



# Informativo SBMa

Editado pela Sociedade Brasileira de Malacologia  
Periódico Trimestral  
ISSN 0102-8189

Rio de Janeiro, Ano 49 n° 204 – 30/06/2018

## PALAVRAS DA PRESIDENTE

Prezados sócios,

Neste número encontrarão três publicações relativas aos trabalhos de pós-graduação que foram selecionados para receber o auxílio viagem da SBMa, destinado a apoiar a participação de estudantes no X CLAMA (X Congresso Latinoamericano de Malacologia), que ocorreu de 1 a 6 de outubro, no Hotel Argentino, em Piriápolis, Maldonado, Uruguai.

Destacamos aqui que um dos trabalhos publicados, o do estudante Marcel Miranda, recebeu o “Primer premio excelentísima presentación de estudiantes de posgrado”, na modalidade apresentação oral.

Esperamos que o auxílio concedido funcione como estímulo para uma profícua carreira na malacologia e, estimule outros estudantes a buscar apoios nas diversas fontes disponíveis.

O tempo está correndo! Em breve teremos mais notícias sobre o nosso **XXVI EBRAM**, que será realizado na UFJF, em Juiz de Fora. Serão os 50 anos da SBMa! Preparem-se!

Acabamos de receber o primeiro comunicado sobre o **VIII Congresso Argentino de Malacologia**, que vai ocorrer na Universidad Nacional de Luján, de 16 a 20 de setembro de 2018. Maiores informações podem ser obtidas através da página [www.xviiiicongresoargentinodelimnologia.com.ar](http://www.xviiiicongresoargentinodelimnologia.com.ar)

Vivemos em um país pleno de potencialidades, detentor de imensa biodiversidade. Todavia enfrentamos um panorama de cortes sucessivos nas verbas para ciência, tecnologia e educação. As sociedades científicas tem encaminhado manifestos às autoridades da área. A íntegra pode ser lida em <http://portal.sbpcnet.org.br/noticias/entidades-cientificas-e-academicas-repudiam-cortes-anunciados-para-ciencia-tecnologia-educacao-e-saude/> e em <http://portal.sbpcnet.org.br/noticias/orcamento-de-cti-para-2018-tragedia-anunciada/>

## CIÊNCIA É INVESTIMENTO!

*Sonia Barbosa dos Santos*

### Expediente

#### Presidente

Dra. Sonia Barbosa dos Santos (sbsantos@uerj.br)

#### Vice-presidente

Dr. Cléo Dilnei de Castro Oliveira  
(cleo.oliveira@gmail.com)

#### 1ª Tesoureira

Dra. Monica Ammon Fernandez (ammon@ioc.fiocruz.br)

#### 2ª Tesoureira

Dra. Suzete Rodrigues Gomes (suzetebio@yahoo.com.br)

#### 1º Secretário

Dr. Igor Christo Miyahira (icmiyahira@yahoo.com.br)

#### 2ª Secretária

Dra. Lenita de Freitas Tallarico  
(letallarico@yahoo.com.br)

#### Editores do Informativo

Dra. Sonia B. dos Santos  
Dr. Igor C. Miyahira  
Dr. Cléo Dilnei de C. Oliveira

e-mail: [sbmalacologia@yahoo.com.br](mailto:sbmalacologia@yahoo.com.br)

página: [www.sbmalacologia.com.br](http://www.sbmalacologia.com.br)

Universidade do Estado do Rio de Janeiro  
Laboratório de Malacologia – PHLC – Sala 525/2, Rua São Francisco Xavier 524, Maracanã, – CEP: 20550-900  
Impresso no Lab. de Malacologia da UERJ

# GALBA CUBENSIS (PFEIFFER, 1839) NO BRASIL: NOVOS REGISTROS

Aline Carvalho de Mattos<sup>1</sup>, Silvana Carvalho Thiengo<sup>1</sup>, Jessica Corrêa-Antônio<sup>1</sup>, Selma Patrícia D. Cantanhede<sup>2</sup>, Marta Chagas Pinto<sup>1</sup> & Monica Ammon Fernandez<sup>1</sup>

1 - Laboratório de Malacologia, Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz. Av. Brasil, 4365, 21040-900, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. E-mail: amattos@ioc.fiocruz.br; 2 - Laboratório de Biodiversidade Molecular/Programa de Pós-graduação em Recursos Aquáticos e Pesca, Universidade Estadual do Maranhão, Cidade Universitária Campus Paulo VI, s/n - Tirirical, São Luís - MA, 65055-000

## INTRODUÇÃO

Amplamente distribuídos nas regiões tropicais e subtropicais de todos os continentes os limneídeos são moluscos dulcícolas, pulmonados, hermafroditas, com concha cônica e dextrógira, medindo em média 10 x 6mm (altura x largura) (Medeiros et al. 2014). Possuem importância médica e veterinária, pois participam do ciclo de vida de nematódeos, como *Protostrongylus* sp.; de cestódeos, como *Hymenolepis* sp. e de trematódeos, como *Fasciola hepatica* (Linnaeus, 1758), causador da fasciolose (Bargues et al. 2001, Carvalho et al. 2004) uma parasitose em plena expansão, segundo a Organização Mundial de Saúde (Gutierrez et al. 2001).

As espécies reportadas para o Brasil são: *Galba cubensis* (Pfeiffer, 1839); *G. truncatula* (Müller, 1774); *G. viatrix* d'Orbigny, 1835; *Lymnaea rupestris* Paraense, 1982 e *Pseudosuccinea columella* Say, 1817, sendo esta última a que apresenta mais ampla distribuição geográfica (Medeiros et al. 2014). Destas, apenas *L. rupestris* não foi reportada como transmissora da fasciolose.

Embora *P. columella* tenha a maior importância epidemiológica, *G. cubensis* foi associada a focos de fasciolose bovina em quatro municípios do Rio de Janeiro (Paraíba do Sul, Petrópolis, Teresópolis e Três Rios) (Rezende et al. 1974). Entretanto, nos anos seguintes, os levantamentos malacológicos não confirmaram a ocorrência desta espécie nestes municípios (Thiengo et al. 1998, 2002). Em 1998, Thiengo et al. registraram duas espécies de limneídeos em Teresópolis, *P. columella* e *Lymnaea* sp., sendo esta última representada por conchas de espécimes jovens.

A grande uniformidade morfológica da maioria dos limneídeos (*G. cubensis*, *G. truncatula* e *G. viatrix*), observada pelas características da concha e anatomia, dificulta a identificação específica (Pointier et al. 2006, Durand et al. 2002). Integrando análises moleculares às morfológicas, o principal objetivo deste estudo foi ampliar o conhecimento da distribuição geográfica de *G. cubensis*, através da confirmação de sua ocorrência no estado do Rio de Janeiro e em outras localidades do Brasil.

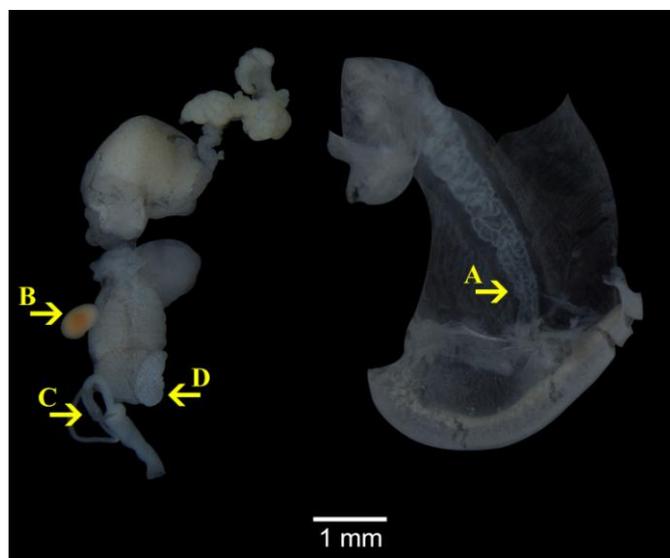
## MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisados exemplares provenientes dos estados do Rio de Janeiro (municípios do Rio de Janeiro e Mangaratiba), Goiás (Cristalina) e Maranhão (Pinheiro). Antes de serem fixados em Railliet-Henry, para a dissecação anatômica e caracterização morfológica, os exemplares tiveram um pedaço do pé, o bulbo bucal e os tentáculos retirados e congelados, para o estudo molecular. A extração de DNA foi realizada com o kit comercial DNeasy Blood and Tissue, marca Qiagen, seguindo-se o protocolo do fabricante. A amplificação foi realizada com base no protocolo descrito em Bargues et al. (2007), com alguns ajustes na ciclagem. As amostras foram sequenciadas na Plataforma Genômica – sequenciamento de DNA – da Rede de Plataformas Tecnológicas da FIOCRUZ e as Sequências obtidas foram comparadas com as disponíveis no GeneBank. O relacionamento filogenético entre as sequências foi inferido pelo programa MEGA 7.0 (Kumar et al. 2016), utilizando o método Neighbor-Joining (NJ; Saitou e Nei 1987) e o

modelo evolutivo Kimura-2-parâmetros (K2-p; Kimura 1980) com 1.000 replicações de bootstrap. Para a construção da árvore filogenética, além das sequências geradas nesse trabalho, foram também incluídas sequências disponíveis em Bargues et al. (2012).

## RESULTADOS

A análise morfológica da concha, do sistema reprodutor masculino (Figuras 1 e 2), como o tamanho da próstata, a proporção entre o comprimento da bainha do pênis/prepúcio e o formato da espermateca, bem como do manto, tubo renal reto, indicaram se tratar de *G. cubensis*, resultado confirmado pelas técnicas moleculares (Figura 3).



**Figura 1.** Sistema reprodutor e manto de *Galba cubensis* de Mangaratiba: A- tubo renal, B- espermateca, C- bainha do pênis/prepúcio, D- próstata.

## DISCUSSÃO

Quanto à identificação específica do material estudado, as características da concha e a anatomia do sistema reprodutor conferem com aquelas descritas em trabalhos anteriores sobre *G. cubensis*, como os de Samadi et al. (2000), Durand et al. (2002) e Pointier et al. (2006). Em consonância com as análises de Bargues et al. (2001 e 2007), Durand et al. (2002), Carvalho et al. (2004) e outros, o estudo molecular se mostrou uma ferramenta eficiente para elucidar a identificação das espécies de limnédeos. O perfil molecular de todos os espécimes sequenciados, das diferentes localidades, correspondeu ao mesmo haplótipo ocorrente em Cuba,

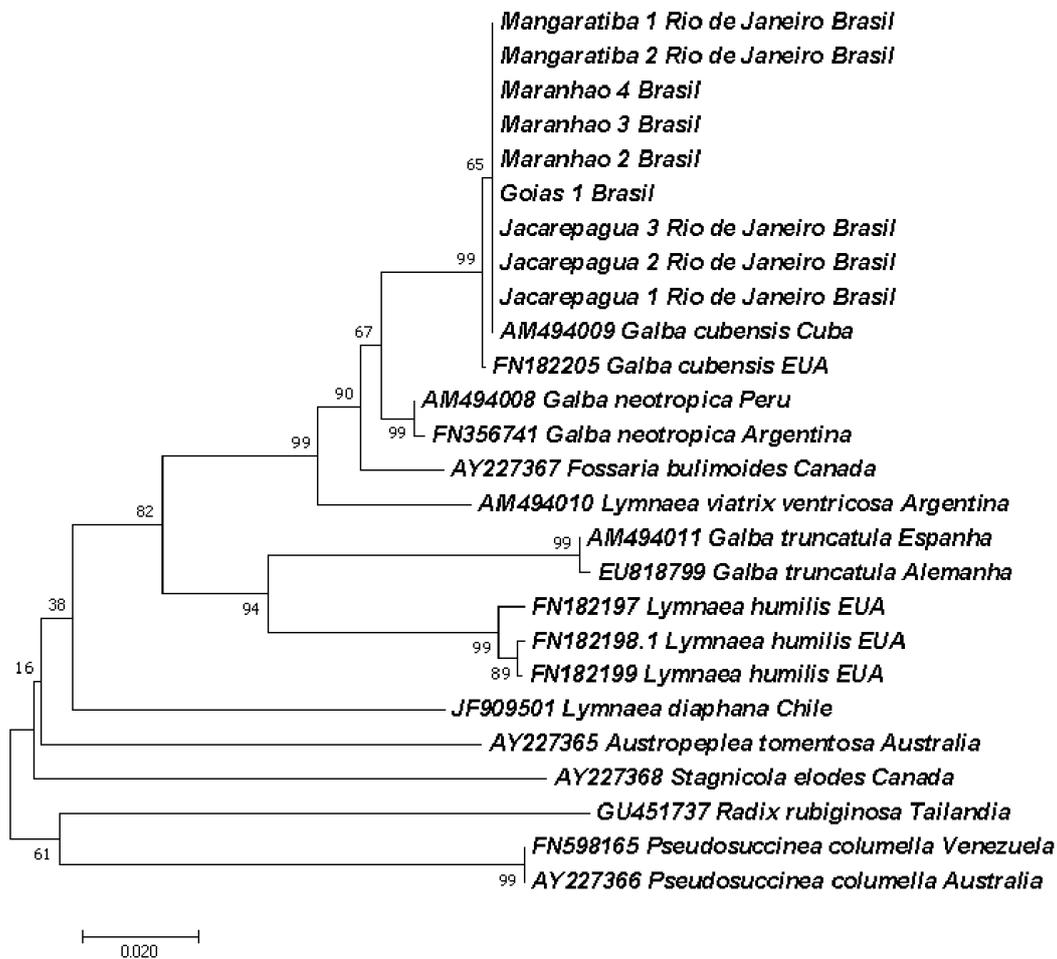
local de descrição da espécie (Figura 3).



**Figura 2.** Exemplar procedente do Rio de Janeiro, com concha.

É importante ressaltar que *G. cubensis* é a principal transmissora da fasciolose em Cuba e na Venezuela (Pointier, 2009) e segundo Gutierrez et al. (2001) é altamente resistente as alterações ambientais. A ocorrência desta espécie em diferentes biomas brasileiros, nos estados de Goiás (Cerrado), Rio de Janeiro (Mata Atlântica) e Maranhão (Pantanal), confirma sua ampla capacidade de adaptação. Em 2014, Medeiros et al. mapearam a ocorrência dos limnédeos e indicaram a presença de *G. cubensis* para os municípios de Belo Horizonte, MG e do Rio de Janeiro, RJ.

Outro fator relevante é o perfil de compatibilidade desta espécie com o trematódeo *F. hepatica*, quando comparada a *P. columella*, por apresentar um menor período de evolução intramolusco e grande eficiência na transmissão (Rezende et al. 1974). Sua importância na transmissão da fasciolose foi assinalada por outros autores, como Gutierrez et al. (2001) e Bargues et al. (2007). Assim, este trabalho tem grande relevância científica nas áreas da Taxonomia e Parasitologia, pela caracterização morfo-molecular de *G. cubensis* oriunda de novas localidades e pela possibilidade da ocorrência de transmissão da fasciolose, como por exemplo em Goiás, onde foram diagnosticados bovinos infectados em 50 municípios (Bennema et al. 2014).



**Figura 3.** Árvore filogenética de NJ construída a partir de um fragmento de 567pb do gene COI, com base na matriz de distância K2-p, contendo as amostras analisadas neste trabalho e outras disponíveis em Bargues et al. (2012). Apenas os valores de bootstrap superiores a 60 são exibidos. As amostras deste trabalho são o mesmo haplótipo de *G.cubensis* de Cuba e formaram um clado monofilético com as seqüências de Cuba e dos Estados Unidos.

## CONCLUSÃO

O presente trabalho confirmou a ocorrência de *G. cubensis* no Rio de Janeiro, ampliando a sua distribuição no estado e no Brasil, pelos novos registros para as regiões Nordeste e Centro-Oeste, ressaltando ainda a importância das análises morfo-moleculares para a identificação deste grupo. Moleculares e anatômicos têm conquistado, nos últimos anos, maior espaço e importância que os estudos conchiliológicos para o entendimento da taxonomia, sistemática e evolução dos moluscos, contudo, sabe-se que a avaliação da concha é muitas vezes indispensável na compreensão dos grupos. É notório que em relação às descrições das espécies de moluscos, principalmente bivalves, existe muita subjetividade nas mesmas, como o emprego de termos “mais arredondada” ou “mais inflada”, uma vez que as conchas geralmente utilizadas para a distinção das espécies apresentam caracteres contínuos. De forma a suprir a subjetividade

taxonômica dos moluscos, a análise da morfometria da concha tem sido frequentemente utilizada como ferramenta. A morfometria geométrica surgiu de modo a suprir as lacunas deixadas pela morfometria linear, tendo como principal função quantificar as modificações morfológicas dos organismos no seu processo de evolução, de forma que além de separar a forma e tamanho, permite representar geometricamente as deformações das estruturas analisadas. Nela são utilizados pontos de referência (*landmarks*) que geram os dados morfométricos que serão, posteriormente, utilizados nas análises estatísticas. Tais marcos anatômicos são pontos homólogos ou de fácil reconhecimento (correspondem a estruturas de mesma função) entre indivíduos das espécies ou estruturas analisadas. A técnica em questão está sendo aplicada à malacologia para responder as mais variadas questões, desde o entendimento da ecologia, taxonomia e distribuição de diferentes grupos

taxonômicos até os processos evolutivos, fisiológicos e o biomonitoramento ambiental.

#### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bargues SC, Artigas P, Mera Y Sierra RL, Pointier JP, Mas-Coma S (2007) Characterisation of *Lymnaea cubensis*, *L. viatrix* and *L. neotropica* n. sp., the main vectors of *Fasciola hepatica* in Latin America, by analysis of ribosomal and mitochondrial DNA. *Annals of Tropical Medicine & Parasitology* 101(7): 621-641.
- Bargues MD, Vigo M, Horak P, Dvorak J, Patzner RA, Pointier J, Jackiewicz M, Meier-Brook C, Mas-Coma S (2001) European Lymnaeidae (Mollusca: Gastropoda) intermediate hosts of trematodiasis, based on nuclear ribosomal DNA ITS-2 sequences. *Infection, Genetics and Evolution* 1: 85-107.
- Bargues SC, Mera Y Sierra RL, Artigas P, Mas-Coma S (2012) DNA multigene sequence topotypic species of the fascioliasis vector *Lymnaea diaphana* and phylogenetics analysis of the genus *Pectinens* (Gastropoda). *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 107(1): 111-124.
- Bennema SC, Scholte RGC, Molento MB, Medeiros C, Carvalho OS (2014) *Fasciola hepatica* in bovines in Brazil: data availability and spatial distribution. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo* 56(1): 35-42.
- Carvalho OS, Cardoso PCM, Lira PM, Rumi A, Roche A, Berne E, Muller G, Caldeira RL (2004) The use of polymerase chain reaction and restriction fragment length polymorphism technique associated with the classical morphology for characterization of *Lymnaea columella*, *L. viatrix* and *L. diaphana* (Mollusca: Lymnaeidae). *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 99(5): 503-507.
- Durand P, Pointier JP, Escoubeyrou K, Arenas JA, Yong M, Amarista M, Bargues MD, Mas-Coma S, Renaud F (2002) Occurrence of sibling complex within neotropical lymnaeids, snail intermediate hosts of fascioliasis. *Acta Tropica* 83: 223-240.
- Gutierrez A, Yong M, Wong L, Sanchez J (2001) The combined effect of isolation and *Fasciola hepatica* infection on the life history traits of *Fossaria cubensis*. *Journal of Invertebrate Pathology* 78: 66-71.
- Kimura M (1980) A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution* 16: 111-120.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K (2016) Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33(4): 1870-1874.
- Medeiros C, Scholte RC, D'Avila S, Caldeira RL, Carvalho OS (2014) Spatial distribution of Lymnaeidae (Mollusca, Basommatophora) intermediate host of *Fasciola hepatica* L. 1758 (Trematoda: Digenea) in Brazil. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo* 56(3): 235-252.
- Pointier JP, Cazzaniga NJ, Gonzalez-Salas C, Gutierrez A, Arenas JA, Bargues MD, Mas-Coma S (2006) Anatomical studies of sibling species within Neotropical lymnaeids, snail intermediate hosts of fascioliasis. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 101(4): 431-435.
- Pointier JP, Noya A, Alarcon de Noya B, Theron A (2009) Distribution of Lymnaeidae (Mollusca: Pulmonata), intermediate snail hosts of *Fasciola hepatica* in Venezuela. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 104(5): 709-796.
- Rezende HB, Araujo JB, Gomes PC, Nuernberg S, Neto MP, Oliveira GP, Mello RP (1974) Notas sobre duas espécies de *Lymnaea* Lamarck, 1799, hospedeiros intermediários de *Fasciola hepatica* L. no estado do Rio de Janeiro. *Arquivos da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro* 3(1): 21-23.
- Samadi S, Roumegoux A, Bargues MD, Mas-Coma S, Yong M, Pointier JP (2000) Morphological studies os lymnaeid snails from the human fascioliasis endemic zone of Bolivia. *Journal of Molluscan Studies* 66: 31-44.
- Saitou N, Nei M (1987) The Neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4: 406-425.
- Thiengo SC, Fernandez MA, Boaventura MF, Stortti M (1998) A Survey of Freshwater Gastropods in the Microrregião Serrana of the State of Rio de Janeiro, Brazil. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 93(1): 233-234.
- Thiengo SC, Fernandez MA, Boaventura MF, Santos SB, Mattos AC (2002) Freshwater snails and schistosomiasis mansoni in the of the State of Rio de Janeiro: II-Centro Fluminense Mesoregion, Brazil. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 97(5): 621-626.

---

## WORLD CONGRES OF MALACOLOGY 2019

### California- Monterrey – 11 a 16 de agosto

Informações preliminares sobre o próximo WCM 2019 podem ser encontradas na página <https://www.calacademy.org/world-congress-of-malacology-2019>.

Informações sobre Travel Grant para estudantes na página da Unitas Malacologica <http://www.unitasmalacologica.org/congress.html>



# O GÊNERO *FALCIDENS* (APLACOPHORA, CAUDOFOVEATA, CHAETODERMATIDAE) NO SUDESTE BRASILEIRO: DESCRIÇÃO DE MAIS UMA ESPÉCIE DESCONHECIDA PARA A CIÊNCIA

Marcel Sabino Miranda, Paulo Vinicius Ferraz Corrêa & Flávio Dias Passos

Departamento de Biologia Animal, Instituto de Biologia - Universidade Estadual de Campinas, Caixa Postal 6109, CEP 13083-970, Campinas, SP, Brasil. Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal. E-mail: [marcelsmiranda@gmail.com](mailto:marcelsmiranda@gmail.com)

## INTRODUÇÃO

A pesar de pouco conhecida, a fauna de aplacóforos brasileira tem se revelado como muito diversa, graças, principalmente, aos esforços de coleta realizados na região sudeste, ao largo dos Estados do Rio de Janeiro e Espírito Santo. Recentemente, duas espécies já descritas (*Falcidens targatus* Salvini-Plawen, 1992 e *F. acutargatus* Salvini-Plawen, 1992) foram registradas pela primeira vez, e uma terceira (*F. australocaudatus* Passos, Corrêa & Todt, 2017) foi descrita como uma espécie nova, aumentando o número de espécies conhecidas de 3 para 6 (Corrêa *et al.*, 2014; Passos *et al.*, 2017).

Neste trabalho, apresentamos a descrição de mais uma espécie de aplacóforos encontrada para o litoral sudeste do Brasil, descrita em detalhe através de microscopia eletrônica de varredura. Pertencente ao gênero *Falcidens* Salvini-Plawen, 1968, um dos mais diversos dentre os Caudofoveata, é bastante distinta das outras espécies do gênero reportadas para o Brasil. Devido a sua grande diversidade e histórico taxonômico controverso, neste trabalho também é fornecida uma breve lista compilando os dados de todas as espécies descritas com sua distribuição, que se mostrou necessária para avaliar se a espécie descrita é uma nova ocorrência ou uma espécie nova.

## MATERIAL E MÉTODOS

As amostras foram coletadas pelos Projetos HABITATS (Heterogeneidade Ambiental da Bacia de Campos) e AMBES (Caracterização Ambiental da Bacia do Espírito Santo e da Parte Norte da Bacia de Campos), provenientes do litoral dos Estados do Rio de Janeiro e Espírito Santo. Foram feitas coletas de

sedimento com Box-corer e Van Veen que, a bordo, foram fixadas em formol 4% e depois preservadas em álcool 70%. Ao todo, foram obtidos 50 indivíduos em 47 amostras, coletadas no talude, de 682 a até 1324 m de profundidade.

Exemplares bem preservados foram selecionados para a observação da morfologia geral, através da microscopia eletrônica de varredura (MEV). Também pela MEV, foram observados os detalhes da rádula; os escleritos foram isolados das diferentes partes do corpo, a saber, em torno do disco oral, do pescoço, do tronco e da parte posterior do corpo (posterium).

## RESULTADOS

A espécie nova de *Falcidens* aqui estudada (e ainda não descrita formalmente) possui corpo alongado e fino, com até 18 mm de comprimento e diâmetro quase uniforme ao longo do corpo, de até 0,75 mm, dividido em duas partes: uma parte anterior com um anterium contínuo ao pescoço, e uma parte posterior com um tronco não dividido em parte anterior ou posterior e um posterium (Fig. 1A). O disco oral possui forma de "U" (Fig. 1B).

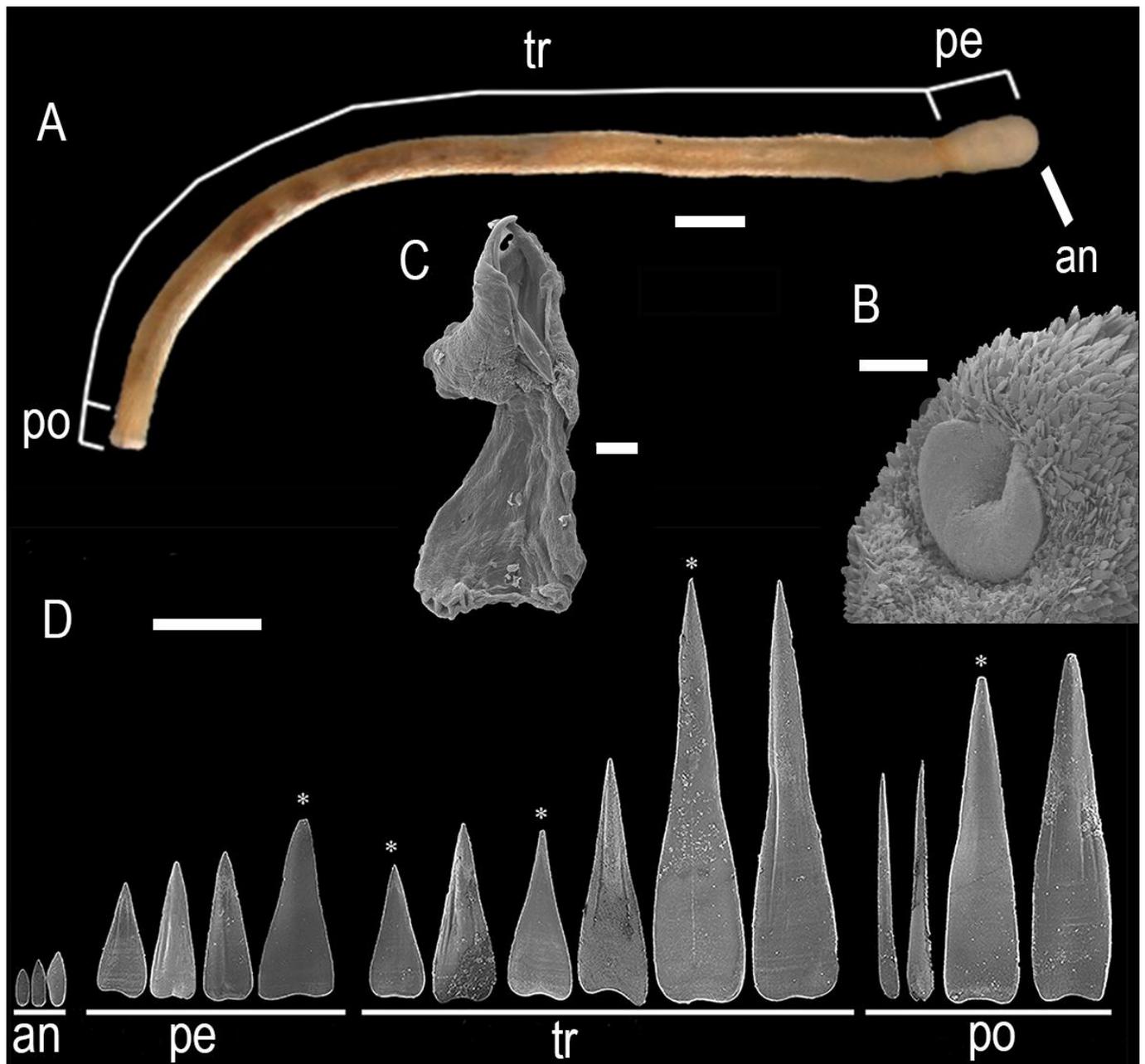
A rádula (Fig. 1C; comprimento = 133  $\mu$ m) possui um par de dentes esclerotizados em forma de foice (47  $\mu$ m de comprimento x 36  $\mu$ m de largura), conectados a um grande suporte central cuticular não esclerotizado em forma de cone (80  $\mu$ m de comprimento). Também possui suportes laterais cuticulares não esclerotizados pareados. Além disso, há uma placa central esclerotizada em forma de cunha conectada aos dentes e uma sínfise não esclerotizada conectando os dentes ao suporte central.

**Tabela 1:** Sumário das espécies descritas e distribuição de *Falcidens*.

| <b>Espécie</b>  | <b>Distribuição</b>   |
|---|---|
| <i>Falcidens acutargatus</i> Salvini-Plawen, 1992                     | Panamá Golfo de Darien; Bacia de Campos, Estados do Rio de Janeiro e Espírito Santo, Brasil |
| <i>Falcidens aequabilis</i> Salvini-Plawen, 1972                      | Nápoles e Bari, Itália; Tunísia; Argélia; Barcelona, Espanha                                |
| <i>Falcidens afanasjevi</i> (Ivanov, 1986)                            | Mar de Chukchi, Rússia  |
| <i>Falcidens australocaudatus</i> Passos, Corrêa & Todt, 2017         | Bacia de Campos, Estados do Rio de Janeiro e Espírito Santo, Brasil                         |
| <i>Falcidens caudatus</i> (Heath, 1918)                               | Costa nordeste dos EUA  |
| <i>Falcidens chistos</i> Scheltema, 1989                              | Estreito de Bass, Austrália   |
| <i>Falcidens crossotus</i> Salvini-Plawen, 1968                       | Mar da Noruega  |
| <i>Falcidens gutturosus</i> (Kowalevski, 1901)                        | Mar Mediterrâneo  |
| <i>Falcidens garcialvarezi</i> Señaris & Urgorri, 2016                | Cânion de Ferrol, Galícia, Espanha  |
| <i>Falcidens halanychi</i> Schander, Scheltema & Ivanov, 2006         | Cape Hatteras, EUA; Islândia  |
| <i>Falcidens hartmanae</i> (Schwabl, 1961)                            | Ilha de Santa Cruz, Califórnia, EUA   |
| <i>Falcidens hoffmanni</i> (Stork, 1939)                              | Desconhecido  |
| <i>Falcidens ingolfensis</i> Salvini-Plawen, 1971                     | Groenlândia   |
| <i>Falcidens limifossorides</i> Salvini-Plawen, 1992                  | Chile; Costa Rica   |
| <i>Falcidens liosquamaeus</i> Salvini-Plawen, 1969                    | Mar Vermelho  |
| <i>Falcidens lipuros</i> Scheltema, 1989                              | Estreito de Bass, Austrália   |
| <i>Falcidens longus</i> Scheltema, 1998                               | Ilha de Vancouver, Columbia britânica, Canadá; Ilha de Santa Cruz, EUA                      |
| <i>Falcidens loveni</i> (Nierstrasz, 1902)                            | Mar de Sunda (entre Java e Sumatra)   |
| <i>Falcidens macracanthos</i> Scheltema, 1998                         | Bacia de San Pedro e Santa Maria, EUA   |
| <i>Falcidens macrafrondis</i> Scheltema, 1989                         | Wollongong e New South Wales, Austrália   |
| <i>Falcidens moskalevi</i> (Ivanov, 1986)                             | Mar de Chukchi, Rússia  |
| <i>Falcidens nontargatus</i> Salvini-Plawen, 1992                     | Cabo Oeste da África, África do Sul   |
| <i>Falcidens normanni</i> (Nierstrasz, 1903)                          | Desconhecido  |
| <i>Falcidens odhneri</i> (Stork, 1941)                                | Indonésia   |
| <i>Falcidens pellucidus</i> (Ivanov, 1987)                            | Mar Branco, Rússia  |
| <i>Falcidens poias</i> Scheltema, 1995                                | Ilha de Rottneest, Baía de Porpoise, Austrália  |
| <i>Falcidens procerus</i> Salvini-Plawen, 1992                        | Trincheira Perú-Chile (registrado apenas no Chile)  |
| <i>Falcidens profundus</i> Salvini-Plawen, 1971                       | Groenlândia   |
| <i>Falcidens ryokuyomaruae</i> Saito & Salvini-Plawen, 2014           | Baía de Wakasa, Japão   |
| <i>Falcidens sagittiferus</i> Salvini-Plawen, 1968                    | Norte da Europa (Noruega a Islândia)  |
| <i>Falcidens salviniplaweni</i> (Ivanov, 1984)                        | Baía de Pedro, o Grande, Japão  |
| <i>Falcidens sterreri</i> (Salvini-Plawen, 1967)                      | Mar da Noruega  |
| <i>Falcidens strigisquamatus</i> (Salvini-Plawen, 1977)               | Mar de Alborán, Espanha   |
| <i>Falcidens targatus</i> Salvini-Plawen, 1992                        | Bacia do Prata, Uruguai; Bacia de Campos, Espírito Santo, Brasil                            |
| <i>Falcidens targotegulatus</i> Salvini-Plawen, 1992                  | Estreito de Bass, Austrália   |
| <i>Falcidens thorensis</i> Salvini-Plawen, 1971                       | Sul da Islândia, Sudoeste da Groenlândia  |
| <i>Falcidens urgorri</i> Señaris & García-Álvarez, 2016               | Cânion de Ferrol, Galícia, Espanha  |
| <i>Falcidens valdubrensis</i> Señaris, García-Álvarez & Urgorri, 2016 | Cânion de Ferrol, Galícia, Espanha  |
| <i>Falcidens vasconiensis</i> Salvini-Plawen, 1996                    | Baía de Biscaia, França; Galícia, Espanha;  |
| <i>Falcidens wireni</i> (Nierstrasz, 1902)                            | Mar de Banda, Indonésia   |

Os escleritos (Fig. 1D) no anterium possuem forma de escama, contorno elíptico, base estreita e não apresentam ornamentação; são muito pequenos, 55 µm de comprimento x 20 µm de largura. No pescoço podem ter formato triangular ou triangular alongado, são simétricos, largos, com uma leve cintura e uma leve reentrância, lâmina igual ou maior que a base, extremidade proximal mais larga, 155 µm de comprimento x 66 µm de largura. No tronco podem ter formato triangular, de seta ou de seta alongada,

simétricos, alongados, largos, com uma leve cintura, com ou sem uma leve reentrância, lâmina igual ou maior que a base, 370 µm de comprimento x 55 µm de largura; e no posterium podem possuir forma triangular ou de agulha, alongados, grande, com uma leve reentrância, 515 µm de comprimento x 55 µm de largura. Exceto pelo anterium, onde são lisos, os escleritos são ornamentados com uma quilha central e sulcos longitudinais, e o lado dos escleritos voltado para o corpo é liso (Fig. 1D, asteriscos).



**Figura 1.** *Falcidens* sp. (a) Fotomicrografia em vista dorsal de um espécime do lote AMB11-a6-r3 mostrando as divisões do corpo (Escala = 1 mm). (b) Micrografia eletrônica de varredura do disco oral de um espécime do lote AMB5-b6-r3 (Escala = 100  $\mu$ m). (c) Micrografia eletrônica de varredura da rádula de um espécime do lote HAB8-cang9-r3 (Escala = 10  $\mu$ m). (d) Micrografia eletrônica de varredura das escleritos isoladas das diferentes partes do corpo (Escala = 60  $\mu$ m). Os asteriscos mostram a face voltada para o corpo. Legenda: an = anterium, pe = pescoço, tr = tronco, po = posterium, co = colarinho.

## DISCUSSÃO

*Falcidens* é um gênero proposto por Salvini-Plawen (1968), baseada na presença de uma rádula com dentes em forma de foice. Desde então, o número de espécies descritas para o gênero tem crescido bastante, sendo que atualmente está entre os mais diversos dentre os Aplacophora, com um total de 40 espécies (Tab. 1). Possui uma grande variação morfológica, havendo espécies com corpo alongado e diâmetro

homogêneo e espécies com um afilamento posterior formando uma "cauda". Além disso, a rádula também é bastante variável, havendo algumas espécies que possuem um par de dentes secundários derivados da apófise e algumas outras espécies que possuem sínfise (Salvini-Plawen & García-Alvarez, 2014).

*Falcidens* sp. compartilha com várias outras espécies de corpo homogêneo, a presença de sínfise unindo os dentes radulares ao suporte central. Salvini-

Plawen (1975) argumenta que espécies de corpo homogêneo e sínfise nos dentes radulares poderiam formar um possível subgênero ou gênero dentro da família Chaetodermatidae, porém a homologia desse caráter ainda não foi avaliada em estudos filogenéticos.

Para o Atlântico, existem 9 espécies de *Falcidens* com corpo homogêneo, semelhantes a *Falcidens* sp. De todas espécies de *Falcidens* descritas até o presente momento, *Falcidens* sp. assemelha-se bastante a *F. sagittiferus*, do norte da Europa, por apresentar um corpo com forma homogênea, disco oral em forma de "U", corpo e rádula com tamanhos semelhantes, e presença de sínfise. Além disso, a morfologia dos escleritos das diferentes partes do corpo é muito semelhante e não permite uma separação exata das duas espécies. Porém, *Falcidens* sp. se diferencia de *F. sagittiferus* por possuir um corpo mais afilado, e por não ter linha de sutura mediana ventral no tronco anterior (Salvini-Plawen, 1968, 1975; Ivanov *et al.*, 2009).

## CONCLUSÃO

Através da análise dos espécimes coletados e da literatura, chega-se a conclusão que a espécie descrita nesse trabalho deve ser nova, ainda não descrita para ciência, aumentando o número de espécies descritas de *Falcidens* do Brasil para 4.

## AGRADECIMENTOS

Ao CENPES -PETROBRAS, pelo envio dos espécimes; à CAPES, pelas bolsas de Mestrado concedidas a Marcel S. Miranda e Paulo V.F. Côrrea e à FAPESP pelo Auxílio à Pesquisa (Processo 2011/50297-4).

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Corrêa PVF, Fassina PV, Passos FD (2014) *Falcidens targatus* and *F. acutargatus*: two species of Caudofoveata (Mollusca, Aplacophora) new for Brazil. *Journal of Natural History* 48: 2947-2963.
- Ivanov DL, Mikkelsen NT, Schander C (2009) *Falcidens sagittiferus* Salvini-Plawen, 1968: additional data on morphology and distribution (Mollusca, Aplacophora, Caudofoveata). *Fauna norvegica* 29: 3-9.
- Passos FD, Corrêa PVF, Todt C (2016) A new species of *Falcidens* (Mollusca, Aplacophora, Caudofoveata) from the Brazilian Southeastern coast: morphology, distribution and comparison with *Falcidens caudatus* (Heath, 1918) from the USA. *Marine Biodiversity* 20: 1-12.
- Salvini-Plawen L (1968) Über Lebendbeobachtungen an Caudofoveata (Mollusca, Aculifera), nebst Bemerkungen zum System der Klasse. *Sarsia* 31: 105-126.
- Salvini-Plawen L (1975) Mollusca: Caudofoveata. *Marine invertebrates of Scandinavia* 4. Scandinavian University Books, Oslo, 55 pp.
- Salvini-Plawen L, García-Alvarez O (2014) Caudofoveata. In: García-Alvarez O, Salvini-Plawen L, Urgorri V, Troncoso JS (Eds). *Fauna Ibérica* 38, Mollusca, Solenogastres, Caudofoveata, Monoplacophora. Museo Nacional de Ciencias Naturales, Madrid, 163-220.

---

# DIVERSIDADE GENÉTICA DE ESPÉCIES DE *BIOMPHALARIA* (GASTROPODA: PLANORBIDAE) DO MÉDIO RIO PARANAPANEMA, SÃO PAULO, BRASIL

**Gardini Sanches Palasio<sup>1,2</sup>, Francisco Chiaravalotti-Neto<sup>2</sup>, Roseli Tuan<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Superintendência de Controle de Endemias (SUCEN), Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, 01027-000, Luz, SP, Brasil. <sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Epidemiologia, Faculdade de Saúde Pública - USP, 01255-000, Pinheiros, SP, Brasil. E-mail: [raquelpalasio@usp.br](mailto:raquelpalasio@usp.br)

## INTRODUÇÃO

Entre os locais endêmicos para esquistossomose no Estado de São Paulo, destaca-se a região do Rio Paranapanema, uma região com casos autóctones assinalados desde 1952 nos municípios de Ourinhos, Ipaussu e Palmital (Ferreira & Meira 1952). São encontradas no médio Paranapanema as três

espécies hospedeiras intermediárias do *Schistosoma mansoni*, *Biomphalaria glabrata* (Say, 1818), *B. tenagophila* (Orbigny, 1835) e *B. straminea* (Dunker, 1848) e também *B. occidentalis* (Paraense, 1981) e *B. peregrina* (Orbigny, 1835) (Piza *et al.* 1972, Kawazoe *et al.* 1980, Teles 2005, Tuan 2009).

A dinâmica populacional de *Biomphalaria* é um

aspecto crítico na modelagem e controle da esquistossomose e está relacionada com a drenagem dos sistemas de água doce, ecologia e adaptações dos caramujos ao ambiente aquático. Genes mitocondriais são adequados para investigar aspectos populacionais de *Biomphalaria* (Campbell et al. 2010, Rumi et al. 2017), além de dar suporte aos estudos taxonômicos (Palasio et al. 2017). Esse estudo apresenta os resultados do uso de polimorfismos mitocondriais para definir unidades taxonômicas e estimar o potencial de colonização das espécies encontradas no médio rio Paranapanema.

## OBJETIVOS

O objetivo de estudo é descrever o padrão de distribuição genético-populacional das espécies de caramujos do gênero *Biomphalaria* que colonizam ecossistemas de água doce na região da bacia hidrográfica do médio rio Paranapanema, São Paulo, Brasil, por meio de sequências dos genes mitocondriais COI e 16S rRNA.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisadas sequências de oligonucleotídeos dos genes mitocondriais COI e 16S rRNA de caramujos coletados em ecossistemas de água doce em Ourinhos, Ipaussu, Ribeirão do Sul e Chavantes, no período de 2015 a 2017. As coordenadas geográficas de cada local de coleta foram tomadas por aparelho GPS Garmin ®Etrex para subsidiar a análise espacial da distribuição dos caramujos. Os espécimes de *Biomphalaria* foram dissecados (Deslandes 1959) e identificados por meio de características morfológicas do aparelho reprodutor, conforme Paraense (1975 e 1981). Foi utilizando a técnica de fixação para a separação das partes moles da concha, feita por imersão do caramujo a 70°C por 30 segundos. Do mesmo caramujo é retirada a porção inferior do pé (cefalopodal), que segue para a extração de DNA utilizando o DNeasy Blood e Tissue kit (Qiagen®). As peças (aparelho reprodutor) utilizadas para identificação foram mantidas como “vouchers” em tubos com fixador Raillet-Henry, os DNA's extraídos também se encontram preservadas em ultrabaixa temperatura em freezer a -70°C no Laboratório de Biologia Molecular da SUCEN (LBMSU). Os DNA's extraídos foram analisados quanto ao DNA Barcode

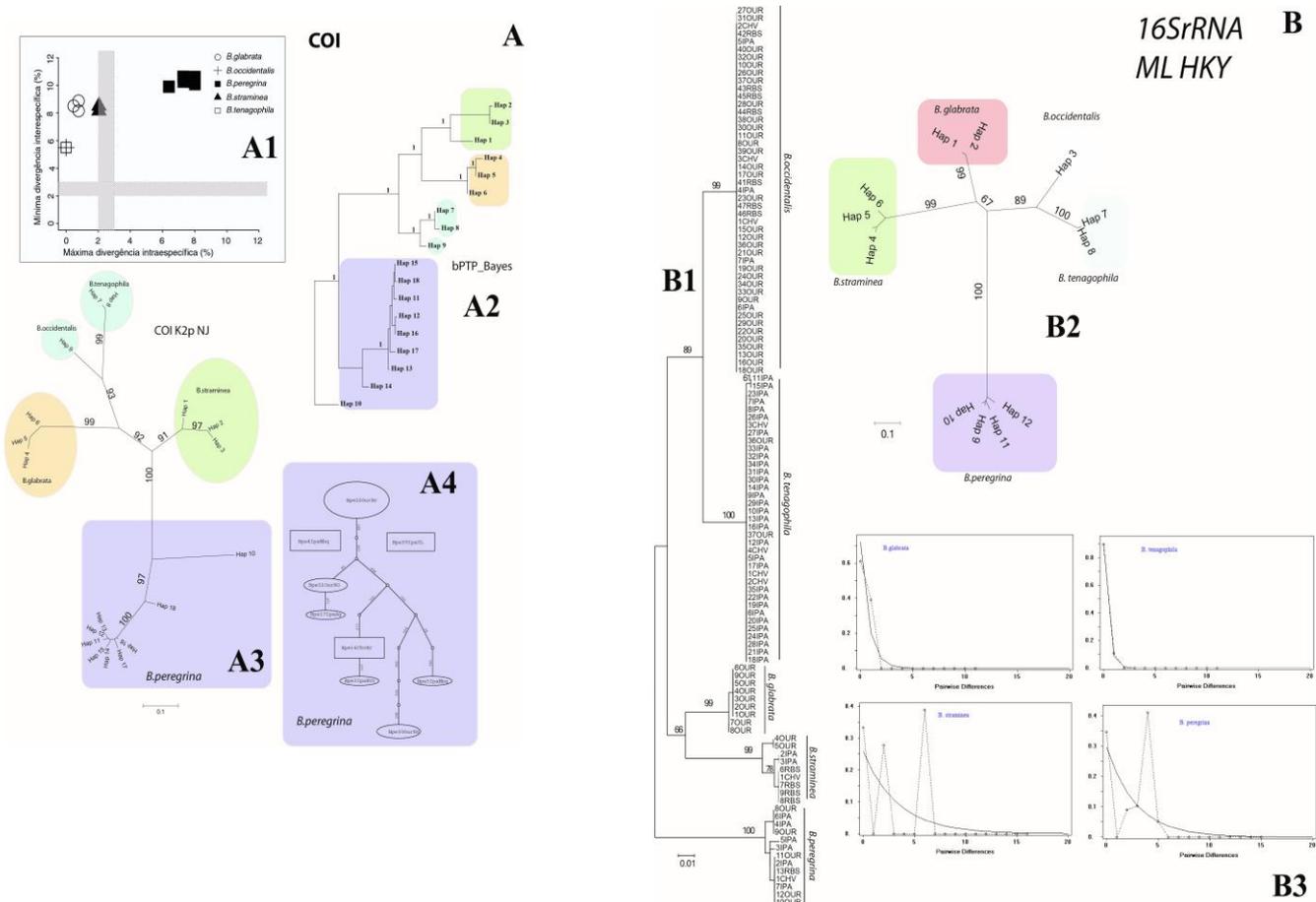
conforme protocolo descrito em Palasio et al. (2017) e protocolo de 16S (Tuan et al. 2012).

Para amplificação do COI foi utilizado o par de primers de Folmer et al. (1994) e para 16S rRNA de Palumbi et al. (1991). Os produtos amplificados foram sequenciados no sequenciador ABI3100 (Applied Biosystems®), no Laboratório de Biologia Molecular do Instituto Butantan. Os eletroferogramas foram analisados em Chromas (Technelysium Pty Ltd.), as sequências alinhadas em ClustalX 2 (Thompson et al. 1997) e editadas em BioEdit 7.2.5 (Hall 1999).

A matriz de distância entre sequências de COI comparadas aos pares foi obtida sob Kimura 2-parametros (K2P) (Kimura 1980) e as sequências agrupadas após reamostragem dos dados (bootstrap=500) por NJ em MEGA6 (Tamura et al. 2013). A reconstrução de grupos taxonômicos por modelo Bayesiano foi feita em bPTP (Zhang et al. 2013). A reconstrução filogenética das sequências 16S rRNA foi feita por meio de Maximum Likelihood com modelo de substituição de nucleotídeos Kimura 3-p calculado em MEGA6 e bootstrap=500. A análise da distribuição da variabilidade de nucleotídeos em haplótipos foi calculada em DNAsp (Librado e Rozas 2009). A estimativa da genealogia dos genes foi estimada com auxílio do software TCS 2.1 (Clement et al. 2000). A análise demográfica baseada em pares de sequências 16S rRNA foi feita em DNAsp considerando o modelo de crescimento populacional constante. O georreferenciamento dos caramujos foi realizado no Programa QGIS versão 2.8.9 (QGIS Development Team 2015). Foram construídos mapas temáticos para representar a distribuição da diversidade genética em haplótipos gerados no DNAsp, por meio da estimativa de densidade de Kernel (Teixeira-Neto et al. 2014).

## RESULTADOS

Foram analisadas 115 sequências de 16S rRNA (406 pb) e 231 de COI (651 pb) de caramujos coletados em 115 pontos nos quatro municípios. As análises para delimitação taxonômica estão apresentadas na Figura 1(A); as análises populacional e filogenética na Figura 1(B).



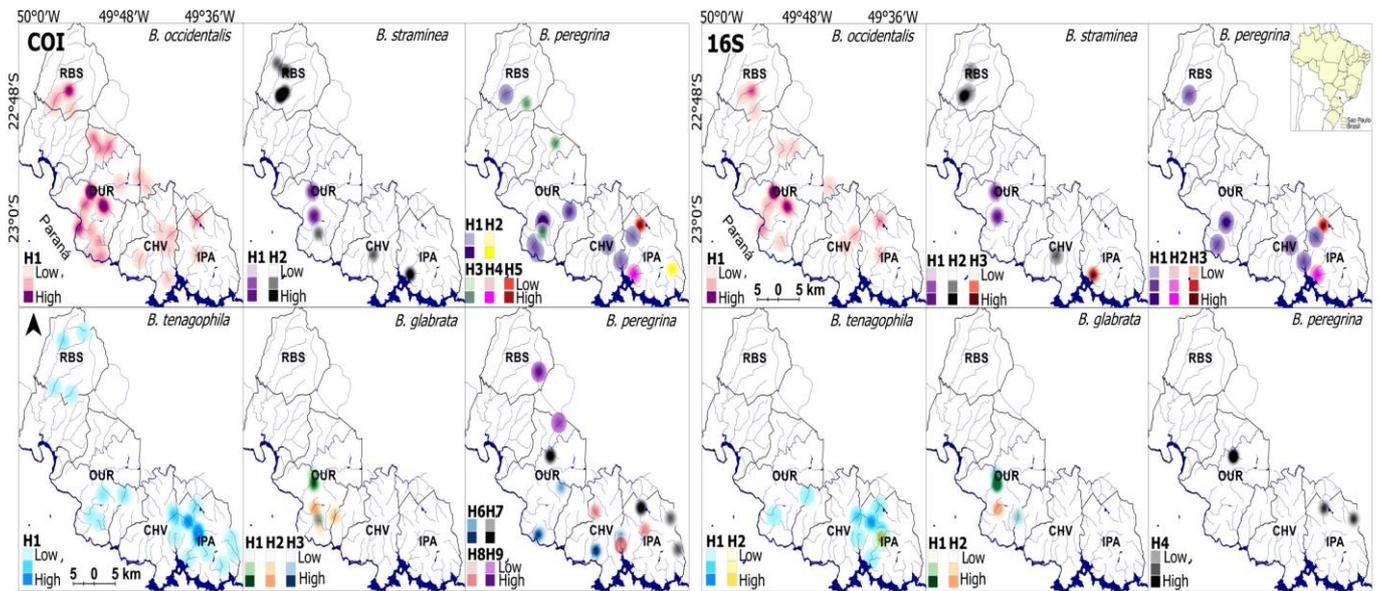
**Figura 1.** (A1) Resultados das análises da distribuição de valores de distância intra e interespecíficos, (A2) delimitação de grupos taxonômicos em bPTP, (A3) agrupamento de haplótipos em NJ e (A4) árvore com a diversidade haplotípica de *B. peregrina*. (B1) Arvore filogenética com as 115 sequências de 16S rRNA, (B2) árvore com os haplótipos, (B3) teste de adequação ao modelo de crescimento populacional constante.

A análise da distribuição da variabilidade genética associada à análise geoespacial mostra que os diferentes haplótipos das espécies analisadas estão distribuídas de forma esparsa nos córregos do médio Rio Paranapanema (Figura 2).

### DISCUSSÃO E CONCLUSÃO

Quando utilizados métodos baseados na construção de árvores filogenéticas, seja por agrupamento destas sequências por NJ (A2) seja por análise de delimitação de sequências em unidades taxonômicas moleculares

em bPTP (A2), a delimitação das 231 sequências do gene mitocondrial COI em cinco unidades taxonômicas converge com a identificação morfológica. Ambos os métodos geram agrupamentos taxonômicos com alto suporte estatístico e podem ser usados com segurança em conjunto com a taxonomia tradicional. A delimitação das sequências COI baseada em um valor teórico de Barcode Gap limita a análise taxonômica devido ao alto grau de divergência genética intraespecífica como observado em *B. peregrina*, com valores de distância dentro da espécie de até 8% (A1, A4).



**Figura 2.** Mapas da densidade de Kernel mostrando a distribuição dos haplótipos dos genes *COI* e *16S* rRNA das espécies de *Biomphalaria* em Ribeirão do Sul (RBS), Ourinhos (OUR), Chavantes (CHV) e Ipaussu (IPA).

Duas hipóteses podem ser levantadas para explicar o alto grau de diferenciação genética molecular em *B. peregrina*: 1 - esta espécie pode ser um grupo taxonômico com evolução recente ou 2 - *B. peregrina* inclui unidades taxonômicas diferenciadas que são identificadas morfologicamente num mesmo táxon. Novos estudos precisam incluir sequências de *B. peregrina* abrangendo uma ampla área geográfica de distribuição da espécie.

A análise filogenética do gene 16s rRNA mostra que existe suporte suficiente para o complexo *tenagophila* que agrupa *B. tenagophila* mais *B. occidentalis* (B1, B2). Do ponto de vista populacional, a análise do gene mitocondrial 16S rRNA, resulta em um padrão demográfico diferenciado para as espécies coletadas na região. Enquanto a diversidade genética de *B. glabrata* e *B. tenagophila* se adequa à hipótese de colonização ancestral do médio rio Paranapanema, *B. peregrina* e *B. straminea* mostram um padrão genético populacional sugestivo de vários eventos de colonização mais recentes das populações destas espécies que habitam as coleções de água doce na região amostrada (B3).

A análise da distribuição da diversidade genética de *COI* e *16S* rRNA no espaço geográfico indica que apesar da baixa conectividade entre os ecossistemas de água doce onde foram coletados os caramujos, é significativa a dispersão das espécies (Figura 2). Os resultados sugerem que fatores históricos e locais

podem explicar o padrão de distribuição das espécies nos ecossistemas de água doce (Mavarez et al. 2002). Este resultado indica que a vigilância malacológica de espécies de *Biomphalaria* relacionadas com a esquistossomose, deve ampliar seus limites de monitoramento das populações naturais para áreas distantes das usualmente amostradas em programas de controle da doença.

#### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Campbell G, Noble LR, Rollinson D, Southgate VR, Webster JP, Jones CS (2010) Low genetic diversity in a snail intermediate host (*Biomphalaria pfeifferi* Krass, 1848) and schistosomiasis transmission in the Senegal River Basin. *Molecular Ecology* 19(2): 241-256.
- Clement M, Posada D, Crandall KA (2000) TCS: A computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology* 9: 1657-1659.
- Deslandes N (1959) Técnica de dissecação e exame de planorbídeos. *Revista do Serviço Especial de Saúde Pública* 4(2): 371-382.
- 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. *Molecular Marine Biology and Biotechnology* 3: 294-299.
- Ferreira JM, Meira JA (1952) Três casos de esquistossomose mansoni procedentes do interior do Estado de São Paulo (Ourinhos, Palmital e Ipaçu). *Foco autóctone na cidade de Ourinhos*. *Revista Paulista de Medicina* 41(1): 15-18.
- Hall TA (1999) BioEdit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 41: 95-98.
- Kawazoe U, Magalhaes LA, Hotta LK, Takaku L (1980) Competição biológica entre *Biomphalaria glabrata* (Say, 1818) e *B. tenagophila* (d'Orbigny, 1835) em criadouros naturais no município de Ourinhos, SP (Brasil). *Revista de Saúde Pública* 14(1): 65-87.

- Kimura MA (1980) Simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution* 16(2): 111–120.
- Librado P, Rozas J (2009) DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25 (11): 1451–1452.
- Mavarez J, Steiner C, Pointier JP, Jarne P (2002) Evolutionary history and phylogeography of the schistosome-vector freshwater snail *Biomphalaria glabrata* based on nuclear and mitochondrial DNA sequences. *Heredity* 89 (4): 266–272.
- Palasio RGS, Guimarães MCA, Ohlweiler FP, Tuan R (2017) Molecular and morphological identification of *Biomphalaria* species from the state of São Paulo, Brazil. *ZooKeys* 668: 11.
- Palumbi SR, Martin AP, Romano S, Mcmillan, WO, Stice L, Grabowski G (1991) The Simple Fool's Guide to PCR. Department of Zoology, University of Hawaii, Honolulu, 47 pp.
- Paraense WL (1975) Estado atual da sistemática dos planorbídeos brasileiros. *Arquivos do Museu Nacional* 55: 105–128.
- Paraense WL (1981) *Biomphalaria occidentalis* sp.n. from South America (Mollusca Basommatophora Pulmonata). *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 76(2): 199–211.
- Piza JDT, Ramos ADS, Moraes LDC, Corrêa RDR, Takaku L, Pinto ADM (1972) Carta planorbídica do Estado de São Paulo. São Paulo, Secretaria de Estado da Saúde, Campanha de Combate à Esquistossomose, CACEsq, sd.
- QGIS Development Team (2015) QGIS Version 2.8.9. Geographic Information System. Open Source Geospatial Foundation Project. <http://www.qgis.org/>.
- Rumi A, Vogler RE, Beltramino AA (2017) The South-American distribution and southernmost record of *Biomphalaria peregrina* potential intermediate host of schistosomiasis. *Peer J* 5: 3401.
- Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipiński A, Kumar S (2013) MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30(12): 2725–2729.
- Teixeira-Neto RG, Silva ES, Nascimento RA, Belo VS, Oliveira CDL, Pinheiro L, Gontijo CMF (2014) Canine visceral leishmaniasis in an urban setting of Southeastern Brazil: an ecological study involving spatial analysis. *Parasites & Vectors* 7(1): 485.
- Teles HMS (2005) Distribuição geográfica das espécies dos caramujos transmissores de *Schistosoma mansoni* no estado de São Paulo. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 38(5): 426–432.
- Thompson JD, Gibson TJ, Plewniak F, Jeanmougin F, Higgins DG (1997) The CLUSTAL\_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research* 25: 4876–4882.
- Tuan R (2009) Diversidade e distribuição de espécies do gênero *Biomphalaria* em microrregiões localizadas no Médio Paranapanema, São Paulo, Brasil. *Biota Neotropica* 9(1): 1–6.
- Tuan R, Ohweiller F, Palasio RGS, Zanna R, Guimarães MCA (2012) Chapter 15: Pattern of genetic divergence of mitochondrial DNA sequences in *Biomphalaria tenagophila* complex species under barcoding perspective. In: Rokni MB (Ed) *Schistosomiasis*. InTech, Rijeka, 293–310.
- Zhang J, Kapli P, Pavlidis P, Stamatakis A (2013) A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics* 29(22): 2869–2876.

## CONGRESSO PORTUGUÊS DE MALACOLOGIA – 2018

O Instituto Português de Malacologia (IPM) e o Marine and Environmental Sciences Centre (MAREUL) organizaram o Congresso Português de Malacologia 2018, que ocorreu no Instituto Superior de Administração e Línguas – ISAL (Ilha da Madeira), nos dias 15 e 16 de junho de 2018.

Foram palestrantes principais o Dr. Ángel Luque, da Universidade Autónoma de Madrid, especialista em gastrópodes marinhos, com foco em conservação (espécies marinhas ameaçadas ou invasoras, ecossistemas marinhos ameaçados e áreas protegidas marinhas) e, o Dr. António M. de Frias Martins, da Universidade dos Açores. Especialista em Sistemática e Evolução de Moluscos, organizou o Congresso Mundial de Malacologia (WCM 2013) e foi Presidente da Unitas Malacologica (2010–2013).

Através do programa tomamos conhecimento que o malacólogo brasileiro André Breves

Ramos, apresentou um painel sobre “Coleção de moluscos dos Arquipélagos da Madeira e Selvagens no Museu da Ciência da Universidade de Coimbra”.

