

# ACTA ZOOLOGICA LILLOANA

VOLUMEN 63  
Suplemento

XIII Reunión Argentina  
de Cladística y Biogeografía

8 al 10 de abril de 2019  
San Miguel de Tucumán, Argentina

---

Resúmenes



Fundación Miguel Lillo

TUCUMÁN - ARGENTINA

— 2 0 1 9 —

## Evolución molecular de las proteínas de la subfamilia Indeterminate Domain (IDD): la conquista de la tierra

Prochetto, Santiago; Renata Reinheimer

Instituto de Agrobiotecnología del Litoral, Universidad Nacional del Litoral, CONICET, FCB-UNL, CCT- Santa Fe, Colectora Ruta Nacional 168, Km 0 s/n, 3000, Santa Fe, Argentina.  
reinheimer@ial.santafe-conicet.gov.ar

Los factores de transcripción del dominio indeterminado (IDD) son una subclase de proteínas de la familia de dedo de zinc  $C_2H_2$ . Se caracterizan por tener dos motivos de dedos de zinc de tipo  $C_2H_2$  y dos de tipo  $C_2HC$ . Algunos de estos factores de transcripción juegan diferentes roles en diversos aspectos del metabolismo y desarrollo de las plantas, como el tiempo de floración, la maduración de las semillas, el desarrollo de las raíces, el gravitropismo de los brotes y el desarrollo de las hojas. Sin embargo, la función de la mayoría de los genes IDD es desconocida y la evolución molecular de la familia no se ha explorado en detalle. Aquí presentamos una reconstrucción filogenética de la familia IDD utilizando los genes IDD de 14 genomas representativos de Embriofitas más el alga verde *Klebsormidium nitens*. Rastreamos el origen de la subfamilia a la división Charophyta. Nuestros resultados sugieren que la familia puede dividirse en al menos diez clados los que comparten seis motivos conservados, que incluyen los cuatro dedos de zinc del dominio IDD. Además, encontramos motivos que son específicos de clados particulares y que necesitan una mayor caracterización. Este estudio proporciona un marco sólido sobre las relaciones evolutivas de los factores de transcripción IDD de las plantas terrestres, lo que aumenta la precisión en la identificación de los ortólogos en especies no modelo y facilita la identificación de genes agrónomicamente importantes relacionados con el metabolismo y el desarrollo de las plantas.

## Revisión sistemática y filogenia del género *Lepthercus* (Araneae: Mygalomorphae) y descripción de un género nuevo

Ríos-Tamayo, Duniesky<sup>1\*</sup>; Robin Lyle<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, Tucumán, Argentina.

<sup>2</sup> Agricultural Research Council – Plant Health and Protection, South Africa.

\* duniesky1979@gmail.com

El género *Lepthercus* Purcell, 1902 comprende dos especies presentes en Sudáfrica, *Lepthercus dregei* y *Lepthercus rattrayi*; desde su descripción original, el género no ha sido objeto de ningún estudio taxonómico. Los principales objetivos del presente trabajo son revisar la taxonomía del género en África del Sur y proponer una hipótesis filogenética para sus especies. Se examinó abundante material asig-

nado al género *Lepthercus* proveniente de varios museos del país y de otras partes del mundo. Con todo este material, se re-describieron las dos especies actuales del género *Lepthercus*; se describieron seis nuevas especies para el género, así como la hembra correspondiente a *L. dregei*, la cual aún no se conocía. Además, se reveló un género nuevo, compuesto por tres especies. Se llevó a cabo un análisis filogenético con todas las especies de *Lepthercus* y del género nuevo; la matriz filogenética estuvo compuesta por 41 caracteres, siendo la mayoría de ellos nuevos. Los resultados filogenéticos sugieren que el género nuevo, aparece cercano a la base del cladograma, siendo grupo hermano de Anaminae + (*Acanthogonatus* + *Stanwellia*) + *Lepthercus*. Por su parte, el género *Lepthercus* aparece con una politomía y en una posición más derivada. Se obtiene el grupo *dregei* (*Lepthercus sensu stricto*) con buenos valores de soporte y compuesto por cinco especies.

## Dos especies nuevas del género *Elmas* (Coleoptera: Staphylinidae) de Perú y sus relaciones filogenéticas

Rodríguez, Maryzender<sup>1\*</sup>; Angélico Asenjo<sup>2</sup>; Luis Pérez<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Entomología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Arenales 1256, 15072, Jesús María, Lima, Perú.

<sup>2</sup> Universidade Federal de Mato Grosso, Instituto de Biociências, Departamento de Biologia e Zoologia, Av. Fernando Correa da Costa 2367, 78060-900, Boa Esperança, Cuiabá, MT, Brazil.

\* maryzender@gmail.com

El género neotropical *Elmas* Blackwelder incluye 20 especies distribuidas en América Central y América del Sur, desde Nicaragua hasta Brasil. Análisis filogenéticos previos de *Elmas* evidenciaron que es un grupo monofilético respaldado por ocho sinapomorfías no ambiguas. El propósito de este trabajo es describir dos especies nuevas recolectadas en los bosques basimontanos de la vertiente oriental de los Andes de Perú (Departamentos de Huánuco y Madre de Dios) y analizar sus relaciones filogenéticas. Los ejemplares estudiados están depositados en el Museo de Historia Natural de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos (MUSM), en el Setor de Entomologia da Coleção Zoológica da Universidade Federal de Mato Grosso (CEMT), Departamento de Biologia e Zoologia y en el Natural History Museum, London (NHMUK). La especie *Elmas* sp. nov. A se diferencia del resto de especies por poseer un grupo de setas largas en la parte medioapical de los esternos III–VI, mientras que *Elmas* sp. nov. B se diferencia por presentar una puntuación del postclípeo menos densa que de la frente y por la ausencia de una depresión en el medio de la frente. El análisis filogenético demostró que las dos especies nuevas se encuentran en el clado formado por *E. falini* + *E. gigas* + *E. spinosus* compartiendo dos sinapomorfías: área medial entre las antenas longitudinalmente deprimidas formando un surco poco profundo en forma de V y submentun con una espina medial. Además, se registran nuevas localidades de presencia para *E. gigas*, *E. lescheni* y *E. strigella*.