

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo desta dissertação será disponibilizado somente a partir de 28/07/2021.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS DE BOTUCATU
PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS – ZOOLOGIA



ISABELA ALVES DE GODOY

**ESTUDOS TRANSCRIPTÔMICOS EM ANTHOZOA E A
ANOTAÇÃO DO TRANSCRIPTOMA DE *CERIANTHEOMORPHE
BRASILIENSIS* (CNIDARIA, CERIANTHARIA)**

Botucatu – SP

2021

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
INSTITUTO DE BIOCIÊNCIAS DE BOTUCATU
PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS – ZOOLOGIA**

ISABELA ALVES DE GODOY

**ESTUDOS TRANSCRIPTÔMICOS EM ANTHOZOA E A
ANOTAÇÃO DO TRANSCRIPTOMA DE *CERIANTHEOMORPHE
BRASILIENSIS* (CNIDARIA, CERIANTHARIA)**

Dissertação apresentada a Universidade Estadual Paulista (UNESP), Instituto de Biociências, Botucatu, para obtenção do título de mestre em Ciências Biológicas (Área de conhecimento: Zoologia).

Orientador: Prof. Dr. Sérgio Nascimento Stampar

Bolsista: Fapesp processo número
2019/01261-9

Botucatu – SP

2021

G589e Godoy, Isabela Alves de
Estudos transcriptômicos em Anthozoa e a anotação do transcriptoma de *Ceriantheomorpha brasiliensis* (Cnidaria, Ceriantharia) / Isabela Alves de Godoy. -- Botucatu, 2021
78 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Instituto de Biociências, Botucatu
Orientador: Sérgio Nascimento Stampar

1. Expressão gênica. 2. Transcriptoma. 3. Ceriantharia.
4. Cnidaria. 5. Anthozoa. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca do Instituto de Biociências, Botucatu. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

Dedico este trabalho a meus familiares e amigos, pelo incentivo em momentos críticos, a todos os professores que passaram pela minha vida, e aos que ainda passarão. E por fim, a todas as mulheres, por serem luz em meu caminho em momentos difíceis “[...] incentivo as mulheres a serem fortes não porque já estou pronta para levantar meus pesos, mas porque se vejo elas seguindo em frente me comprometo a não desistir também. ”

(Isadora não entende nada)

AGRADECIMENTOS

Primeiramente gostaria de agradecer a FAPESP – Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Processo nº 2019/01261-9), pelo fomento concedido a minha pesquisa.

Em seguida, deixo meu agradecimento ao meu orientador, o professor Sérgio Stampar, por essa oportunidade magnífica que me foi oferecida, assim como por todo o incentivo e paciência, pelas críticas e sugestões e por sempre ser compreensivo em cada um dos momentos de dificuldades que cercam a vida de um estudante de pós-graduação. Serei eternamente grata a você por ter investido em meus projetos, desde a iniciação científica e tenho certeza que sairei de toda essa experiência repleta de aprendizados profissionais e pessoais.

Obrigada a todos os colegas do Laboratório de Evolução e Diversidade Aquática (LEDA), pelo incentivo e pelo apoio. Tenho muito orgulho de ter feito parte desse time e desejo a cada um de vocês muito sucesso.

Agradeço ainda, a todos os meus amigos, em especial ao Thiago, a Cláudia, a Evelyn, a Laura, a Marcela, a Mari, a Fernanda, a Cris e a Sarah. Vocês foram luz em minha vida em muitos momentos, me incentivando a não desistir, me distraíndo em momentos difíceis, sendo porto seguro quando me perdi, sempre torcendo, me ouvindo desabafar e até me orientando quando eu não sabia o que fazer. Vocês são abrigo fora de casa, muito obrigada por sempre me apoiar e por tornar essa caminhada menos difícil.

Agradeço a cada um dos animais de estimação que passou pela vida, muitos dos quais já não estão mais aqui, mas sempre foram parceiros nas noites e dias de estudos, e sempre mostraram amor e acolhimento quando mais precisei. Muito obrigada!

Por fim, agradeço a minha família. Mãe, pai, Mayara e Thais, dedico esse trabalho a vocês! Se cheguei até aqui certamente é devido ao incentivo e suporte de cada um. Obrigada por me aguentarem, em meio a tantos choros, reclamações, períodos de desânimo e ansiedade, e por apoiarem todas as decisões que tomei para chegar até aqui, vocês são extraordinários. A realização do tão sonhado mestrado só se deu por terem investido em mim e me dado suporte emocional e financeiro em todos os momentos que precisei, desde a época da escola. Amo vocês e espero poder retribuir em dobro tudo o que fizeram por mim!

GODOY, Isabela Alves. **Estudos transcriptômicos em Anthozoa e a anotação do transcriptoma de *Ceriantheomorpha brasiliensis* (Cnidaria, Ceriantharia)**. 2021. 78 p. Dissertação (Mestrado Acadêmico em Ciências Biológicas). – Universidade Estadual Paulista (UNESP), Instituto de Biociências, Botucatu, 2021.

RESUMO

O filo Cnidaria é formado por animais que desempenham importantes papéis no ambiente marinho, tanto bentônico quanto pelágico. Assim como os demais seres vivos, dispõem de redes moleculares responsáveis por regular respostas adequadas que se refletem em sua expressão gênica e conseqüentemente em sua fisiologia e comportamento. Atualmente, estudos realizados com esse filo acerca dessa expressão têm sido vistos com mais frequência, por meio da utilização de sequenciamento do transcriptoma. A maioria destes estudos, no entanto, tem como foco, apenas dois clados da classe Anthozoa (Scleractinia e Actiniaria). Logo, estudos que detalham esse processo, são escassos frente a diversidade de Cnidaria. Sendo assim, o estudo em questão teve como objetivo, reunir informações sobre a expressão gênica disponível atualmente na literatura para indivíduos da classe Anthozoa. Para tanto, uma revisão sistemática acerca de estudos transcriptômicos foi realizada, com o intuito de destacar características como ano de publicação, principais táxons antozoários utilizados, temas abordados, assim como as tecnologias mais utilizadas para a realização desses estudos, revelando a natureza e o perfil dessas investigações transcriptômicas. Ademais, visando enriquecer as informações disponíveis, organismos escassamente estudados – Subclasse Ceriantharia – foram utilizados, e por meio da realização da anotação de setores do transcriptoma obtidos de amostras de tentáculos da espécie de anêmona de tubo, *Ceriantheomorpha brasiliensis*, contribuições adicionais acerca da transcriptômica e da expressão gênica foram disponibilizadas para Ceriantharia.

Palavras-chave: Expressão gênica. Transcriptoma. Ceriantharia. Cnidaria. Anthozoa.

GODOY, Isabela Alves. **Transcriptomic studies in Anthozoa and the annotation of *Ceriantheomorphe brasiliensis* transcriptome (Cnidaria, Ceriantharia)**. 2021. 78 p. Dissertation (Masters in Biological Sciences). – São Paulo State University (UNESP), Biosciences Institute, Botucatu, 2021.

ABSTRACT

The phylum Cnidaria consists animals that play important roles in the marine environment, both benthic and pelagic. Like other living beings, they have molecular networks responsible for regulating appropriate responses that are reflected in their gene expression and consequently in their physiology and behavior. Currently, studies carried out with this phylum on this expression, have been seen more frequently, by the use of transcriptome sequencing. Most of these studies, however, focus on only two clades of the Anthozoa class (Scleractinia and Actiniaria). Therefore, studies that detail this process are scarce given the diversity of Cnidaria. Thus, the study in question aimed to gather information about gene expression in individuals of the Anthozoa class. Therefore, a systematic review about transcriptomic studies was carried out, in order to point characteristics such as year of publication, main anthozoan taxa used, topics covered, as well as the most frequent technologies currently used to carry out these studies, having revealed the nature and the profile of these transcriptomic investigations. Furthermore, in order to improve the available information, sparsely studied organisms - Subclass Ceriantharia – were used, and through the annotation of sectors of the transcriptome obtained from tentacle samples of the tube-dwelling anemone specie, *Ceriantheomorphe brasiliensis*, additional contributions about transcriptomics and gene expression was presented to Ceriantharia

Keywords: Gene expression. Transcriptome. Ceriantaria. Cnidaria. Anthozoa.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	10
Estudos transcriptômicos em Cnidaria	11
OBJETIVOS	14
CAPÍTULO 1. Estudos transcriptômicos em Anthozoa (Cnidaria): uma revisão sistemática	15
Resumo	15
Abstract	16
Introdução	17
Materiais e Métodos	19
Coleta e filtragem do conjunto de dados	19
Análise dos temas	19
Análise das tecnologias mais utilizadas	21
Resultados	21
Análises dos estudos transcriptômicos em Anthozoa	21
<i>Ano de publicação</i>	21
<i>Grupos de Anthozoa investigados</i>	22
<i>Análise dos temas</i>	24
<i>Análise das tecnologias utilizadas</i>	29
Discussão	33
Referências	38
CAPÍTULO 2. Anotação de setores do transcriptoma de <i>Ceriantheomorphe brasiliensis</i> (Cnidaria, Ceriantharia)	45
Resumo	45
Abstract	46
Introdução	47
A espécie <i>Ceriantheomorphe brasiliensis</i>	49
Materiais e Métodos	50
Obtenção do material e coleta do tecido	50
Extração, isolamento e sequenciamento do RNA e montagem do transcriptoma.....	51
Anotação do transcriptoma	52
Resultados	53

Anotação dos transcritos obtidos pela ferramenta Blastn	54
Anotação dos transcritos obtidos pela ferramenta Blastx	58
Discussão	65
Referências	70
CONCLUSÃO	75
REFERÊNCIAS	76
MATERIAL SUPLEMENTAR	79

INTRODUÇÃO GERAL

O filo Cnidaria é formado por organismos exclusivamente aquáticos e quase estritamente marinhos, que habitam diferentes profundidades e regiões, sendo encontrados tanto na comunidade pelágica, quanto bentônica (Bridge et al., 1995; Cairns et al., 2009; Morandini & Stampar, 2016).

Uma das características mais marcantes do filo é a presença do processo de metagênese (alternância de gerações entre estágio de pólipó e de medusa) que ocorre em grande parte de seus representantes (Bridge et al., 1995; Morandini & Stampar, 2016), e que auxiliou na divisão atual do grupo em três subfilos – Medusozoa, Anthozoa e Endocnidozoa (Zapata et al., 2015; Chang et al., 2015) – onde está presente uma aparente diversidade morfológica (Fig. 1). Os cnidários apresentam uma importante característica em comum, a presença de cnidas, um produto celular altamente complexo utilizado para múltiplos fins (captura de presas, defesa, construção de tubos) (Daly et al., 2007), que se tornou o mais marcante atributo do filo.

A classe Anthozoa, a única existente no subfilo Anthozoa, compreende organismos exclusivamente polipóides, podendo ser coloniais ou solitários, e apresentar ou não esqueletos minerais e/ou proteicos (Daly et al., 2007). Entre esses organismos, são descritos clados como Actiniaria, Scleractinia e Ceriantharia, subclasse de particular interesse nesse estudo (Fig. 1).

O clado Ceriantharia, cujos organismos são popularmente conhecidos como anêmonas de tubo – em função de sua capacidade de construir tubos ao redor da coluna corporal, utilizando sedimentos e um tipo específico de cnida, os plicocistos (Mariscal et al., 1977) – compreende espécies escassamente estudadas, o que promoveu, ao longo dos anos, diversas inconsistências acerca de suas características biológicas, assim como de sua posição filogenética dentro do filo Cnidaria (Stampar 2012), questão essa que vêm sendo reavaliada. Por meio de estudos realizados com marcadores moleculares nucleares e mitocondriais (Stampar et al., 2014; 2019), Ceriantharia passou a ser sugerida como um ramo isolado dentro de Anthozoa e aceita como mais uma de suas subclasses (Stampar et al., 2014). Contudo, ainda que pesquisas acerca desse clado tenham sido retomadas nos últimos anos após um hiato sem significativas investigações (Stampar, 2012), o conhecimento a respeito desses organismos segue ainda incipiente.

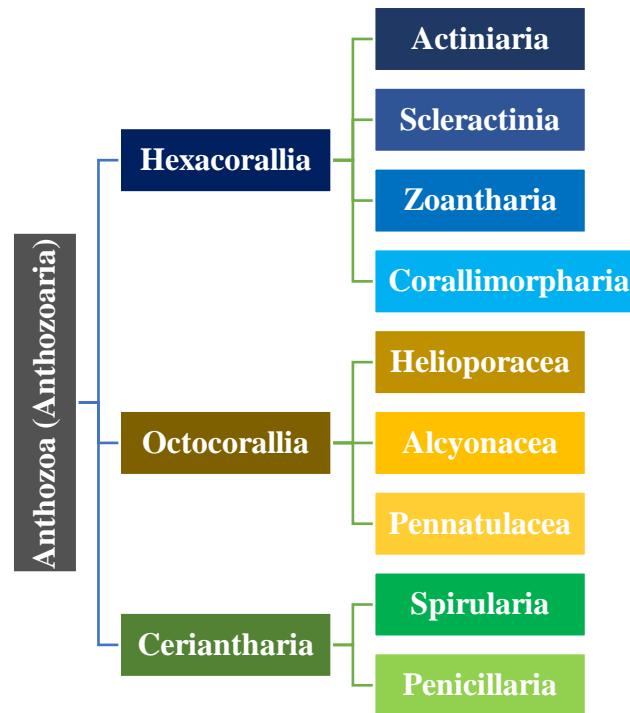


Figura 1. Representação simplificada da filogenia de Anthozoa, grupo de interesse no presente estudo (baseada em dados disponibilizados por Stampar et al., 2019).

Diversos aspectos singulares vêm tornando os ceriantos um grupo de particular interesse em investigações atuais. Segundo estudos disponibilizados para Ceriantharia, esse clado agrupa cnidários com histórias de vida complexas que incluem um estágio larval pelágico e um estágio adulto habitante de tubos (Klompen et al., 2020), o que os torna um grupo filogeneticamente informativo. Ademais, em relação a características moleculares, apresentam um padrão único de estruturação do genoma mitocondrial – genomas mitocondriais lineares (Stampar et al., 2019) – assim como um padrão de divergência do DNA mitocondrial – de rápida evolução (Stampar et al., 2014) – ambos diferentes do estimado para outros antozoários.

Sendo assim, investigações adicionais com o clado Ceriantharia são ainda cruciais para que possamos expandir nosso conhecimento acerca desses notáveis organismos.

Estudos transcriptômicos em Cnidaria

Um transcriptoma é definido como a coleção de RNAs presentes em uma célula/tecido em um dado momento, ou seja, é a parcela do DNA que por meio da RNA polimerase foi transcrito em moléculas de RNA (Ceccatto, 2015). Atualmente, a

utilização de seu sequenciamento em organismos não-modelos se tornou uma prática interessante em relação ao custo e a velocidade na obtenção dos dados (Kitchen et al., 2015). A aplicação começou com a utilização de medições de expressão gênica por análises quantitativas (Meyer et al., 2011), mas em Cnidaria essas abordagens migraram rapidamente para análises qualitativas baseadas, inicialmente, em genomas disponibilizados para o grupo (ex. *Acropora digitifera*, *Aurelia aurita* e *Hydractinia symbiolongicarpus*).

Em Medusozoa, o transcriptoma despertou muito interesse pela possibilidade de inferir o arsenal de toxinas pelo seu proteoma (Brinkman et al., 2015), permitindo o uso de tais dados para auxiliar em reconstruções evolutivas (Jaimes-Becerra et al., 2017).

Em Anthozoa, o interesse central se desenvolveu em torno de avaliar variações no transcriptoma em relação aos simbiontes e a mudanças climáticas (Shinzato et al. 2011), gerando diversas abordagens em Scleractinia (Karako-Lampert et al., 2014), ademais, são frequentemente encontrados estudos com a espécie de anêmona do mar (Actinaria) *Nemastostella vectensis* (Tulin et al., 2013). Com genoma completo descrito (Sullivan et al., 2006), a principal razão do uso dessa espécie como um modelo biológico alternativo é a ausência de simbiontes e a rápida taxa de multiplicação em laboratório (Darling et al., 2005). Já em relação aos demais organismos de Anthozoa, os dados transcriptômicos disponíveis são ainda restritos a certos táxons (Lopez et al., 2011; Huang et al., 2016; Le Goff et al., 2016; Guzman et al., 2018; Liao et al., 2019).

Em relação a Ceriantharia, dados acerca de informações transcriptômicas, são ainda elementares. Em sua investigação a respeito da composição do veneno de ceriantos, Klompen e colaboradores (2020), identificaram 525 genes candidatos a toxinas entre quatro espécies selecionadas, o que permitiu apontar um perfil de genes associados a toxinas ceriantárias consistente com achados anteriores para cnidários (Huang et al, 2016; Jaimes-Becerra et al., 2017).

Entre os ceriantos que despertam um particular interesse, está a espécie *Ceriantheomorphe brasiliensis* (Fig. 2). Atualmente descrita para a costa da região Sul e Sudeste do Brasil e para o Uruguai (Lopes et al., 2019), pode ser encontrada desde a zona infralitoral até por volta de 35 m de profundidade. (Stampar, 2012).

Sua importância, está associada ao fato de serem significativamente relevantes para outras espécies em sua zona de ocorrência ao proporcionarem habitats adequados para a sobrevivência e recuperação de espécies ameaçadas (Soeth et al., 2019), assim como, promoverem atividades de associação interespecíficas (Stampar et al., 2010).

Porém, segundo o Livro vermelho da fauna brasileira ameaçada de extinção (2008), *C. brasiliensis*, figurou entre as espécies sob risco de extinção. O que pode estar associado a recorrente pesca de arrasto em locais onde esta espécie é encontrada (Soeth et al., 2019) e acarretar impactos ecológicos e até mesmo econômicos, levando em conta os benefícios trazidos por esses organismos aos habitats onde está inserida.

Em relação aos dados transcriptômicos disponíveis para essa espécie, apenas o arsenal tóxico, está atualmente bem descrito (Klompen et al., 2020), o que inclui um conjunto de 169 transcritos candidatos a toxinas, com funções diversas. Logo, em contraponto a sua importância, pesquisas que se dedicam a compreender sua expressão gênica, assim como, variações em seu transcriptoma são ainda insuficientes.



Figura 2. Espécimes de *Ceriantheomorpha brasiliensis*. **A.** Espécime de Santa Catarina (Ilha do arvoredo) em habitat natural, foto de Sérgio Stampar. **B.** Espécime mantido em laboratório em São Sebastião (CEBIMar).

Baseado neste cenário, o presente estudo teve o intuito de revisar sistematicamente as informações existentes em pesquisas transcriptômicas descritivas para o clado Anthozoa, a fim de verificar o avanço de publicações sobre essa temática ao longo dos últimos anos. Assim como, avaliar a expressão gênica presente em amostras de tentáculos coletados de um cerianto, por meio da anotação de setores do transcriptoma sequenciado da espécie *Ceriantheomorpha brasiliensis* (Fig.2), disponibilizando informações a respeito do conjunto gênico e proteico expresso por esse organismo.

CONCLUSÃO GERAL

Por meio dos resultados obtidos na revisão sistemática aqui desenvolvida, é possível apontar uma significativa evolução dos estudos transcriptômicos para o clado Anthozoa. Assim como, apontar as espécies mais utilizadas, os delineamentos experimentais variados aplicados e conseqüentemente as temáticas mais investigadas por meio de recursos transcriptômicos. Além de analisar as ferramentas e tecnologias bioinformáticas mais utilizadas atualmente em estudos com esses organismos. Em conjunto, essas informações podem destacar caminhos promissores dentro do campo da transcriptômica de Anthozoa, auxiliando pesquisadores que estão iniciando nessa área do conhecimento, bem como, alavancar investigações futuras, visto que com base nos dados aqui apresentados é possível identificar táxons e temáticas ainda carentes de informação.

Ademais, os dados disponibilizados para a espécie de anêmona de tubo *Ceriantheomorpha brasiliensis* por meio da anotação de setores do transcriptoma, fornecem recursos úteis para a pesquisa genômica e transcriptômica de espécies antozoárias para as quais informações acerca de sequências transcritas são quase inexistentes, como diversas espécies da subclasse Ceriantharia. A estratégia de anotação aqui desenvolvida por meio do uso de duas ferramentas Blast diferentes, permitem disponibilizar informações tanto a respeito de genes e proteínas expressas na espécie em questão, quanto acerca da similaridade a nível molecular com outros táxons metazoários. Contribuindo para lançar luz a questões elementares ainda não descritas para esses organismos.

Desse modo, por meio desse estudo, foi possível avaliar e reunir dados transcriptômicos esparsamente disponibilizados para Ceriantharia, assim como, dados amplamente disponibilizados na literatura para Anthozoa, resultando na conjunção de uma série de informações úteis sobre estudos transcriptômicos em Cnidaria, especialmente para Anthozoa, que fornecem um panorama atual e inédito para o campo da transcriptômica desses organismos.

REFERÊNCIAS

- BRIDGE, D.; CUNNINGHAM, C. W.; DESALLE, R.; BUSS L. W. **Class-level relationships in the phylum Cnidaria: molecular and morphological evidence.** 1995. *Molecular Biology and Evolution*, V. 12, Issue 4, July 1995, 679–689. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040246>.
- BRINKMAN, D. L.; JIA, X.; POTRIQUET, J.; KUMAR, D.; DASH, D. *et al.* **Transcriptome and venom proteome of the box jellyfish *Chironex fleckeri*.** 2015. *BMC genomics*, 16, 1, 407.
- CAIRNS, S. D.; GERHSWIN, L. A.; BROOK, F.; PUGH, P. R.; DAWSON, E. W.; OCANA V. *et al.* **Phylum Cnidaria; Corals, Medusae, Hydroids, Myxozoa.** 2009. *New Zealand Inventory of Biodiversity. Volume 1. Kingdom Animalia: Radiata, Lophotrochozoa, Deuterostomia*, edited by Gordon, Dennis P., 59–101. Christchurch: Canterbury University Press.
- CECCATO, V. M. **Biologia molecular.** 2015. 2. ed. Fortaleza: EdUECE, 2015. 139 p.
- CHANG, E. S. *et al.* **Genomic insights into the evolutionary origin of Myxozoa within Cnidaria.** 2015. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112, 48, 14912-14917.
- DALY, M.; BRUGLER, M. R.; CARTWRIGHT, P.; COLLINS, A. G.; DAWSON, M. N.; FAUTIN, D. G. *et al.* **The phylum Cnidaria: A review of phylogenetic patterns and diversity 300 years after Linnaeus.** 2007. *Zootaxa* 1668, 127-182.
- DARLING, J. A.; REITZEL, A. R.; BURTON, P. M.; MAZZA, M. E.; RYAN, J. F. *et al.* **Rising starlet: the starlet sea anemone, *Nematostella vectensis*.** 2005. *Bioessays*, 27, 2, 211-221.
- GUZMAN, C.; SHINZATO, C.; LU, T. M. *et al.* **Transcriptome analysis of the reef-building octocoral, *Heliopora coerulea*.** 2018. *Sci Rep*, 8, 8397. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41598-018-26718-5>.
- HUANG, C.; MORLIGHEM, J. R.; ZHOU, H. *et al.* **The Transcriptome of the Zoanthid *Protopalythoa variabilis* (Cnidaria, Anthozoa) predicts a Basal Repertoire of Toxin-like and Venom-Auxiliary Polypeptides.** 2016. *Genome Biol Evol.*, 8:9, 3045-3064.
- JAIMES-BECERRA, A.; CHUNG, R.; MORANDINI, A. C.; WESTON, A. J.; PADILLA, G.; GACESA, R. *et al.* **Comparative proteomics reveals**

- recruitment patterns of some protein families in the venoms of Cnidaria.** 2017. *Toxicon*, 137, 19-26.
- KARAKO-LAMPERT, S.; ZOCCOLA, D.; SALMON-DIVON, M.; KATZENELLENBOGEN, M.; TAMBUTTÉ, S. *et al.* **Transcriptome analysis of the scleractinian coral *Stylophora pistillata*.** 2014. *PLoS One*, 9:2, e88615.
- KITCHEN, S. A.; CROWDER, C. M.; POOLE, A. Z.; WEIS, V.M.; MEYER, E. **De novo assembly and characterization of four anthozoan (Phylum Cnidaria) transcriptomes.** 2015. *G3: Genes, genomes, genetics*, g3-115.
- KLOMPEN, A. L.; MACRANDER, J.; REITZEL, A.M.; STAMPAR, S.N. **Transcriptomic Analysis of Four Cerianthid (Cnidaria, Ceriantharia) Venoms.** 2020. *Mar Drugs*, 18, 8: E413.
- LE GOFF, C.; GANOT, P.; ZOCCOLA, D.; CAMINITISEGONDS, N.; ALLEMAND, D.; TAMBUTTÉ, S. **Carbonic Anhydrases in Cnidarians: Novel Perspectives from the Octocorallian *Corallium rubrum*.** 2016. *PLoS ONE* 11, 8: e0160368. Disponível em: doi:10.1371/journal.pone.0160368.
- LIAO, Q.; GONG, G.; POON, T. W. *et al.* **Combined transcriptomic and proteomic analysis reveals a diversity of venom-related and toxin-like peptides expressed in the mat anemone *Zoanthus natalensis* (Cnidaria, Hexacorallia).** 2019. *Arch Toxicol*, 93, 1745–1767.
- LOPEZ, J. V.; LEDGER, A.; SANTIAGO-VAZQUEZ, L. Z.; POP, M.; SOMMER, D. D.; RANZER, L. K. *et al.* **Suppression Subtractive Hybridization PCR Isolation of cDNAs from a Caribbean Soft Coral.** 2011. *Electronic Journal of Biotechnology*, 1. Disponível em: 0iii 10.2225/vol14-issue1-fulltext-3.
- MACHADO, A. M.; DRUMMOND, G. M.; PAGLIA, A. P. **Invertebrados aquáticos: a situação de ameaça dos invertebrados aquáticos no Brasil.** 2008. Livro vermelho da fauna brasileira ameaçada de extinção. Brasília (DF): MMA; Belo Horizonte (MG): Fundação Biodiversitas, p. 19.
- MARISCAL, R. N.; CONKLIN, E. J.; BIGGER, C. H. **The Ptychocyst, a major new category of cnida used in tube construction by a Cerianthid anemone.** 1977. *Biological Bulletin*, 152, 392-405.
- MEYER, E. V.; AGLYAMOVA; MATZ, M. V. **Profiling gene expression responses of coral larvae (*Acropora millepora*) to elevated temperature and settlement inducers using a novel RNA-Seq procedure.** 2011. *M. Ecology*, 20, 3599-3616.

- MORANDINI, A. C.; STAMPAR, S. N. **Cnidaria: aspectos gerais.** In: Fransozo A.; Negreiros-Fransozo ML. Zoologia dos invertebrados. Guanabara Koogan (Roca), 2016, 201-208.
- SHINZATO, C.; SHOGUCHI, E.; KAWASHIMA, T.; HAMADA, M.; HISATA, K. *et al.* **Using the *Acropora digitifera* genome to understand coral responses to environmental change.** 2011. Nature, 476, 320-323.
- SOETH, M.; METRI, R.; SIMIONI, B. I.; LOOSE, R. *et al.* **Vulnerable sandstone reefs: Biodiversity and habitat at risk.** 2020. Marine Pollution Bulletin, 150, 110680.
- STAMPAR, S. N.; EMIG, C. C.; MORANDINI, A. C.; KODJA, G.; BALBONI, A. P.; LANG DA SILVEIRA, F. **Is there any risk in a symbiotic species associating with an endangered one? A case of a phoronid worm growing on a *Ceriantheomorpha* tube.** 2010. Cahiers de Biologie Marine, 51, 205-211.
- STAMPAR, S. N. **Ceriantharia: a retomada de um clado esquecido.** 2012. 249 p. Tese de doutorado. Universidade de São Paulo, 2012.
- STAMPAR, S. N.; MARONNA, M. M.; KITAHARA, M. V.; REIMER, J. D.; MORANDINI, A. C. **Fast-evolving mitochondrial DNA in Ceriantharia: a reflection of Hexacorallia paraphyly?** 2014. PLoS One, 9, 1, e86612.
- STAMPAR, S. N.; BROE, M. B.; MACRANDER, J.; REITZEL, A. M., BRUGLER, M. R.; DALY, M. **Linear mitochondrial genome in Anthozoa (Cnidaria): a case study in Ceriantharia.** 2019. Scientific reports, 9, 1, 1-12.
- SULLIVAN, J. C.; RYAN, J. F.; WATSON, J. A.; WEBB, J.; MULLIKIN, C. J. *et al.* **StellaBase: The *Nematostella vectensis* Genomics Database, Nucleic Acids Research.** 2006. V. 34, Issue suppl_1, 1, D495-D499. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/nar/gkj020>.
- TULIN, S.; AGUIAR, D.; ISTRAIL, S.; SMITH, J. **A quantitative reference transcriptome for *Nematostella vectensis* early embryonic development: a pipeline for de novo assembly in emerging model systems.** 2013. EvoDevo, 4, 1, p.16.
- ZAPATA, F.; GOETZ, F. E.; SMITH, A. S.; HOWISON, M.; SIEBERT, S.; CHURCH, S. H. *et al.* **Phylogenomic analyses support traditional relationships within Cnidaria.** 2015. PLoS One 702, 10, e0139068.