



Uema
UNIVERSIDADE ESTADUAL
DO MARANHÃO



**Programa de
Pós-graduação**
em Ecologia e
Conservação da
Biodiversidade

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO MARANHÃO
CENTRO DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIAS EXATAS E NATURAIS
DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E CONSERVAÇÃO DA
BIODIVERSIDADE - PPGECB

KARLA LAÍS RODRIGUES BRITO

ABORDAGEM FILOGEOGRAFICA DE GASTRÓPODES LÍMNICOS DO GÊNERO
***Biomphalaria* NO BRASIL**

São Luís - MA

2026

KARLA LAÍS RODRIGUES BRITO

ABORDAGEM FILOGEOGRAFICA DE GASTRÓPODES LÍMNICOS DO GÊNERO
***Biomphalaria* NO BRASIL**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação da Biodiversidade da Universidade Estadual do Maranhão como requisito para a obtenção do grau de mestre em Ecologia e Conservação da Biodiversidade.

Orientador: Prof.^a Dr.^a Lígia Tchaicka

São Luís - MA

2026

Brito, Karla Laís Rodrigues

Abordagem filogeográfica de gastrópodes límnicos do gênero *Biomphalaria* no Brasil / Karla Laís Rodrigues Brito. – São Luis, MA, 2026.

53 f

Dissertação (Mestrado em Ecologia e Conservação da Biodiversidade) - Universidade Estadual do Maranhão, 2026.

Orientador: Profa. Dra. Lígia Tchaicka.

1.Moluscos. 2.Planorbidae. 3.Filogenética. 4.Biomas. I.Título.

KARLA LAÍS RODRIGUES BRITO

ABORDAGEM FILOGEOGRAFICA DE GASTRÓPODES LÍMNICOS DO GÊNERO
***Biomphalaria* NO BRASIL**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação da Biodiversidade da Universidade Estadual do Maranhão como requisito para a obtenção do grau de mestre em Ecologia e Conservação da Biodiversidade.

Orientador: Prof.^a Dr.^a Lígia Tchaicka

Aprovada em ____/____/____

COMISSÃO EXAMINADORA

LIGIA
TCHAIKA:03122063
999

Assinado de forma digital por
LIGIA TCHAIKA:03122063999
Dados: 2026.05.12 13:58:03
-03'00'

Prof.^a Dr.^a Lígia Tchaicka (Orientadora)
Universidade Estadual do Maranhão



Documento assinado digitalmente
DEBORA MARTINS SILVA SANTOS
Data: 12/05/2026 12:31:35-0300
Verifique em <https://validar.it.gov.br>

Prof.^a Dr.^a Débora Martins Silva Santos
Examinadora
Universidade Estadual do Maranhão



Documento assinado digitalmente
NEUTON DA SILVA SOUZA
Data: 11/05/2026 10:18:34-0300
Verifique em <https://validar.it.gov.br>

Prof. Dr. Neuton da Silva Souza
Examinador
Universidade Estadual do Maranhão

AGRADECIMENTOS

Agradeço, antes de tudo, aos meus pais, Antônio Araújo e Katiana Aguiar, por sempre acreditarem em mim, muitas vezes mais do que eu mesma. Obrigada por todo o esforço dedicado à minha educação, por cada incentivo, por todo amor, apoio e compreensão ao longo dessa caminhada. Se hoje chego até aqui, é porque nunca caminhei sozinha, cada conquista minha também é de vocês.

Aos meus familiares, pelo carinho, pela presença e pelo apoio durante toda essa jornada. Mesmo nos momentos mais desafiadores, saber que eu podia contar com vocês fez toda a diferença.

Aos meus amigos, que compartilharam tantos momentos especiais ao longo desse percurso, meu muito obrigada pelo companheirismo, pelas conversas, pelas risadas e pelo apoio. Em especial, aos amigos de laboratório Adriana Marques, Patrícia Catanhede, Wallacy Borges, Gerson Protazio e Nívia Sandiele, obrigada por tornarem essa caminhada mais leve. A parceria, a ajuda diária e o incentivo de cada um de vocês foram essenciais para que eu seguisse firme e confiante.

À minha orientadora, Dr.^a Lígia Tchaicka, minha sincera gratidão por todas as oportunidades, ensinamentos e pela confiança depositada em mim. Obrigada pela paciência, pelo incentivo e por contribuir de forma tão importante para meu crescimento acadêmico e pessoal.

Por fim, agradeço a todas as pessoas que, direta ou indiretamente, fizeram parte desses anos de mestrado. Cada gesto de apoio, cada palavra e cada presença foram importantes nessa trajetória. É uma alegria imensa concluir essa etapa e poder dividir essa conquista com todos que fizeram parte dela.

RESUMO

Os gastrópodes límnicos constituem componentes fundamentais dos ecossistemas aquáticos continentais, desempenhando funções ecológicas relevantes e apresentando expressiva importância sanitária, especialmente devido ao papel de algumas espécies como hospedeiros intermediários de parasitos de interesse médico. No Brasil, espécies do gênero *Biomphalaria* destacam-se por sua ampla distribuição geográfica e por sua relação direta com a transmissão da esquistossomose, configurando-se como alvo prioritário de estudos ecológicos, evolutivos e epidemiológicos. Apesar disso, ainda persistem lacunas relacionadas à diversidade genética e aos padrões filogeográficos dessas populações. Neste contexto, esta dissertação teve como objetivo investigar os padrões filogeográficos de gastrópodes límnicos do gênero *Biomphalaria* no Brasil, com ênfase na diversidade genética, estrutura populacional e influência dos diferentes biomas sobre a organização genética das espécies. Para isso, foram utilizadas sequências do gene mitocondrial COI provenientes do banco de dados GenBank e da Coleção de DNA e Tecidos da Fauna Maranhense (CoFauMA), integrando análises de diversidade genética, distâncias genéticas, redes de haplótipos e reconstruções filogenéticas por máxima verossimilhança. Os resultados revelaram elevados níveis de diversidade genética em *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea*, com padrões contrastantes de estruturação populacional. *B. glabrata* apresentou maior diferenciação genética associada à distribuição geográfica, enquanto *B. straminea* demonstrou maior conectividade populacional e ampla dispersão haplotípica. As análises filogenéticas confirmaram a monofilia das espécies e evidenciaram agrupamentos geneticamente estruturados conforme os biomas brasileiros. De forma geral, os resultados evidenciam padrões de diversidade genética e estruturação populacional nas espécies analisadas, contribuindo para o entendimento da variabilidade genética de gastrópodes límnicos no Brasil. Além disso, reforçam a importância do uso de ferramentas moleculares para investigar a diversidade e a distribuição genética desses organismos, fornecendo informações relevantes para estudos ecológicos e epidemiológicos associados a esses moluscos.

Palavras-chaves: Moluscos, Planorbidae, Filogenética, Biomas.

ABSTRACT

Freshwater gastropods are fundamental components of continental aquatic ecosystems, performing relevant ecological functions and presenting significant sanitary importance, especially due to the role of some species as intermediate hosts of parasites of medical interest. In Brazil, species of the genus *Biomphalaria* stand out for their wide geographic distribution and for their direct relationship with the transmission of schistosomiasis, making them a priority target for ecological, evolutionary, and epidemiological studies. Despite this, gaps still remain regarding the genetic diversity and phylogeographic patterns of these populations. In this context, this dissertation aimed to investigate the phylogeographic patterns of freshwater gastropods of the genus *Biomphalaria* in Brazil, with emphasis on genetic diversity, population structure, and the influence of different biomes on the genetic organization of these species. For this purpose, sequences of the mitochondrial COI gene obtained from the GenBank database and from the DNA and Tissue Collection of the Maranhão Fauna (CoFauMA) were used, integrating analyses of genetic diversity, genetic distances, haplotype networks, and phylogenetic reconstructions using the Maximum Likelihood method. The results revealed high levels of genetic diversity in *Biomphalaria glabrata* and *Biomphalaria straminea*, with contrasting patterns of population structuring. *B. glabrata* showed greater genetic differentiation associated with geographic distribution, whereas *B. straminea* demonstrated greater population connectivity and wide haplotypic dispersion. Phylogenetic analyses confirmed the monophyly of the species and revealed genetically structured groupings according to the Brazilian biomes. Overall, the results highlight patterns of genetic diversity and population structuring in the analyzed species, contributing to the understanding of the genetic variability of freshwater gastropods in Brazil. Furthermore, they reinforce the importance of using molecular tools to investigate the diversity and genetic distribution of these organisms, providing relevant information for ecological and epidemiological studies associated with these mollusks.

Keywords: Mollusks, Planorbidae. Phylogenetics. Biomes.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Distribuição geográfica das amostras de <i>Biomphalaria glabrata</i> e <i>Biomphalaria straminea</i> utilizadas neste estudo nos diferentes biomas brasileiros, incluindo sequências provenientes do GenBank e da Coleção de DNA e Tecidos da Fauna Maranhense (CoFauMA).	29
Figura 2. Rede de haplótipos do gene COI de <i>Biomphalaria glabrata</i> nos biomas brasileiros	34
Figura 3. Rede de haplótipos do gene COI de <i>Biomphalaria straminea</i> nos biomas brasileiros.	35

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Parâmetros de diversidade genética obtidos a partir da análise de sequências do gene COI em populações de <i>Biomphalaria glabrata</i> e <i>Biomphalaria straminea</i>	31
Tabela 2. Distâncias genéticas médias (modelo Kimura-2-parâmetros) entre populações de <i>Biomphalaria glabrata</i> distribuídas em diferentes biomas brasileiros.....	32
Tabela 3. Distâncias genéticas médias (modelo Kimura-2-parâmetros) entre populações de <i>Biomphalaria straminea</i> distribuídas em diferentes biomas brasileiros.	33

SUMÁRIO

CAPÍTULO I	12
1 INTRODUÇÃO	13
2 OBJETIVOS	15
2.1 Objetivo Geral	15
2.2 Objetivos Específicos	15
3 REFERENCIAL TEÓRICO	16
3.1 Filo Mollusca	16
3.2 Gastrópodes Límnicos	17
3.3 Gênero <i>Biomphalaria</i>	18
3.4 Filogeografia	19
REFERÊNCIAS	22
CAPÍTULO II	24
Diversidade Genética e Estrutura Populacional de <i>Biomphalaria glabrata</i> e <i>Biomphalaria straminea</i> nos Diferentes Biomas Brasileiros	25
1 Introdução	26
2 Materiais e Métodos	28
2.1 Construção do banco de dados	28
2.2 Alinhamentos	29
2.3 Estimativas de diversidade genética e polimorfismo molecular	30
2.4 Distâncias genéticas	30
2.5 Rede de haplótipos	30
2.6 Análise Filogenética	30
3 Resultados	31
3.1 Diversidade genética das populações de <i>Biomphalaria glabrata</i> e <i>B. straminea</i>	31
3.2 Distâncias genéticas	32
3.3 Rede de Haplótipos	33
3.4 Análise Filogenética	35
4 Discussão	36
5 Conclusões	39
Referências	41
Dados Suplementares 1 – Banco de sequências de <i>Biomphalaria glabrata</i> e <i>Biomphalaria straminea</i> utilizadas no estudo	45

Figura Suplementar 1. Árvore filogenética de <i>Biomphalaria glabrata</i> e <i>Biomphalaria straminea</i> baseada em sequências do gene mitocondrial COI, obtida por Máxima Verossimilhança. Os valores nos nós representam suporte de bootstrap	51
ANEXO A – NORMAS DE SUBMISSÃO DA REVISTA	54

CAPÍTULO I

Introdução Geral

1 INTRODUÇÃO

A compreensão da diversidade biológica de uma determinada região é fundamental para a caracterização de seus ecossistemas e para o desenvolvimento de estratégias voltadas à conservação da biodiversidade. O estudo da fauna local permite a identificação de espécies e suas interações ecológicas, sendo também um instrumento valioso para a saúde pública, uma vez que possibilita a análise de organismos que podem atuar como vetores de doenças.

Eventos recentes associados à emergência de doenças infecciosas, como a pandemia de COVID-19, evidenciaram a importância do conhecimento aprofundado sobre biodiversidade e suas interações ecológicas para a compreensão da dinâmica das enfermidades emergentes (Rawat; Agarwal, 2015; Lawer et al., 2021).

No Brasil, *Biomphalaria glabrata* (Say, 1818) e *Biomphalaria straminea* (Dunker, 1848), espécies que possuem importância epidemiológica por atuarem como hospedeiras intermediárias de *Schistosoma mansoni* Sambon, 1907, apresentam ampla distribuição geográfica e estão registradas em diferentes regiões do país. A ocorrência dessas espécies está diretamente relacionada às características ambientais dos ecossistemas aquáticos, incluindo fatores como disponibilidade hídrica, temperatura, presença de vegetação aquática e alterações decorrentes das atividades humanas. Dessa forma, o estudo da distribuição e da diversidade dessas populações torna-se fundamental para compreender os padrões ecológicos e epidemiológicos associados a esses organismos.

O território brasileiro abriga uma grande diversidade de biomas, incluindo Amazônia, Cerrado, Caatinga, Mata Atlântica, Pantanal e Pampa, que apresentam diferentes características climáticas, hidrológicas e ecológicas. Essas variações ambientais influenciam diretamente a distribuição e a diversidade de organismos aquáticos, incluindo os gastrópodes límnicos. A presença de diferentes tipos de ambientes aquáticos, como rios, lagoas, brejos, igarapés e áreas alagadas, proporciona uma ampla variedade de habitats que podem ser ocupados por espécies adaptadas a diferentes condições ambientais. Segundo Ribeiro et al. (2019), os biomas brasileiros apresentam características distintas de vegetação, clima e hidrografia, o que influencia diretamente a biodiversidade e a distribuição dos organismos aquáticos.

A identificação correta das espécies de gastrópodes vetores e sua helmintofauna é fundamental para estudos epidemiológicos, possibilitando a detecção de novos focos de transmissão e contribuindo para a formulação de medidas preventivas e de controle. Embora a análise morfológica tradicional tenha sido amplamente utilizada para a taxonomia dessas espécies, ela apresenta limitações devido à necessidade de conhecimento especializado e ao

tempo demandado para sua realização (Hebert *et al.*, 2003). Nesse cenário, as técnicas de análise molecular surgem como uma alternativa eficiente, oferecendo maior rapidez e precisão na identificação taxonômica e permitindo uma melhor compreensão da biodiversidade local.

A taxonomia molecular não substitui ou diminui a importância dos dados morfológicos, mas atua como uma ferramenta complementar em determinadas situações. A integração de análises morfológicas e moleculares pode fornecer informações mais robustas, favorecendo uma interpretação e compreensão mais precisas da diversidade biológica dos organismos estudados. Contudo, é fundamental reconhecer que cada abordagem possui suas próprias vantagens e limitações (Brasil, 2008).

A aplicação de métodos moleculares tem demonstrado eficácia na identificação e caracterização da diversidade genética de moluscos límnicos, contribuindo para a conservação das espécies e a análise de suas interações ecológicas. A Filogeografia, ao relacionar as linhagens genéticas com a distribuição geográfica, considera fatores ambientais, históricos e ecológicos que influenciam a variabilidade genética das populações (Avise, 2009). Compreender esses padrões de distribuição é essencial para fundamentar estratégias de conservação e manejo da fauna local (Filho, 2014). Ademais, estudos filogenéticos baseados em dados moleculares oferecem uma visão aprofundada das relações evolutivas entre as espécies, promovendo um entendimento mais detalhado sobre sua diversidade e adaptação aos diferentes ambientes aquáticos (Mazzarolo, 2005).

Diante desse panorama, esta pesquisa é essencial para aprofundar o conhecimento sobre a diversidade de gastrópodes límnicos no Maranhão, um componente essencial dos ecossistemas aquáticos locais. A abordagem filogeográfica possibilita uma visão mais detalhada sobre as relações evolutivas desses organismos, sendo fundamental para a implementação de estratégias de conservação e manejo. A carência de informações sobre esses moluscos na região limita a compreensão da estabilidade dos ecossistemas aquáticos e a formulação de medidas eficazes para sua proteção. Ademais, mudanças ambientais, como alterações no habitat e poluição, podem impactar essas populações sem que haja conhecimento suficiente para mitigar tais efeitos.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Investigar os padrões filogeográficos de gastrópodes límnicos do gênero *Biomphalaria* no Brasil.

2.2 Objetivos Específicos

- Construir um banco de dados molecular georreferenciado contendo sequências do gene COI de espécies do gênero *Biomphalaria* distribuídas em diferentes regiões do Brasil;
- Caracterizar a diversidade genética de *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea* nos diferentes biomas brasileiros;
- Avaliar a distância genética das populações de *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea* nos biomas do Brasil;
- Relacionar os padrões genéticos observados com os diferentes biomas brasileiros, avaliando a estruturação populacional.

3 REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 Filo Mollusca

O filo Mollusca representa o segundo maior grupo do Reino Animalia, superado apenas pelos artrópodes em número de espécies. Estima-se a existência de aproximadamente 200.000 espécies descritas no mundo, incluindo fósseis e espécies possivelmente não descritas (MolluscaBase, 2026). Essas espécies estão distribuídas em ambientes marinhos, dulcícolas e terrestres, revelando sua notável capacidade adaptativa (Russell-Hunter, 1979). Essa ampla distribuição faz dos moluscos um dos táxons mais diversos e ecologicamente relevantes, ocupando praticamente todos os nichos disponíveis no planeta.

Os moluscos são invertebrados de corpo mole e não segmentado, geralmente protegidos por uma concha calcária externa, formada a partir da secreção do manto. Apesar dessa característica comum, exibem elevada disparidade morfológica e funcional, o que dificulta a definição taxonômica do grupo e reflete sua evolução em distintos ambientes ao longo do tempo geológico. Tal plasticidade morfológica e ecológica os torna fundamentais tanto para a dinâmica dos ecossistemas quanto para as relações ecológicas com outros organismos, incluindo o ser humano.

Desde a pré-história, os moluscos desempenham papel importante no cotidiano humano, sendo utilizados como alimento, adorno, matéria-prima para produção de pérolas e até como objetos de coleção. Além disso, algumas espécies possuem relevância em saúde pública, por atuarem como hospedeiros intermediários de parasitos, constituindo vetores de doenças de impacto global, como a esquistossomose (Salgado & Coelho, 2003).

Tradicionalmente, o filo Mollusca é dividido em sete classes principais: Aplacophora, Monoplacophora, Polyplacophora, Scaphopoda, Bivalvia, Gastropoda e Cephalopoda (RUPPERT; FOX; BARNES, 2004), mas algumas classificações modernas consideram oito classes, separando Aplacophora em Solenogastres e Caudofoveata (BRUSCA; MOORE; SHUSTER, 2018; MolluscaBase, 2026). As classes Gastropoda e Bivalvia concentram os principais representantes, seja por sua abundância ou por sua relevância médica, veterinária e econômica.

Dessa forma, o filo Mollusca não apenas se destaca pela riqueza biológica e ecológica, mas também pela sua estreita relação com as atividades humanas, seja como recurso natural de importância socioeconômica, seja como desafio no manejo de doenças parasitárias e espécies invasoras.

3.2 Gastrópodes Límnicos

Os gastrópodes constituem a classe mais numerosa do filo Mollusca, representando aproximadamente três quartos das espécies descritas desse grupo, com ocorrência nos mais diversos ambientes terrestres, marinhos e dulcícolas (Ruppert; Barnes, 2004). Entre os representantes dulcícolas, denominados gastrópodes límnicos, destacam-se espécies que desempenham papel ecológico relevante, além de importância sanitária e econômica.

De modo geral, os gastrópodes apresentam corpo mole e não segmentado, protegido em muitos casos por uma concha calcária em espiral. Seu corpo é dividido em três regiões principais: cabeça-pé, massa visceral e manto, sendo este último responsável pela secreção da concha. Possuem sistema digestivo completo, rádula (órgão raspador utilizado na alimentação) e sistema circulatório aberto, característico da maioria dos moluscos (Hickman *et al.*, 2016). Nos ambientes límnicos, esses organismos exercem funções tróficas essenciais, atuando como raspadores de algas, consumidores de detritos orgânicos e presas para diferentes níveis da cadeia alimentar, incluindo peixes, aves e invertebrados (Strayer, 2010).

A diversidade de habitats aquáticos continentais, como rios, lagos, lagoas, brejos e igarapés, favorece a ocorrência de diferentes espécies de gastrópodes límnicos, adaptadas a condições ambientais específicas. A presença e abundância desses organismos estão diretamente relacionadas a fatores como temperatura, pH, oxigenação da água, disponibilidade de nutrientes e qualidade ambiental (Ribeiro *et al.*, 2019). Assim, sua ocorrência pode ser utilizada como bioindicador de condições ecológicas, refletindo alterações ambientais e impactos antrópicos, como poluição e degradação de ecossistemas aquáticos.

Do ponto de vista da saúde pública, determinadas espécies dulcícolas apresentam grande relevância por atuarem como hospedeiros intermediários de trematódeos de importância médica e veterinária. No Brasil, o gênero *Biomphalaria* é particularmente importante por abrigar espécies hospedeiras do *S. mansoni*, agente etiológico da esquistossomose, uma das doenças parasitárias de maior impacto socioeconômico no mundo (Who, 2014; Silva *et al.*, 2020). Adicionalmente, os gastrópodes límnicos também podem atuar como vetores de outros parasitos de interesse em animais silvestres e domésticos, reforçando sua importância epidemiológica (Cantanhede *et al.*, 2014).

Por outro lado, diversas espécies não apresentam associação com doenças, mas desempenham funções ecológicas e econômicas relevantes, como a ciclagem de nutrientes, controle natural de algas e importância na cadeia alimentar de comunidades aquáticas (Dillon, 2000). Em algumas culturas, ainda são utilizados como fonte de alimento, adorno e objeto de

comércio, o que demonstra a estreita relação desses organismos com as populações humanas (Salgado; Coelho, 2003).

Portanto, os gastrópodes límnicos representam um grupo de elevada diversidade, cuja importância transcende aspectos taxonômicos, abrangendo dimensões ecológicas, sanitárias e socioeconômicas. O estudo sistemático desses organismos é essencial para compreender a biodiversidade aquática, avaliar riscos epidemiológicos associados à esquistossomose e subsidiar estratégias de conservação e manejo ambiental.

3.3 Gênero *Biomphalaria*

O gênero *Biomphalaria*, pertencente à família Planorbidae, compreende gastrópodes dulcícolas de grande importância ecológica e epidemiológica. Esses moluscos estão amplamente distribuídos em regiões tropicais e subtropicais, ocorrendo predominantemente na América do Sul, América Central, Caribe e África. Algumas espécies desse gênero atuam como hospedeiras intermediárias do trematódeo *Schistosoma mansoni*, agente etiológico da esquistossomose, doença parasitária de grande impacto em saúde pública em diversos países, incluindo o Brasil (DeJong et al., 2001; WHO, 2020).

No Brasil, o gênero *Biomphalaria* apresenta ampla distribuição geográfica e diversidade de espécies. Entre as espécies registradas destacam-se *Biomphalaria glabrata*, *Biomphalaria straminea* e *Biomphalaria tenagophila*, que são reconhecidas como os principais hospedeiros intermediários naturais de *S. mansoni* (Nogueira et al., 2024). Essas espécies apresentam diferentes padrões de distribuição no território brasileiro, sendo *B. straminea* considerada a mais amplamente distribuída no país. Além dessas espécies, outras também são registradas no Brasil, como *Biomphalaria peregrina* (d'Orbigny, 1835), *Biomphalaria occidentalis* Paraense, 1981, *B. oligoza* Paraense, 1975, *B. intermedia* Paraense & Deslandes, 1962 e *Biomphalaria schrammi* (Crosse, 1864) embora nem todas estejam diretamente associadas à transmissão da esquistossomose (Ohlweiler et al., 2020).

As espécies de *Biomphalaria* são encontradas principalmente em ambientes de água doce com baixa correnteza, como lagoas, açudes, represas, canais de irrigação, valas e áreas alagadas. A presença desses moluscos está associada a diversos fatores ambientais, como temperatura, disponibilidade hídrica, presença de vegetação aquática e alterações ambientais decorrentes de atividades humanas. Em regiões onde há deficiência de saneamento básico e maior contato da população com corpos d'água naturais, a presença desses organismos pode favorecer a manutenção do ciclo de transmissão da esquistossomose (Silva et al., 2020).

A identificação das espécies de *Biomphalaria* pode apresentar dificuldades quando baseada exclusivamente em características morfológicas, devido à semelhança entre espécies e à variação morfológica observada dentro do grupo. Por esse motivo, abordagens moleculares têm sido cada vez mais utilizadas para auxiliar na identificação taxonômica desses moluscos. O uso de marcadores genéticos, como o gene mitocondrial COI, tem contribuído significativamente para estudos de diversidade genética, delimitação de espécies e análise da estrutura populacional dessas populações (Palasio et al., 2017).

No Brasil, os estudos sobre o gênero *Biomphalaria* não estão distribuídos de maneira uniforme entre as regiões e biomas. A maior parte das pesquisas concentra-se nas regiões Sudeste e Nordeste, especialmente em estados como São Paulo, Minas Gerais, Pernambuco e Bahia, onde historicamente há maior ocorrência da esquistossomose e maior desenvolvimento de programas de vigilância epidemiológica. Essa concentração de estudos resulta em maior disponibilidade de dados sobre a distribuição dessas espécies e sua diversidade genética nessas regiões (Palasio et al., 2019).

Por outro lado, em algumas regiões do país ainda existem lacunas no conhecimento sobre a distribuição e diversidade genética dessas espécies. Essa diferença no esforço de amostragem influencia diretamente a quantidade de sequências genéticas disponíveis em bancos de dados para determinadas regiões ou biomas. Dessa forma, regiões que possuem maior número de estudos apresentam também maior disponibilidade de dados moleculares, o que pode influenciar análises de diversidade genética e estudos filogeográficos (Palasio et al., 2023).

Assim, compreender a distribuição geográfica, a ecologia e a diversidade genética das espécies do gênero *Biomphalaria* é fundamental para entender a dinâmica de transmissão da esquistossomose e também para identificar lacunas de conhecimento sobre essas populações em diferentes regiões e biomas.

3.4 Filogeografia

A filogeografia é uma área interdisciplinar que surgiu no final da década de 1980, com o objetivo de investigar os princípios e processos responsáveis pela distribuição geográfica de linhagens genéticas, dentro e entre espécies. Ao integrar informações da genética de populações, sistemática, biogeografia e paleoclimatologia, a filogeografia permite compreender como eventos históricos como glaciações, formação de barreiras geográficas, mudanças no nível do mar e fragmentação de habitats influenciaram os padrões atuais de biodiversidade (AVISE, 2000).

Na prática, a filogeografia busca explicar a relação entre genealogias de populações e sua distribuição espacial, utilizando evidências moleculares, ecológicas e geográficas. Esse campo tem sido fundamental para compreender tanto a diversificação da biota quanto processos de especiação, colonização, dispersão e vicariância (Lemos-Filho *et al.*, 2018).

No Brasil, país com notável diversidade biológica e mosaico de biomas, a filogeografia é amplamente aplicada para elucidar a história evolutiva de espécies em diferentes ecossistemas, como Amazônia, Cerrado, Mata Atlântica e Caatinga. Esses estudos evidenciam que a distribuição da biodiversidade brasileira não é apenas resultado de fatores ecológicos atuais, mas também de eventos paleoclimáticos e geomorfológicos que moldaram a conectividade entre populações ao longo do tempo (Bueno *et al.*, 2017).

No caso dos moluscos límnicos, a aplicação de abordagens filogeográficas tem se mostrado estratégica para compreender os padrões de distribuição e a dinâmica populacional de espécies hospedeiras de parasitos, como as do gênero *Biomphalaria*. A variação genética e a estruturação das populações desses gastrópodes estão diretamente relacionadas à epidemiologia da esquistossomose e à sua dispersão geográfica, uma vez que diferentes linhagens podem apresentar variações na suscetibilidade ao parasita e na capacidade de colonização de novos ambientes (Carvalho *et al.*, 2003; Cantanhede *et al.*, 2014).

Estudos baseados em marcadores moleculares têm contribuído significativamente para o entendimento da diversidade genética e da história evolutiva dessas espécies. DeJong *et al.* (2001) demonstraram que a diversificação de *Biomphalaria* está associada a eventos históricos de dispersão e isolamento geográfico. Em escala regional, análises conduzidas no Brasil também evidenciam variações genéticas entre populações de diferentes localidades, indicando a influência de fatores ambientais e geográficos na estrutura genética dessas espécies (Cantanhede *et al.*, 2014).

Outras pesquisas que integraram dados moleculares e análises espaciais também evidenciaram padrões importantes de diversidade e distribuição dessas populações. Palasio *et al.* (2019) observaram que a ocorrência de espécies de *Biomphalaria* em ambientes aquáticos pode estar associada à heterogeneidade ambiental e à conectividade entre corpos d'água. De forma semelhante, análises recentes com populações de *Biomphalaria straminea* provenientes de diferentes regiões do Brasil revelaram elevada diversidade haplotípica e diferenças genéticas entre populações, sugerindo a influência de processos históricos de dispersão e adaptação a diferentes ambientes (Nogueira *et al.*, 2024).

Além disso, a integração entre dados morfológicos e moleculares tem contribuído para aprimorar a delimitação taxonômica dentro do gênero e identificar possíveis linhagens crípticas.

Essas abordagens permitem compreender melhor as relações evolutivas entre as espécies e seus padrões de distribuição (Palasio et al., 2017; Ohlweiler et al., 2020). Dessa forma, estudos filogeográficos fornecem informações importantes sobre áreas de endemismo, rotas de dispersão e conectividade entre populações, aspectos relevantes tanto para a conservação da biodiversidade quanto para a vigilância epidemiológica.

REFERÊNCIAS

- AVISE, J. C. **Phylogeography: the history and formation of species**. Cambridge: Harvard University Press, 2000. 447 p.
- AVISE, J. C. *Phylogeography: the history and formation of species*. Cambridge: Harvard University Press, 2009.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Vigilância Epidemiológica. **Vigilância e controle de moluscos de importância epidemiológica: diretrizes técnicas: Programa de Vigilância e Controle da Esquistossomose (PCE)**. 2. ed. Brasília: Editora do Ministério da Saúde, 2008.
- BUENO, M. L. et al. Effects of Quaternary climatic fluctuations on the distribution of Neotropical savanna tree species. **Ecography**, v. 40, n. 4, p. 403–414, 2017.
- CANTANHEDE, S. P. D. et al. Gastrópodes de água doce da Microrregião da Baixada Maranhense, área endêmica para esquistossomose no Estado do Maranhão, Brasil: estudo qualitativo. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 47, p. 79–85, 2014.
- DEJONG, R. J. et al. Evolutionary relationships and biogeography of *Biomphalaria* (Gastropoda: Planorbidae) with implications regarding its role as host of the human blood fluke *Schistosoma mansoni*. **Molecular Biology and Evolution**, v. 18, n. 12, p. 2225–2239, 2001.
- DILLON, R. T. **The ecology of freshwater molluscs**. Cambridge: Cambridge University Press, 2000.
- FILHO, N.; VIANA, G. G. R. Inventário da malacofauna límnic de três grandes reservatórios do Sertão de Pernambuco, Brasil. **Scientia Plena**, v. 11, n. 10, p. 1–7, 2014.
- HEBERT, P. D. N. et al. Biological identifications through DNA barcodes. **Proceedings of the Royal Society B**, v. 270, p. 313–321, 2003.
- HICKMAN, C. S. New species of deep-water gastropods from the Indo-West Pacific Region (Gastropoda: Vetigastropoda: Seguenzoidea: Calliotropidae) with a geologic and biogeographic perspective. **The Nautilus**, v. 130, n. 3, p. 83–100, 2016.
- LAWLER, O. K. et al. The COVID-19 pandemic is intricately linked to biodiversity loss and ecosystem health. **The Lancet Planetary Health**, v. 5, n. 11, p. 840–850, 2021.
- LEMOS-FILHO, J. P. et al. Biogeografia e filogeografia no Brasil: avanços e desafios. **Rodriguésia**, v. 69, n. 4, p. 1545–1564, 2018.
- MAZZAROLO, L. A. **Conceitos básicos de sistemática filogenética**. Salvador: UFBA, 2005.
- NOGUEIRA, R. et al. Distribuição dos moluscos transmissores da esquistossomose no município endêmico de São Bento, Maranhão, Brasil. **Revista de Patologia Tropical**, v. 45, n. 3, p. 295–304, 2016.

OHLWEILER, F. P. et al. Freshwater snails of medical importance in Brazil. **Acta Tropica**, 2020.

PALASIO, R. G. S. et al. DNA barcoding and phylogenetic relationships of *Biomphalaria* species (Gastropoda: Planorbidae). **Acta Tropica**, 2017.

PALASIO, R. G. S. et al. Distribution and molecular diversity of *Biomphalaria* in Brazil. **Parasitology Research**, 2019.

PALASIO, R. G. S. et al. Molecular diversity and phylogeography of *Biomphalaria* populations in Brazil. **Parasitology Research**, 2023.

RAWAT, U. S.; AGARWAL, N. K. Biodiversity: concept, threats and conservation. **Environment Conservation Journal**, v. 16, n. 3, p. 19–28, 2015.

RIBEIRO, M. C. et al. Brazilian biomes and biodiversity patterns. **Biological Conservation**, 2019.

RUPPERT, E. E.; BARNES, R. D. **Invertebrate zoology**. 6. ed. Fort Worth: Saunders College Publishing, 1996.

SALGADO, N.; COELHO, A. Moluscos terrestres do Brasil. **Revista de Biologia Tropical**, v. 51, n. 3, p. 148–189, 2003.

SILVA, M. R. C. et al. Esquistossomose: desafios e perspectivas para o controle no Brasil. **Revista Panamericana de Salud Pública**, v. 44, p. 1–9, 2020.

STRAYER, D. L. Freshwater molluscs and ecosystem functioning. **Freshwater Biology**, v. 55, p. 23–36, 2010.

WHO. **Schistosomiasis**. World Health Organization, 2020. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/schistosomiasis>

CAPÍTULO II

Diversidade Genética e Estrutura Populacional de *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea* nos Diferentes Biomas Brasileiros

O presente capítulo foi elaborado no formato de artigo científico e submetido à revista *Molecular Ecology*. As normas de submissão da revista estão apresentadas no Anexo A.

Diversidade Genética e Estrutura Populacional de *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea* nos Diferentes Biomas Brasileiros

Karla Laís Rodrigues Brito^{1,3}; Nívia Sandiele de Melo Sousa³; Adriana de Mendonça Marques²; Lígia Tchaicka^{1,3}.

1. Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação da Biodiversidade – PPGE CB
2. Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Maranhão - IFMA
3. Universidade Estadual do Maranhão - UEMA

Resumo: A diversidade genética e a estrutura populacional de gastrópodes límnicos do gênero *Biomphalaria* são aspectos essenciais para compreender processos evolutivos e epidemiológicos associados à transmissão da esquistossomose no Brasil. Este estudo investigou padrões de diversidade genética e estruturação populacional de *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea* em diferentes biomas brasileiros, utilizando sequências do gene mitocondrial citocromo oxidase subunidade I (COI). Foram analisadas 63 sequências de *B. glabrata* e 161 de *B. straminea*, obtidas a partir do banco de dados GenBank e da Coleção de DNA e Tecidos da Fauna Maranhense (CoFauMA). As análises envolveram estimativas de diversidade genética, distâncias genéticas, redes de haplótipos e análise filogenética por Máxima Verossimilhança. Ambas as espécies apresentaram elevada diversidade genética, com valores superiores em *B. straminea*, refletidos no maior número de haplótipos e maior diversidade nucleotídica. As distâncias genéticas indicaram maior diferenciação genética em *B. glabrata*, enquanto *B. straminea* apresentou menor diferenciação geográfica, sugerindo maior conectividade populacional. As redes de haplótipos evidenciaram padrões distintos entre as espécies, com padrão compatível com expansão populacional em *B. glabrata* e distribuição haplotípica mais dispersa em *B. straminea*. A análise filogenética confirmou a monofilia das espécies e revelou agrupamentos compatíveis com a distribuição geográfica das amostras. Os resultados reforçam a influência de fatores históricos e ambientais na organização genética dessas espécies e contribuem para o entendimento dos processos evolutivos e epidemiológicos associados aos gastrópodes límnicos no Brasil.

Palavras-chave: Esquistossomose. Malacologia. Conservação.

Abstract: The genetic diversity and population structure of freshwater gastropods of the genus *Biomphalaria* are essential aspects for understanding evolutionary and epidemiological processes associated with the transmission of schistosomiasis in Brazil. This study investigated patterns of genetic diversity and population structure of *Biomphalaria glabrata* and *Biomphalaria straminea* across different Brazilian biomes, using sequences of the mitochondrial cytochrome oxidase subunit I (COI) gene. A total of 63 sequences of *B. glabrata* and 161 of *B. straminea* were analyzed, obtained from the GenBank database and from the DNA and Tissue Collection of the Maranhão Fauna (CoFauMA). The analyses included estimates of genetic diversity, genetic distances, haplotype networks, and phylogenetic analysis using the Maximum Likelihood method. Both species showed high genetic diversity, with higher values observed in *B. straminea*, reflected in the greater number of haplotypes and higher nucleotide diversity. Genetic distances indicated greater genetic differentiation in *B. glabrata*, whereas *B. straminea* showed lower geographic differentiation, suggesting greater population connectivity. The haplotype networks revealed distinct patterns between the species, with a pattern compatible with population expansion in *B. glabrata* and a more dispersed haplotypic distribution in *B. straminea*. The phylogenetic analysis confirmed the monophyly of the species and revealed groupings consistent with the geographic distribution of the samples. The results reinforce the influence of historical and environmental factors on the genetic organization of these species and contribute to the understanding of evolutionary and epidemiological processes associated with freshwater gastropods in Brazil.

Keywords: Schistosomiasis; Malacology; Conservation.

1 Introdução

Os moluscos constituem o segundo maior filo do reino animal em número de espécies, sendo superados apenas pelos artrópodes. Estima-se a existência de mais de 100.000 espécies descritas, podendo esse número alcançar aproximadamente 200.000, considerando a diversidade ainda não completamente conhecida (Rosenberg, 2014). Esse grupo apresenta ampla diversidade morfológica, com organismos de tamanhos, formas e hábitos alimentares variados, caracterizados por corpo mole e, na maioria dos casos, dividido em cabeça, pé e massa visceral. Além disso, os moluscos demonstram elevada capacidade de adaptação, ocupando diferentes nichos ecológicos e distribuindo-se por ambientes terrestres e aquáticos, tanto marinhos quanto de água doce (Passos, Miranda e Corrêa, 2019).

Nos ecossistemas aquáticos continentais, os moluscos integram de forma expressiva a fauna bentônica e litorânea de açudes, lagos, lagoas, represas e rios, desempenhando importante papel ecológico. Muitos representantes desse filo possuem relevância em estudos ambientais e epidemiológicos, uma vez que podem atuar como bioindicadores e estar associados à transmissão de enfermidades, além de refletirem alterações ambientais e processos de contaminação dos ecossistemas (Corrêa et al., 2010; Vinarski, 2017).

Dentre as classes de moluscos, os gastrópodes límnicos destacam-se por sua importância para a saúde pública, pois algumas espécies atuam como hospedeiros intermediários de helmintos causadores de zoonoses que afetam o ser humano (Pinto e Melo, 2011). No Brasil, a diversidade de moluscos de água doce é expressiva e distribuída em diferentes bacias hidrográficas, embora o conhecimento sobre sua distribuição ainda seja desigual no território nacional. A maior parte dos estudos concentra-se na Região Sudeste, especialmente nos estados do Rio de Janeiro, Espírito Santo e São Paulo, onde diversos municípios foram investigados quanto à ocorrência de moluscos límnicos, em especial planorbídeos (Cantanhede, 2015; Pereira et al., 2018).

Entre os gastrópodes de relevância epidemiológica, destaca-se o gênero *Biomphalaria*, reconhecido como hospedeiro intermediário do trematódeo *Schistosoma mansoni*, agente etiológico da esquistossomose. Essa parasitose é considerada uma das doenças parasitárias de maior impacto socioeconômico no mundo, ficando atrás apenas da malária (WHO, 2020). A esquistossomose está diretamente associada a condições precárias de saneamento básico, sendo transmitida em ambientes aquáticos que abrigam caramujos infectados por helmintos do gênero *Schistosoma* (Silva et al., 2020).

No Brasil, a esquistossomose apresenta ampla distribuição geográfica, estendendo-se do Pará ao Rio Grande do Sul. Dados epidemiológicos indicam 423.117 casos notificados entre 2009 e 2019, com média anual de 294 internações e registro de aproximadamente 490 óbitos entre 2009 e 2013 (Brasil, 2017; Brasil, 2021). Estima-se que cerca de 1,5 milhão de pessoas estejam atualmente infectadas por *S. mansoni*, com registros em pelo menos 19 estados brasileiros, sendo as regiões Sudeste e Nordeste consideradas áreas prioritárias para a ocorrência da doença (Brasil, 2017; Everton et al., 2018).

A ocorrência e distribuição de moluscos límnicos dependem diretamente das características ambientais. Regiões com abundância de corpos hídricos e clima favorável proporcionam condições ideais para o estabelecimento e a dispersão de gastrópodes de água doce (Strong et al., 2008; Almeida et al., 2018). Nesse contexto, a costa das terras do Norte do Brasil apresenta elevada heterogeneidade ambiental, incluindo manguezais, praias, florestas de

restinga e sistemas de dunas, configurando-se como uma das áreas mais importantes para a conservação da biodiversidade nacional e com expressivo potencial ecológico e turístico (Bezerra et al., 2018).

Diante da importância ecológica e sanitária desses organismos, torna-se fundamental ampliar o conhecimento sobre a ocorrência, distribuição e diversidade da malacofauna de água doce. Apesar de seu papel crucial na dinâmica de doenças e na manutenção de ecossistemas aquáticos, ainda existem lacunas significativas no entendimento da distribuição geográfica dos moluscos límnicos e de como fatores históricos, ambientais e ecológicos influenciam a estrutura genética de suas populações.

Nesse contexto, a aplicação de métodos moleculares tem se mostrado uma ferramenta eficaz para a identificação, caracterização e compreensão da diversidade genética das populações de moluscos límnicos. Essas abordagens contribuem não apenas para a conservação das espécies, mas também para a análise de suas interações ecológicas e epidemiológicas. A filogeografia, ao relacionar linhagens genéticas com sua distribuição geográfica, permite compreender como eventos históricos, processos ecológicos e barreiras ambientais moldam a variabilidade genética das populações (Avise, 2009; Hickerson et al., 2010).

Assim, o uso integrado dessas ferramentas permite ampliar o entendimento sobre a diversidade, adaptação e história evolutiva de espécies de importância epidemiológica, como as do gênero *Biomphalaria*. Nesse sentido, este estudo investiga a diversidade genética e a estrutura populacional de *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea* em diferentes biomas brasileiros, buscando compreender os padrões de variação genética e conectividade populacional associados à sua distribuição geográfica.

2 Materiais e Métodos

2.1 Construção do banco de dados

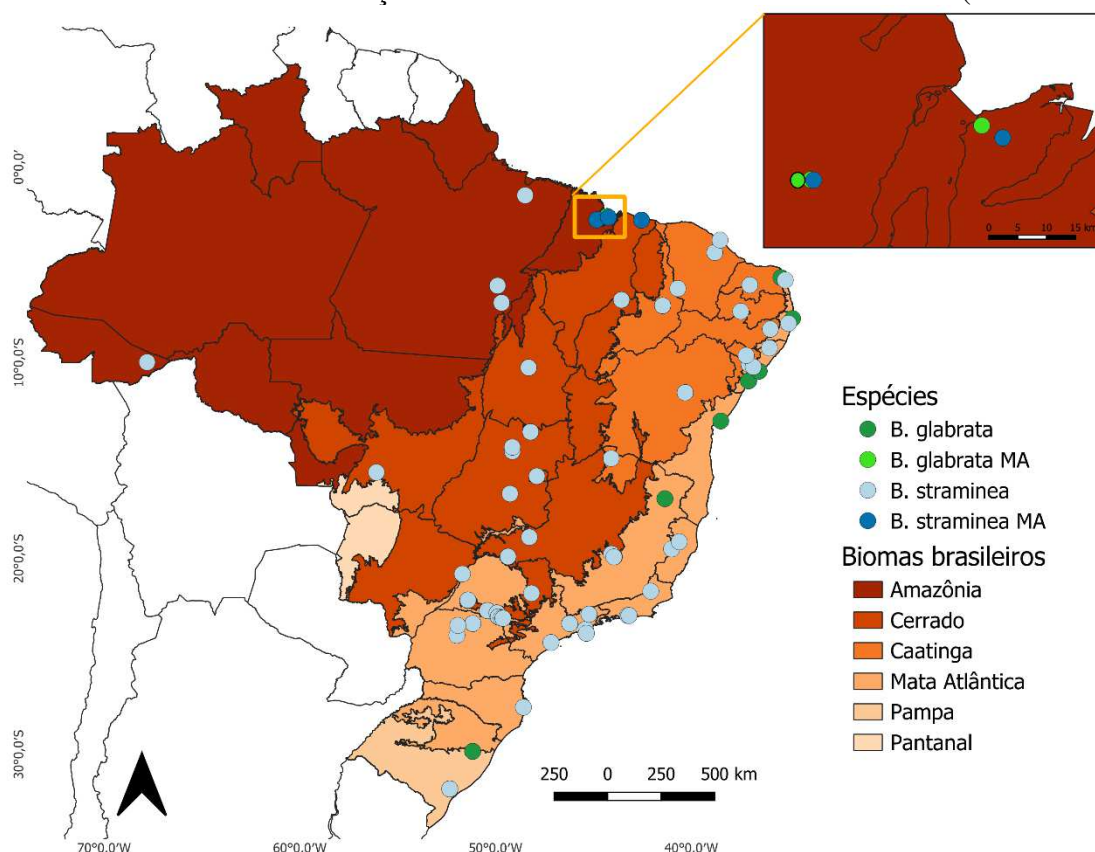
O banco de dados utilizado no trabalho foi construído a partir de sequências do gene mitocondrial Citocromo Oxidase Subunidade I (COI) de *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea*, obtidas de duas fontes distintas: (a) levantamento de sequências disponíveis no banco de dados público GenBank (National Center for Biotechnology Information – NCBI) e (b) sequências disponíveis na Coleção de DNA e Tecidos da Fauna Maranhense (CoFauMA).

Inicialmente, foi realizada uma busca sistemática no banco de dados público GenBank, utilizando-se como descritores os termos “*Biomphalaria glabrata* COI Brazil” e “*Biomphalaria*

straminea COI Brazil”. As buscas foram refinadas, priorizando sequências com comprimento superior a 600 pares de bases e com informações sobre a localização geográfica de coleta. As sequências recuperadas foram baixadas no formato FASTA, juntamente com seus respectivos metadados, incluindo local de origem, país, autores e número de acesso no GenBank.

Além das sequências disponíveis em bases públicas, sequências moleculares do estado do Maranhão foram obtidas a partir de amostras depositadas na Coleção de DNA e Tecidos da Fauna Maranhense (CoFauMA), com distribuição apresentada na Figura 1. As sequências obtidas foram compiladas em um banco de dados único, contendo informações sobre número de acesso, localidade, bioma e espécie, acessíveis por meio do Material Suplementar 1.

Figura 1. Distribuição geográfica das amostras de *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea* utilizadas neste estudo nos diferentes biomas brasileiros, incluindo sequências provenientes do GenBank e da Coleção de DNA e Tecidos da Fauna Maranhense (CoFauMA).



2.2 Alinhamentos

As sequências disponibilizadas pela coleção foram inicialmente avaliadas quanto à qualidade dos eletroferogramas, sendo submetidas à inspeção visual no software MEGA 12 (Kumar et al., 2024). Foram analisados os critérios de qualidade do sinal, presença de ruídos, ambiguidade de bases, picos sobrepostos e possíveis erros de leitura.

As sequências deste estudo foram combinadas com sequências previamente publicadas, obtidas do banco de dados GenBank, e o alinhamento foi realizado aplicando o algoritmo ClustalW (Larkin et al., 2007). As extremidades foram cortadas desprezando os gaps das margens, após o corte, as sequências apresentaram tamanho de 636 pb.

2.3 Estimativas de diversidade genética e polimorfismo molecular

Os índices de polimorfismo genético foram calculados para a região parcial do gene COI utilizando o software DnaSP v. 6.12.03 (Rozas *et al.*, 2017). Os seguintes índices de diversidade genética foram calculados: o número e a diversidade de haplótipos (h , H_d), a diversidade nucleotídica (π), o número médio de diferenças entre nucleotídeos entre pares de sequências (k). O número de sítios polimórficos informativos do tipo singleton e parcimoniosos também foi estimado.

2.4 Distâncias genéticas

A análise de distância genética foi realizada no programa MEGA versão 12 (Kumar et al., 2024) os grupos foram separados por bioma (Amazônia=56; Mata Atlântica=82; Cerrado=54; Pampa=8; Caatinga=24), a Estimativa de Variância foi realizada pelo método de Bootstrap e o modelo de substituição usado foi Kimura-2-parameter.

2.5 Rede de haplótipos

As redes de haplótipos foram construídas utilizando o *software* PopART (*Population Analysis with Reticulate Trees*), versão 1.7 (Leigh; Bryant, 2015). A rede foi inferida pelo método TCS (Templeton; Crandall; Sing, 1992), com limite de conexão de 95%, permitindo a visualização das relações genealógicas entre haplótipos com base no número mínimo de passos mutacionais. Cada traço entre os haplótipos corresponde a uma mutação. As redes foram construídas separadamente para *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea*.

2.6 Análise Filogenética

A seleção do modelo evolutivo mais adequado foi realizada sob o critério de Máxima Verossimilhança (ML), por meio da ferramenta “Find Best DNA/Protein Models” do MEGA 12 (Kumar et al., 2024). A escolha do modelo foi baseada no menor valor do Critério de Informação Bayesiano (BIC). O modelo Tamura 3-parâmetros com distribuição Gamma e

proporção de sítios invariantes (T92+G+I) foi selecionado como o modelo que melhor se ajustou aos dados.

A reconstrução filogenética foi conduzida pelo método de Máxima Verossimilhança (Maximum Likelihood – ML), utilizando o modelo T92+G+I. A heterogeneidade das taxas evolutivas entre sítios foi modelada por meio de uma distribuição Gamma discreta com cinco categorias. O suporte dos nós foi estimado por meio de análise de bootstrap com 1000 replicações.

Foram inseridas na análise filogenética duas espécies irmãs, *Biomphalaria tenagophila* e *Biomphalaria peregrina*, e como grupo externo (*outgroup*) foi utilizado a espécie *Bulinus truncatus*.

3 Resultados

3.1 Diversidade genética das populações de *Biomphalaria glabrata* e *B. straminea*

Foram analisadas 63 sequências de *B. glabrata* e 161 sequências de *B. straminea*, com comprimento total de 636 pares de bases. As análises de diversidade genética revelaram altos parâmetros em ambas as espécies, com diferenças marcantes entre elas (Tabela 1).

Tabela 1. Parâmetros de diversidade genética obtidos a partir da análise de sequências do gene COI em populações de *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea*.

Espécies	N	h	Hd	Π	K	S	Eta
<i>B. glabrata</i>	63	30	0,9222	0,0182	9,931	47	50
<i>B. straminea</i>	161	111	0,9877	0,02052	11,223	69	71

N = número de sequências; h = número total de haplótipos; Hd = diversidade haplotípica; π = diversidade nucleotídica; k = número médio de diferenças nucleotídicas; S = número de sítios polimórficos (segregantes); Eta = número total de mutações.

Em *B. glabrata*, foram identificados 30 haplótipos, resultando em uma elevada diversidade haplotípica (Hd = 0,9222) associada a uma diversidade nucleotídica moderada (π = 0,0182). O número médio de diferenças nucleotídicas entre as sequências (k) foi de 9,931, enquanto o número de sítios polimórficos (S) e o total de mutações (Eta) foram 47 e 50, respectivamente. Esse conjunto de resultados sugere a presença de múltiplos haplótipos geneticamente relacionados, indicando populações com alta variabilidade genética, porém com divergência moderada entre os indivíduos.

Para *B. straminea*, os valores observados foram ainda mais elevados, com 111 haplótipos detectados e diversidade haplotípica extremamente alta ($H_d = 0,9877$) o que pode estar associado ao número superior de sequências obtidas. A diversidade nucleotídica também apresentou valores superiores ($\pi = 0,02052$), assim como o número médio de diferenças nucleotídicas ($k = 11,223$), refletindo maior divergência genética entre as sequências. Além disso, foram identificados 69 sítios polimórficos e 71 mutações, evidenciando uma maior complexidade genética e histórico evolutivo mais dinâmico para esta espécie.

3.2 Distâncias genéticas

As distâncias genéticas médias entre biomas para *B. glabrata* (Tabela 2) variaram de 0,003 a 0,041. Os menores valores foram observados entre Cerrado e Mata Atlântica (0,003), bem como entre Cerrado e Caatinga (0,005), indicando baixa diferenciação genética entre essas regiões. Em contraste, as maiores divergências envolveram populações do Pampa, especialmente em comparação com a Caatinga (0,041) e Amazônia (0,036), sugerindo maior isolamento genético dessas populações meridionais.

De modo geral, os resultados indicam estruturação populacional moderada a acentuada em *B. glabrata*, com maior diferenciação associada às regiões Sul e Nordeste.

Tabela 2. Distâncias genéticas médias (modelo Kimura-2-parâmetros) entre populações de *Biomphalaria glabrata* distribuídas em diferentes biomas brasileiros.

<i>Biomphalaria glabrata</i>					
	Cerrado	Mata Atlântica	Caatinga	Pampa	Amazônia
Cerrado	-	0,003	0,005	0,006	0,005
Mata Atlântica	0,016	-	0,007	0,005	0,006
Caatinga	0,024	0,031	-	0,008	0,007
Pampa	0,030	0,023	0,041	-	0,008
Amazônia	0,024	0,030	0,030	0,036	-

Valores acima da diagonal representam as distâncias genéticas médias entre biomas, enquanto os valores abaixo da diagonal correspondem aos respectivos erros padrão.

Para *B. straminea* (Tabela 3), as distâncias genéticas variaram de 0,002 a 0,028. As menores divergências foram observadas entre Amazônia e Cerrado (0,003), Cerrado e Mata

Atlântica (0,004) e Mata Atlântica e Pampa (0,002), indicando elevada similaridade genética entre essas regiões.

As maiores divergências envolveram populações da Caatinga em relação à Amazônia (0,028) e Cerrado (0,026), sugerindo maior diferenciação genética nesta região. No entanto, os valores observados foram, em geral, inferiores aos registrados para *B. glabrata*, indicando menor estruturação geográfica em *B. straminea*.

Tabela 3. Distâncias genéticas médias (modelo Kimura-2-parâmetros) entre populações de *Biomphalaria straminea* distribuídas em diferentes biomas brasileiros.

<i>Biomphalaria straminea</i>					
	Amazônia	Cerrado	Mata Atlântica	Caatinga	Pampa
Amazônia	-	0,003	0,004	0,004	0,005
Cerrado	0,020	-	0,004	0,004	0,005
Mata Atlântica	0,023	0,020	-	0,004	0,002
Caatinga	0,028	0,026	0,026	-	0,005
Pampa	0,023	0,021	0,010	0,026	-

Valores acima da diagonal representam as distâncias genéticas médias entre biomas, enquanto os valores abaixo da diagonal correspondem aos respectivos erros padrão.

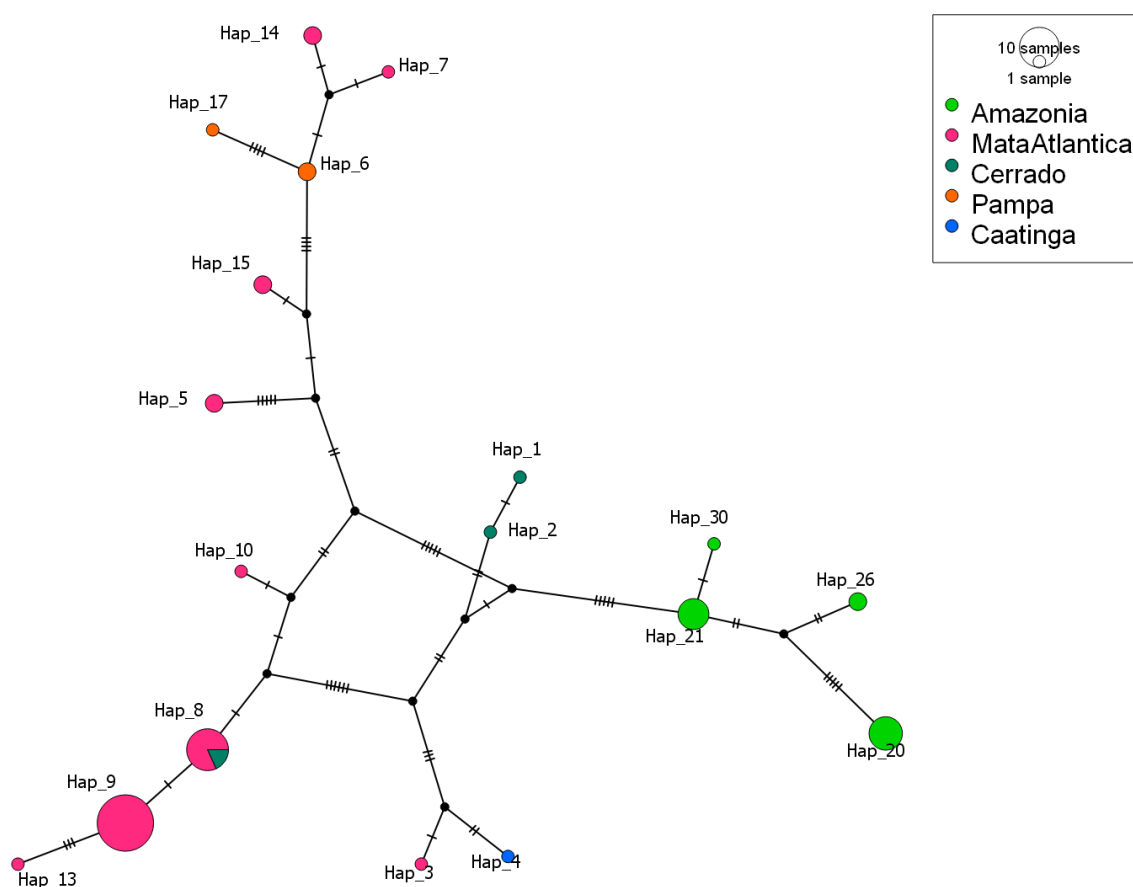
3.3 Rede de Haplótipos

A rede de haplótipos revelou estrutura genética associada aos diferentes biomas brasileiros (Figura 2). Observou-se a presença de haplótipos centrais de alta frequência, especialmente na Mata Atlântica, sugerindo possível expansão populacional recente. Haplótipos derivados de baixa frequência conectam-se a esses haplótipos centrais por poucas mutações.

Haplótipos exclusivos foram observados em determinados biomas, especialmente na Caatinga e no Pampa, indicando diferenciação regional. As populações do Pampa mostraram maior afastamento mutacional em relação ao núcleo principal da rede, corroborando os maiores valores de distância genética observados entre esse bioma e as demais regiões.

De modo geral, a rede evidencia estruturação populacional moderada para *B. glabrata*, compatível com diferenciação geográfica entre biomas, embora sem evidência de linhagens profundamente diferentes dentro da espécie.

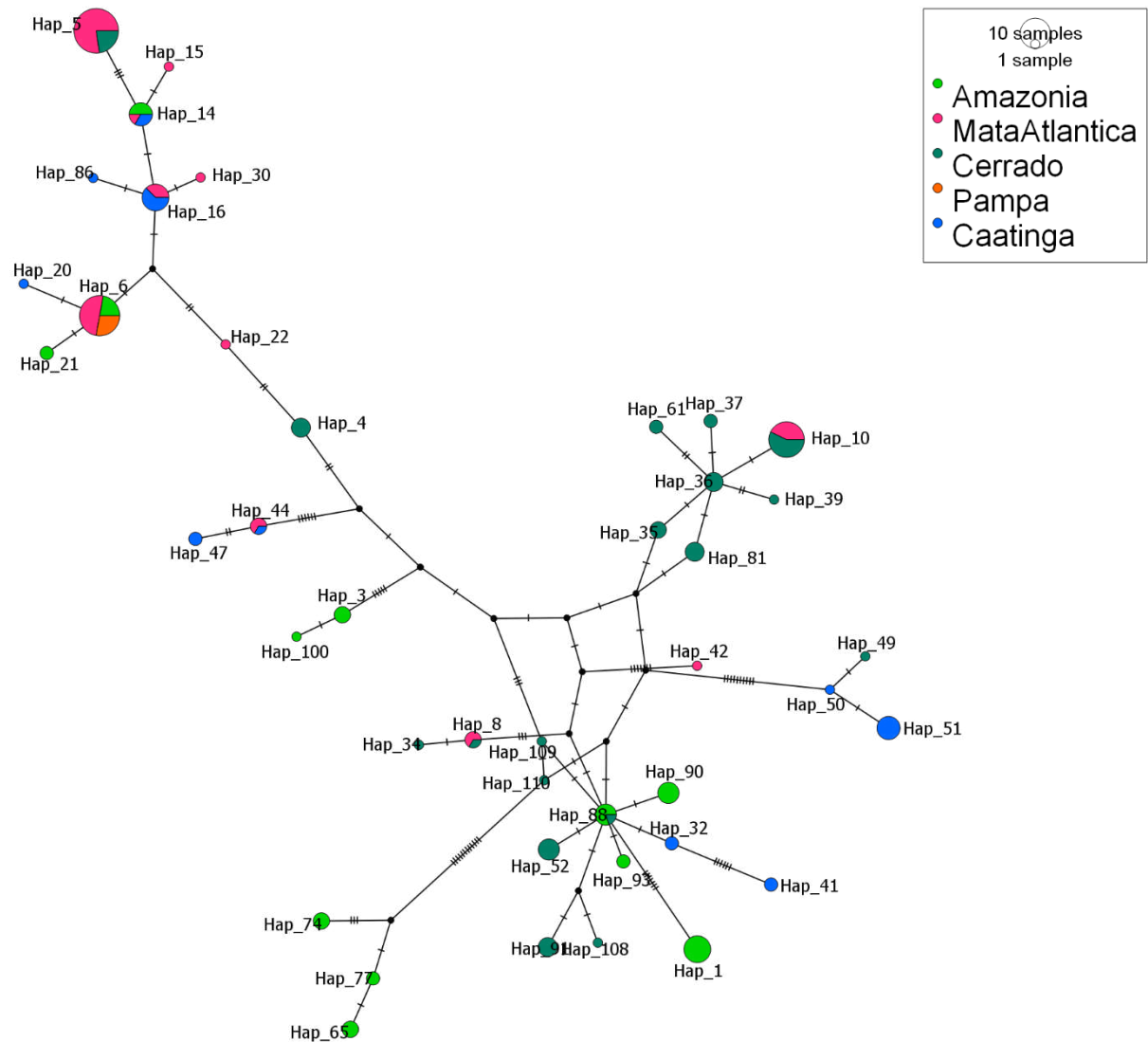
Figura 2. Rede de haplótipos do gene COI de *Biomphalaria glabrata* nos biomas brasileiros



A rede de haplótipos de *B. straminea* (Figura 3) revelou estruturação genética moderada associada aos biomas brasileiros. Diferentemente do padrão observado em *B. glabrata*, não foi identificado um único haplótipo central dominante. Os haplótipos apresentaram distribuição mais dispersa na rede, com vários haplótipos de baixa frequência conectados por poucos passos mutacionais.

Observou-se compartilhamento de haplótipos entre Cerrado e Mata Atlântica, sugerindo conectividade histórica entre essas regiões. Por outro lado, populações da Caatinga apresentaram maior afastamento mutacional, corroborando os maiores valores de distância genética registrados para esse bioma.

Figura 3. Rede de haplótipos do gene COI de *Biomphalaria straminea* nos biomas brasileiros.



3.4 Análise Filogenética

A análise filogenética foi conduzida pelo método de Máxima Verossimilhança (ML), utilizando o modelo evolutivo T92+G+I, selecionado com base no menor valor do Critério de Informação Bayesiano (BIC). A análise incluiu 229 sequências e 636 sítios alinhados, com suporte estimado por 1000 replicações de *bootstrap* (Figura Suplementar 1).

A árvore resultante evidenciou a formação de clados bem definidos correspondentes às espécies analisadas. Observou-se monofilia para *Biomphalaria straminea* e *Biomphalaria glabrata*, bem como para as espécies irmãs *Biomphalaria tenagophila* e *Biomphalaria peregrina*. A espécie *Bulinus truncatus* foi utilizada como grupo externo (outgroup), possibilitando o enraizamento da topologia obtida.

O clado de *B. straminea* apresentou-se bem suportado e exibiu considerável estruturação interna. Observou-se a formação de subclados associados à distribuição geográfica das amostras, com agrupamentos correspondentes principalmente aos biomas Amazônia, Cerrado, Mata Atlântica, Caatinga e Pampa.

As amostras provenientes da região Amazônica tendem a agrupar-se entre si, formando subclados relativamente coesos. De forma semelhante, amostras da Mata Atlântica e do Cerrado também apresentaram tendência de agrupamento regional. Essa organização sugere estruturação populacional e diferenciação genética associada à distribuição geográfica.

O clado correspondente a *B. glabrata* também se apresentou monofilético e bem delimitado em relação às demais espécies analisadas. Internamente, observou-se a formação de subgrupos associados a diferentes regiões geográficas, incluindo amostras da Amazônia, Nordeste, Sudeste e Sul do Brasil.

As amostras da Mata Atlântica (principalmente do estado de São Paulo) formaram um agrupamento amplo e relativamente coeso. Amostras do Nordeste e da região Sul também apresentaram agrupamentos regionais específicos. Essa organização indica presença de diversidade genética intraespecífica e possível estruturação geográfica.

A topologia geral da árvore evidenciou clara separação entre as espécies analisadas, sem sobreposição entre clados interespecíficos. As espécies formaram agrupamentos distintos e bem delimitados, corroborando sua distinção taxonômica com base no marcador COI.

O grupo externo (*Bulinus truncatus*) foi recuperado como linhagem basal em relação ao gênero *Biomphalaria*, confirmando o correto enraizamento da árvore.

4 Discussão

Os resultados obtidos neste estudo revelam elevados níveis de diversidade genética em *B. glabrata* e *B. straminea*, embora com padrões distintos de estruturação populacional entre os biomas brasileiros. De forma geral, *B. glabrata* apresentou maior estruturação geográfica, enquanto *B. straminea* demonstrou maior conectividade genética entre regiões. Esse padrão é consistente com estudos filogeográficos prévios do gênero *Biomphalaria*, que indicam que a distribuição genética dessas espécies resulta da interação entre fatores históricos, ambientais e ecológicos, incluindo conectividade hidrográfica, dispersão passiva e adaptações ecológicas específicas (Palasio et al., 2017, Palasio et al., 2019).).

No caso de *B. glabrata*, a combinação observada entre alta diversidade haplotípica e diversidade nucleotídica moderada sugere a presença de múltiplos haplótipos geneticamente próximos, padrão frequentemente associado à expansão populacional recente após um período

de redução populacional. Em análises filogeográficas baseadas em DNA mitocondrial, redes de haplótipos caracterizadas por haplótipos centrais frequentes e variantes derivadas separadas por poucos passos mutacionais são frequentemente interpretadas como indicativas de expansão demográfica ou espacial. Esse tipo de padrão já foi descrito em populações de *B. glabrata*, nas quais a diversidade genética atual foi interpretada como resultado de fragmentação histórica seguida por expansão de distribuição, possivelmente associada a oscilações climáticas do Pleistoceno (DeJong et al., 2003). Nesse contexto, os resultados encontrados neste estudo reforçam a hipótese de que a diversidade genética observada na espécie pode refletir eventos históricos de expansão populacional combinados com processos regionais de isolamento.

Adicionalmente, as maiores distâncias genéticas envolvendo populações associadas ao bioma Pampa sugerem maior isolamento geográfico dessas populações em relação às demais regiões analisadas. Esse padrão pode estar relacionado à própria configuração biogeográfica do Brasil, onde barreiras naturais e diferenças ambientais entre biomas podem limitar o fluxo gênico entre populações. Estudos moleculares prévios com *Biomphalaria* spp. também demonstraram que populações distribuídas em regiões geográficas distintas podem apresentar níveis variados de diferenciação genética, refletindo tanto processos históricos quanto características ecológicas locais (Caldeira et al., 2001; Palasio et al., 2017).

Nesse contexto, a conectividade entre sistemas hidrográficos pode desempenhar papel importante na dispersão dessas espécies. Moluscos límnicos do gênero *Biomphalaria* podem ser dispersos passivamente por meio do fluxo de água entre corpos d'água interconectados, bem como por vetores biológicos, como aves aquáticas, ou por transporte de macrófitas aquáticas. Dessa forma, a configuração das bacias hidrográficas pode influenciar diretamente os níveis de fluxo gênico entre populações, favorecendo a conectividade genética em regiões onde há maior interligação entre ambientes aquáticos.

É importante ressaltar também que, além dos fatores naturais de dispersão, atividades humanas também podem contribuir para a expansão geográfica e conectividade populacional dessas espécies. A construção de canais de irrigação, reservatórios e sistemas de piscicultura podem facilitar a dispersão passiva de moluscos entre diferentes corpos d'água. Esse tipo de dispersão mediada por atividades antrópicas tem sido apontado como um fator importante na expansão de espécies de gastrópodes de água doce, podendo favorecer o estabelecimento de novas populações em ambientes anteriormente não ocupados.

Esses mecanismos de dispersão podem contribuir para explicar as diferenças observadas entre as espécies analisadas. Enquanto *B. glabrata* apresenta estruturação geográfica acentuada, *B. straminea* mantém alta diversidade genética com menor diferenciação,

indicando maior conectividade populacional. Esse resultado é compatível com estudos recentes que identificaram ampla variação intraespecífica em populações brasileiras da espécie, bem como elevada diversidade haplotípica associada ao marcador COI (Nogueira et al., 2024). Da mesma forma, investigações recentes sobre populações invasoras de *B. straminea* também indicam baixos níveis de diferenciação genética entre populações geograficamente distantes, sugerindo forte capacidade de dispersão e colonização da espécie (Hu et al., 2026).

Essas diferenças observadas entre as espécies podem ser parcialmente explicadas por características ecológicas e biológicas distintas. Estudos experimentais e ecológicos indicam que *B. straminea* apresenta maior tolerância a variações ambientais, incluindo maior resistência à dessecação e maior capacidade de sobrevivência em ambientes sujeitos a variações de temperatura e disponibilidade hídrica (Paraense 1986, Nogueira et al., 2024). Essa maior plasticidade ecológica pode favorecer sua dispersão e estabelecimento em diferentes ambientes aquáticos, contribuindo para a manutenção do fluxo gênico entre populações.

Em contraste, *B. glabrata* é mais sensível a condições ambientais específicas do que *B. straminea*. Essa característica de *B. glabrata* resulta numa distribuição mais restrita e maior subdivisão de suas populações. Como consequência, observa-se maior estruturação genética em escala regional, refletindo o efeito combinado de barreiras ecológicas e dispersão limitada. Esses padrões ecológicos e biológicos ajudam a explicar as diferenças de diversidade e conectividade genética encontradas entre as duas espécies (Barbosa et al., 1985; Palasio et al., 2017).

Além dos fatores ecológicos discutidos, é relevante considerar as características do marcador molecular empregado nas análises, o qual é amplamente utilizado em estudos de diversidade genética e filogeografia de moluscos. Em espécies do gênero *Biomphalaria*, análises baseadas em DNA barcoding demonstraram que o marcador COI é eficiente para discriminação de espécies e identificação de linhagens genéticas, embora a divergência intraespecífica possa variar entre populações e espécies (Palasio et al., 2017). Estudos recentes também indicam que níveis relativamente elevados de variação intraespecífica podem ocorrer em espécies amplamente distribuídas, refletindo processos históricos de expansão, isolamento regional e adaptação local (Nogueira et al., 2024). Dessa forma, os padrões de diversidade observados neste estudo estão dentro do intervalo esperado para espécies amplamente distribuídas do gênero.

A filogenia obtida neste trabalho também reforça a utilidade do marcador COI para a identificação e análise de relações evolutivas entre espécies de *Biomphalaria*. A recuperação de clados monofiléticos para as espécies analisadas confirma a eficiência desse marcador para

delimitação taxonômica e para a investigação de padrões filogeográficos. No entanto, diversos autores destacam que a utilização de marcadores adicionais, especialmente nucleares, pode ampliar a resolução das análises e permitir uma compreensão mais robusta da história evolutiva das espécies (Palasio et al., 2017).

Do ponto de vista ecológico e epidemiológico, compreender os padrões de diversidade genética e estrutura populacional de espécies do gênero *Biomphalaria* é particularmente relevante, uma vez que esses moluscos atuam como hospedeiros intermediários do trematódeo *Schistosoma mansoni*, agente etiológico da esquistossomose. A variabilidade genética das populações de hospedeiros pode influenciar tanto a capacidade de colonização quanto a dinâmica de transmissão do parasito em diferentes regiões (DeJong et al., 2003). Assim, estudos que investigam a diversidade genética e os padrões filogeográficos dessas espécies contribuem não apenas para o entendimento de sua história evolutiva, mas também para o aprimoramento de estratégias de vigilância e controle da doença.

As diferenças observadas entre os biomas brasileiros também podem refletir a influência de fatores biogeográficos associados às características ambientais de cada região. Variações climáticas, hidrológicas e de cobertura vegetal podem atuar como filtros ecológicos que influenciam a distribuição e a conectividade das populações de gastrópodes límnicos. Dessa forma, biomas com maior conectividade hídrica podem favorecer o fluxo gênico entre populações, enquanto regiões mais isoladas podem promover maior diferenciação genética. Assim, os biomas brasileiros podem atuar como unidades biogeográficas que modulam os padrões de diversidade genética observados nas espécies analisadas.

Considerando o exposto, os resultados desta pesquisa reforçam a importância da integração de abordagens filogeográficas e análises de diversidade genética para compreender a dinâmica populacional de gastrópodes límnicos no Brasil. A concordância entre os padrões observados neste estudo e aqueles descritos na literatura indica que fatores históricos, ecológicos e geográficos atuam conjuntamente na organização genética dessas espécies, moldando sua distribuição atual nos diferentes biomas brasileiros.

5 Conclusões

Este estudo teve como objetivo investigar os padrões filogeográficos de gastrópodes límnicos do gênero *Biomphalaria* no Brasil. Os resultados evidenciam que espécies amplamente distribuídas podem apresentar padrões contrastantes de organização genética, refletindo diferenças ecológicas, históricas e biogeográficas. Enquanto *B. glabrata* apresenta maior estruturação populacional associada à distribuição geográfica, *B. straminea* demonstra

maior conectividade genética entre regiões, sugerindo diferenças na dinâmica de dispersão e colonização entre as espécies.

A diversidade genética observada reflete a interação entre características ecológicas, história evolutiva e a configuração dos biomas brasileiros, indicando que processos históricos de expansão e isolamento, aliados a fatores ambientais e à conectividade dos sistemas aquáticos, desempenham papel central na manutenção do fluxo gênico. Além de contribuir para o entendimento da história evolutiva de gastrópodes límnicos no Brasil, este estudo fornece informações relevantes para o monitoramento de espécies de importância epidemiológica, uma vez que a estrutura genética das populações pode influenciar a dinâmica de dispersão de hospedeiros intermediários de *Schistosoma mansoni* e, conseqüentemente, da esquistossomose.

Apesar das evidências apresentadas, algumas limitações devem ser consideradas, incluindo o uso de um único marcador mitocondrial e a dependência parcial de sequências disponíveis em bancos de dados públicos, o que pode influenciar a representatividade das populações analisadas. Dessa forma, estudos futuros que integrem múltiplos marcadores moleculares e ampliem a representatividade amostral entre biomas são necessários para aprofundar a compreensão dos processos evolutivos que moldam a diversidade genética dessas espécies.

Referências

- ALMEIDA, J. P.; COSTA, R. L.; SOUZA, M. A. Microbiota de ambientes aquáticos e seus impactos para a saúde pública. *Revista Brasileira de Microbiologia Ambiental*, v. 35, n. 2, p. 215–230, 2018.
- ALMEIDA, P. R. S.; NASCIMENTO FILHO, S. L.; VIANA, G. F. S. Effects of invasive species snails in continental aquatic bodies of Pernambucano semiarid. *Acta Limnologica Brasiliensia*, v. 30, e573, 2018.
- AVISE, J. C. *Phylogeography: the history and formation of species*. Cambridge: Harvard University Press, 2009.
- BARBOSA, F. S.; PEREIRA DA COSTA, D.; ARRUDA, F. The resistance of *Biomphalaria straminea* to desiccation and its epidemiological significance. *Annals of Tropical Medicine and Parasitology*, v. 79, p. 593–596, 1985.
- BEZERRA, D. S. B.; DIAS, B. C. C.; RODRIGUES, L. H. S.; TOMAZ, R. B.; SANTOS, A. L. S. Análise dos focos de queimadas e seus impactos no Maranhão durante eventos de estiagem no período de 1988 a 2016. *Revista Brasileira de Climatologia*, v. 22, p. 446–462, 2018.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. *Vigilância e controle de moluscos de importância epidemiológica: diretrizes técnicas: Programa de Vigilância e Controle da Esquistossomose (PCE)*. 2. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2008.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. *Guia de Vigilância em Saúde*. 2. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2017.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. *Guia de Vigilância em Saúde: volume único*. 5. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2021.
- BUENO, M. L. et al. Effects of Quaternary climatic fluctuations on the distribution of Neotropical savanna tree species. *Ecography*, v. 40, n. 4, p. 403–414, 2017.
- CALDEIRA, Roberta L. et al. Genetic variability in Brazilian populations of *Biomphalaria straminea* complex detected by simple sequence repeat anchored polymerase chain reaction amplification. *Memorias do Instituto Oswaldo Cruz*, v. 96, n. 4, p. 535–544, 2001.
- CANTANHEDE, S. P. D. *Gastrópodes límnicos e helmintofauna associada da Microrregião da Baixada Maranhense, MA, com ênfase nos transmissores da esquistossomose*. 2015. 211 f. Tese (Doutorado em Biodiversidade e Saúde) – Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, 2015.
- CANTANHEDE, S. P. D. et al. Gastrópodes de água doce da Microrregião da Baixada Maranhense, área endêmica para esquistossomose no Estado do Maranhão, Brasil: estudo qualitativo. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, v. 47, p. 79–85, 2014.

- CORRÊA, A. C. et al. Bridging gaps in the molecular phylogeny of the Lymnaeidae (Gastropoda: Pulmonata), vectors of fascioliasis. *BMC Evolutionary Biology*, v. 10, n. 381, p. 1–12, 2010.
- DEJONG, R. J. et al. Evolutionary relationships and biogeography of *Biomphalaria* (Gastropoda: Planorbidae) with implications regarding its role as host of the human blood fluke *Schistosoma mansoni*. *Molecular Biology and Evolution*, v. 18, p. 2225–2239, 2001.
- DEJONG, R. J. et al. Phylogeography of *Biomphalaria glabrata* and *Biomphalaria pfeifferi*, important intermediate hosts of *Schistosoma mansoni*. *Molecular Ecology*, v. 12, p. 3041–3052, 2003.
- DILLON, R. T. *The ecology of freshwater molluscs*. Cambridge: Cambridge University Press, 2000.
- EVERTON, G. O.; TELES, A. M.; MOUCHREK, A. N.; FILHO, V. E. M. Aplicação do óleo essencial de *Pimenta dioica* Lindl. como moluscicida frente ao caramujo transmissor da esquistossomose. *Revista Processos Químicos*, v. 12, n. 23, p. 85–93, 2018.
- FILHO, N.; VIANA, G. G. R. Inventário da malacofauna límnic de três grandes reservatórios do Sertão de Pernambuco, Brasil. *Scientia Plena*, v. 11, n. 10, p. 1–7, 2014.
- HEBERT, P. D. N. et al. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B*, v. 270, p. 313–321, 2003.
- HICKERSON, M. J. et al. Phylogeography's past, present, and future: 10 years after. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, v. 54, p. 291–301, 2010.
- HICKMAN, C. P. et al. *Integrated principles of zoology*. 16. ed. New York: McGraw-Hill, 2016.
- HU, Y. et al. Genetic diversity and global spread of the freshwater snail *Biomphalaria straminea*. *Parasites & Vectors*, 2026.
- KUMAR, S. et al. MEGA12: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 12. *Molecular Biology and Evolution*, v. 41, msae263, 2024.
- LARKIN, M. A. et al. Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*, v. 23, p. 2947–2948, 2007.
- LEIGH, J. W.; BRYANT, D. PopART: full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution*, v. 6, p. 1110–1116, 2015.
- MAZZAROLO, L. A. *Conceitos básicos de sistemática filogenética*. Salvador: UFBA, 2005.
- NOGUEIRA, R. et al. Genetic diversity and population structure of *Biomphalaria straminea* populations in Brazil inferred from mitochondrial markers. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 2024.

NOGUEIRA, R. et al. Phylogeny, morphology, and haplotypic distribution of *Biomphalaria* straminea populations from the five geographic regions of Brazil. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, v. 96, n. 4, p. e20230770, 2024.

MolluscaBase eds. **MolluscaBase**. Disponível em: <https://www.molluscabase.org>. Acesso em: 12 mar. 2026.

OHLWEILER, F. P. et al. Taxonomic diversity of *Biomphalaria* (Gastropoda: Planorbidae) in São Paulo State, Brazil. *Biota Neotropica*, v. 20, n. 4, 2020.

PALASIO, R. G. S. et al. DNA barcoding and phylogenetic relationships of *Biomphalaria* species (Gastropoda: Planorbidae). *Acta Tropica*, v. 170, p. 37–43, 2017.

PALASIO, R. G. S. et al. Distribution and molecular diversity of *Biomphalaria* in Brazil. *Parasitology Research*, 2019.

PALASIO R. G. S. et al. Diversity of *Biomphalaria* spp. freshwater snails and associated mollusks in areas with schistosomiasis risk, using molecular and spatial analysis tools. *Biota Neotrop* 19: e20190746. 2019.

PALASIO, R. G. S. et al. Molecular diversity and phylogeography of *Biomphalaria* populations in Brazil. *Parasitology Research*, 2023.

PARAENSE WL. 1986. Distribuição dos caramujos no Brasil. In: REIS FA, FARIA I & KATZ N (Eds), *Modernos Conhecimentos sobre Esquistossomose Mansônica*. Vol. 14, Biblioteca da Academia Mineira de Medicina, Belo Horizonte, p. 117-128.

PASSOS, F. D.; MIRANDA, M. S.; CORRÊA, P. V. F. Synopsis of the knowledge on the Brazilian aplacophorans (Mollusca). *Biota Neotropica*, v. 19, n. 1, 2019.

PEREIRA, M. J. S. et al. Freshwater molluscs in Brazil: distribution and epidemiological importance. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, v. 51, p. 1–9, 2018.

PINTO, H. A.; MELO, A. L. Checklist of trematodes transmitted by *Melanoides tuberculata*. *Zootaxa*, v. 2799, p. 15–28, 2011.

RAWAT, U. S.; AGARWAL, N. K. Biodiversity: concept, threats and conservation. *Environment Conservation Journal*, v. 16, n. 3, p. 19–28, 2015.

RIBEIRO, M. C. et al. Brazilian biomes and biodiversity patterns. *Biological Conservation*, 2019.

ROSENBERG, G. A new critical estimate of named species-level diversity of the recent Mollusca. *American Malacological Bulletin*, v. 32, n. 2, p. 308–322, 2014.

ROZAS, J. et al. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large datasets. *Molecular Biology and Evolution*, v. 34, p. 3299–3302, 2017.

RUPPERT, E. E.; FOX, R. S.; BARNES, R. D. *Invertebrate Zoology*. 7. ed. Belmont: Brooks/Cole, 2004.

RUPPERT, E. E.; BARNES, R. D. *Invertebrate zoology*. 6. ed. Fort Worth: Saunders College Publishing, 1996.

RUSSELL-HUNTER, W. D. *A life of invertebrates*. New York: Macmillan, 1979.

SALGADO, N.; COELHO, A. Moluscos terrestres do Brasil. *Revista de Biologia Tropical*, v. 51, n. 3, p. 148–189, 2003.

SILVA, M. R. C. et al. Esquistossomose: desafios e perspectivas para o controle no Brasil. *Revista Panamericana de Salud Pública*, v. 44, p. 1–9, 2020.

STRONG, E. E.; GARGOMINY, O.; PONDER, W. F.; BOUCHET, P. Global diversity of gastropods in freshwater. *Hydrobiologia*, v. 595, p. 149–166, 2008.

TEMPLETON, A. R.; CRANDALL, K. A.; SING, C. F. A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping and DNA sequence data. *Genetics*, v. 132, p. 619–633, 1992.

VINARSKI, M. V. The history of the fauna of European freshwater molluscs. *Biological Reviews*, v. 92, p. 1463–1487, 2017.

WHO. Schistosomiasis. Geneva: World Health Organization, 2020. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/schistosomiasis>. Acesso em: 7 out. 2025.

Dados Suplementares 1 – Banco de sequências de *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea* utilizadas no estudo

ID Sequência	Espécie	Estado	Bioma	Referência
MZ778986.1	<i>B. glabrata</i>	PI	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778985.1	<i>B. glabrata</i>	PI	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778984.1	<i>B. glabrata</i>	PE	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778983.1	<i>B. glabrata</i>	CE	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778982.1	<i>B. glabrata</i>	SE	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778981.1	<i>B. glabrata</i>	SE	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778980.1	<i>B. glabrata</i>	RS	Pampa	Araújo et al. 2023
MZ778979.1	<i>B. glabrata</i>	BA	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MK396044.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Cerrado	Palasio et al. 2019
MK396043.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Cerrado	Palasio et al. 2019
MK395976.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395974.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395973.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395972.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395969.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395966.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395965.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395964.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395963.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395962.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395961.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395934.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395933.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395908.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395907.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395903.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395898.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395897.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
MK395896.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2019
KX354438.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017
KX354437.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017
KX354436.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017
KX354435.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017
KX354434.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017
KX354433.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017
KF926183.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017
KF926182.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017
KF926181.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017
KF926178.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017

KF926107.1	<i>B. glabrata</i>	SE	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017
JQ886406.1	<i>B. glabrata</i>	MG	Mata Atlântica	Pena,J.J. and Adema,C.M.
JQ886409.1	<i>B. glabrata</i>	MG	Mata Atlântica	Pena,J.J. and Adema,C.M.
KF926108.1	<i>B. glabrata</i>	RS	Pampa	Palasio et al. 2017
KF926109.1	<i>B. glabrata</i>	RS	Pampa	Palasio et al. 2017
KF926110.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017
KF926111.1	<i>B. glabrata</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al. 2017
AF199094.1	<i>B. glabrata</i>	MG	Mata Atlântica	Martin,S.K. and Rollinson,D
ON714060.1	<i>B. straminea</i>	RJ	Mata Atlântica	Nogueira et al. 2024
ON714059.1	<i>B. straminea</i>	GO	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON714058.1	<i>B. straminea</i>	PA	Amazônia	Nogueira et al. 2024
ON714057.1	<i>B. straminea</i>	PA	Amazônia	Nogueira et al. 2024
ON714056.1	<i>B. straminea</i>	PA	Amazônia	Nogueira et al. 2024
ON714055.1	<i>B. straminea</i>	SE	Caatinga	Nogueira et al. 2024
ON714054.1	<i>B. straminea</i>	PR	Mata Atlântica	Nogueira et al. 2024
ON714053.1	<i>B. straminea</i>	GO	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON714052.1	<i>B. straminea</i>	GO	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON714051.1	<i>B. straminea</i>	GO	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON714050.1	<i>B. straminea</i>	MG	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON714049.1	<i>B. straminea</i>	MG	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON704954.1	<i>B. straminea</i>	GO	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON704953.1	<i>B. straminea</i>	GO	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON704952.1	<i>B. straminea</i>	PA	Amazônia	Nogueira et al. 2024
ON704951.1	<i>B. straminea</i>	PA	Amazônia	Nogueira et al. 2024
ON704950.1	<i>B. straminea</i>	PA	Amazônia	Nogueira et al. 2024
ON704949.1	<i>B. straminea</i>	PA	Amazônia	Nogueira et al. 2024
ON704948.1	<i>B. straminea</i>	PA	Amazônia	Nogueira et al. 2024
ON704947.1	<i>B. straminea</i>	RJ	Mata Atlântica	Nogueira et al. 2024
ON704946.1	<i>B. straminea</i>	RJ	Mata Atlântica	Nogueira et al. 2024
ON704945.1	<i>B. straminea</i>	RJ	Mata Atlântica	Nogueira et al. 2024
ON704944.1	<i>B. straminea</i>	PI	Caatinga	Nogueira et al. 2024
ON704943.1	<i>B. straminea</i>	PI	Caatinga	Nogueira et al. 2024
ON704942.1	<i>B. straminea</i>	PI	Caatinga	Nogueira et al. 2024
ON704941.1	<i>B. straminea</i>	PI	Caatinga	Nogueira et al. 2024
ON704940.1	<i>B. straminea</i>	PI	Caatinga	Nogueira et al. 2024
ON704939.1	<i>B. straminea</i>	RS	Pampa	Nogueira et al. 2024
ON704938.1	<i>B. straminea</i>	RS	Pampa	Nogueira et al. 2024
ON704937.1	<i>B. straminea</i>	RS	Pampa	Nogueira et al. 2024
ON704936.1	<i>B. straminea</i>	RS	Pampa	Nogueira et al. 2024
ON704935.1	<i>B. straminea</i>	RS	Pampa	Nogueira et al. 2024
ON704934.1	<i>B. straminea</i>	PA	Amazônia	Nogueira et al. 2024
ON704933.1	<i>B. straminea</i>	PA	Amazônia	Nogueira et al. 2024
ON704932.1	<i>B. straminea</i>	PA	Amazônia	Nogueira et al. 2024

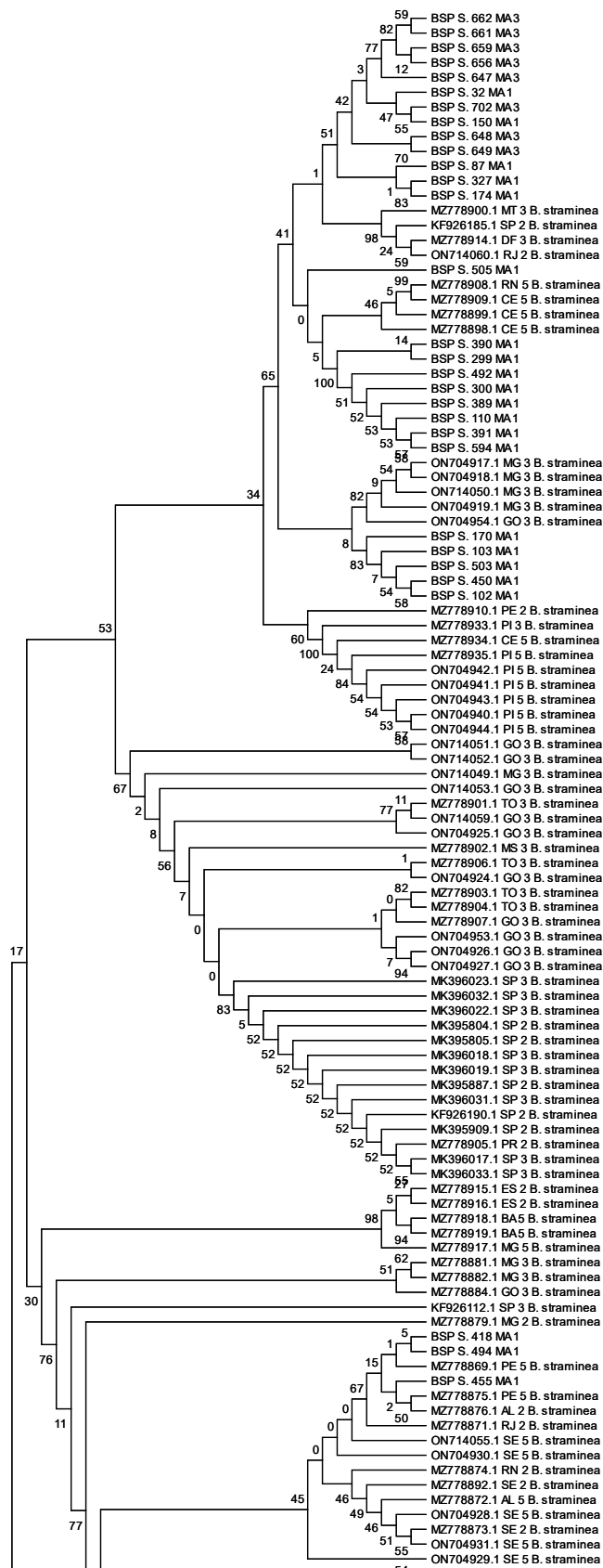
ON704931.1	<i>B. straminea</i>	SE	Caatinga	Nogueira et al. 2024
ON704930.1	<i>B. straminea</i>	SE	Caatinga	Nogueira et al. 2024
ON704929.1	<i>B. straminea</i>	SE	Caatinga	Nogueira et al. 2024
ON704928.1	<i>B. straminea</i>	SE	Caatinga	Nogueira et al. 2024
ON704927.1	<i>B. straminea</i>	GO	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON704926.1	<i>B. straminea</i>	GO	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON704925.1	<i>B. straminea</i>	GO	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON704924.1	<i>B. straminea</i>	GO	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON704923.1	<i>B. straminea</i>	PR	Mata Atlântica	Nogueira et al. 2024
ON704922.1	<i>B. straminea</i>	PR	Mata Atlântica	Nogueira et al. 2024
ON704921.1	<i>B. straminea</i>	PR	Mata Atlântica	Nogueira et al. 2024
ON704920.1	<i>B. straminea</i>	PR	Mata Atlântica	Nogueira et al. 2024
ON704919.1	<i>B. straminea</i>	MG	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON704918.1	<i>B. straminea</i>	MG	Cerrado	Nogueira et al. 2024
ON704917.1	<i>B. straminea</i>	MG	Cerrado	Nogueira et al. 2024
MZ778935.1	<i>B. straminea</i>	PI	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778934.1	<i>B. straminea</i>	CE	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778933.1	<i>B. straminea</i>	PI	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778919.1	<i>B. straminea</i>	BA	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778918.1	<i>B. straminea</i>	BA	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778917.1	<i>B. straminea</i>	MG	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778916.1	<i>B. straminea</i>	ES	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778915.1	<i>B. straminea</i>	ES	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778914.1	<i>B. straminea</i>	DF	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778910.1	<i>B. straminea</i>	PE	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778909.1	<i>B. straminea</i>	CE	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778908.1	<i>B. straminea</i>	RN	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778907.1	<i>B. straminea</i>	GO	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778906.1	<i>B. straminea</i>	TO	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778905.1	<i>B. straminea</i>	PR	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778904.1	<i>B. straminea</i>	TO	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778903.1	<i>B. straminea</i>	TO	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778902.1	<i>B. straminea</i>	MS	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778901.1	<i>B. straminea</i>	TO	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778900.1	<i>B. straminea</i>	MT	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778899.1	<i>B. straminea</i>	CE	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778898.1	<i>B. straminea</i>	CE	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778893.1	<i>B. straminea</i>	SC	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778892.1	<i>B. straminea</i>	SE	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778891.1	<i>B. straminea</i>	SC	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778890.1	<i>B. straminea</i>	PA	Amazônia	Araújo et al. 2023
MZ778889.1	<i>B. straminea</i>	PR	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778888.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023

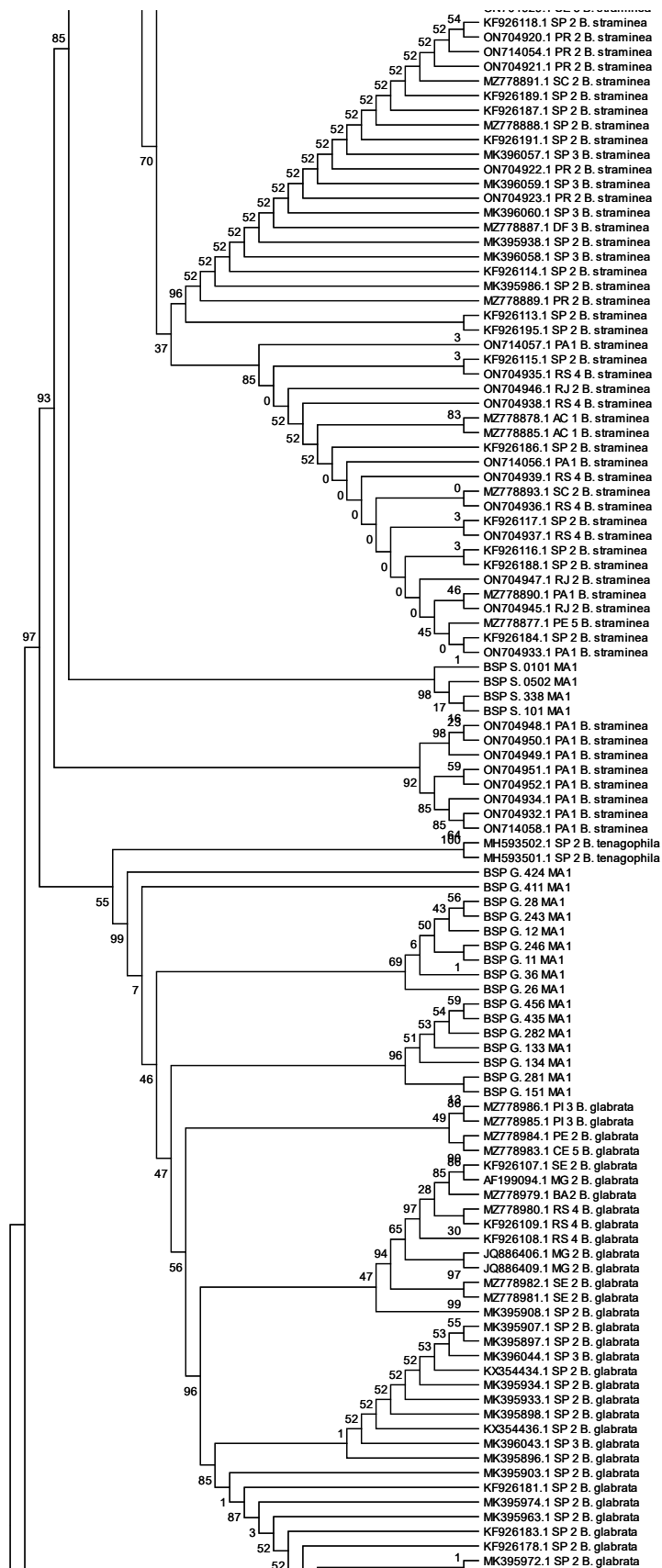
MZ778887.1	<i>B. straminea</i>	DF	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778885.1	<i>B. straminea</i>	AC	Amazônia	Araújo et al. 2023
MZ778884.1	<i>B. straminea</i>	GO	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778882.1	<i>B. straminea</i>	MG	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778881.1	<i>B. straminea</i>	MG	Cerrado	Araújo et al. 2023
MZ778879.1	<i>B. straminea</i>	MG	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778878.1	<i>B. straminea</i>	AC	Amazônia	Araújo et al. 2023
MZ778877.1	<i>B. straminea</i>	PE	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778876.1	<i>B. straminea</i>	AL	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778875.1	<i>B. straminea</i>	PE	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778874.1	<i>B. straminea</i>	RN	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778873.1	<i>B. straminea</i>	SE	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778872.1	<i>B. straminea</i>	AL	Caatinga	Araújo et al. 2023
MZ778871.1	<i>B. straminea</i>	RJ	Mata Atlântica	Araújo et al. 2023
MZ778869.1	<i>B. straminea</i>	PE	Caatinga	Araújo et al. 2023
MK396060.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK396059.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK396058.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK396057.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK396033.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK396032.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK396032.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK396031.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK396023.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK396022.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK396019.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK396018.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK396017.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Palasio et al., 2019
MK395986.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2019
MK395938.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2019
MK395909.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2019
MK395887.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2019
MK395805.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2019
MK395804.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2019
KF926195.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2017
KF926191.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2017
KF926190.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2017
KF926189.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2017
KF926188.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2017
KF926187.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2017
KF926186.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2017
KF926185.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2017
KF926184.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Palasio et al., 2017

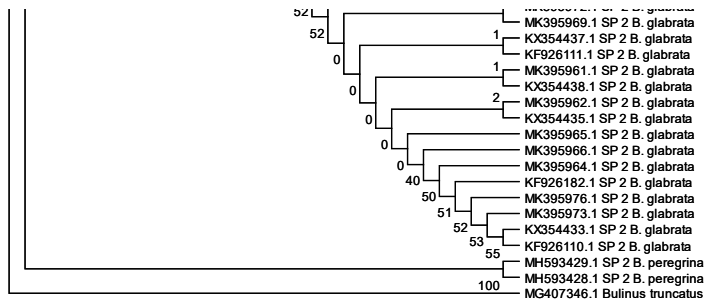
KF926118.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Tuan,R., Palasio,R.G.S, Zanna,R.D.
KF926117.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Tuan,R., Palasio,R.G.S, Zanna,R.D.
KF926116.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Tuan,R., Palasio,R.G.S, Zanna,R.D.
KF926115.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Tuan,R., Palasio,R.G.S, Zanna,R.D.
KF926114.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Tuan,R., Palasio,R.G.S, Zanna,R.D.
KF926113.1	<i>B. straminea</i>	SP	Mata Atlântica	Tuan,R., Palasio,R.G.S, Zanna,R.D.
KF926112.1	<i>B. straminea</i>	SP	Cerrado	Tuan,R., Palasio,R.G.S, Zanna,R.D.
BSP G. 11 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazônia	CoFauMA
BSP G. 12 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazônia	CoFauMA
BSP G. 133 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazônia	CoFauMA
BSP G. 134 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazônia	CoFauMA
BSP G. 151 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazônia	CoFauMA
BSP G. 243 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazônia	CoFauMA
BSP G. 246 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazônia	CoFauMA
BSP G. 26 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazônia	CoFauMA
BSP G. 28 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazônia	CoFauMA
BSP G. 281 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazônia	CoFauMA
BSP G. 282 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazônia	CoFauMA
BSP G. 36 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazônia	CoFauMA
BSP G. 411 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP G. 424 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP G. 435 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP G. 456 MA	<i>B. glabrata</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 0101 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 0502 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 101 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 102 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 103 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 110 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 150 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 170 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 174 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 299 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 300 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 32 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 327 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 338 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 389 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 390 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 391 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 418 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 450 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 455 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA

BSP S. 492 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 494 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 503 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 505 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 594 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA
BSP S. 647 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Cerrado	CoFauMA
BSP S. 648 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Cerrado	CoFauMA
BSP S. 649 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Cerrado	CoFauMA
BSP S. 656 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Cerrado	CoFauMA
BSP S. 659 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Cerrado	CoFauMA
BSP S. 661 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Cerrado	CoFauMA
BSP S. 662 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Cerrado	CoFauMA
BSP S. 702 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Cerrado	CoFauMA
BSP S. 87 MA	<i>B. straminea</i>	MA	Amazonia	CoFauMA

Figura Suplementar 1. Árvore filogenética de *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria straminea* baseada em sequências do gene mitocondrial COI, obtida por Máxima Verossimilhança. Os valores nos nós representam suporte de bootstrap







ANEXO A – NORMAS DE SUBMISSÃO DA REVISTA

3. MANUSCRIPT CATEGORIES AND REQUIREMENTS

Original Articles (Primary Research Papers)

Our principal function is to publish primary research papers. Such papers are reports of research projects that are complete to the extent that they yield valuable insights into topics within the Aims and Scope of *Molecular Ecology*.

- limit of 8000 words per paper. Word limit includes Abstract, Introduction, Materials and Methods, Results and Discussion. No other sections are included in the word limit.
- manuscripts generally contain in this order:
 - Title Page
 - Abstract (about 250 words)
 - Introduction
 - Materials and Methods
 - Results
 - Discussion
 - Acknowledgements
 - References
 - Data Accessibility and Benefit-Sharing
 - Author Contributions
 - Tables and Figures (with captions)

Formatting

Free Format submission

Molecular Ecology offers **Free Format submission** for a simplified and streamlined submission process.

Before you submit, you will need:

- Your manuscript: this should be an editable file including text, figures, and tables, or separate files—whichever you prefer. All required sections should be contained in your manuscript, including abstract, introduction, methods, results, and conclusions.
 - Figures and tables should have legends. Figures should be uploaded in the highest resolution possible*. If the figures are not of sufficiently high quality your manuscript may be delayed.
 - References may be submitted in any style or format, as long as it is consistent throughout the manuscript.
 - Supporting information should be submitted in separate files.
- If the manuscript, figures or tables are difficult for you to read, they will also be difficult for the editors and reviewers, and the editorial office will send it back to you for revision. Your manuscript may also be sent back to you for revision if the quality of English language is poor.
- An ORCID ID, freely available at <https://orcid.org>. (*Why is this important? Your article, if accepted and published, will be attached to your ORCID profile. Institutions and funders are increasingly requiring authors to have ORCID IDs.*)
- The title page of the manuscript, including:
 - Your co-author details, including affiliation and email address. (*Why is this important? We need to keep all co-authors informed of the outcome of the peer review process.*)
 - Statements relating to our ethics and integrity policies, which may include any of the following (*Why are these important? We need to uphold rigorous ethical standards for the research we consider for publication*):
 - data availability statement
 - funding statement
 - conflict of interest disclosure
 - ethics approval statement
 - patient consent statement
 - permission to reproduce material from other sources
 - clinical trial registration

To submit, login at <https://wiley.atyponrex.com/journal/MEC> and create a new submission. Follow the submission steps as required and submit the manuscript.



Emitido em 27/03/2026

DOCUMENTOS COMPROBATÓRIOS Nº 791/2026 - DPARQ (11.14.68.07.05)

(Nº do Protocolo: NÃO PROTOCOLADO)

(Assinado digitalmente em 19/05/2026 17:24)

RONALD SILVA DIAS

CHEFE DA DIVISAO

839738

Para verificar a autenticidade deste documento entre em <https://sis.sig.uema.br/documentos/> informando seu número:
791, ano: **2026**, tipo: **DOCUMENTOS COMPROBATÓRIOS**, data de emissão: **19/05/2026** e o código de
verificação: **2fe1106953**

