiosquiformis</i>	5	1
Caenogastropoda	Nassariidae	<i>Nassarius dentifer</i>	7	1
Caenogastropoda	Nassariidae	<i>Phrontis luteostoma</i>	5	1
Caenogastropoda	Olividae	<i>Felicioliva peruviana</i>	6	1
Caenogastropoda	Olividae	<i>Olivella volutella</i>	1	1
Caenogastropoda	Olividae	<i>Olivella columellaris</i>	5	1
Caenogastropoda	Pisaniidae	<i>Solenosteira fusiformis</i>	4	1
Caenogastropoda	Pisaniidae	<i>Gemophos gemmatus</i>	7	1
Caenogastropoda	Pisaniidae	<i>Gemophos janellii</i>	1	1
Caenogastropoda	Modulidae	<i>Trochomodulus catenulatus</i>	5	1

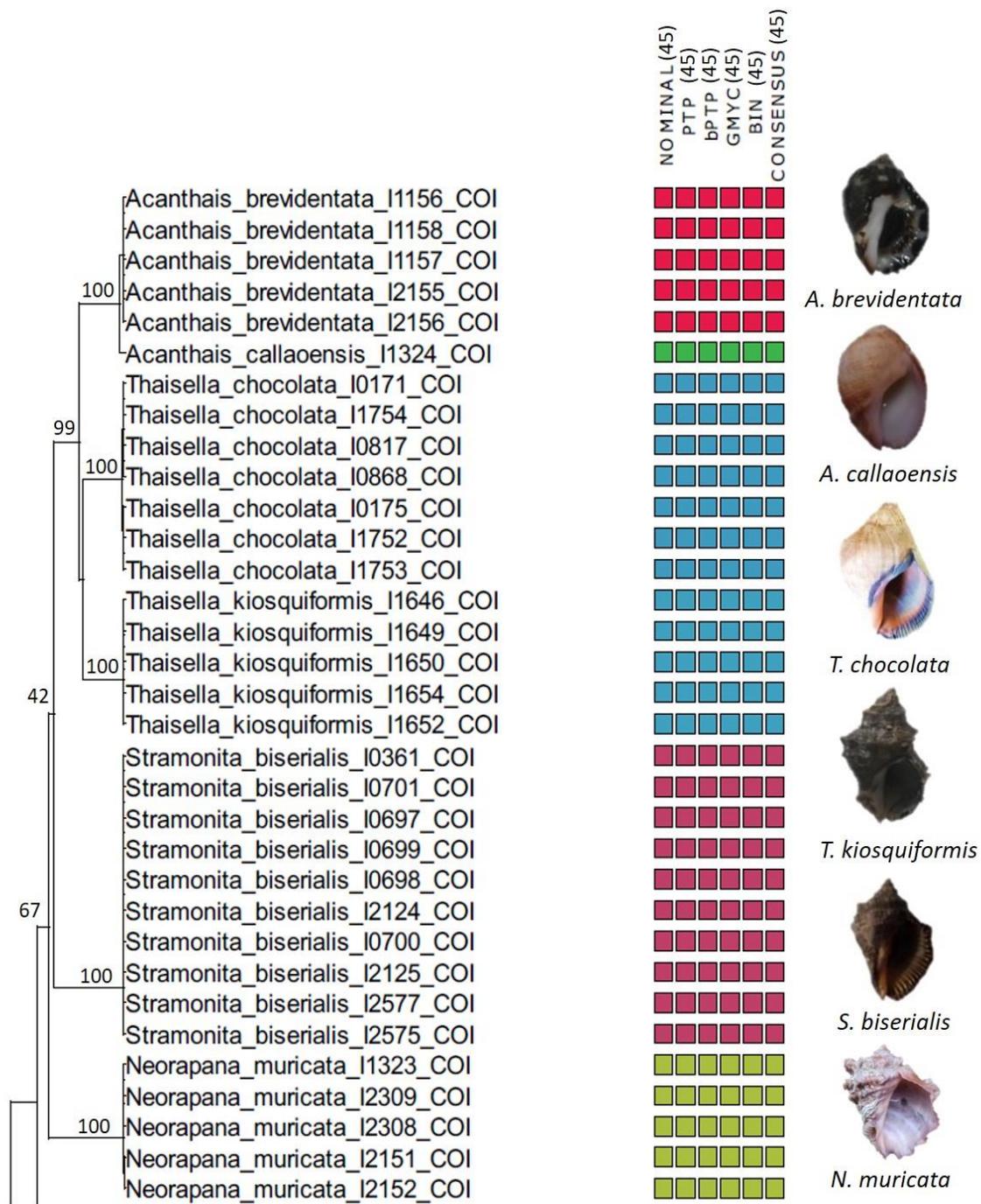


Figura 22. Árbol bayesiano de la matriz Caenogastropoda. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas.

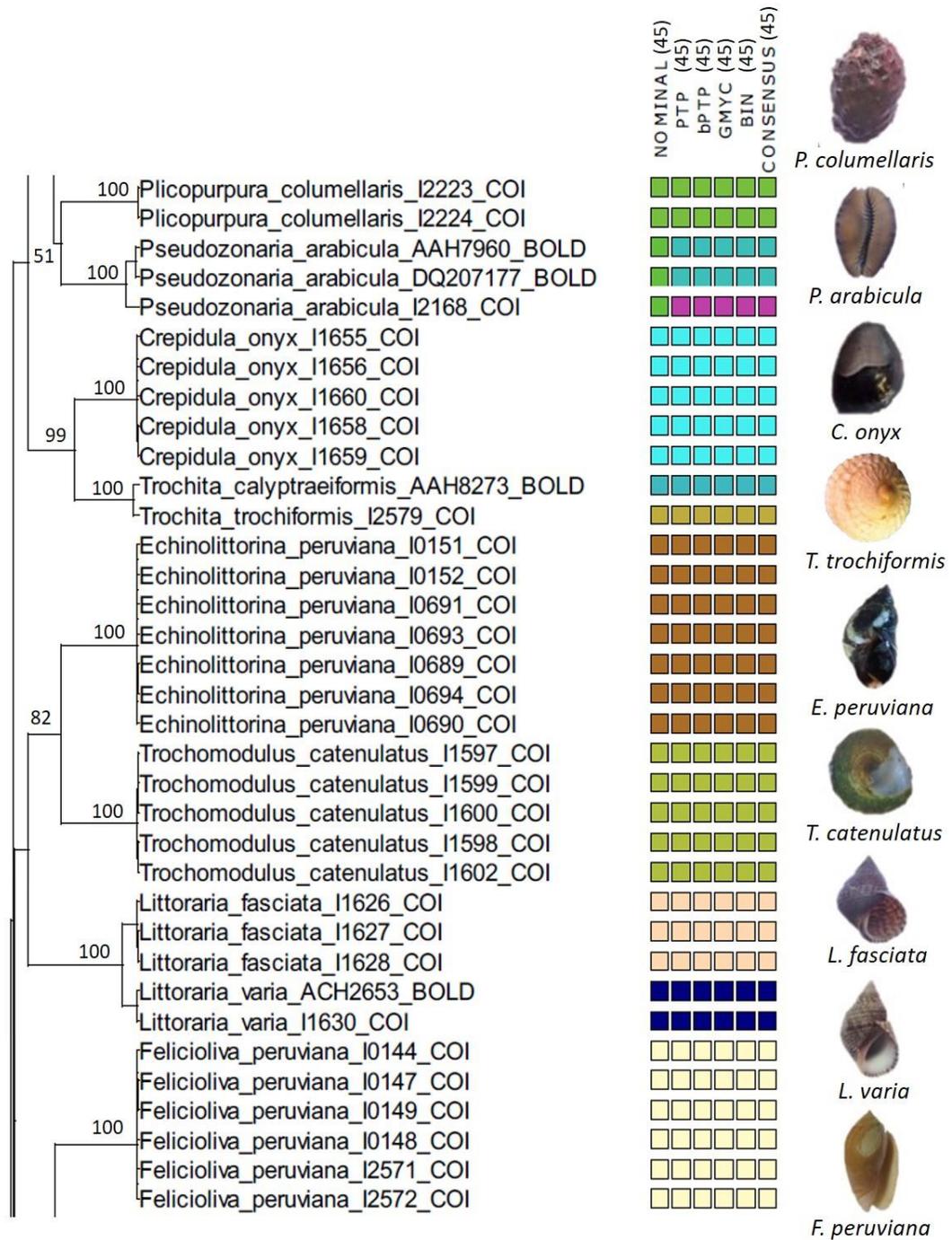


Figura 22. Árbol bayesiano de la matriz Caenogastropoda. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas. (Continuación).

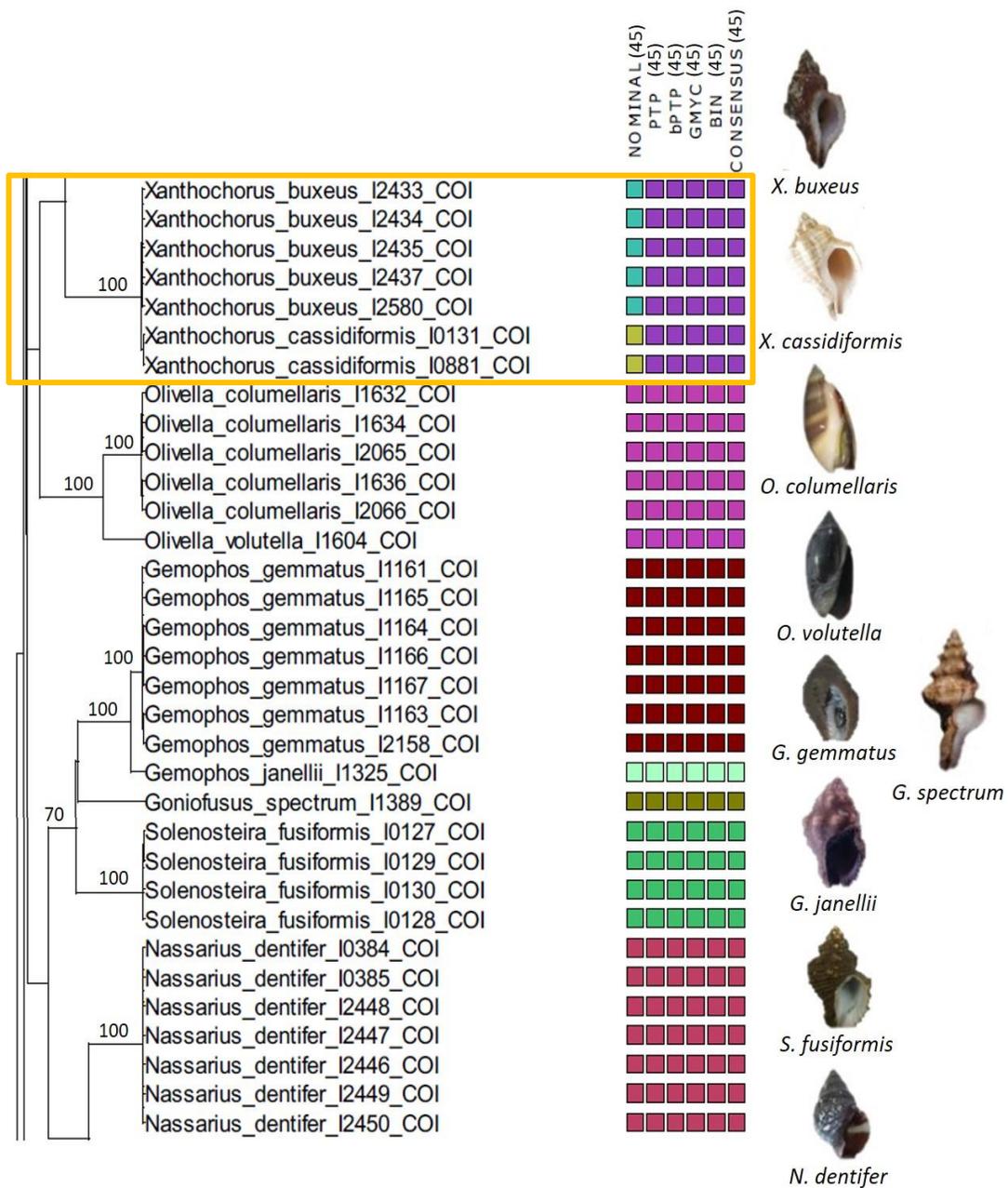


Figura 22. Árbol bayesiano de la matriz Caenogastropoda. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas. Secuencias enmarcadas: no coincidencia entre MOTU y designación nominal (Continuación).

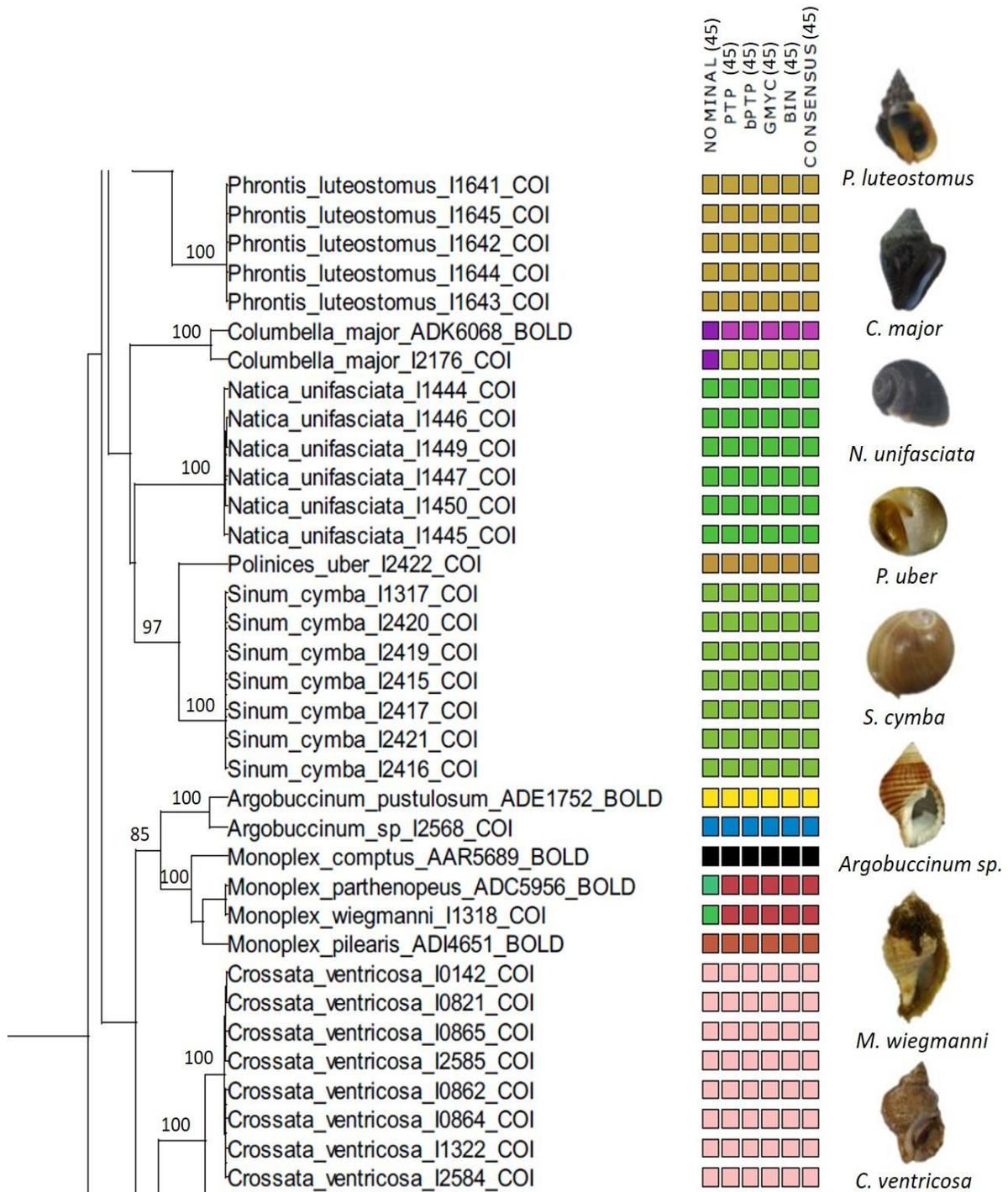


Figura 22. Árbol bayesiano de la matriz Caenogastropoda. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas. (Continuación).

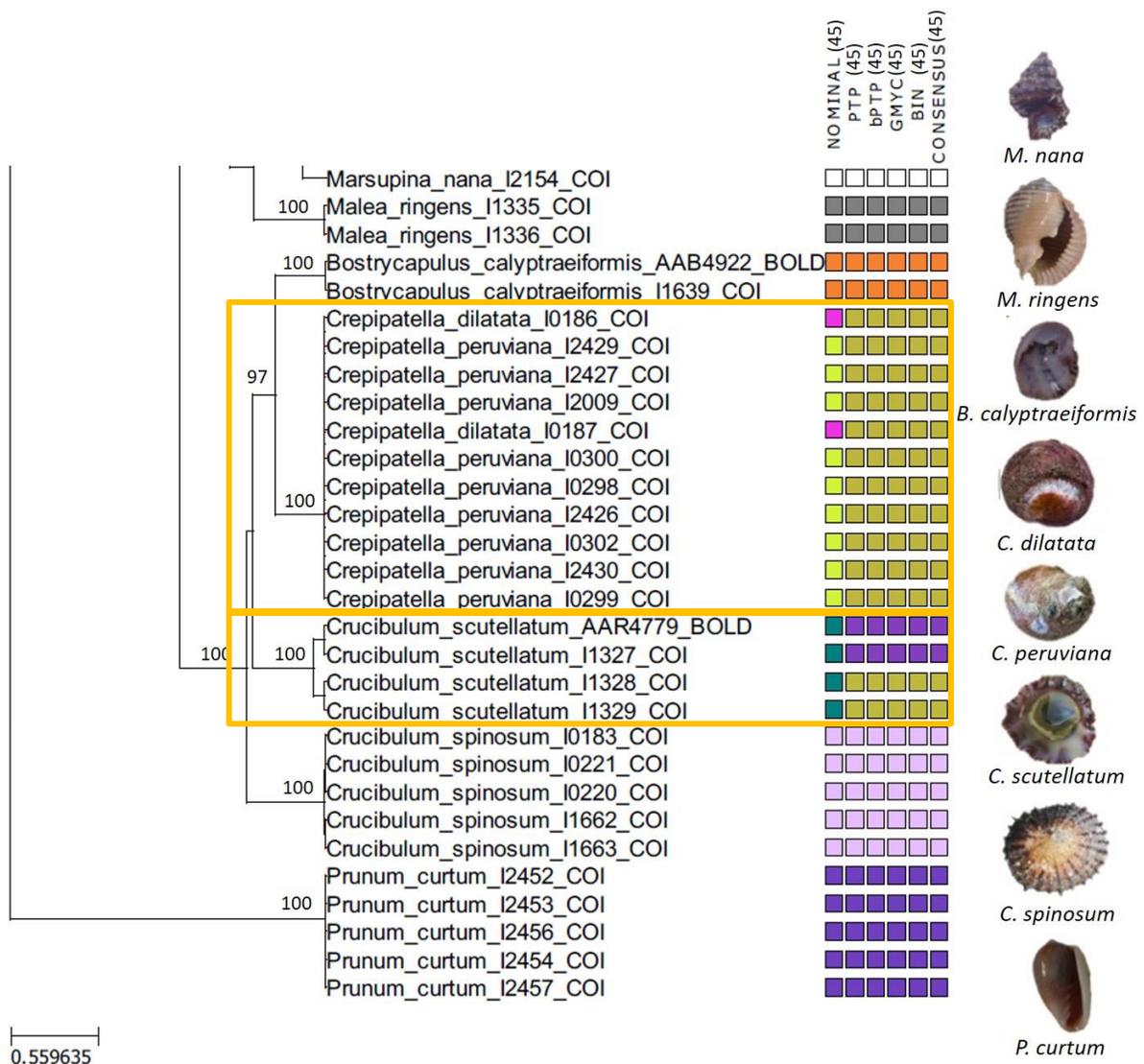


Figura 22. Árbol bayesiano de la matriz Caenogastropoda. Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas. Secuencias enmarcadas: no coincidencia entre MOTU y designación nominal (Continuación).

Por último, respecto a la media general de las distancias intra-MOTUs de la subclase Caenogastropoda, fue de 0.81%, su distancia máxima intra-MOTU fue de 2.88% (*T. chocolata*) y la media de las distancias inter-MOTU fue de 21.94% (Tabla 23); mientras que los valores mínimos y máximos de las distancias interespecífica fueron de 4.29% y 36.98%, respectivamente (Tabla 23).

Tabla 22. Distancias genéticas K2P de los MOTUs generados por los análisis PTP, bPTP y GMYC de las especies de gasterópodos de la subclase Caenogastropoda.

Subclase Caenogastropoda				
PTP, bPTP y GMYC MOTUs	Mean Intra.	Max Intra.	NN	Min Inter.
<i>Acanthais brevidentata</i>	0.90	1.52	<i>Acanthais callaoensis</i>	4.29
<i>Acanthais callaoensis</i>	-	0.0	<i>Acanthais brevidentata</i>	4.29
<i>Argobuccinum pustulosum</i>	-	0.0	<i>Argobuccinum sp.</i>	8.44
<i>Argobuccinum sp.</i>	-	0.0	<i>Argobuccinum pustulosum (BOLD)</i>	8.44
<i>Bostrycapulus calyptraeiformis</i>	0.37	0.37	<i>Crepidatella peruviana</i>	17.29
<i>Crepidula onyx</i>	0.07	0.18	<i>Gemophos gemmatus</i>	16.72
<i>Crossata ventricosa</i>	1.10	2.10	<i>Marsupina nana</i>	10.42
<i>Crucibulum spinosum</i>	0.37	0.75	<i>Crucibulum scutellatum</i>	18.02
<i>Echinolittorina peruviana</i>	0.90	1.51	<i>Polinices uber</i>	16.38
<i>Felicioliva peruviana</i>	0.35	0.75	<i>Xanthochorus buxeus</i>	13.95
<i>Gemophos gemmatus</i>	0.70	1.13	<i>Gemophos janellii</i>	6.73
<i>Gemophos janellii</i>	-	0.0	<i>Gemophos gemmatus</i>	6.73
<i>Goniofusus spectrum</i>	-	0.0	<i>Gemophos janellii</i>	13.78
<i>Littoraria fasciata</i>	0.50	0.75	<i>Littoraria varia</i>	13.58
<i>Littoraria varia</i>	0.56	0.56	<i>Littoraria fasciata</i>	13.58
<i>Malea ringens</i>	0.56	0.56	<i>Natica unifasciata</i>	17.22
<i>Marsupina nana</i>	-	0.0	<i>Crossata ventricosa</i>	10.42
<i>Monoplex comptus (BOLD)</i>	-	0.0	<i>Monoplex paethenopeus (BOLD)</i>	13.27
<i>Monoplex pilearis (BOLD)</i>	-	0.0	<i>Monoplex wiegmanni</i>	11.91
<i>Nassarius dentifer</i>	0.97	1.52	<i>Phrontis luteostomus</i>	15.90
<i>Natica unifasciata</i>	0.93	1.71	<i>Polinices uber</i>	12.41
<i>Neorapana muricata</i>	0.75	1.52	<i>Thaisella kiosquiformis</i>	16.09
<i>Olivella columellaris</i>	1.44	2.10	<i>Olivella volutella</i>	14.85
<i>Olivella volutella</i>	-	0.0	<i>Olivella columellaris</i>	14.85
<i>Phrontis luteostomus</i>	0.0	0.0	<i>Nassarius dentifer</i>	15.90
<i>Plicopurpura columellaris</i>	0.0	0.0	<i>Thaisella kiosquiformis</i>	16.56
<i>Polinices uber</i>	-	0.0	<i>Sinum cymba</i>	11.97
<i>Prunum curtum</i>	0.0	0.0	<i>Polinices uber</i>	22.09
<i>Sinum cymba</i>	0.77	1.32	<i>Polinices uber</i>	11.97
<i>Solenosteira fusiformis</i>	0.59	0.75	<i>Gemophos janellii</i>	14.05
<i>Stramonita biserialis</i>	1.25	2.48	<i>Acanthais brevidentata</i>	14.79
<i>Thaisella chocolata</i>	1.83	2.88	<i>Thaisella kiosquiformis</i>	14.87
<i>Thaisella kiosquiformis</i>	0.79	1.13	<i>Acanthais brevidentata</i>	11.61

<i>Trochita calyptraeiformis</i> (BOLD)	-	0.0	<i>Trochita trochiformis</i>	5.10
<i>Trochita trochiformis</i>	-	0.0	<i>Trochita calyptraeiformis</i> (BOLD)	5.10
<i>Trochomodulus catenulatus</i>	0.30	0.56	<i>Monoplex pilearis</i> (BOLD)	19.65
<i>Xanthochorus buxeus</i> - <i>Xanthochorus cassidiformis</i>	1.39	2.68	<i>Felicioliva peruviana</i>	13.95
<i>Crepidatella dilatata</i> – <i>Crepidatella peruviana</i>	0.23	0.94	<i>Bostrycapulus calyptraeiformis</i>	17.29
<i>Monoplex wiegmanni</i> – <i>Monoplex paethenopeus</i> (BOLD)	1.51	1.51	<i>Monoplex pilearis</i> (BOLD)	11.91
<i>Columbella major</i> (BOLD)	-	0.0	<i>Columbella major</i>	9.06
<i>Columbella major</i>	-	0.0	<i>Columbella major</i> (BOLD)	9.06
<i>Pseudozonaria arabicula</i> (BOLD)	2.29	2.29	<i>Pseudozonaria arabicula</i>	8.46
<i>Pseudozonaria arabicula</i>	-	0.0	<i>Pseudozonaria arabicula</i> (BOLD)	8.46
<i>Crucibulum scutellatum</i> (PEMAR_I1327, AF546056_ BOLD)	1.51	1.51	<i>Crucibulum scutellatum</i> (PEMAR_I1329)	9.62
<i>Crucibulum scutellatum</i> (PEMAR_I1328, PEMAR_I1329)	0.94	0.94	<i>Crucibulum scutellatum</i> (PEMAR_I1327)	9.62
Nominal	Mean Intra.	Max Intra.	NN	Min Inter.
<i>Crepidatella dilatata</i>	0.18	0.18	<i>Crepidatella peruviana</i>	0.0
<i>Crepidatella peruviana</i>	0.25	0.94	<i>Crepidatella dilatata</i>	0.0
<i>Monoplex paethenopeus</i> (BOLD)	-	0.0	<i>Monoplex wiegmanni</i>	1.51
<i>Monoplex wiegmanni</i>	-	0.0	<i>Monoplex paethenopeus</i> (BOLD)	1.51
<i>Crucibulum scutellatum</i>	7.05	10.30	<i>Crucibulum spinosum</i>	18.02
<i>Xanthochorus buxeus</i>	0.60	0.94	<i>Xanthochorus cassidiformis</i>	2.10
<i>Xanthochorus cassidiformis</i>	0.0	0.0	<i>Xanthochorus buxeus</i>	2.10

-: No posee distancia intraespecífica por ser secuencia única. PTP (Poisson Tree Processes), btp (The Bayesian Implementation of the Poisson Tree Processes), GMYC (Generalized Mixed Yule Coalescent), NN (vecino más cercano).

Tabla 23. Distancias generales intra e inter – MOTU’s de las especies de gasterópodos de la subclase Caenogastropoda.

Subclase Caenogastropoda			
	Mínima	Media	Máxima
Intra - MOTU	0.0	0.81	2.88
Inter - MOTU	4.29	21.94	36.98

Valores dados en porcentajes (%).

De igual modo, el *Barcode gap*, reafirmo los resultados obtenidos para la subclase Caenogastropoda, por tanto, el grafico de los valores de las distancias intra e inter específicas, confirman la presencia del *barcode gap*, lo cual generó la buena identificación de los MOTUs.

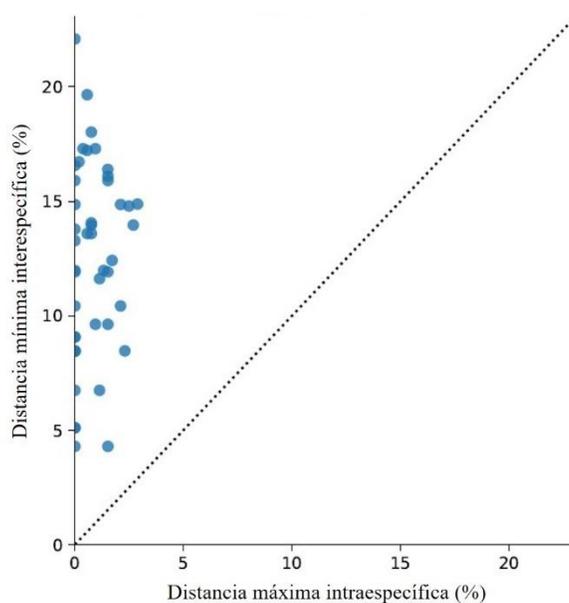


Figura 23. Análisis del *barcode gap* de especies de la subclase Caenogastropoda. Los puntos por encima de la línea punteada representan que la mínima distancia interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.

5.1.2.5. Delimitación de especies y distancias genéticas en la subclase Heterobranchia.

La matriz de la subclase Heterobranchia, estuvo compuesta por seis especies nominales: *Aplysia juliana*, *Bulla sp.*, *Siphonaria maura*, *Siphonaria lessonii*, *E. crispata* y *Phidiana lottinii*, agregándose secuencias de una especie proveniente del BOLD (*Phidiana lynceus*), para definir mejor los MOTUs generados. Los resultados obtenidos coincidieron entre sí en la formación de los MOTUs generados por los análisis de delimitación de especies (PTP, bPTP, GMYC y BIN) para cada una de ellas (Fig. 24).

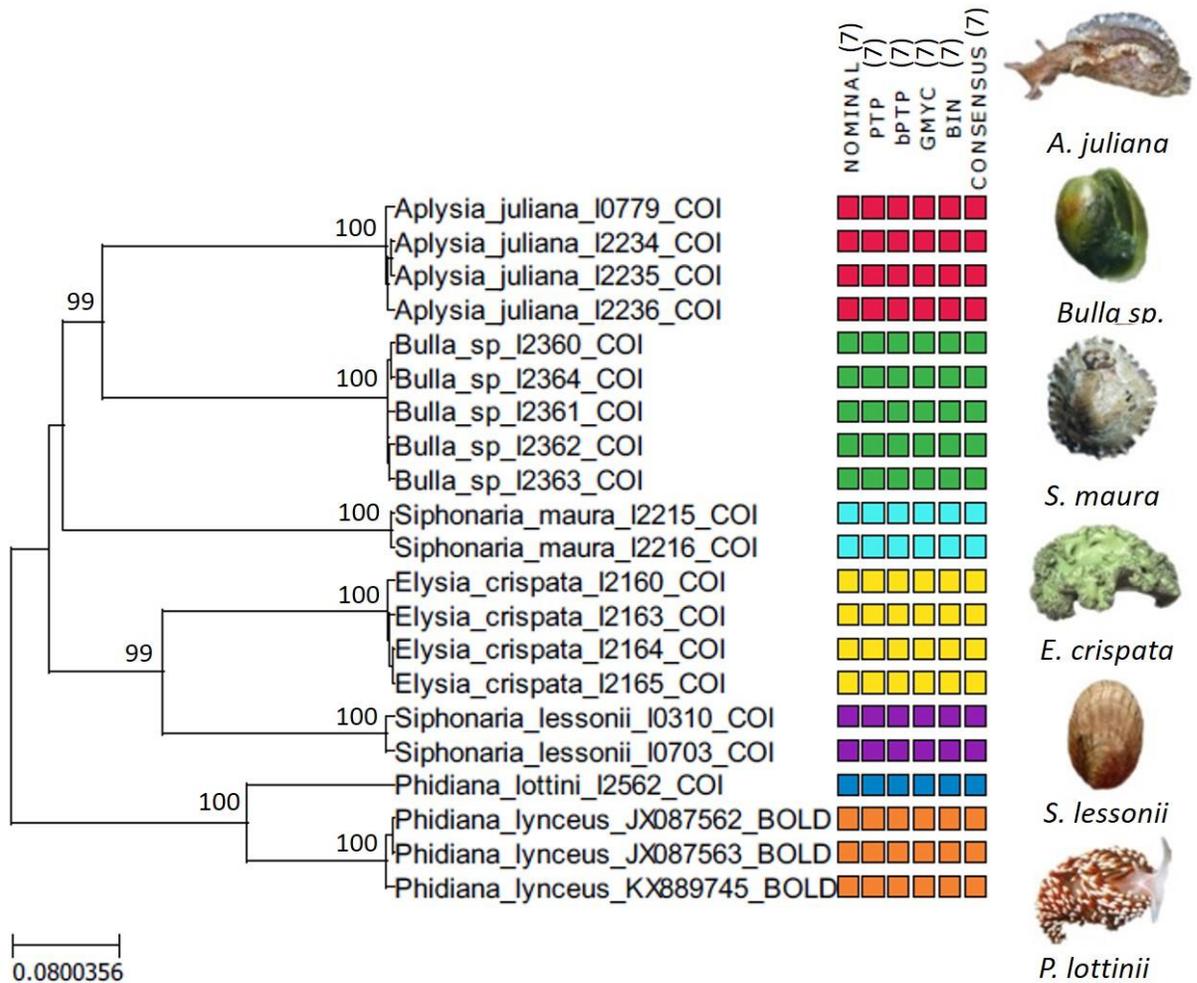


Figura 24. Árbol bayesiano de la matriz Heterobranchia). Se muestra la agrupación de los MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies. Los números por encima de las ramas reflejan las probabilidades posteriores bayesianas.

Igualmente, las distancias genéticas en las especies de la subclase Heterobranchia, presentaron bajos porcentajes en sus distancias máximas intraespecíficas y altos porcentajes en sus distancias interespecíficas (Tabla 24), lo que respalda los MOTUs formados por los análisis de delimitación de especies y reafirman al 100% la identificación con base en sus caracteres morfológicos (Tabla 26).

Tabla 24. Distancias genéticas K2P de los MOTUs generados por los análisis PTP, bPTP y GMYC de las especies de gasterópodos de la subclase Heterobranchia.

Subclase Heterobranchia				
PTP, bPTP y GMYC MOTUs	Mean Intra.	Max Intra.	NN	Min Inter.
<i>Aplisia juliana</i>	0.62	0.94	<i>Bulla sp.</i>	22.83
<i>Bulla sp.</i>	0.56	0.94	<i>Aplisia juliana</i>	22.83
<i>Elysia crispata</i>	0.50	0.75	<i>Aplisia juliana</i>	22.86
<i>Phidiana lottini</i>	-	0.0	<i>Phydiana lynceus (BOLD)</i>	18.18
<i>Phydiana lynceus (BOLD)</i>	0.63	0.94	<i>Phidiana lottini</i>	18.18
<i>Siphonaria lessoni</i>	0.94	0.94	<i>Aplysia juliana</i>	23.12
<i>Siphonaria maura</i>	0.18	0.18	<i>Aplysia juliana</i>	25.94

-: No posee distancia intraespecífica por ser secuencia única. PTP (Poisson Tree Processes), bptp (The Bayesian Implementation of the Poisson Tree Processes), GMYC (Generalized Mixed Yule Coalescent), NN (vecino más cercano).

En cuanto a la media general de las distancias intra-MOTU para subclase Heterobranchia este fue de 0.57%, la distancia máxima intra-MOTU fue de 0.94% (*A. juliana*) y los valores mínimos y máximos de las distancias interespecífica fue de 18.18% y 31.04%, respectivamente (Tabla 25).

Tabla 25. Distancias generales intra e inter – MOTU’s de las especies de gasterópodos de la subclase Heterobranchia

Subclase Heterobranchia			
	Mínima	Media	Máxima
Intra - MOTU	0.0	0.57	0.94
Inter - MOTU	18.18	26.28	31.04

Valores dados en porcentajes (%).

El *Barcode gap* realizado con los valores de las distancias intra e inter específicas del conjunto de datos nominales de la subclase Heterobranchia, confirma la existencia de un *barcode gap* mediante diagramas de dispersión, facilitando la identificación de los MOTUs mediante las distancias genéticas K2P del gen *COI*.

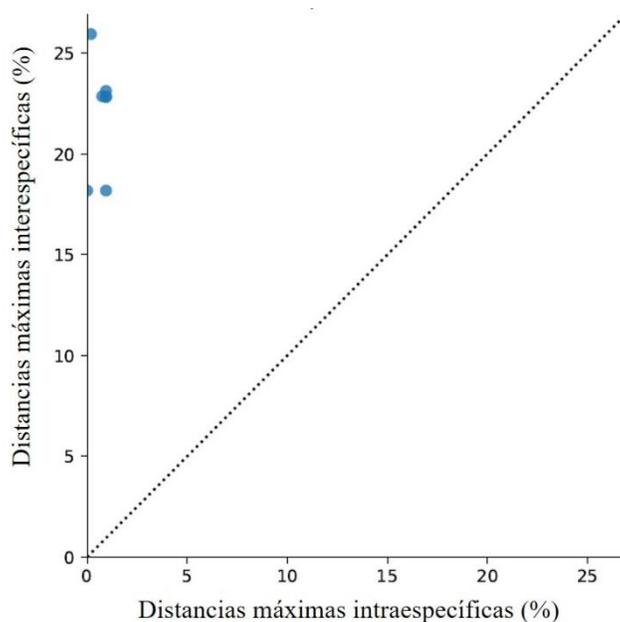


Figura 25. Análisis del *barcode gap* de especies de la subclase Heterobranchia. Los puntos por encima de la línea punteada representan que la mínima distancia interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.

Tabla 26. Congruencia entre los análisis de delimitación de especies y la designación nominal en cada subclase

Subclase	n	MOTU y Designación nominal	
		Congruencia (%)	No congruencia (%)
Patellogastropoda	4	25	75
Vetigastropoda	7	14.29	85.71
Neritimorpha	1	100	-
Caenogastropoda	40	87.5	12.5
Heterobranchia	6	100	-

Valores dados en porcentajes (%).

5.2. DISCUSIÓN

Los gasterópodos constituyen la clase más diversa del filo Mollusca, y si bien comprende cerca del 80% de las especies del filo (Aktipis *et al.*, 2008, p. 235), su clasificación taxonómica aún es incierta en diversos grupos, debido a que se basaron en su gran variedad morfológica. Aún en su más reciente clasificación general, donde se usaron características morfológicas, ultraestructurales y estudios moleculares, no se logró definir la taxonomía en todos los grupos de la clase Gastropoda, a causa de la confusión entre sus caracteres y la falta de estudios moleculares sobre la clase.

El Código de barras de ADN, mediante el gen *COI* como marcador molecular propuesto, presenta una gran capacidad de identificar especies, en casos donde la morfología no ayuda a precisar la identificación. Así en los gasterópodos, el Código de barras de ADN ha sido útil en estudios para resolver problemas taxonómicos, hallar especies nuevas de gasterópodos marinos, delimitar especies existentes o identificar especies de gasterópodos invasores en diferentes ámbitos (Williams y Ozawa, 2006, p. 49; Colgan *et al.*, 2007, p. 735; Duda *et al.*, 2008, p.873; Jennings *et al.*, 2010, p. 2209; Williams *et al.*, 2010, p. 806; Galindo *et al.*, 2016, p. 5; Martynov *et al.*, 2017, p. 85; Palanisamy *et al.*, 2018, p. 8; Ran *et al.*, 2020, p. 6; Zhang *et al.*, 2020, p. 16).

En este estudio, las secuencias obtenidas de un fragmento del gen *COI* de los gasterópodos marinos, se analizaron en las principales bases de datos BOLD y GenBank, las cuales resultaron ser efectivas, en promedio, para la identificación molecular de un 30% de las especies de la clase Gastropoda (Tabla 8, 9), debido a que, más del 60% de las identidades de las bases de datos no guardaron relación con su identificación morfológica (Tabla 8, 9). Ello generó que se cuestione la correcta identidad taxonómica de las secuencias en los principales repositorios como BOLD y GenBank, (Sundberg *et al.*, 2016, p.15, Ekrem *et al.*, 2006, p.541); siendo GenBank el que presentó menor coincidencia en las identificaciones (72 especímenes de 226) (Tabla 9), así como identificar solo a nivel de clase o asignar identidades a especies que no corresponde (Tabla 11).

El sesgo observado en las identificaciones que proporcionaron ambas bases de datos, generó confusión en la identidad que da a una determinada secuencia, haciéndose evidente en la clase Gastropoda, cuyas identificaciones no fueron acordes con la identificación nominal,

a pesar de tener el porcentaje requerido (99%) (Tabla 10), lo cual hace visible la poca disponibilidad de secuencias de referencia, así como la necesidad de realizar identificaciones a nivel molecular que proporcionen estabilidad taxonómica dentro de la clase Gastropoda.

Respecto a los análisis de delimitación de especies, en la subclase Patellogastropoda, solo el 25% (*Lottia orbigny*) del total de especies reafirmo su identificación; mientras que las especies del género *Scurria* presentaron discrepancia entre los MOTU's y sus designaciones nominales. Estudios demuestran que las especies del género *Scurria*, se caracterizan por presentar morfologías con altos grados de convergencia y paralelismo, haciendo que algunas especies evolucionen a conchas semejantes, a pesar de pertenecer a clados diferentes (Lindberg, 1988, p. 40; Espoz *et al.*, 2004, p. 280; Nakano y Ozawa, 2004, p. 39; Nakano, y Sasaki, 2011, p. 212; Reyes Y, 2015; p. 4). Espoz *et al.* (2004), reporta que *S. variabilis* presenta tres ecofenotipos: (1) sobre sustrato rocoso, (2) sobre la concha de *Fissurella* y (3) sobre placas de *Enoplochiton niger*, haciendo que su concha pueda variar y semejarse a otras especies de *Scurria*; además, *S. ceciliana* presenta morfologías cripticas, relacionadas a su ecología y distribución (p. 280).

Por tanto, lo mencionado hace suponer la presencia de ecofenotipos para *S. variabilis*, o posibles morfotipos para las especies nominales *S. viridula* y *S. cecilina*, conforme a los MOTUs formados. Dichos MOTUs, presentaron distancias genéticas acordes a lo mencionado por Espoz *et al.* (2004), donde reportan que la divergencia entre especies del género *Scurria* puede variar entre 15 y 16% (p. 261); porcentajes presentados entre los MOTUs y no entre las especies nominales, lo que respalda los resultados obtenidos y refuerza lo dicho anteriormente: posibles morfotipos de *S. viridula* y *S. cecilina* o los ecofenotipos de *S. variabilis*, habiendo en ambos casos la posibilidad de una identificación nominal errónea.

En la subclase Vetigastropoda, su bajo porcentaje de congruencia (14.29%) entre los MOTUs y las designaciones nominales, suponen un posible error de identificación morfológica en las especies que no fueron congruentes. Dicha hipótesis, en el caso de *Fissurella asperella* y *F. virescens*, se apoya en lo mencionado por Olivares *et al.* (1998) para el género *Fissurella*, de que los caracteres para su taxonomía son considerados

variables, inconsistentes y generan controversia, debido a estar enmascarados o deteriorados por los organismos epibiontes (p. 97). Un ejemplo de ello, es la especie *F. virescens*, cuyas variaciones o coloraciones de su concha están sujetos a procesos internos dentro de las playas donde se encuentran, y la forma de la concha esta modelada por el tipo de oleaje al que están sometidas (Arizbeth, 2013, p. 39). Igualmente, Olivares-Paz *et al.*, (2011) tomaron a *F. cumingi* como una variedad de color para *F. latimarginata*, debido a caracteres morfológicos compartidos entre ellas, además que el diseño de la concha de *F. cumingi* puede ser confundida por *F. latimarginata* y *F. bridgesii*, y el de esta última especie con *F. oriens* (p. 346).

Estos atributos morfológicos compartidos en especies del género *Fissurella*, hace difícil asignar ciertas características únicas a determinadas especies, y por consiguiente generar confusión en la identificación con base a su morfología (Olivares-Paz *et al.*, 2006, p. 117). Así pues, se infiere que los MOTUs formados dentro del clado de *F. asperella* serian especies diferentes, con caracteres similares, al igual que la muestra perteneciente a la secuencia de *F. virescens*. Dichos MOTUs formados en *F. asperella* (Tabla 18), presentaron distancias genéticas congruentes que apoyaron a los análisis de delimitación de especies en el presente estudio. Sin embargo, en especies de *Fissurella* del Pacífico sudeste, se ha demostrado la formación de complejos genéticos como las especies *F. costata* y *F. picta* (complejo “costata-picta”) y *F. cumingi*, *F. latimarginata*, *F. oriens* (complejo “latimarginata”), las cuales representaron una unidad taxonómica independiente, que fue apoyada por los bajos niveles de distancias genéticas (0.01% – 0.04%) (González, 2020, p. 29). Debido a ello, se sugiere la existencia de un complejo genético en el clado de *F. asperella*, con respecto a los dos MOTUs formados, así como un error en la identificación morfológica de las especies del género *Fissurella*.

En el caso de la especie nominal *Prisogaster niger* y la división de sus secuencias en dos MOTUs, Collado *et al.* (2011), reporta que la posición sistemática del género *Prisogaster* es aún incierta, a causa de las diferentes combinaciones de caracteres anatómicos usados para su clasificación (p. 773); debido a ello, se genera la confusión entre *P. niger* y la especie *Diloma nigerrimum*, pero a diferencia de esta última, *P. niger* presenta costillas concéntricas más pronunciadas, y su opérculo es calcáreo (Spencer *et al.*, 2009, p. 23; Uribe

et al., 2013a, p. 180). Por tanto, la separación de las secuencias de *P. niger*, apoyan el error en la identificación morfológica.

Esta posibilidad de un error en la identificación morfológica, también se apoya en lo mencionado por Collado *et al.* (2012), respecto a la familia Turbinidae, al cual pertenece el género *Prisogaster*, cuya falta de varias características radulares – caracteres considerados únicos – también han sido descritas para Tegulidae, Skeneidae y Margaritidae (p. 544). Por este motivo, se evidencia la falta de características morfológicas para un determinado género y pese a que, taxonómicamente se trate de una sola especie, la incertidumbre de caracteres morfológicos únicos para *P. niger*, nos sugiere que pudo darse una identificación nominal errónea en alguna de sus muestras.

Asimismo, entre las secuencias analizadas, se halló una diferencia con respecto a su lugar de colecta, encontrándose que la muestra perteneciente a la secuencia PEMAR_I0362 fue extraída de la playa Melchorita – Lima, y las muestras pertenecientes a las secuencias PEMAR_I2303, PEMAR_I2304, PEMAR_I2305, PEMAR_I2306 y PEMAR_I2307 fueron extraídas de la playa Tortugas – Ancash; lo que apoya la formación de dos MOTUs para una misma especie, con base a su distribución geográfica. Este hecho fue corroborado por las distancias genéticas de los MOTUs, las que fueron congruentes con lo esperado al emplear el gen *COI*. Igualmente, la distancia nominal intraespecífica de *P. niger*, fue elevada (8.72%) lo que no apoya la tesis de una sola especie, ya que, para ser considerada una especie, la distancia genética intraespecífica debe ser menor a 4% (Davidson *et al.*, 2009, p. 1095; Romero y Ramírez, 2011; p. 205).

Con lo mencionado y los dos MOTUs generados para *P. niger* en este estudio, nos lleva a inferir tres posibles explicaciones para la división de sus secuencias: (1) una posible especie críptica en *P. niger*, (2) una diferencia genética entre las poblaciones de *P. niger* del centro-norte y sur, o (3) las muestras extraídas de la playa Tortugas, corresponderían a *D. nigerrimum*, aunque esta especie no se ha registrado para la región Ancash (Uribe *et al.*, 2013a, p. 180).

Con respecto al género *Tegula*, las especies *T. atra*, *T. luctuosa* y *T. euryomphala*, presentaron inconsistencias entre los análisis de delimitación de especies y su identificación nominal (Fig. 17); posiblemente debido a que la descripción y reconocimiento de las

especies del género *Tegula*, han dependido exclusivamente de la morfología externa de su concha, causando discrepancias en el número de especies reconocidas (Collado *et al.*, 2012b; p. 1151). Yamazaki *et al.* (2019), menciona que el género presenta una alta variación morfológica intraespecífica (p. 24); como es el caso de *T. pfeiffer*, en el este asiático en donde se han encontrado dos morfotipos distintos basado en la escultura de la superficie de la concha: uno de la costa del Pacífico del archipiélago japonés, que presenta una concha de superficies suaves, mientras que especímenes de la costa del mar de Japón presentan conchas acanaladas (Sasaki, 2017, p. 200); pero ambos morfotipos (bordes acanalados y bordes suaves) son indistinguibles genéticamente (Yamazaki *et al.*, 2019, p. 32).

De igual manera, análisis moleculares demuestran una estrecha relación filogenética de *T. ignota* con *T. atra* y este grupo con *T. luctuosa* y *T. euryomphala*, formando un grupo monofilético, que debería ser renombrado cladísticamente (Collado *et al.* 2012b, p. 1157). Por tanto, las secuencias analizadas en este estudio, suponen posibles morfotipos de *T. atra*, *T. luctuosa* o *T. euryomphala*. Dicha posibilidad, se apoya en la distancia interespecífica de 0.0% del gran MOTU conformado por *T. atra*, *T. luctuosa* y *T. euryomphala*, demostrando que las secuencias de estas tres especies, solo corresponden a una especie y reafirma los posibles morfotipos dentro de *T. atra*, *T. luctuosa* y *T. euryomphala*.

La subclase Caenogastropoda, presentó el mayor número de especies identificadas congruentes con sus MOTUs generados (87.5%) (Tabla 26); pero tuvo problemas en las secuencias del gen *COI* de las especies nominales *C. dilatata* y *C. peruviana*, las que demostraron tratarse de una sola especie, y sugieren un error en su identificación. Esta posibilidad se apoya en que *C. dilatata* y *C. peruviana* son indistinguibles morfológicamente en estado adulto, pudiéndose solo diferenciarse por su desarrollo larval; el que *C. dilatata*, presenta una larva no plantotrófica y eclosiona como un juvenil; mientras que, *C. peruviana*, eclosiona como una larva veliger plantotrófica (Collin *et al.*, 2007; p. 90; Guzmán *et al.*, 2011, p. 445; Andrade-Villagrán *et al.*, 2018, p. 82). Aquellas diferencias mínimas entre ambas especies hacen difícil poder identificar ejemplares adultos, además de que al ser una especie sésil sobre otros organismos o sobre un sustrato, las variaciones de su concha son cambiantes, conduciendo a una identificación morfológica errónea (Veliz *et al.*, 2003, p. 131).

Esta condición de una sola especie obtenida en los resultados de delimitación de especies, también se encuentra apoyada por la baja distancia genética intraespecífica de 0.23% (Tabla 22), aunque, Collin (2003) y Nuñez *et al.* (2012) reportan que *C. dilatata* y *C. peruviana*, presentan una divergencia genética <2% en el ADN mitocondrial (p. 633; p. 302). Además de ello, se ha evidenciado que *C. dilatata* junto con *C. peruviana* y *Crepipatella oculata*, forman un complejo de especies crípticas (Nuñez *et al.*, 2012, p. 308 y Véliz *et al.*, 2012, p. 152). Con lo mencionado, se puede suponer una posible formación de especies crípticas en el clado *C. dilatata* - *C. peruviana*, lo cual puede acontecer debido a que las poblaciones de ambas especies, suelen vivir en simpatría (Guzmán *et al.*, 2011, p. 445). Asimismo, no se puede asegurar la presencia de ambas especies en las costas del Perú, y se evidencia la necesidad de emplear más de un marcador molecular para lograr la definición de ambas especies.

En el caso de las especies nominales *Xanthochorus buxeus* y *X. cassidiformis*, pertenecientes a la subfamilia Ocenebrinae, sus secuencias del gen *COI* formaron un solo MOTU (Fig. 19), a pesar de haber sido identificadas nominalmente como diferentes (Anexo 2, Ficha *X. buxeus* y *X. cassidiformis*). Houart, R., y Sellanes, J. (2017), mencionan que las especies del género *Xanthochorus* y sus relaciones supraespecíficas se definen tradicionalmente por la morfología de la concha (p. 101), a pesar que suelen presentar conchas con caracteres homoplásicos que no reflejan correctamente su clasificación taxonómica (Kool, 1993, p. 157). Por lo tanto, el MOTU formado por ambas especies de *Xanthochorus* suponen un error en los caracteres empleados para su identificación morfológica.

Dicha hipótesis, se apoya en las distancias interespecíficas nominales de *X. buxeus* y *X. cassidiformis*, las cuales resultaron bajas (2.10%), para referirse a dos especies diferentes. Pese a la congruencia entre los análisis de delimitación de especies y las distancias genéticas en el género *Xanthochorus*, los resultados obtenidos, no se pueden contrastar debido a la falta de estudios moleculares en dicho género, lo cual deja la incertidumbre si es frecuente encontrar bajos porcentajes de divergencia genética interespecíficas en las especies del género *Xanthochorus* o puede tratarse de una subespecie.

Así mismo, con respecto a la especie nominal *Crucibulum scutellatum*, las secuencias del gen *COI* formaron dos MOTUs (Fig. 19), suponiendo dos especies diferentes en el clado de *C. scutellatum*. Esta posibilidad, pudo deberse a un error en el empleo de caracteres usados para su identificación morfológica, lo que es apoyado en lo mencionado por Collin, (2003), sobre la taxonomía del género *Crucibulum*, el cual se basa solamente en la morfología de la concha, provocando que las asignaciones de especie o género, sean continuos e inciertos, y generar discrepancias entre autores (p. 619). De igual manera, se ha demostrado en el género *Crucibulum*, que dependiendo del sustrato donde se asientan, pueden presentar variaciones morfológicas, así como influenciar en sus características reproductivas (Véliz *et al.*, 2001, p. 533).

Los dos MOTUs generados en *C. scutellatum*, se apoyan en las distancias genéticas obtenidas y cumplen con lo mencionado por Hebert *et al.* (2003b), que el empleo del gen *COI* da una elevada variabilidad interespecífica pero una baja variabilidad intraespecífica (p. 98). Además, la distancia genética intraespecífica debe ser menor a 4%, para que se considere como una sola especie (Davidson *et al.*, 2009, p. 1095 y Romero y Ramírez, 2011, p. 205), lo que se cumple entre los dos MOTUs generados en *C. scutellatum* y no en la distancia intraespecífica nominal, cuyo alto porcentaje (10.30%) indican la existencia de dos especies en los especímenes de la especie nominal *C. scutellatum*. Por tanto, se supone la existencia de un error en la identificación nominal de *C. scutellatum* y que sus secuencias corresponderían a dos especies diferentes, según los MOTUs formados.

Respecto a las especies pertenecientes a las subclases Neritimorpha y Heterobranchia, los análisis de delimitación de especies fueron coherentes con sus designaciones nominales, y de igual manera fueron apoyados por sus distancias genéticas, lo cual confirma su identificación taxonómica y aporta secuencias de referencia a las bases de datos de ambas subclases, así como a la subclase Gastropoda.

En gasterópodos, los factores medioambientales pueden causar similitudes morfológicas en especies no relacionadas, lo que hace que su taxonomía e identificación sea complicada, observándose que las variaciones en cuanto a forma y tamaño de la concha, no siempre corresponden a especies distintas, debido a que los caracteres utilizados para la

identificación son muy parecidos (Moreno, 2015, p. 64), o que están establecidos para más de una especie o familia.

En la presente investigación se ha podido demostrar la eficacia de la identificación molecular por medio del Código de barras de ADN en las especies de la clase Gastropoda (Tabla 26), así como exponer casos donde la designación nominal no fue congruente con los análisis realizados. Igualmente, se ha demostrado que, en gasterópodos, no solo se encuentran incongruencias taxonómicas entre especies de un mismo género, sino también dentro de una misma especie; ello debido a su enorme plasticidad fenotípica, influenciados por factores medioambientales, su hábitat o distribución geográfica.

De esta manera, los análisis realizados en este estudio van a permitir la continuidad de posteriores investigaciones para esclarecer de manera más específica en aquellas especies cuya definición como tal, han representado algunos inconvenientes en la presente investigación, como fueron en las especies de la familia Calyptraeidae, del género *Scurria*, y de la subclase Vetigastropoda. Del mismo modo se ha demostrado la necesidad del empleo de técnicas moleculares para seguir esclareciendo las correctas identidades de las especies, especialmente en aquellas con una alta variabilidad fenotípica como es el caso de las especies de la clase Gastropoda.

VI. CONCLUSIONES

- ❖ Se identificó nominalmente a 58 especies de gasterópodos que correspondieron a cinco subclases y a 226 especímenes.
- ❖ Se confirmó la identidad taxonómica de un total de 72 especímenes de gasterópodos en la base de datos del GenBank y 112 especímenes en la base de datos del BOLD System.
- ❖ Los análisis de delimitación de especies (PTP, bPTP, GMYC y BIN) para la clase Gastropoda determinó 64 MOTUs dentro de las 58 especies nominales identificadas.
- ❖ Para el género *Scurria* de la subclase Patellogastropoda, se evidenció probables morfotipos o ecofenotipos, así como la necesidad de una revisión de su taxonomía.
- ❖ En la subclase Vetigastropoda, los MOTUs de *F. asperella* sugieren un posible complejo genético; en *P. niger* se sugiere una posible especie críptica o diferencias genéticas en sus poblaciones, y en *T. atra*, *T. luctuosa* y *T. euryomphala*, revelaron probables morfotipos.
- ❖ En la subclase Caenogastropoda, las especies *C. dilatata* y *C. peruviana* indicaron la presencia de una posible especie críptica, en *C. scutellatum* mostró una probable subespecie y en *X. buxeus* y *X. cassidiformis* se sugiere una revisión en su taxonomía.
- ❖ La subclase Patellogastropoda, tuvo una media general intra-MOTU de 0.54%, y la media inter-MOTU fue 31.29%. En la subclase Vetigastropoda su media general intra-MOTU fue de 0.25%, y la media inter-MOTU fue de 23.46%.
- ❖ La subclase Caenogastropoda, tuvo una media general intra-MOTU de 0.77%, y la media inter-MOTU fue de 21.93%. Para las subclases Neritimorpha y Heterobranchia, la media general intra-MOTU fue 0.70% y 0.57%, respectivamente, y la media inter-MOTU fue de 16.33% y 26.28%, respectivamente.
- ❖ El Código de barras de ADN resultó ser efectivo, en mayor porcentaje, para la identificación molecular en las especies de las subclases Neritimorpha (100%), Caenogastropoda (87.5%) y Heterobranchia (100%), y en un menor porcentaje en las subclases Patellogastropoda (25%) y Vetigastropoda (14.29%).

VII. RECOMENDACIONES

- ❖ Ampliar la escala de colecta para abarcar los departamentos de Arequipa, Moquegua y Tacna, en los cuales no se realizaron muestreos.
- ❖ Evaluar las poblaciones de *C. scutellatum*, *C. dilata*, *C. peruviana*, *X. buxeus* y *X. cassidiformis*, así como de *F. asperella* y *P. niger*, para poder efectuar estudios más específicos sobre sus taxonomías e identidades moleculares, que den mayor soporte a los datos encontrados en la presente investigación.
- ❖ Efectuar análisis filogenéticos con mayor número de individuos en *S. variabilis*, *S. viridula*, *T. atra*, *T. luctuosa*, *T. euryomphala* y *F. asperella* para poder definir sus relaciones filogenéticas y los diferentes morfotipos o posibles subespecies en el Perú.

VIII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aggio J. y Derby C. 2019. Aplysia. En: Encyclopedia of Animal Behavior (Second Edition), Michael D. Breed, Janice Moore (Eds). *Academic Press*, pp. 107-111. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.20857-1>.
- Aguilera-Muñoz, F., Lafarga-Cruz, F., & Gallardo-Escárate, C. 2009. Molecular analysis in Chilean commercial gastropods based on *16S rRNA*, *COI* and *ITS1-5.8 S rDNA-ITS2* sequences. *Gayana (Concepción)*, 73(1), 17-27. <http://dx.doi.org/10.4067/S0717-65382009000100003>
- Aissaoui, C., Puillandre, N., Bouchet, P., Fassio, G., Modica, M., & Oliverio, M. 2016. Cryptic diversity in Mediterranean gastropods of the genus *Aplus* (Neogastropoda: Buccinidae). *Scientia Marina*, 80(4), 521-533. <https://doi.org/10.3989/scimar.04422.12A>.
- Akbar John B., Sheikh H.I., Jalal K.C.A., Zaleha K., Kamaruzzaman B.Y. 2016. Revised Phylogeny of Extant Xiphosurans (Horseshoe Crabs). In: Trivedi S., Ansari A., Ghosh S., Rehman H. (eds) DNA Barcoding in Marine Perspectives. *Springer, Cham*. https://doi.org/10.1007/978-3-319-41840-7_7
- Aldea, C., & Rosenfeld, S. 2011. Macromoluscos intermareales de sustratos rocosos de la playa Buque Quemado, Estrecho de Magallanes, sur de Chile. *Revista de biología marina y oceanografía*, 46(2), 115-124. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-19572011000200002>
- Alfaro S., Rebaza V., De lucio Burga L., Salcedo J., Vasquez C. 2016. Evaluación de bancos naturales de invertebrados marinos comerciales, región la Libertad – Perú, 2012. *Informe del Instituto del Mar Perú*. 43(1), pp. 68-93.
- Alamo V. & Valdivieso V. 1997. Lista sistemática de moluscos marinos del Peru. *Instituto del Mar del Peru. Segunda Edición*. Lima. 195 pp.
- Ali, M., Pandey, A., Gyulai, G., Park, S., Lee, C., Kim, S., & Lee, J. 2016. Introduction to plant DNA barcoding. *Plant DNA barcoding and phylogenetics*, 1-14.
- Aktipis, S. W., Giribet, G., Lindberg, D. R., & Ponder, W. F. 2008. Gastropoda—an overview and analysis. *Phylogeny and Evolution of the Mollusca*, 201–237.
- Andrade-Villagrán, P. V., Mardones-Toledo, D. A., Paredes-Molina, F. J., Salas-Yanquin, L. P., Pechenik, J. A., Matthews-Cascon, H., & Chaparro, O. R. 2018. Possible mechanisms of hatching from egg capsules in the gastropods *Crepidatella dilatata* and *Crepidatella peruviana*, species with different modes of early development. *The Biological Bulletin*, 234(2), 69-84.
- Aragón C. 2013. Identificación de especies de abulón (*Haliotis* spp.) con marcadores moleculares. Tesis Maestría. *Instituto Politécnico Nacional*. Sinaloa, México.
- Araya, J. F., & Valdés, A. 2016. Shallow water heterobranch sea slugs (Gastropoda: Heterobranchia) from the Región de Atacama, northern Chile. *PeerJ*, 4, e1963. <https://doi.org/10.7717/peerj.1963>.

- Arizala, Y., Chilán, P., & Vera, E. 2017. Estudio de las poblaciones de gasterópodos en un área intervenida del manglar de Limones. *Gestión Ambiental*, (15), 20-27.
- Arizbeth, A. D. 2013. Diversidad Genética y Morfometría de *Fissurella virescens* en el Pacífico Oriental Tropical. Tesis maestría. Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias. Universidad de Guadalajara, Zapopan, Jalisco. Mexico.
- Ardila N., Navas G. R. y Reyes J. (Eds.). 2002. Libro rojo de invertebrados marinos de Colombia. INVEMAR. Ministerio de Medio Ambiente. La serie Libros rojos de especies amenazadas de Colombia. Bogotá, Colombia.
- Argüelles J. 2004. Cambios en la estructura y dinámica poblacional del caracol *Stramonita chocolata* (Duclos, 1832) asociados al evento El Niño 1997-98 en la zona del Callao, Perú. Tesis de magister. Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima. Perú.
- Bandyopadhyaya, S., Ramakrishnan, M., Kulkarni, S., & Rajanna, L. 2013. DNA Barcoding and Its Applications-A critical review. *CMRIMS J. Res. and Dev*, 1(1), 77-81.
- Barriga, E., Quiroz, M. y Tejada, A. 2001. Identificación, ubicación y descripción de un área para investigación y manejo de recursos bentónicos en el litoral de Ilo. *Instituto del Mar del Perú*.
- Bertsch, H. y A., Hermosillo. 2007. Biogeografía alimenticia de los Opisthobranchios del Pacífico Noreste. pp 73-75. En: Estudios sobre la Malacología y Conquiliología en México. Ríos-Jara, E., M. C., Esqueda-González y C. M., Galván-Villa (eds). Universidad de Guadalajara, México. 286 p.
- Bouchet, P., & Rocroi, J. P. 2005. Classification and Nomenclator of Gastropod Families. *Malacologia*, 47, 397.
- Bouchet, P., Rocroi, J. P., Hausdorf, B., Kaim, A., Kano, Y., Nützel, A., Parkhaev, P., Schorodl, M. & Strong, E. E. 2017. Revised classification, nomenclator and typification of gastropod and monoplacophoran families. *Malacologia*, 61(1-2), 1-526. <https://doi.org/10.4002/040.061.0201>.
- Bouckaert, R., Vaughan, T. G., Barido-Sottani, J., Duchêne, S., Fourment, M., Gavryushkina, A., ... & Drummond, A. J. 2019. BEAST 2.5: An advanced software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS computational biology*, 15(4), e1006650. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1006650>
- Bucklin, A., Steinke, D., & Blanco-Bercial, L. 2011. DNA barcoding of marine metazoa. *Annual review of marine science*, 3, 471-508. <https://doi.org/10.1146/annurev-marine-120308-080950>.
- Bleidorn, C. 2017. Phylogenomics. *Cham: Springer International Publishing*, 173-193.
- Brown, K. M., & Lydeard, C. 2010. Mollusca: gastropoda. En *Ecology and classification of North American freshwater invertebrates*, Thorp, J. H., & Covich, A. P. (Eds.). pp. 277-306. Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-374855-3.00010-8>

- Camacho, H. & Del Rio, C. 2007. Capítulo 12: Gastrópoda. En: Camacho, H. y Longobucco, M. (eds.). *Los Invertebrados Fósiles*. Primera edición. Fundación de Historia Natural Félix de Azara. Universidad Maimónides, Buenos Aires, Argentina. 800 pp.
- Camus, P., Arancibia, P., y Ávila-Thieme, I. 2013. Una caracterización trófica de los consumidores intermareales en costas rocosas de Chile. *Revista de biología marina y oceanografía*, 48(3), 431-450. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-19572013000300003>
- Cárdenas Ramos, F. L. 2017. Bioacumulación en moluscos gasterópodos marinos por arsénico, cadmio, cobre, mercurio y plomo en el área natural protegida punta coles, Ilo-Moquegua. Tesis maestría. Universidad nacional de San Agustín de Arequipa. Arequipa, Perú.
- Carbajal-Enzian P., Santamaría J., y Danny Baldárrago. 2018. Guía ilustrada para el reconocimiento de poliplacóforos, gasterópodos y cefalópodos con valor comercial en el Perú. Lima, *Instituto del Mar del Perú (Imarpe)*.
- Castillo-Rodríguez, Z. 2014. Biodiversidad de moluscos marinos en México. *Revista mexicana de biodiversidad*. 85, 419-430. <https://doi.org/10.7550/rmb.33003>.
- Cerros-Cornelio, J. C., Flores-Garza, R., Torreblanca-Ramírez, C., Flores-Rodríguez, P., y García-Ibáñez, S. 2017. Composición de la familia Fissurellidae (Mollusca: Gastropoda) en el intermareal rocoso de las regiones marinas prioritarias en Guerrero, México. *CienciaUAT*, 12(1), 6-22.
- Congrains, C. 2010. Ayudando a descifrar el enigma taxonómico, el código de barras de ADN de *Megalobulimus spp.* (Mollusca, Gastropoda) del Departamento de San Martín-Perú. Título profesional. *Universidad Nacional Mayor de San Marcos*. Lima, Perú.
- Colgan D., Ponder W., Beacham E. y Macaranas J. 2007. Molecular phylogenetics of Caenogastropoda (Gastropoda: Mollusca). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 42 717–737. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.10.009>
- Collin, R. 2003. Phylogenetic relationships among calyptraeid gastropods and their implications for the biogeography of marine speciation. *Systematic Biology*, 52(5), 618-640. <https://doi.org/10.1080/10635150390235430>
- Collin, R., Chaparro, O. R., Winkler, F., & Veliz, D. 2007. Molecular phylogenetic and embryological evidence that feeding larvae have been reacquired in a marine gastropod. *The Biological Bulletin*, 212(2), 83-92.
- Collado, G. A., Correa, C. L., Méndez, M. A., & Brown, D. I. 2011. Spermatozoon ultrastructure of *Prisogaster niger* (Wood, 1828)(Mollusca: Vetigastropoda): supporting affinities between the Prisogasterinae and Turbininae. *Zoological Studies*, 50(6), 773-779. <http://zoolstud.sinica.edu.tw/Journals/50.6/773.pdf>
- Collado, G. A., Méndez, M. A., Brown, D. I., Collado, G., Méndez, M. y Brown, D. 2012. Epipodium morphology of *Prisogaster niger* (Mollusca: Vetigastropoda): revealing potential autapomorphies of diagnostic value for the Prisogasterinae. *International Journal of Morphology*, 30(2).

- Collado, G. A., Méndez, M. A., Brown, D. I., & Pérez-Schultheiss, J. 2012b. Phylogenetic analyses and redescription of *Tegula ignota* (Mollusca: Vetigastropoda). *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 92(5), 1151-1159. <https://doi.org/10.1017/S0025315411002098>
- Cunha, T., Lemer, S., Bouchet, P., Kano, Y., & Giribet, G. 2019. Putting keyhole limpets on the map: phylogeny and biogeography of the globally distributed marine family Fissurellidae (Vetigastropoda, Mollusca). *Molecular phylogenetics and evolution*. 135, 249-269. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2019.02.008>
- Cuezzo M. 2009. Capítulo 19: Mollusca Gastropoda. En: Domínguez, E. & Fernández H. (Eds.). *Macroinvertebrados bentónicos sudamericanos. Sistemática y biología*. 2009. Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina. 595-629 pp.
- Chiu, T. H., Kuo, C. W., Lin, H. C., Huang, D. S., & Wu, P. L. 2015. Genetic diversity of ivory shell (*Babylonia areolata*) in Taiwan and identification of species using DNA-based assays. *Food control*, 48, 108-116. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2014.05.032>
- Cruz Cordovez, C. 2013. Prevalencia e incidencia del fenómeno imposex en gasterópodos del género *thais* (Phylum Molusca, familia *muricidae*) en el Golfo de Guayaquil. Tesis Pregrado. Universidad de especialidades Espíritu Santo, Samborondón. Ecuador.
- Darriba, D., Taboada, G.L., Doallo, R. y Posada, D. 2012. JModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9(8): 772. doi: 10.1038/nmeth.2109
- D.S. N° 102-2001-PCM. Estrategia Nacional de la Diversidad Biológica del Perú. Diario oficial "El Peruano", Lima, Perú, 05 de setiembre del 2001.
- De la Calle, F. 2009. Fármacos de origen marino. *Treballs de la Societat Catalana de Biologia*, 58, 141-155.
- Duda Jr, T. F., Bolin, M. B., Meyer, C. P., & Kohn, A. J. 2008. Hidden diversity in a hyperdiverse gastropod genus: discovery of previously unidentified members of a *Conus* species complex. *Molecular phylogenetics and evolution*, 49(3), 867-876. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2008.08.009>
- Ekrem, T., Willassen, E. y Stur, E. 2006. A comprehensive DNA sequence library is essential for identification with DNA barcodes. *Mol Phylogenet Evol.*, 43(2): 530-542. doi:10.1016/j.ympev.2006.11.021
- Espoz, C., Lindberg, D., Castilla, J., & Brian, W. 2004. Los patelogastrópodos intermareales de Chile y Perú. *Revista chilena de historia natural*, 77(2), 257-283. <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-078X2004000200006>
- FAO. 2020. *FAO Yearbook. Fishery and Aquaculture Statistics 2018/FAO annuaire. Statistiques des pêches et de l'aquaculture 2018/FAO anuario*. Estadísticas de pesca y acuicultura 2018. Rome. <https://doi.org/10.4060/cb1213t>

- Fatma El-Bawab. 2020. Chapter 11 - Phylum Mollusca, En *Invertebrate Embryology and Reproduction*, Fatma El-Bawab (Editor). Academic Press. Pages 713-813. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-814114-4.00011-4>
- Fernández F., Vera, S., Marcelo, R. & Chirinos, E. 2000. Estadísticas de los desembarques de la pesquería marina peruana, 1999. *Instituto del mar del Perú* N° 155: 7-42.
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., Vrijenhoek, R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Mol Mar Biol Biotech*, 3 (5), 294–299.
- Forcelli D. 2000. Moluscos Magallánicos. Guía de moluscos de Paragonia y sur de Chile. *Editores Vasquez Mazzini*. 113 pp.
- Fonseca, E. M., Duckett, D. J., & Carstens, B. C. 2021. P2C2M. GMYC: An R package for assessing the utility of the Generalized Mixed Yule Coalescent model. *Methods in Ecology and Evolution*, 12(3), 487-493. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13541>.
- Fujisawa, T., & Barraclough, T. G. 2013. Delimiting species using single-locus data and the Generalized Mixed Yule Coalescent approach: a revised method and evaluation on simulated data sets. *Systematic biology*, 62(5), 707-724. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syt033>
- Freshwater W. & Rueness, J. 1994. Phylogenetic relationships of some European *Gelidium* (Gelidiales, Rhodophyta) species, based on rbcL nucleotide sequence analysis. *Phycologia*, 33: 187–194.
- Frýda, J., & Ferrova, L. 2011. The oldest evidence of non-coaxial shell heterostrophy in the Class Gastropoda. *Bulletin of Geosciences*, 86(4), 765-776.
- Galindo, L. A., Puillandre, N., Utge, J., Lozouet, P., & Bouchet, P. 2016. The phylogeny and systematics of the Nassariidae revisited (Gastropoda, Buccinoidea). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 99, 337-353. doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2016.03.019>
- Geiger, D. L. 2006. Marine Gastropoda. Chapter 24. In *The Mollusks. A Guide to their study, collection, and preservation*, C. F. Sturm, T. A. Pearce y A. Valdés (eds.). Universal Publishers, Boca Raton. p. 295-312.
- Gao, Y., Zhang, Y., Dietrich, C. H., & Duan, Y. 2021. Phylogenetic analyses and species delimitation of *Nephotettix* Matsumura (Hemiptera: Cicadellidae: Deltocephalinae: Chiasmini) in China based on molecular data. *Zoologischer Anzeiger*, 293, 202-214. <https://doi.org/10.1016/j.jcz.2021.06.011>
- Gofas, S., Moreno, D. y Salas, C. (coords.). 2011. *Moluscos marinos de Andalucía*. Volumen I, pp. i-xvi y 1-342. Málaga: Servicio de Publicaciones e Intercambio Científico, Universidad de Málaga, España.

- Gomez Rodriguez, E. 2016. Estimación de los índices de captura por unidad de esfuerzo de la pesquería artesanal de mariscos en el Puerto de Matarani periodo Enero 2012–Diciembre 2015. Tesis de pregrado. Universidad nacional de San Agustín de Arequipa, Perú.
- González-Villarreal, L. 2005. Guía ilustrada de los gasterópodos marinos de la bahía de Tenacatita, Jalisco, México. *Scientia-CUCBA*, 7(1), 1-84.
- González B. 2020. Delimitación de especies y relaciones filogenéticas en especies del género *Fissurella* co-distribuidas en la costa del Pacífico Sudeste. Tesis pre-grado. Facultad de ciencias de la vida. Universidad Andres Bello. Chile.
- Gorrostieta E., Falcón A., Aguilar M. & Heimer de la Cotera E. 2011. El sistema nervioso de los gasterópodos. *Revista Digital Universitaria*, 12 (3): 1-9.
- Goldstein, P. Z., & DeSalle, R. 2011. Integrating DNA barcode data and taxonomic practice: determination, discovery, and description. *Bioessays*, 33(2), 135-147. <https://doi.org/10.1002/bies.201000036>
- Guabloche, A., Alvarez, J., Rivas, R., Hurtado, S., Pradel, R., y Iannacone, J. 2013. Imposex en el caracol marino *Xanthochorus buxea* (Broderip, 1833) (Muricidae) del Pacífico Sudamericano. *The Biologist*, 11(2). <https://doi.org/10.24039/rtb2013112402>.
- Guabloche, A., Mendoza, J., Minaya, D., Ortega, J., Alvarino, L., y Iannacone, J. 2017. Imposex en el caracol marino *Stramonita haemastoma* (Gasteropoda: Muricidae) en la costa central del Perú. *REDVET. Revista Electrónica de Veterinaria*, 18(5), 1-12.
- Güller, M., Zelaya, D. G., & Ituarte, C. 2016. How many Siphonaria species (Gastropoda: Euthyneura) live in southern South America?. *Journal of Molluscan Studies*, 82(1), 80-96. <https://doi.org/10.1093/mollus/eyv036>
- Guzmán B, Nuñez J, Vejar A, Barriga E y Gallardo E. 2011. Genetic diversity and population structure of two South American marine gastropods, *Crepidatella dilatata* and *C. fecunda* (Gastropoda: Calyptraeidae): Distinct patterns based on developmental mode, Italian Journal of Zoology, 78:4, 444-454, DOI:10.1080/11250003.2011.576403
- Grande C. & Zardoya R. 2012. Capítulo 21: Moluscos. En Vargas P. y Zardoya R. (eds) *Árbol de la vida: sistemática y evolución de los seres vivos*. Madrid, España. 629 pp.
- Gregory, T. 2005. DNA barcoding does not compete with taxonomy. *Nature*, 434(7037), 1067-1067. <https://doi.org/10.1038/4341067b>.
- Haszprunar, G. 1988. On the origin and evolution of major gastropod groups, with special reference to the Streptoneura. *Journal of Molluscan Studies*, 54 (4), 367-441. <https://doi.org/10.1093/mollus/54.4.367>.
- Haszprunar, G., & Wanninger, A. 2012. Molluscs. *Current Biology*, 22(13), R510-R514
- Hatzoglou, E.; G. Rodakis; R. Lecanidou. 1995. Complete sequence and gene organization of the mitochondrial genome of the land snail *Albinaria coerulea*. *Genetics* 140: 1353-1366.

- Hebert, P. D., Ratnasingham, S., & De Waard, J. R. 2003b. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(1), 96-99. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2003.0025>.
- Hebert, P., & Gregory, T. 2005. The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Systematic biology*, 54(5), 852-859. <https://doi.org/10.1080/10635150500354886>.
- Hermosillo, A. 2006. Ecología de los opisthobranchios (Mollusca) de Bahía de Banderas, Jalisco-Nayarit, México. Tesis doctoral. *Universidad de Guadalajara. Mexico*. 163pp.
- Herrero, A. 2015. Biología y ecología de tres especies de nudibranchios de la familia Polyceridae. Tesis doctoral. Universidad de Las Palmas de Gran Canaria, Gran Canarias. España. 215 pp.
- Huertas C. & Arrieta L. 2015. Revisión taxonómica de los subgéneros *Hyalodaphnia* y *Daphnia* (género *Daphnia*), mediante el uso de marcadores moleculares y Código de Barras (COI). *Revista Ciencia en Desarrollo*, 6 (1), pp. 77-86.
- Houart, R., & Sellanes, J. 2017. Description of New Species of *Xanthochorus* Fischer, 1884 and *Urosalpinx* Stimpson, 1865 (Mollusca, Gastropoda, Muricidae, Ocenebrinae) from Central Chile. *American Malacological Bulletin*, 35(2), 101-110.
- IMARPE. 2002. GEF-ONUDI-IMARPE-IFOP. Proyecto Manejo Integrado, Gran ecosistema marino de la corriente de Humboldt, Modulo II: Recursos y pesquerías. Informe de avance. *Instituto del mar del Perú*.
- IMARPE. 2007. Estudio de línea base de las áreas de Vila Vila y Quebrada de burros – Region Tacna. *Instituto el Mar del Perú – Sede Regional Ilo*. Agosto, 2007.
- Jennings, R. M., Bucklin, A., Ossenbrügger, H., & Hopcroft, R. R. 2010. Species diversity of planktonic gastropods (Pteropoda and Heteropoda) from six ocean regions based on DNA barcode analysis. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*, 57(24-26), 2199-2210. <https://doi.org/10.1016/j.dsr2.2010.09.022>
- Kapli, P., Lutteropp, S., Zhang, J., Kobert, K., Pavlidis, P., Stamatakis, A., & Flouri, T. 2017. Multi-rate Poisson tree processes for single-locus species delimitation under maximum likelihood and Markov chain Monte Carlo. *Bioinformatics*, 33(11), 1630-1638. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx025>.
- Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of molecular evolution*, 16(2), 111-120.
- Kool, S. P. 1993. Phylogenetic analysis of the Rapaninae (Neogastropoda: Muricidae). *Malacologia*, 35, 155–259.

- Kumar, P. S., Kumar, D. S., & Umamaheswari, S. 2015. A perspective on toxicology of Conus venom peptides. *Asian Pacific journal of tropical medicine*, 8(5), 337-351. [https://doi.org/10.1016/S1995-7645\(14\)60342-4](https://doi.org/10.1016/S1995-7645(14)60342-4)
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular biology and evolution*, 33(7), 1870-1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
- Krug, P. J., Vendetti, J. E., & Valdes, A. 2016. Molecular and morphological systematics of *Elysia* Risso, 1818 (Heterobranchia: Sacoglossa) from the Caribbean region. *Zootaxa*, 4148(1), 1-137. <http://dx.doi.org/10.11646/zootaxa.4148.1.1>
- Landa Jaime V., Michel J., Castillo S. y Heimer de la coteria E. 2013. Los caracoles conos de Tenacatita, productores de venenos con potencial biomédico. *Elementos* 90, 41-48. <http://dspace.uan.mx:8080/jspui/handle/123456789/779>
- Lanteri, A. 2007. Código de barras del ADN y sus posibles aplicaciones en el campo de la Entomología. *Revista de la Sociedad Entomológica Argentina*, 66(3-4), 15-25. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=322028491004>
- LCILO. 2003. Laboratorio Costero de ILO. Identificación y delimitación de bancos naturales de recursos bentónicos en el litoral de la región Moquegua. *Instituto del Mar del Perú*. 117 pp.
- Leiva, G.E., Castilla, J.C. 2002. A review of the world marine gastropod fishery: evolution of catches, management and the Chilean experience. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 11, 283–300. <https://doi.org/10.1023/A:1021368216294>
- Ley N° 26821 “Ley orgánica para el aprovechamiento sostenible de los recursos naturales. Diario oficial “El Peruano”, Lima, Perú, 26 de junio del 1997.
- Leyva, R. 2015. Descripción bioecológica de los gasterópodos marinos de la sub clase prosobranchia presentes en la Reserva Nacional San Fernando-Marcona (marzo-octubre, 2012). Tesis pregrado. Universidad nacional San Luis Gonzaga. Ica, Perú.
- Lindberg, D.R. & Matzen, B. 2004. Anna Meyer and the distinction between grades and clades in early models of gastropod evolution. *Invertebrate Biology* 123 (3): 212-217. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7410.2004.tb00156.x>
- Lindberg, D. 1988. The Patellogastropoda. *Malacological Review*, 4, (Suplement 4) 35-63.
- Menge, B. 2000. Top-down and bottom-up community regulation in marine rocky intertidal habitats. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 250(1-2), 257–289. doi:10.1016/s0022-0981(00)00200-8
- Martínez, M. 2018. Nudibranchios de la Isla de Tarifa - Pequeñas Joyas del estrecho de Gibraltar. Consejería de Medio Ambiente y Ordenación del Territorio, Junta de Andalucía, España. 218p.

- Marín, A., y Ros, J. 2004. Chemical defenses in Sacoglossan Opisthobranchs: Taxonomic trends and evolutionary implications. *Scientia Marina*, 67 (1), 227-241. <http://hdl.handle.net/2445/32443>
- Márquez, C. 2015. Aplicación de los Códigos de Barras de DNA en el Descubrimiento de la Diversidad Animal Marina. *CICIMAR Oceanides*, 30(2), 35-52. <http://dx.doi.org/10.37543/oceanides.v30i2.150>
- Martynov, A., Hasegawa, K., & Korshunova, T. 2017. The Japanese Red Data book marine mollusk Japonacteon nipponensis and a Japonacteon population from Russia belong to the same species: Molecular evidence and recommendations for conservation. *Global Ecology and Conservation*, 9, 82-89. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2016.12.002>
- Meyer, P., Prodromou, C., Hu, B., Vaughan, C., Roe, M., Panaretou, B., Piper P. & Pearl, L. 2003. Structural and functional analysis of the middle segment of hsp90: implications for ATP hydrolysis and client protein and cochaperone interactions. *Molecular cell*, 11(3), 647-658. [https://doi.org/10.1016/S1097-2765\(03\)00065-0](https://doi.org/10.1016/S1097-2765(03)00065-0)
- Meyer C. and G. Paulay. 2005. DNA barcoding: error rates based on comprehensive sampling. *PLoS ONE* 3:422. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0030422>.
- Miller, M., Pfeiffer, W. y Schwartz, T. 2010. Creating the CIPRES science gateway for inference of large phylogenetic trees. *Gateway Computing Environments Workshop (GCE)*, 1–8. doi: 10.1109/GCE.2010.5676129
- Miralles, L., Ardura, A., Arias, A., Borrell, Y., Clusa, L., Dopico, E., Hernandez de Rojas, A., Lopez, B., Muñoz-Colmenero, M., Roca, A., Valiente, A., Zaiko, A., Garcia-Vazquez E. 2016. Barcodes of marine invertebrates from north Iberian ports: Native diversity and resistance to biological invasions. *Marine pollution bulletin*, 112(1-2), 183-188. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2016.08.022>
- Monge-Nájera, J. 2003. Introducción: un vistazo a la historia natural de los moluscos. *Revista de Biología Tropical*, 51 (3), 1-3.
- Montes, D. 2018. Guía para la identificación de Gasterópodos y bivalvos marinos del Perú. Lima, Perú: *Universidad Científica del Sur SAC*.
- Moreno, M. 2015. Revisión taxonómica de las especies de la familia Atlantidae (Gastropoda: Pterotracheoidea) en el pacífico mexicano utilizando análisis morfológicos y genéticos. Tesis de maestría. *Instituto politécnico nacional*. La Paz. Bolivia.
- Morse, A. P., & Peters, W. S. 2016. Alimentación suspensívora oportunista del gasterópodo intermareal *Olivella columellaris* y sus implicaciones en la regulación de las migraciones mareales. *Ciencias marinas*, 42(4), 289-294. <https://doi.org/10.7773/cm.v42i4.2640>.
- Muñoz, R. A. 2009. Patrones filogeográficos en el gastrópodo marino *Acanthina monodon* (Pallas, 1774): Diversidad, estructura genética y morfometría. Tesis Doctoral. *Universidad austral de Chile, Valdivia*. Chile.

- Nakano, T., y Ozawa, T. 2004. Phylogeny and historical biogeography of limpets of the order Patellogastropoda based on mitochondrial DNA sequences. *Journal of Molluscan Studies*, 70(1), 31-41. <https://doi.org/10.1093/mollus/70.1.31>
- Nakano, T., & Sasaki, T. 2011. Recent advances in molecular phylogeny, systematics and evolution of patellogastropod limpets. *Journal of Molluscan Studies*, 77(3), 203-217. <https://doi.org/10.1093/mollus/eyr016>
- Nakamura, K. 2007. Especies bentónicas de Opisthobranchia (Mollusca: Gastropoda) presentes en el litoral del norte peruano. *Revista peruana de biología*, 13(3), 255-258.
- Nei, M. 1987. Genetic distance and molecular phylogeny. En: N. Ryman y F. Utter (Eds.), *Population Genetics and Fishery Management* (pp. 193–223). Seattle, EE.UU.: *University of Washington Press*.
- Neigel, J., Domingo, A., & Stake, J. 2007. DNA barcoding as a tool for coral reef conservation. *Coral Reefs*, 26(3), 487-499. <https://doi.org/10.1007/s00338-007-0248-4>.
- Nuñez, J. J., Vejar-Pardo, A., Guzmán, B. E., Barriga, E. H., & Gallardo, C. S. 2012. Phylogenetic and mixed Yule - coalescent analyses reveal cryptic lineages within two South American marine snails of the genus *Crepipatella* (Gastropoda: Calyptraeidae). *Invertebrate Biology*, 131(4), 301-311. <https://doi.org/10.1111/ivb.12003>
- Olivares-Paz, A., Quinteiro, J., & Rey-Méndez, M. 2006. Autenticación de lapas del género *Fissurella* (Mollusca: Vetigastropoda) en la costa chilena, mediante PCR-RFLP. *Investigaciones marinas*, 34(1), 113-118. <http://dx.doi.org/10.4067/S0717-71782006000100011>
- Olivares, A., Bretos, M., Chihuailaf, R., & Zenis, A. 1998. Biometría, hábitat y epibiontes en *Fissurella latimarginata* (Mollusca: Prosobranchia) en el norte de Chile. *Estud Oceanol*, 17, 95-103.
- Olivares, A. 2007. Sistemática molecular del género *Fissurella* en el Pacífico Sudoriental. Tesis doctoral. Facultad de Biología. Universidad Santiago de Compostela. España.
- Olivares-Paz, A., Quinteiro, J. y Rey-Méndez, M. 2011. Filogenia molecular de las especies del subgénero *Fissurella* (Mollusca: Vetigastropoda) de la costa chilena. *Revista de biología marina y oceanografía*, 46(3), 339-348. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-19572011000300005>
- Olguín, A. 2006. Chile. Especies bentónicas de importancia comercial. *Seria-Chile: Recursos Pesqueros N°2*, 2007, IFOP, 28pp.
- Orengo, D. 2013. *Fundamentos de la Biología Molecular*. Editorial UOC. Primera Edición digital. Barcelona-España
- Palanisamy, S. K., Chinnamani, P. K., Paramasivam, P., & Sundaresan, U. 2018. Molecular Approach to the identification and phylogenetic biogeography of snail *Telescopium*

telescopium using mt-COI gene sequences. *Regional Studies in Marine Science*. DOI: 10.1016/j.rsma.2020.101109.

- Packer, L., Gibbs, J., Sheffield, C., & Hanner, R. 2009. DNA barcoding and the mediocrity of morphology. *Molecular Ecology Resources*, 9, 42-50. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02631.x>
- Palmer, A. R. 1992. Calcification in marine molluscs: how costly is it?. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 89(4), 1379-1382. <https://doi.org/10.1073/pnas.89.4.1379>
- Paine, M., McDowell, J. y Graves, J. 2007. Specific identification of Western Atlantic Ocean scombrids using mitochondrial DNA cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene region sequences. *Bulletin of Marine Science*. 80(2): 353-367.
- Paredes, C., Huamán, P., Cardoso, F., Vivar, R., & Vera, V. 1999. Estado actual del conocimiento de los moluscos acuáticos en el Perú. *Revista Peruana de Biología*, 6(1), 005-047. <https://doi.org/10.15381/rpb.v6i1.8298>
- Paredes, C., & Cardoso, F. 2007. La Familia Calyptraeidae en el Perú (Gastropoda: Caenogastropoda). *Revista Peruana de Biología*, 13(3), 177-184.
- Paredes, C., Altamirano, K., Romero, L., y Cardoso, F. 2009. Nuevos registros de gasterópodos para el mar tropical del Perú. *Revista peruana de biología*, 15(2), 73-78.
- Paredes, C., Cardoso, F., Baltazar, P., Altamirano, K., y Carbajal, P. 2011. Adiciones a los Gastropoda del mar peruano. *Revista peruana de biología*, 18(1), 13-18.
- Pejovic, I., Ardura, A., Miralles, L., Arias, A., Borrell, Y., & Garcia-Vazquez, E. 2016. DNA barcoding for assessment of exotic molluscs associated with maritime ports in northern Iberia. *Marine Biology Research*, 12(2), 168-176. <http://dx.doi.org/10.1080/17451000.2015.1112016>
- Pereañez J. y Vargas L. 2009. Neurotoxinas de invertebrados como alternativas terapéuticas y herramientas en investigación básica. *Vitae (Medellín)*, 155-163.
- Ponder, W., & Lindberg, D. 1997. Towards a phylogeny of gastropod molluscs: an analysis using morphological characters. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 119 (2), 83-265. <https://doi.org/10.1111/j.1096-3642.1997.tb00137.x>
- Ponder, W.; Colgan, D.; Healy, J.; Nützel, A.; Simone L; Strong, E. 2007 Caenogastropoda. En: *Molluscan Phylogeny*, Ponder W, Lindberg D (eds), *University of California Press*, Los Angeles, pp 331-383.
- Primost, M. A. 2014. Ecotoxicología y Alteraciones morfo-funcionales en Gasterópodos marinos expuestos a Contaminación por Tributilestaño (TBT) y Metales. Tesis Doctoral. Universidad Nacional de La Plata, Argentina.
- PRODUCE. 2010. Anuario estadístico pesquero y acuícola 2010. Primera edición, Julio – 2010, Lima, Perú

- PRODUCE. 2016. Anuario estadístico pesquero y acuícola 2015. Primera edición, Octubre – 2016, Lima, Perú.
- PRODUCE. 2017. Anuario estadístico pesquero y acuícola 2016. Oficina de Evaluación de Impacto y Estudios Económicos. Diciembre, 2017, Lima, Perú
- PRODUCE. 2018. Anuario estadístico pesquero y acuícola 2017. Oficina de Evaluación de Impacto y Estudios Económicos. Diciembre, 2018, Lima, Perú.
- PRODUCE. 2019. Anuario estadístico pesquero y acuícola 2018. Oficina de Evaluación de Impacto y Estudios Económicos. Noviembre, 2019. Lima, Perú.
- PRODUCE. 2020. Anuario estadístico pesquero y acuícola 2019. Oficina de Evaluación de Impacto y Estudios Económicos. Noviembre, 2020. Lima, Perú.
- Rambaut, A., Drummond, A., Xie, D., Baele, G. y A Suchard, M. 2018. Posterior Summarization in Bayesian Phylogenetics Using Tracer 1.7. *Systematic biology*, 67:1-3. doi:10.1093/sysbio/syy032.
- Ran, K., Li, Q., Qi, L., Li, W., & Kong, L. 2020. DNA barcoding for identification of marine gastropod species from Hainan island, China. *Fisheries Research*, 225, 105504. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2020.105504>
- Ratnasingham, S. & Hebert, P. D. N. 2007. BOLD: The Barcode of Life Data System (www.barcodinglife.org). *Molecular Ecology Notes* 7, 355-364. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2006.01678.x.
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. 2013. A DNA-based registry for all animal species: the Barcode Index Number (BIN) system. *PloS one*, 8(7), e66213. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066213>
- Rabi M., Yamashiro C. y Quiroz M. 1996. Revisión de la biología y pesquería del recurso chanque *Concholepas concholepas* (Bruguier, 1789) (Mollusca: Gasteropoda: muricidae). Informe progresivo n° 31. *Instituto del mar del Perú (IMARPE)*.
- Ramírez, R., Paredes, C. & Arenas, J. 2003. Moluscos en el Perú. *Revista biológica tropical*. Vol. 51 (3): 225 – 284. <http://hdl.handle.net/123456789/203>
- Reyes, Y. 2015. Registro de la actividad pastoreadora de moluscos gasterópodos del intermareal rocoso de la bahía de ancón. Tesis Pregrado. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Facultad de Ciencias Biológicas. Lima, Peru.
- Rios W. y Velasquez M. 2016. Obtención de carbonato de calcio a partir de valvas residuales de caracol (*Thais chocolata*). Tesis Pregrado. Facultad de ingeniería de procesos. Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa. Arequipa. Perú.
- Romero Condori, P. E. 2010. Filogeografía de *Systrophia helicycloides*: El reflejo de la dinámica del bosque lluvioso tropical en los genes 16S rRNA y COI de moluscos terrestres. Tesis de magister. Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima. Perú.

- Romero P. & Ramirez R. 2011. Divergencia intraespecífica y código de barras de ADN en *Systrophia helicycloides* (Gastropoda, Scolodontidae). *Rev. Peru. Biol.*, 18: 201–208.
- Rosales, Y., & Moreno, V. 2016. Aplicación de código de barras de ADN para la identificación molecular de *Atrina maura* “Concha Pala” de los manglares de Tumbes, Perú. *Manglar*, 12(1), 47-54. <http://dx.doi.org/10.17268/manglar.2015.006>
- Ruppert, E. E., & Barnes, R. D. 1996. *Zoología de los invertebrados* (No. QL 362. B3718 1996). Sexta edición. Editorial McGraw-Hill Interamericana.
- Samarakoon, T., Wang, S. Y., & Alford, M. H. 2013. Enhancing PCR amplification of DNA from recalcitrant plant specimens using a trehalose-based additive. *Applications in Plant Sciences*, 1(1), 1200236. <https://doi.org/10.3732/apps.1200236>
- Sáez, A. G. 2009. Genes y especies. *Revista Ecosistemas*, 18(1): 3-9.
- Sasaki, T. 2017. Family Tegulidae. In: Marine mollusks in Japan. Edn 2 (T. Okutani, ed.), 763. *Tokai University Press*, Tokyo.
- Schrödl, M. y Hooker, Y. 2014. Sea slugs of Peru: Peruvian-Chilean faunal elements (Mollusca, Heterobranchia). *Spixiana* 37 (1), 45-59.
- Salazar, R., Cortés-Funes, H., Casado, E., Pardo, B., López-Martín, A., Cuadra, C., Taberero, J., Coronado, C., García, M., Soto Matos-Pita, A., Miguel-Lillo, B., Cullerell-Young, M., Iglesias, J. y Paz-Ares, L. 2013. Phase I study of weekly kahalalide F as prolonged infusion in patients with advanced solid tumors. *Cancer Chemother Pharmacol* 72, 75–83. <https://doi.org/10.1007/s00280-013-2170-5>
- Sánchez, R. A. 2009. Patrones filogeográficos en el gastrópodo marino *Acanthina monodon* (Pallas, 1774): Diversidad, estructura genética y morfometría. Tesis Doctoral. *Universidad austral de Chile*, Valdivia. Chile.
- SERNAPESCA. 2020. Anuarios estadístico de pesca y acuicultura 2020. Servicio nacional de pesca y acuicultura. Gobierno de Chile.
- Silva, N., Silva, J., & Bernal, C. 2015. Compuestos con potencial actividad farmacológica obtenidos a partir de conotoxinas de animales marinos (moluscos gasterópodos *Conus magus*). *Biociencias*, 10(2), 51-63. <https://doi.org/10.18041/2390-0512/bioc..2.2642>
- Sueiro, J. C. 2009. Estudio de la actividad extractiva y de comercialización de invertebrados bentónicos en el litoral sur del Perú. *ICON-INSTITUT GmbH Private Sector, Proyecto Asistencia Técnica para los Planes Operativos Sectoriales (POS)*, Lima.
- Sun, Y., Cai, Y., Huse, S. M., Knight, R., Farmerie, W. G., Wang, X., & Mai, V. (2012). A large-scale benchmark study of existing algorithms for taxonomy-independent microbial community analysis. *Briefings in bioinformatics*, 13(1), 107-121. <https://doi.org/10.1093/bib/bbr009>

- Sundberg, P., Kvist, S. y Strand, M. 2016. Evaluating the utility of single-locus DNA barcoding for the identification of ribbon worms (phylum Nemertea). *PLoS ONE*, 11(5):1–17. doi:10.1371/journal.pone.0155541
- Scarabino, F.; Zaffaroni, J.; Carranza, A.; Clavijo, C. & Nin M. 2006. Gasterópodos marinos y estuarinos de la costa uruguaya: faunística, distribución, taxonomía y conservación. En: Menafría R Rodríguez-Gallego L Scarabino F & D Conde (eds). Bases para la conservación y el manejo de la costa uruguaya. VIDA SILVESTRE URUGUAY, Montevideo. 1 (15), 668pp.
- Schander, C., & Willassen, E. 2005. What can biological barcoding do for marine biology?. *Marine Biology Research*, 1(1), 79-83. <https://doi.org/10.1080/17451000510018962>.
- Schindel, D., & Miller, S. 2005. DNA barcoding a useful tool for taxonomists. *Nature*, 435(7038), 17-18.
- Spencer, H. G., Marshall, B. A., & Waters, J. M. 2009. Systematics and phylogeny of a new cryptic species of *Diloma Philippi* (Mollusca: Gastropoda: Trochidae) from a novel habitat, the bull kelp holdfast communities of southern New Zealand. *Invertebrate systematics*, 23(1), 19-25. <https://doi.org/10.1071/IS08030>
- Strüder-Kypke, M. y Lynn, D. 2010. Comparative analysis of the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene in ciliates (Alveolata, Ciliophora) and evaluation of its suitability as a biodiversity marker. *Systematics and Biodiversity*, 8(1): 131–148. <https://doi.org/10.1080/14772000903507744>
- Tautz, D., Arctander, P., Minelli, A., Thomas, R., & Vogler, A. 2003. A plea for DNA taxonomy. *Trends in ecology & evolution*, 18(2), 70-74. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(02\)00041-1](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(02)00041-1).
- Tejada A., Baldarrago D., Gonzales A., Aragon B., Romucho Y. y Villanueva J. 2017. Monitoreo del chanque [*Concholepas concholepas* (Bruguère, 1789)] en el litoral de las regiones Moquegua y Tacna. 2015. *Inf. Inst. Mar Perú*, Vol. 44 (4), pp. 507-528.
- Tejada-Pérez, C. A., Villasante, F., Luque-Fernández, C., & Tejada-Begazo, C. 2018. Mollusk richness and vertical distribution along the rocky shore of Islay, Arequipa, Southern Peru. *Journal of Marine and Coastal Sciences*, 10(1), 47-66. DOI: <https://doi.org/10.15359/revmar10-1.4>
- Tejada, A., Baldarrago, D., Aragón, B., Vizcarra, Y., & Villanueva, J. 2019. El chanque (*Concholepas concholepas* (B.)) en el litoral de las regiones Moquegua y Tacna, 2017. *Inf Inst Mar Perú*, Vol. 46 (4), 557-577.
- Thiele, J. 1929–35. *Handbuch der Systematischen Weichtierkunde*. Jena: Gustav Fischer.
- Torreblanca-Ramírez, C., Flores-Garza, R., Flores-Rodríguez, P., García-Ibáñez, S., Michel-Morfin J., Rosas-Acevedo J. 2014. Gasterópodos con potencial económico asociados al intermareal rocoso de la Región Marina Prioritaria 32, Guerrero, México. *Revista de*

Biología Marina y Oceanografía. 49 (3): 547-557. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-19572014000300011>

- Thompson, J., Higgins, D., Gibson, T. 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22: 4673-4680. <https://doi.org/10.1093/nar/22.22.4673>
- Trivedi, S., Aloufi, A., Ansari, A., & Ghosh, S. K. 2016. Role of DNA barcoding in marine biodiversity assessment and conservation: an update. *Saudi journal of biological sciences*, 23(2), 161-171. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2015.01.001>
- Uribe, R., Rubio, J., Carbajal, P. & Berrú, P. 2013a. Invertebrados bentónicos del litoral de la Región Ancash, Perú. *Instituto del Mar del Perú*. 28 (1-2), 1-159.
- Uribe, R., Nakamura, K., Indacochea, A., Pacheco, A., Hooker, Y. y Schrödl, M. 2013b. A review on the diversity and distribution of opisthobranch gastropods from Peru, with the addition of three new records (Gastropoda, Heterobranchia). *Spixiana* 36 (1), 43-60.
- Uribe, J. E. 2016. Mitogenómica y filogenia de linajes de gasterópodos altamente diversificados (Vetigastropoda, Neritimorpha y Conoidea). Tesis doctoral. Universidad autónoma de Madrid. España.
- Uribe, R., Sepúlveda, F., Goddard, J., & Valdés, Á. 2017. Integrative systematics of the genus *Limacia* OF Müller, 1781 (Gastropoda, Heterobranchia, Nudibranchia, Polyceridae) in the Eastern Pacific. *Marine Biodiversity*, 48(4), 1815-1832. <https://doi.org/10.1007/s12526-017-0676-5>.
- Valdéz, J. 2019. Potentes analgésicos nuevos procedentes de animales marinos. Trabajo de fin de grado. Universidad complutense, Madrid. España.
- Vega, J. M., Asorey, C. M., & Piaget, N. 2016. Asociación *Scurria-Lessonia*, indicador de integridad ecológica en praderas explotadas de huiro negro *Lessonia berteroana* (ex *L. nigrescens*) en el norte de Chile. *Revista de biología marina y oceanografía*, 51(2), 337-345. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-19572016000200011>
- Véliz, D., Guisado, C., & Winkler, F. 2001. Morphological, reproductive, and genetic variability among three populations of *Crucibulum quiriquinae* (Gastropoda: Calyptraeidae) in northern Chile. *Marine Biology*, 139(3), 527-534. <https://doi.org/10.1007/s002270100601>
- Véliz, D., Winkler, F., & Guisado, C. 2003. Developmental and genetic evidence for the existence of three morphologically cryptic species of *Crepidula* in northern Chile. *Marine Biology*, 143(1), 131-142. <https://doi.org/10.1007/s00227-003-1042-7>
- Veliz, D., Winkler, F. M., Guisado, C., & Collin, R. 2012. A new species of *Crepidatella* (Gastropoda: Calyptraeidae) from northern Chile. *Molluscan Research* 32, (3), 145-153.

- Véliz D, Vásquez J. 2000. La familia Trochidae (Mollusca: Gastropoda) en el norte de Chile: Consideraciones morfológicas y taxonómicas. *Revista Chilena de Historia Natural*, 73(4): 757-769.
- Vera, P., Jiménez, P. & Franco-Lara, L. 2012. Uso de herramientas bioinformáticas en la evaluación de secuencias “DNA barcode” para la identificación a nivel de especie. *Revista Facultad de Ciencias Básicas*, 8 (2), 196-209. <https://doi.org/10.18359/rfcb.2035>
- Vermeij, G. J. 2004. The *Cantharus* group of pisaniine buccinid gastropods: review of the Oligocene to Recent genera and description of some new species of *Gemophos* and *Hesperisternia*. *Cainozoic Research*, 4(1/2), 71-96.
- Virgilio M., K. Jordaens, F. Breman, T. Backeljau and M. Meyer. 2012. Identifying insects with incomplete DNA Barcode libraries, african fruit flies (Diptera: Tephritidae) as a test case. *PLoS ONE*, 7: e31581. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0031581>
- Voltzow, J. 1994. Gastropoda: Prosobranchia. En: *Microscopic Anatomy of Invertebrates*. Harrison FW, Kohn AJ (eds), Wiley-Liss, Inc, New York, pp 111-252
- von May, R., Catenazzi, A., Angulo, A., Venegas, P., & Aguilar, C. 2012. Investigación y conservación de la biodiversidad en Perú: importancia del uso de técnicas modernas y procedimientos administrativos eficientes. *Revista peruana de biología*, 19(3), 351-358.
- Wiemers M. and K. Fiedler. 2007. Does the DNA barcoding gap exist? - a case study in blue butterflies (Lepidoptera: Lycaenidae). *Front. Zool.* 4:8. <https://doi.org/10.1186/1742-9994-4-8>
- Williams S. y Ozawa T. 2006. Molecular phylogeny suggests polyphyly of both the turban shells (family Turbinidae) and the superfamily Trochoidea (Mollusca: Vetigastropoda). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 39 33–51. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.12.017>
- Williams, S. T., Donald, K. M., Spencer, H. G., & Nakano, T. 2010. Molecular systematics of the marine gastropod families Trochidae and Calliostomatidae (Mollusca: Superfamily Trochoidea). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 54(3), 783-809. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2009.11.008>
- WoRMS Editorial Board 2021. World Register of Marine Species. Available from <https://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2021-12-05. doi:10.14284/170
- Yuvero, M. 2017. Caracterización Morfológica y Biología reproductiva en Fissurellidea y Fissurella (Vetigastropoda: Fissurellidae) en el Atlántico Sudoccidental. Tesis de licenciatura. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.
- Yamazaki, D., Hirano, T., Uchida, S., Miura, O., & Chiba, S. 2019. Relationship between contrasting morphotypes and the phylogeny of the marine gastropod genus Tegula (Vetigastropoda: Tegulidae) in East Asia. *Journal of Molluscan Studies*, 85(1), 24-34. <https://doi.org/10.1093/mollus/eyy055>

- Zabala, M. 2012. Ecología trófica, crecimiento y reproducción en el gasterópodo *Adelomelon ancilla* en el Golfo Nuevo. Tesis Doctoral. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.
- Zhao, X., Pang, S., Shan, T., & Liu, F. 2013. Applications of three DNA barcodes in assorting intertidal red macroalgal flora in Qingdao, China. *Journal of Ocean University of China*, 12(1), 139-145. <https://doi.org/10.1007/s11802-013-2052-9>
- Zhang, J., Kapli, P., Pavlidis, P., & Stamatakis, A. 2013. A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics*, 29(22), 2869-2876. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt499>
- Zhang, S., Zhang, J., & Zhang, S. 2020. Integrative taxonomy reveals new taxa of Trochidae (Gastropoda: Vetigastropoda) from seamounts in the tropical western Pacific. *Deep Sea Research Part I: Oceanographic Research Papers*, 159, 103234. <https://doi.org/10.1016/j.dsr.2020.103234>.
- Zou, S., Li, Q., Kong, L., Yu, H., & Zheng, X. 2011. Comparing the usefulness of distance, monophyly and character-based DNA barcoding methods in species identification: a case study of Neogastropoda. *PloS one*, 6(10), e26619. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0026619>
- Zuccarello, G. y Lokhorst, G. 2005. Molecular phylogeny of the genus *Tribonema* (Xanthophyceae) using *rbcL* gene sequence data: monophyly of morphologically simple algal species. *Phycologia*. 44 (4): 384–392.

IX. ANEXOS

9.1. Anexo 1. Información de secuencias *COI* disponibles en GenBank y BOLD, incluidas en los análisis.

MOTU	Lugar de colecta	BIN	GenBank
Patellogastropoda			
<i>Scurria cecilians</i>	Chile	AAH9721	-
<i>Scurria cecilians</i>	Chile	AAH9721	-
<i>Scurria viridula</i>	Chile	AAJ5802	MG263703.1
<i>Scurria viridula</i>	Chile	AAJ5802	-
<i>Scurria viridula</i>	Chile	AAJ5802	-
Vetigastropoda			
<i>Prisogaster niger</i>	Chile	AAH7617	AM049361.1
<i>Prisogaster niger</i>	Chile	AAH7617	AM049362.1
<i>Tegula atra</i>	Chile	ACQ0911	-
<i>Tegula atra</i>	Chile	ACQ0911	-
<i>Tegula atra</i>	Chile	ACQ0911	-
Neritimorpha			
<i>Theodoxus danubialis</i>	Europa	ACF4500	HM171589.1
<i>Theodoxus danubialis</i>	Europa	ACF4500	HM171587.1
Caenogastropoda			
<i>Columbella major</i>	Panamá	ADK6068	KY464894.1
<i>Argobuccinum pustulosum</i>		ADE1752	MH485162.1
<i>Trochita calyptraeiformis</i>	Estados Unidos	AAH8273	AF546049.1
<i>Crucibulum scutellatum</i>	Panamá	AAR4779	AF546056.1
<i>Bostrycapulus calyptraeiformis</i>	Perú	AAB4922	AY061778.1
<i>Pseudozonaria arabicula</i>	Panamá	AAH7960	AY161752.1
<i>Pseudozonaria arabicula</i>	Panamá	AAH7960	-
<i>Monoplex parthenopeus</i>	Perú	ADC5956	-
<i>Monoplex pilearis</i>	India	ADI4651	MN389084.1
<i>Monoplex comptus</i>	Estados Unidos	AAR5689	MT528269.1
<i>Littoraria varia</i>	Ecuador	ACH2653	FN557155.1
Heterobranchia			
<i>Phidiana lynceus</i>	Cuba	ACI2310	KX889745.1
<i>Phidiana lynceus</i>	Cuba	ACI2310	JX087562.1
<i>Phidiana lynceus</i>	Cuba	ACI2310	JX087563.1

9.2. Anexo 2. Fichas taxonómicas de las especies que no tuvieron relación con sus MOTUs.

Scurria ceciliana (d'Orbigny, 1841)

“Patela”



Phylum : Mollusca

Clase: Gastropoda

Familia: Lottiidae

Habitat

Herbívoro, de actividad pastoreadora. Mediolitoral. En rocas o grietas, sustrato vertical, en pozas de marea. En zonas expuestas y protegidas al oleaje. Los juveniles sobre las poblaciones de *Perumytilus purpuratus*.

Distribución

Carquín, Perú al Estrecho de Magallanes, Chile.

Observaciones

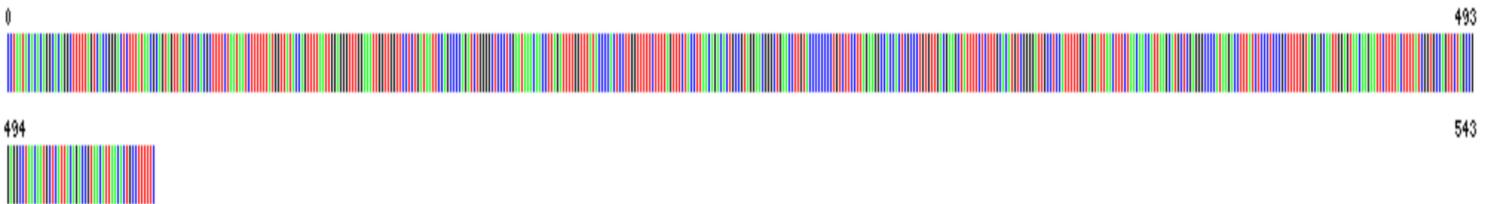
Nombres sinónimos

Acmaea ceciliana (Pilsbry, 1891);
Collisella ceciliana (Marincovich, 1973);
Collisella chilota Ramírez-Böhme, 1974; ;
Patella ceciliana (Orbigny, 1841);

Descripción y diagnosis de la especie

Concha de tamaño mediano, baja a medianamente alta, ligeramente más ancha en la parte posterior. Con escasas costillas radiales elevadas de color blanco sobre un fondo azul verdoso que se proyectan ligeramente en el borde. Estriaciones muy finas e igualmente espaciadas, con frecuencia estas estriaciones son visibles sobre las costillas y en los interespacios de la concha cerca del ápice., a medida que individuo crece, éstas desaparecen. Ápice romo. Individuos juveniles con la protoconcha de color café. Cuando hay infección, el ápice aparece fuertemente erosionado, dejando expuestaproducto la capa interna de la concha, de color oscuro.

Código de Barras



Bibliografía

- Álamo V. & V. Valdivieso. 1997. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Instituto del Mar del Perú. Segunda edición. 183pp.
- Aldea C. & C. Valdovinos. 2005. Moluscos del intermareal rocoso del centro-sur de Chile. (36° - 38°S): taxonomía y clave de identificación. Gayana 69(2): 364-396.
- Carcelles A. & S. Williamson. 1951. Catálogo de los moluscos marinos de la Provincia Magallánica. Revista del Instituto Nacional de Investigación de las Ciencias Naturales. Ciencias Zoológicas, Tomo II. (5): 225-382.
- Dall W.H. Report on a collection of shells from peru, with a summary of the littoral marine mollusca of the Peruvian Zoological Province. Proceedings U. S. National Museum. 37(1704): 147-294.
- Espoz C. & J.C. Castilla. 2000. Escape responses of four Chilean intertidal limpets to seastars. Marine Biology 137: 887-892.
- Espoz C., D.R. Lindberg, J.C. Castilla & W.B. Simison. 2004. Los patelogastrópodos intermareales de Chile y Perú. Revista chilena de historia natural. 77: 257-283.
- Guzmán N., S. Saá & L. Ortlieb. 1998. Catálogo descriptivo de los moluscos litorales (Gastropoda y Pelecypoda) de la zona de Antofagasta, 23°S (Chile). Estud. Oceanol. 17: 17-86.
- Marincovich L. 1973. Intertidal mollusks of Iquique, Chile. Natural History Museum Los Angeles County Science Bulletin 16. 49pp.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Checklist dataset <https://doi.org/10.14284/170> accessed via GBIF.org on 2018-11-21. Doi: 10.14284/170.

Scurria variabilis (G. B. Sowerby I, 1839)

“Patela”



Phylum : Mollusca

Clase: Gastropoda

Familia: Lottiidae

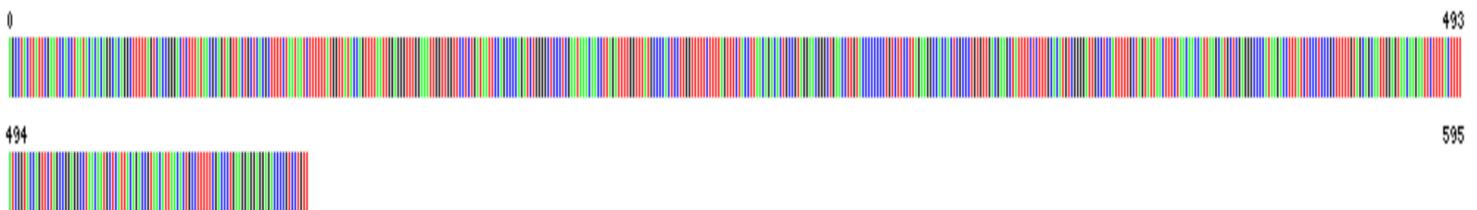
Descripción y diagnosis de la especie

De contorno irregular. Costillas radiales muy poco elevadas. Radios de color marrón oscuro sobre un fondo blancuzco. Ápice desgastado y romo, de coloración heterogénea y variable. Interior con área apical manchada de blanco y negro y rodeado de radios blancos.

Hábitat

Mediolitoral rocoso hasta los 40m de profundidad. Asociada con algas coralinas incrustantes, sobre las conchas de *S. viridula*, en las placas de *Enoplochiton niger* y ocasionalmente sobre *Chiton granosus*.

Código de Barras

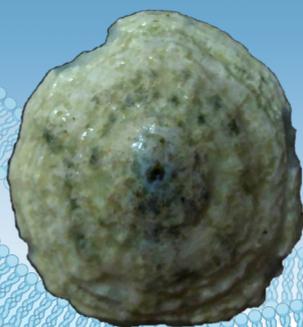


Bibliografía

- Aguilera M.A, S.A. Navarrete. 2011. Distribution and activity patterns in an intertidal grazer assemblage: influence of temporal and spatial organization on interspecific associations. *Marine Ecology Progress Series*. 431: 119-136.
- Aldea C. & C. Valdovinos. 2005. Moluscos del intermareal rocoso del centro-sur de Chile (36° - 38°s): taxonomía y clave de identificación. *Gayana* 69(2): 364-396.
- Dall W.H. Report on a collection of shells from peru, with a summary of the littoral marine mollusca of the Peruvian Zoological Province. *Proceedings U. S. National Museum*. 37(1704): 147-294.
- Espoz C., D.R Lindberg, J.C. Castilla & W.B. Simison. 2004. Los patelogastrópodos intermareales de Chile y Perú. *Revista Chilena de Historia Natural*. 77: 257-283.
- Guzmán N., S. Saá & L. Ortlieb. 1998. Catálogo descriptivo de los moluscos litorales (Gastropoda y Pelecypoda) de la zona de Antofagasta, 23°S (Chile). *Estud. Oceanol*. 17: 17-86.
- Marincovich L. 1973. Intertidal mollusks of Iquique, Chile. *Natural History Museum Los Angeles County Science Bulletin*. 16: 1-49.
- Osorio C. 2002. Moluscos marinos en Chile: Especies de importancia económica. Universidad de Chile, Santiago. 211 pp.
- Paredes C., P. Huamán, F. Cardoso, R. Vivar & V. Vera. 1999. Estado actual del conocimiento de los moluscos acuáticos en el Perú. *Rev. Peru. Biol.* 6(1): 5-47. Editorial UNICACH. Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas. México.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Checklist dataset <https://doi.org/10.14284/170> accessed via GBIF.org on 2019-05-17. Doi: 10.14284/170.

Scurria viridula (Lamarck, 1822)

“Patela, señorita”



Phylum : Mollusca

Clase: Gastropoda

Familia: Lottiidae

Descripción y diagnosis de la especie

Concha sólida, cónica con ápex entero y ligeramente por delante de la mitad de la concha. De forma ovada y de altura variable. Costillas primarias radiales bajas, bastante anchas con estriación radial débil que coinciden con rayas blancas. Costillas secundarias poco notorias. Color blanco-verdoso, con marcas verdes reticuladas en los espacios intermedios de las costillas con manchas más grandes de color verdoso. Las conchas viejas completamente gris por fuera y blanco por dentro, con cierta tonalidad verde claro en borde interno de la concha. Los juveniles tienen un color marrón o verdoso.

Hábitat

Mediolitoral rocoso, sobre paredes verticales muy expuesta al oleaje.

Distribución

Paita, Perú a Valparaíso y Punta Chonos, Chile.

Observaciones

Nombres sinónimos

Acmaea viridula (Pilsbry, 1891);
Patella viridula (Lamarck, 1819);
Scurria viridula (Thiem, 1917).

Código de Barras



Bibliografía

- Álamo V. & V. Valdivieso. 1997. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Instituto del Mar del Perú. Segunda edición. 183pp.
Dall W.H. Report on a collection of shells from peru, with a summary of the littoral marine mollusca of the Peruvian Zoological Province. Proceedings U. S. National Museum. 37(1704): 147-294.
Espoz C. & J.C. Castilla. 2000. Escape responses of four Chilean intertidal limpets to seastars. Marine Biology 137: 887-892.
Espoz C., D.R. Lindberg, J.C. Castilla & W.B. Simison. 2004. Los patelogastrópodos intermareales de Chile y Perú. Revista chilena de historia natural. 77: 257-283.
Guzmán N., S. Saá & L. Ortlieb. 1998. Catálogo descriptivo de los moluscos litorales (Gastropoda y Pelecypoda) de la zona de Antofagasta, 23°S (Chile). Estud. Oceanol. 17: 17-86.
Marincovich L. 1973. Intertidal mollusks of Iquique, Chile. Natural History Museum Los Angeles County Science Bulletin 16. 49pp.
Wahl M. 1989. Marine epibiosis. I. Fouling and antifouling: some basic aspects. Marine Ecology Progress Series. 58: 175-189.
WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Checklist dataset <https://doi.org/10.14284/170> accessed via GBIF.org on 2018-11-21. Doi: 10.14284/170.

Fissurella asperella G. B. Sowerby I, 1835

“Lapa”

Phylum : Mollusca

Clase : Gastropoda

Orden : Lepetellida

Familia : Fissurellidae

Hábitat

Intermareal rocoso.

Distribución

Manzanillo, México a muelle Gildemeister, Perú.

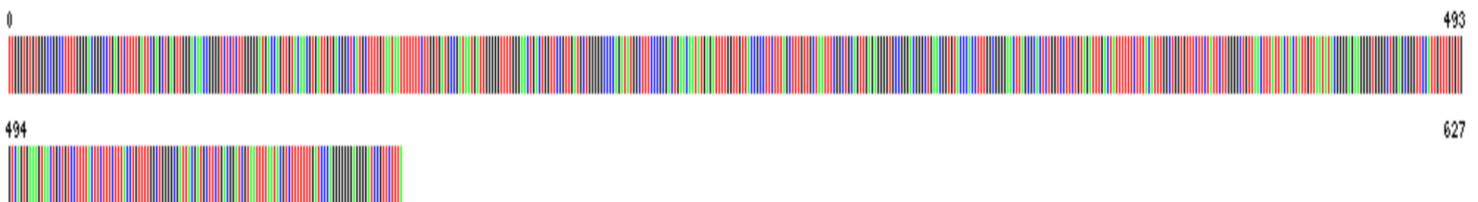
Observaciones

Especie comercial en Acapulco, México.

Descripción y diagnosis de la especie

Concha angosta anteriormente con delgadas costillas radiales y bandas de color pardo-rojizo. Orificio alargado suavemente tripartita. Borde interno blanco e interior verde blanquecino. Callo palear fuertemente marcado.

Código de Barras



Bibliografía

- Castro-Mondragon, H., Flores-Garza, R., Rosas-Acevedo, J. L., Flores-Rodríguez, P., García-Ibáñez, S. & Valdez-González, A. (2015). Escenario biológico pesquero y socio-económico de la pesca ribereña de moluscos en Acapulco. *Revista Iberoamericana de Ciencias*, 2(7): 7-24.
- Juan Carlos Cerros-Cornelio, J. C.; Flores-Garza, R.; Torreblanca-Ramirez, C.; Flores-Rodríguez, P. & García-Ibáñez, S. 2007. Composición de la familia Fissurellidae (Mollusca: Gastropoda) en el intermareal rocoso de las regiones marinas prioritarias en Guerrero, México. *CienciaUAT*, 12(1): 06-22.
- Keen A.M. 1971. *Sea shells of tropical West America*. 2a. ed. Stanford Univ. Press, California, 1064 pp., 3325 figs. 22.
- WoRMS Editorial Board (2018). *World Register of Marine Species*. Available from <https://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 20187-07-10. doi: 10.14284/170.

Fissurella virescens G. B. Sowerby, 1835 “Lapa”

Phylum : Mollusca

Clase : Gastropoda

Orden : Lepetellida

Familia : Fissurellidae

Distribución

Mazatlán, México a islas Lobos, Perú e islas Galápagos, Ecuador.

Descripción y diagnosis de la especie

Concha oval no deprimida. Medianas costillas radiales. Lado externo de la concha de color amillento y la interna, de apariencia nacarada, verdosa. Foramen elongado y biselado

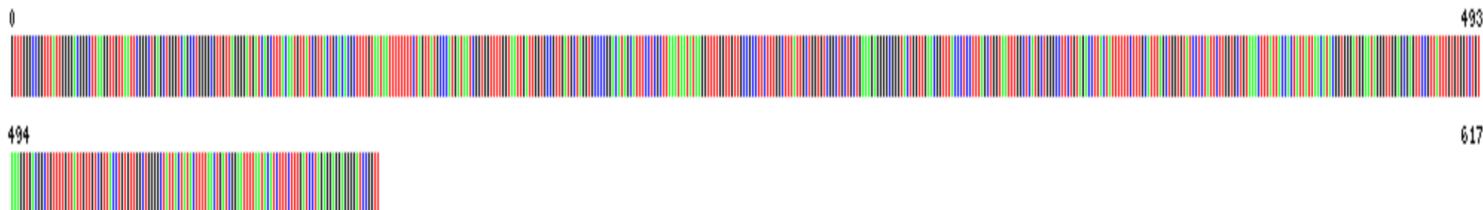
Observaciones

Los especímenes de Panamá y Colombia usualmente presentan una coloración negra en las costillas radiales de ahí la característica de *F. nigropunctata*.

Hábitat

Mediolitoral rocoso, entre algas.

Código de Barras



Bibliografía

- Álamo V. & V. Valdivieso. 1997. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Boletín del Instituto del Mar. 183 pp.
- Bacci G. 1947. Osservazioni sulla sessualità degli Archaeogastropoda. Archivio Zoologico Italiano 32: 329-341.
- Bretos M. & R. Chihuailaf. 1990. Biometría y otros aspectos biológicos de *Fissurella pulchra* (Mollusca: Prosobranquia). Revista de Biología Marina 25 (1): 1-14.
- Finet Y. 1994. Marine Molluscs of the Galapagos. Gastropods. A monograph and revision of the families Haliotidae, Scissurellidae, Fissurellidae and Lottiidae. In Monographs on Galapagos Mollusca N° 1. 110pp.
- Keen A.M. 1971. Sea shells of tropical West America. 2a. ed. Stanford Univ. Press. California. 1064 pp.
- Olivares A.N. 2007. Sistemática molecular del género *Fissurella* en el Pacífico sudoriental. Tesis doctoral. Universidad de Santiago de Compostela, España. 285pp.
- Paredes C., P. Huamán, F. Cardoso, R. Vivar & V. Vera. 1999. Estado actual del conocimiento de los moluscos acuáticos en el Perú. Rev. Peru. Biol. 6(1): 5-47.
- Willis S. & J. Cortés. 2012. Mollusks of Manuel Antonio National Park, Pacific Costa Rica. Rev. Biol. Trop. 49(2): 25-36.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Checklist dataset <https://doi.org/10.14284/170> accessed via GBIF.org on 2019-05-11. Doi: 10.14284/170.

Prisogaster niger (W. Wood, 1828)

“Caracol perlado”

Phylum : Mollusca

Clase : Gastropoda

Orden : Trochida

Familia : Turbinidae

Descripción y diagnosis de la especie

Concha achatada, globosa, negra, con líneas de crecimiento oblicuas y marcadas costillas espirales y rugosas, siendo más notorias en los ejemplares adultos. Espira muy corta en relación a las vueltas del cuerpo formada por cuatro anfractos convexos, siendo el último grande y redondeado. Ápice romo. Abertura ancha, nacarada con opérculo blanco brillante, calcáreo y convexo, característico de la especie. Sin dientes ni ombligo. El labio interno liso y el externo romo, muestra un borde interior grisáceo con proyecciones de las costillas espirales, algunas notorias en los ejemplares del norte.

Hábitat

Intermareal y submareal rocoso. Bajo las rocas, entre grietas.

Distribución

De Playa Melchorita, en sustrato duro a 5 m de profundidad. Otras localidades: Paita, Pimentel, Santa Rosa, Pacasmayo, Barranca, Casma, Huarney, Isla Don Martín, Chancay, Ancón, Callao, Punta Negra, San Bartolo, Pucusana, Chilca, Asia, San Andrés, Bahía Independencia, Lomas, Tanaca, Chala, Atico, Camaná, Matarani, Ilo. (Perú) al Estrecho de Magallanes (Chile).

Observaciones

Puede confundirse con *Diloma nigerrima* (Wood, 1828). Tiene consumo limitado en algunas localidades de Chile. De alta frecuencia y abundancia.

Código de Barras



Bibliografía

Álamo, V. y V. Valdivieso. 1987. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Bol. Inst. Mar. Perú-Callao. Volumen Extraordinario. pp 205.
Guzman N., Saa S., Ortlieb Luc (1998). Catalogo descriptivo de los moluscos litorales (Gastropoda y Pelecypoda) de la zona de Antofagasta, 23°S (Chile). Estudios Oceanologicos, 17, 17-86. ISSN 0071-173X
Uribe, R, Rubio J., Carbajal P. y Berrú P. 2013. Invertebrados Marinos bentónicos del Litoral de la Región Áncash, Perú. Bol Inst Mar Perú, 28 / Nros 1 y 2 / enero - diciembre 2013.
WoRMS Editorial Board (2017). World Register of Marine Species. Available from <https://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2017-07-09. doi: 10.14284/170

Tegula atra (Lesson, 1830)

“Caracol turbante, caracol negro”

Phylum : Mollusca

Clase : Gastropoda

Orden : Trochida

Familia : Tegulidae

Descripción y diagnosis de la especie

Concha de forma trocoide, gruesa, vuelta corporal ancha y aplanada. Escultura de muy finas estrías (casi imperceptibles), oblicuas, que siguen la dirección de la espira. El color en tonalidades de oscuros, pardo-violáceo a negro. Abertura oval, con el borde derecho expandido, oblicuo, cortante y de color negro. Internamente nacarado. El labio interno con un tubérculo en forma de diente y ombligo sin orificio. Opérculo córneo, de color café.

Hábitat

En pozas de mareas, mediolitoral y sublitoral rocoso entre las algas e incrustados con un alga rosa calcárea del grupo de los lithothamnioides. Comparte hábitat con *T. Luctuosa*, *T. Tridentata* y *Diloma nigerrima*, *Prisogaster niger* en comunidades de *Lessonia nigrescens* y *L. trabeculata*.

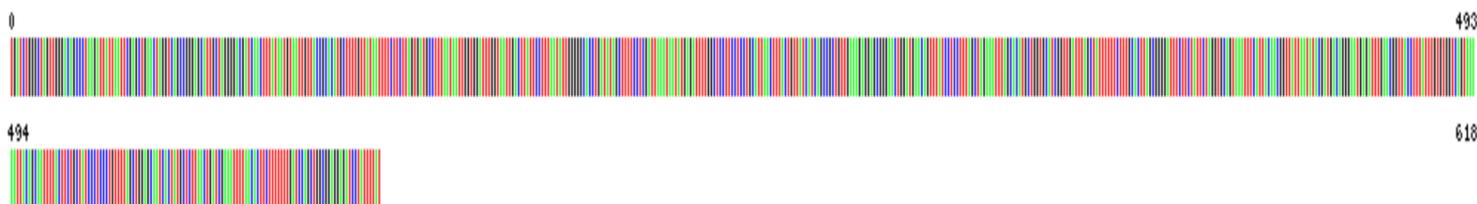
Distribución

Pacasmaayo, Perú al Estrecho de Magallanes y Patagonia.

Observaciones

Especie comercial en Chile.

Código de Barras



Bibliografía

Álamo V. & V. Valdivieso. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Callao, Perú, Instituto del Mar del Perú, Boletín Volumen extraordinario. 205pp.
 Carcelles A. R. & S. I. Williamson. 1951. Catálogo de los moluscos marinos de la provincia magallánica. Rev. Inst. Nac. de Inves. Cien. Nat. (Argentina). Cien. Zool. 2(5): 225-383.
 Guzmán N., S. Saá & L. Ortlieb. 1998. Catálogo descriptivo de los moluscos litorales (Gastropoda y Pelecypoda) de la zona de Antofagasta, 23°S (Chile). Estud. Oceanol. 17: 17-86.
 Marinovich L. 1973. Intertidal mollusk of Iquique, Chile. Nat. Hist. Mus. 16: 1-49.
 Riquelme A.D. 2015. Evaluación del rendimiento comercial de *Tegula atra* considerando el calibre y zona de extracción, en la región de Los Ríos, Chile. Tesis de Licenciatura, Universidad Austral de Chile. 46pp.
 Vásquez J.A. & A. Buschmann. 1997. Herbivore-kelp interactions in Chilean subtidal communities: a review. Revista Chilena de Historia Natural. 70: 41-52.
 Vásquez J.A., P.A. Camus & F.P. Ojeda. 1998. Diversidad, estructura y funcionamiento de ecosistemas costeros del norte de Chile. Revista Chilena de Historia Natural. 71: 479-499.
 Véliz D. & J.A. Vásquez. 200. La Familia Trochidae (Mollusca: Gastropoda) en el norte de Chile: consideraciones ecológicas y taxonómicas. Revista Chilena de Historia Natural. 73: 757-769.
 WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Checklist dataset <https://doi.org/10.14284/170> accessed via GBIF.org on 2018-10-19. Doi: 10.14284/170.

Tegula euryomphala (Jonas, 1844)

“Caracol negro, caracol turbante”



Phylum : Mollusca

Clase : Gastropoda

Orden : Trochida

Familia : Tegulidae

Hábitat

Mediolitoral y submareal hasta los 5m. En áreas protegidas. En sustrato rocos, arena-conchuela.

Distribución

Perú a Talcahuano, Chile

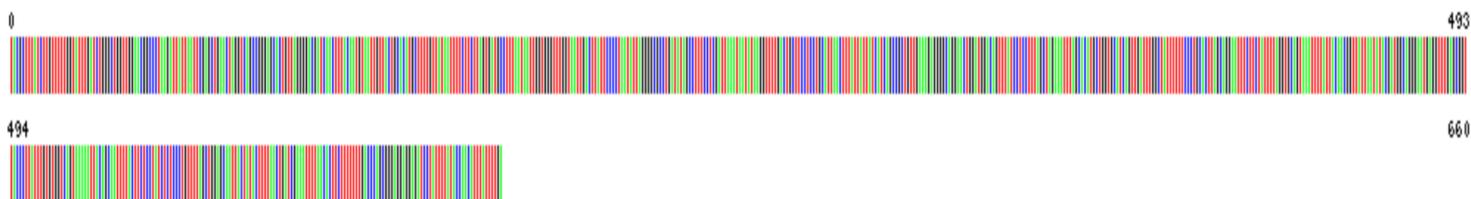
Observaciones

T. euryomphala es similar a *T. luctuosa*, pero esta última presenta vueltas más angulosas. En cuanto a la diferenciación de ambas especies con *T. atra*, es la presencia del ombligo.

Descripción y diagnosis de la especie

Concha sólida, forma cónica, globosa, de color negro y de escultura suave, con vueltas convexas, la última levemente angulosa. Sutura notoria. Abertura oval-circular con borde filoso, ancho y el borde interno con un diete cercano a la base. Opérculo córneo. Con ombligo

Código de Barras



Bibliografía

- Álamo V. & V. Valdivieso. 1997. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Instituto del Mar del Perú. Segunda edición. 183pp.
- Aldea C. & C. Valdovinos. 2005. Moluscos del intermareal rocoso del centro-sur de Chile (36° - 38°s): taxonomía y clave de identificación. Gayana 69(2): 364-396.
- Dall W.H. Report on a collection of shells from peru, with a summary of the littoral marine mollusca of the Peruvian Zoological Province. Proceedings U. S. National Museum. 37(1704): 147-294.
- Guzmán N., S. Saá & L. Ortlieb. 1998. Catálogo descriptivo de los moluscos litorales (Gastropoda y Pelecypoda) de la zona de Antofagasta, 23°S (Chile). Estud. Oceanol. 17: 17-86.
- Romero M.S. Spawning and larval development of *Tegula euryomphala* (Jones, 1844) (Trochoidea: Tegulidae) from La Herradura Bay, Chile. Invertebrate Reproduction and Development. 58:4, 278-283.
- Véliz D. & J.A. Vásquez. 2000. La Familia Trochidae (Mollusca: Gastropoda) en el norte de Chile: consideraciones ecológicas y taxonómicas. Revista chilena de Historia Natural. 73: 757-769.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Checklist dataset <https://doi.org/10.14284/170> accessed via GBIF.org on 2018-11-18. Doi: 10.14284/170.

Tegula luctuosa (d' Orbigny, 1841)

“Caracol negro”

Phylum : Mollusca

Clase : Gastropoda

Orden : Trochida

Familia : Tegulidae

Distribución

Ancón, Perú a Valparaíso, Chile.

Observaciones

Nombre sinónimo

Trochus luctuosus d'Orbigny, 1841 (combinación original).

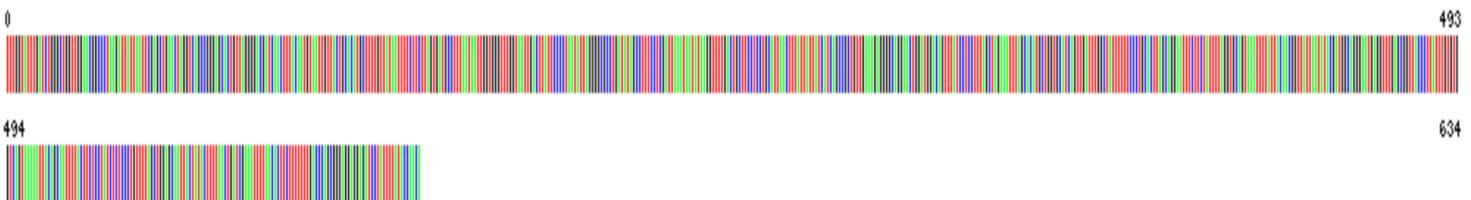
Descripción y diagnosis de la especie

Concha cónica, de forma trocoide, gruesa, de color negro. Fina líneas concéntricas de crecimiento. Vueltas planas angulosas, en su parte media. Abertura oval circular, con un diente columelar. Ombligo plano y profundo. Opérculo córneo.

Hábitat

Mediolitoral rocoso, en grietas y en los rizoides de *Lessonia nigrescens*. Coexiste con *Tegula tridentata* y *Tegula atra*.

Código de Barras



Bibliografía

- Aldea C. & C. Valdovinos. 2005. Moluscos del intermareal rocoso del centro-sur de Chile (36° - 38°s): taxonomía y clave de identificación. *Gayana* 69(2): 364-396.
- Álamo V. & V. Valdivieso. 1997. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. *Boletín del Instituto del Mar*. 183 pp.
- Collado G.A., C. Espoz, M.A. Méndez & D.I. Brown. 2008. Spermatozoon ultrastructure in seven South American species of *Tegula* Lesson, 1835 (Mollusca: Vetigastropoda) and the phylogenetic implications for the subfamily Tegulinae. *Invertebrate Reproduction and Development*. 52(1-2): 13-21.
- Dall W.H. Report on a collection of shells from Peru, with a summary of the littoral marine mollusca of the Peruvian Zoological Province. *Proceedings U. S. National Museum*. 37(1704): 147-294.
- Guzmán N., S. Saá & L. Ortlieb. 1998. Catálogo descriptivo de los moluscos litorales (Gastropoda y Pelecypoda) de la zona de Antofagasta, 23°S (Chile). *Estud. Oceanol.* 17: 17-86.
- Paredes C., P. Huamán, F. Cardoso, R. Vivar & V. Vera. 1999. Estado actual del conocimiento de los moluscos acuáticos en el Perú. *Rev. Peru. Biol.* 6(1): 5-47.
- Véliz D. & J.A. Vásquez. 2000. La familia Trochidae (Mollusca: Gastropoda) en el norte de Chile: consideraciones ecológicas y taxonómicas. *Revista Chilena de Historia Natural*. 73: 757-769.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Checklist dataset <https://doi.org/10.14284/170> accessed via GBIF.org on 2019-05-20. Doi: 10.14284/170.

Crepidatella dilatata (Lamarck, 1822)

"Pique, señorita"

Phylum : Mollusca

Clase : Gastropoda

Orden : Littorinimorpha

Familia : Calyptraeidae

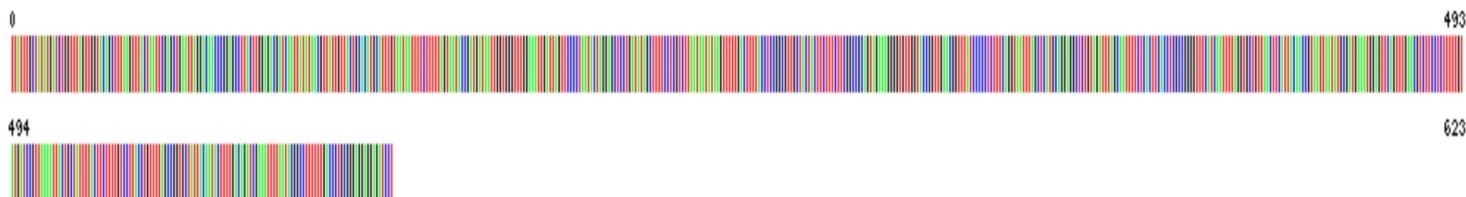
Descripción y diagnosis de la especie

Concha de forma irregular de interior blanco brillante. El septo es cóncavo a manera de repisa en forma de S de color blanco.

Hábitat

Del intermareal inferior y submareal rocoso

Código de Barras



Bibliografía

Álamo, V. y V. Valdivieso. 1987. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Bol. Inst. Mar. Perú- Callao. Volumen Extraordinario. pp 205.
 Paredes, C., & Cardoso, F. (2007). La Familia Calyptraeidae en el Perú (Gastropoda: Caenogastropoda). Revista Peruana de Biología, 13(3), 177-184.
 Uribe, R, Rubio J., Carbajal P. y Berrú P. 2013. Invertebrados Marinos bentónicos del Litoral de la Región Ancash, Perú. Bol Inst Mar Perú, 28 / Nros 1 y 2 / enero - diciembre 2013.
 WoRMS Editorial Board (2017). World Register of Marine Species. Available from <https://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2017-07-09. doi: 10.14284/170

Distribución

De Bahía Tortugas. Ancash – Perú. Se reporta también en Isla Santa, Casma y Huarmey. Al norte en Paita y Pimentel, en la costa central en Callao, Pucusana, Pisco y Bahía Independencia. Fuera de Perú su distribución llega hasta Punta Arenas (Chile) y la parte meridional de la provincia de Buenos Aires y las Islas Malvinas (Argentina).

Observaciones

Formas epibiontes sobre mitílidos y sobre ellos mismos

Crepidatella peruviana (Lamarck, 1822)

"Pique, señorita"

Phylum : Mollusca

Clase : Gastropoda

Orden : Littorinimorpha

Familia : Calyptraeidae

Descripción y diagnosis de la especie

Concha de forma irregular de interior blanco brillante. El septo es cóncavo a manera de repisa en forma de S de color blanco.

Hábitat

Del intermareal inferior y submareal rocoso.

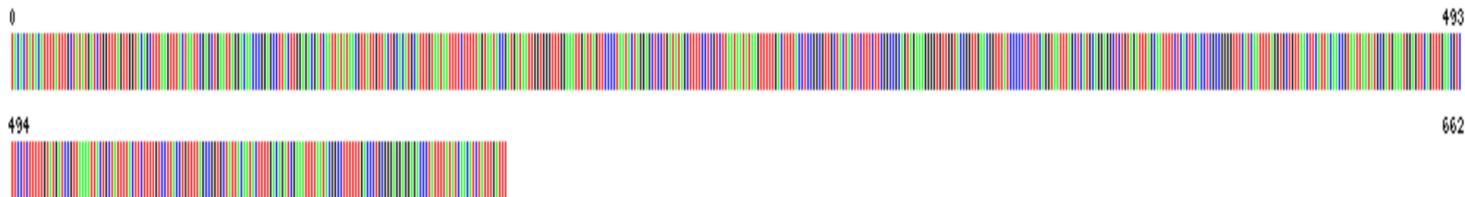
Distribución

De Playa Melchorita, a 10 m de profundidad. Se reporta también al norte de Chile.

Observaciones

Crepidatella fecunda Gallardo ,1979 es el nombre sinónimo conocido en Chile. La diferencia con *Crepidatella dilatata* se da solo en el modo de reproducción, por lo que son muy similares morfológicamente, así Reid & Osorio (1979) sostienen que son sinónimos.

Código de Barras



Bibliografía

Paredes, C., & Cardoso, F. (2007). La Familia Calyptraeidae en el Perú (Gastropoda: Caenogastropoda). *Revista Peruana de Biología*, 13(3), 177-184.
Veliz, D.; Winkler, F.M., Guisados, C., Collin, R. (2012). A new species of *Crepidatella* (Gastropoda: Calyptraeidae) from northern Chile. *Molluscan Research*. 32(3): 145-153.
WoRMS Editorial Board (2017). World Register of Marine Species. Available from <https://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2017-07-09. doi: 10.14284/170

Crucibulum scutellatum (Wood, 1828)

"Pique, señorita"

Phylum : Mollusca

Clase : Gastropoda

Orden : Littorinimorpha

Familia : Calyptraeidae

Distribución

Punta Piaxtla, México a Pimentel, Lambayeque, Perú.

Observaciones

Nombres sinónimos

Calyptraea imbricata Sowerby, 1824;
Calyptraea rugosa Lesson, 1830;
Calyptraea maculata Broderip, 1834;
Crucibulum corrugatum Gould & Carpenter, 1857.

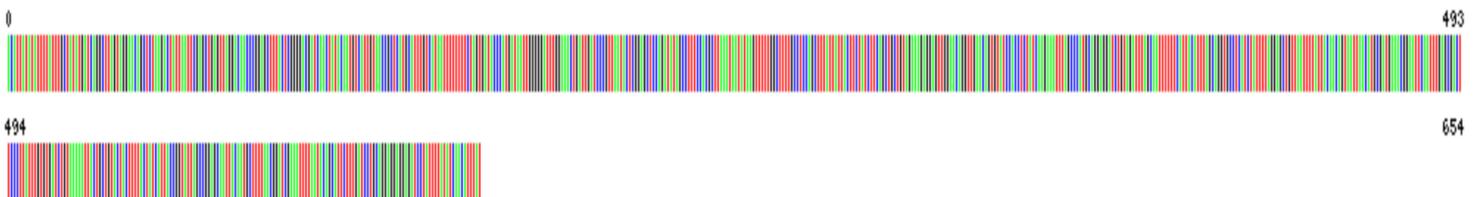
Descripción y diagnosis de la especie

Concha de forma cónica con ápex subcentral. Con costillas radiales gruesas que se proyectan en el borde de la concha con espinas gruesas; el septo blanco, en forma de copa se fija al ápex por uno de sus lados; coloración pardo-rojiza.

Hábitat

Infralitoral rocoso hasta los 27m de profundidad.

Código de Barras

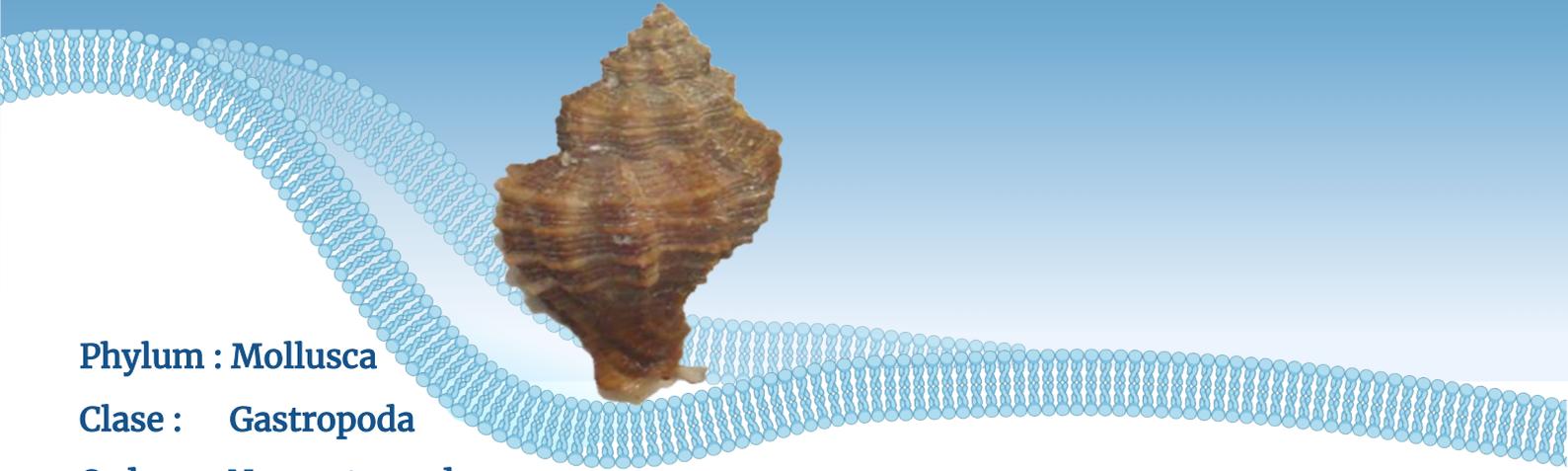


Bibliografía

Keen, A.M. 1971. The shells of tropical West America. 2th. ed. Stanford Univ. Press, California. 1064 pp.
 Paredes, C., & Cardoso, F. (2007). La Familia Calyptraeidae en el Perú (Gastropoda: Caenogastropoda). Revista Peruana de Biología, 13(3), 177-184.
 Peña, M. 1970. Zonas de distribución de los gasterópodos marinos del Perú. Anales Científicos de la Universidad Agraria 8(3/4): 153-170.
 WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Available from <https://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 20187-07-10. doi: 10.14284/170.

Xanthochorus buxeus (Broderip, 1833)

"Caracol"



Phylum : Mollusca

Clase : Gastropoda

Orden : Neogastropoda

Familia : Muricidae

Descripción y diagnosis de la especie

Concha gruesa con el ápice en punta y anfractos angulares con prominentes hombros. Coloración parda amarillenta. Escultura externa con gruesas costillas axiales pronunciadas y redondeadas que se continúan hasta el último anfracto y líneas espirales delgadas y finas que al interceptarse con las costillas axiales forman nódulos alargados a menudo de aspecto folioso. Abertura oval moderadamente grande, blanco aporcelanada. Canal sifonal corto, curvado, de paredes gruesas y profundas. Labio interno liso y ancho. Labio externo grueso con pequeños surcos formados por las líneas espirales y en su parte más interna una fila de pequeño dientes.

Hábitat

Intermareal inferior, submareal rocoso y submareal arenoso, asociado a sustratos rocosos con conchuela partida.

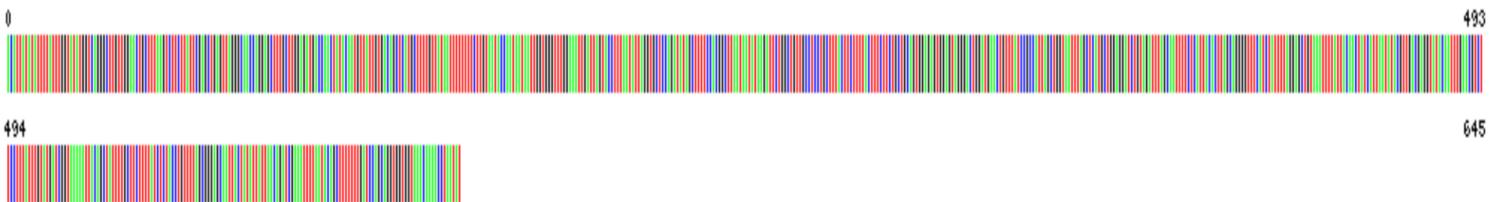
Distribución

Pacasmayo (Perú) al sur de Chile.
Otras localidades en el Perú: Islas Guañape, Paracas, Bahía Independencia, Matarani, Ilo.

Observaciones

Especie sin importancia comercial De alta frecuencia y moderada abundancia

Código de Barras



Bibliografía

Marincovich L. 1973. Intertidal mollusks of Iquique, Chile. Natural History Museum Los Angeles County, Science Bulletin. 16: 1-49
Uribe, R., Rubio, J., Carbajal, P. & Berrú, P. 2013a. Invertebrados bentónicos del litoral de la Región Ancash, Perú. Instituto del Mar del Perú. 28 (1-2), 1-159.
WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Checklist dataset <https://doi.org/10.14284/170> accessed via GBIF.org on 2022-01-26. Doi: 10.14284/170.

Xanthochorus cassidiformis (Blainville, 1832)

"Caracol "

Phylum : Mollusca

Clase : Gastropoda

Orden : Neogastropoda

Familia : Muricidae

Descripción y diagnosis de la especie

Superficie con finos y tupidos cordones espirales separados por finos surcos. Espira con tenues espinas. Exterior blanco e interior anaranjado. Concha gruesa, alta, formada por seis vueltas angulosas, siendo los dos últimos tan grandes que ocupan una tercera parte de la concha. Escultura externa conformada por costillas radiales alzadas y anchas, intersectadas por estrías concéntricas de mediano grosor, formando tubérculos, que le dan un aspecto lamelar. Entre las estrías principales hay finas estrías secundarias de aspecto escamoso. Abertura oval, termina en un angosto canal sifonal que está levemente curvado. Columela lisa y cóncava; labio externo presenta una serie de numerosos dienteillos transversales. Color interno de la concha naranja pálido; externamente es parda o blanca amarillenta.

Hábitat

Intermareal inferior, submareal rocoso y submareal arenoso, asociado a sustratos rocosos con conchuela partida.

Distribución

De Puerto Huarney (Ancash). Desde Islas Galápagos a Paita, Perú y Chiloé, Chile.

Observaciones

Especie sin importancia comercial y moderada abundancia.

Código de Barras



Bibliografía

- Álamo, V. y V. Valdivieso. 1987. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Bol. Inst. Mar. Perú- Callao. Volumen Extraordinario. pp 205.
- Blainville H.M.D. de. (1832). Disposition méthodique des espèces récentes et fossiles des genres Pourpre, Ricinule, Licorne et Concholepas de M. de Lamarck, et description des espèces nouvelles ou peu connues, faisant partie de la collection du Muséum d'Histoire Naturelle de Paris. Nouvelles Annales du Muséum d'Histoire Naturelle. 1: 189-263, pls 9-12. Page (s): 230
- Borja, A.; Franco, J.; Pérez, V. (2000). A Marine Biotic Index to Establish the Ecological Quality of Soft-Bottom Benthos within European Estuarine and Coastal Environments. Marine Pollution Bulletin. 40(12), 1100-1114.
- Guzman N., Saa S., Ortlieb Luc (1998). Catalogo descriptivo de los moluscos litorales (Gastropoda y Pelecypoda) de la zona de Antofagasta, 23°S (Chile). Estudios Oceanológicos, 17, 17-86. ISSN 0071-173X
- Houart R. & Sellanes J. (2017). Description of new species of *Xanthochorus* Fischer, 1884 and *Urosalpinx* Stimpson, 1865 (Mollusca, Gastropoda, Muricidae, Ocenebrinae) from Central Chile. American Malacological Bulletin. 35(2): 101-110., available online at <https://doi.org/10.4003/006.035.0202>
- Ramírez, R., & Paredes, C., & Arenas, J. (2003). Moluscos del Perú. Revista de Biología Tropical, 51 (3), 225-284.