

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**TAXONOMIA INTEGRATIVA DE HELMINTOS  
DE JAVALIS (*Sus scrofa*)**

**Patricia Parreira Perin**

Médica Veterinária

**2022**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**TAXONOMIA INTEGRATIVA DE HELMINTOS  
DE JAVALIS (*Sus scrofa*)**

**Patricia Parreira Perin**

**Orientador: Prof. Dr. Estevam Guilherme Lux Hoppe**

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Medicina Veterinária.

**2022**

P445t Perin, Patricia Parreira  
Taxonomia integrativa de helmintos de javalis (*Sus scrofa*) /  
Patricia Parreira Perin. -- Jaboticabal, 2022  
59 p. : tabs., fotos, mapas, 2 v.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista  
(Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias,  
Jaboticabal  
Orientador: Estevam Guilherme Lux Hoppe

1. Parasitologia veterinária. 2. Helmintologia veterinária. 3.  
Filogenia. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da  
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo  
autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.


**CERTIFICADO DE APROVAÇÃO**

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: TAXONOMIA INTEGRATIVA DE HELMINTOS DE JAVALIS (*Sus scrofa*)


**AUTORA: PATRICIA PARREIRA PERIN**

**ORIENTADOR: ESTEVAM GUILHERME LUX HOPPE**

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em MEDICINA VETERINÁRIA, área: Medicina Veterinária Preventiva pela Comissão Examinadora:

  
Prof. Dr. ESTEVAM GUILHERME LUX HOPPE (Participação Virtual)  
Departamento de Patologia Reproducao e Saude Unica / FCAV UNESP Jaboticabal

p/   
Prof. Dr. GUILHERME GOMES VEROCAI (Participação Virtual)  
Texas A&M University / College Station/Texas

p/   
Prof. Dr. MARCOS ROGÉRIO ANDRÉ (Participação Virtual)  
Departamento de Patologia, Reprodução e Saúde Única / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Jaboticabal, 21 de fevereiro de 2022

## **DADOS CURRICULARES DA AUTORA**

Patricia Parreira Perin, nascida em 05 de junho de 1992 no município de Igarapava, SP, filha de Nádia Lúcia Parreira e Carlos Emanuel Perin. Ingressou em 2014 no curso de graduação em Medicina Veterinária da Escola de Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal de Goiás, concluindo-o em 2019. Durante a graduação, foi duas vezes bolsista Cnpq de Iniciação Científica nos anos de 2015 e 2017, em projetos de identificação forense de primatas e análise histológica ovariana de quelônios de água doce. No primeiro semestre da graduação (2014) foi fundadora discente do Grupo de Estudos em Animais Selvagens da EVZ/UFG, do qual passou a ser coordenadora e, em 2016, presidente. Foi coordenadora da Liga Acadêmica de Bem-Estar e Comportamento Animal da EVZ/UFG e diretora de marketing do Centro Acadêmico Lucas Silva Mariano em 2018. Foi monitora da disciplina de Anatomia Veterinária em 2014 e três vezes monitora da disciplina de Bioestatística entre 2015 e 2016. Realizou estágio e trabalho voluntário na área de medicina da conservação de animais marinhos nos institutos IPeC (2016), GREMAR, e Biopesca (2019) e de cervídeos no NUPECCE (2019). Em agosto de 2020 ingressou no programa de pós-graduação em Medicina Veterinária, nível mestrado, na área de concentração de Medicina Veterinária Preventiva, na Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Campus de Jaboticabal, com bolsa concedida pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoa de Nível Superior – CAPES.

“The health of soil, plant, animal and man is one and indivisible.”

Albert Howard

À memória de Ariel Alvares, eterno em mim.

## **AGRADECIMENTOS**

À toda minha família, em especial aos meus pais Nádia Lúcia Parreira e Carlos Emanuel Perin pelos sacrifícios que fizeram e continuam a fazer para que eu pudesse ter uma educação de qualidade, por apoiarem minhas decisões e pelo amor incondicional. A minhas irmãs Vanessa e Isabela Parreira Perin, minhas primeiras e maiores amigas, agradeço o amor e companheirismo, e por serem meus exemplos hoje e sempre.

À Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, assim como seus docentes e funcionários, pela estrutura e suporte para que esta pesquisa pudesse ser realizada, e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior pela concessão da bolsa de mestrado (Código Financeiro 001). O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001..

Ao meu orientador Prof. Dr. Estevam G. Lux Hoppe pela oportunidade, didática, paciência, confiança, pela excelente orientação e por me ajudar a me encontrar em minha caminhada profissional.

Aos membros das bancas de qualificação e defesa, Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Karina Paes Bürger, Prof. Dr. Marcos Rogério André e Prof. Dr. Guilherme G. Verocai, por aceitarem o convite de avaliar esse trabalho e fornecerem suas contribuições para melhorá-lo.

Aos colegas Carmen A. Arias Pacheco, Carolina dos S. Silva, Eduarda Toniello Guidugli, Jonathan Silvestre Gomes, Talita O. Mendonça, Wilson J. Oliveira e funcionários José Hairton Tebaldi e Hermes Ascari do Laboratório de Enfermidades Parasitárias (LabEPar), pela ótima convivência e a troca de experiências nesses anos de trabalho.

À Dra. Andressa de Souza Pollo pelo enorme auxílio à realização da análise molecular deste projeto.

Aos controladores de fauna pela parceria e colaboração fundamental para a obtenção das amostras necessárias para este estudo.

Aos meus queridos amigos Andressa Serafim Correa, Amanda de Faria Santos, Eluzai Dinai Pinto Sandoval, Jeferson Lucas Sousa Freitas, Maria Helena Mazzoni Baldini, Rullian César Ribeiro e Valdir Nogueira Neto pela amizade e companheirismo.

## SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	ii
ABSTRACT.....	iii
Lista de Tabelas.....	iv
Lista de Figuras.....	v
CERTIFICADO DA COMISSÃO DE ÉTICA NO USO DE ANIMAIS.....	vi
<b>CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS</b>	<b>01</b>
Introdução.....	01
Revisão Bibliográfica.....	03
Referências.....	12
<b>CAPÍTULO 2 - A TAXONOMIA INTEGRATIVA REVELA QUE HELMINTOS DE JAVALIS SÃO REPRESENTADOS POR NEMATODA E ACANTOCEPHALA RELACIONADOS A SUÍNOS DOMÉSTICOS</b>	<b>26</b>
Resumo.....	26
Introdução.....	27
Material e Métodos.....	28
Área de estudo.....	28
Obtenção das amostras.....	29
Identificação morfológica dos helmintos.....	30
Análise molecular.....	30
Resultados .....	34
Discussão.....	56
Referências.....	62
<b>CAPÍTULO 3 - CONSIDERAÇÕES FINAIS</b>	<b>73</b>



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
"JÚLIO DE MESQUITA FILHO"  
Câmpus de Jaboticabal



## CEUA – COMISSÃO DE ÉTICA NO USO DE ANIMAIS

### CERTIFICADO

Certificamos que o projeto de pesquisa intitulado "**Taxonomia integrativa de helmintos de javalis (*Sus scrofa*)**", protocolo nº 3217/21, sob a responsabilidade do Prof. Dr. Estevam Guilherme Lux Hoppe, que envolve a produção, manutenção e/ou utilização de animais pertencentes ao Filo Chordata, subfilo Vertebrata (exceto o homem), para fins de pesquisa científica (ou ensino) - encontra-se de acordo com os preceitos da lei nº 11.794, de 08 de outubro de 2008, no decreto 6.899, de 15 de julho de 2009, e com as normas editadas pelo Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal (CONCEA), e foi aprovado pela COMISSÃO DE ÉTICA NO USO DE ANIMAIS (CEUA), da FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS, UNESP - CÂMPUS DE JABOTICABAL-SP, em reunião ordinária de 18 de novembro de 2021.

Vigência do Projeto	01/12/2021 a 01/12/2022
Espécie / Linhagem	Javali ( <i>Sus scrofa</i> )
Nº de animais	100
Peso / Idade	Filhotes e Adultos
Sexo	Machos e Fêmeas
Origem	São Paulo

Jaboticabal, 18 de novembro de 2021.

  
**Profa. Dra. Fabiana Pilarski**  
 Coordenadora – CEUA

## TAXONOMIA INTEGRATIVA DE HELMINTOS DE JAVALIS (*Sus scrofa*)

**RESUMO** - O javali é uma espécie invasora e seu abate foi autorizado e regulamentado no Brasil em 2013. A investigação do perfil sanitário e epidemiológico destas populações no país é uma das ações previstas para o de controle e monitoramento da espécie. Os parasitas estão frequentemente relacionados ao sucesso e à gravidade das invasões biológicas e a taxonomia integrativa tem se tornado uma das práticas mais aceitas para caracterizar espécies de helmintos. Sendo assim, objetivou-se identificar os helmintos encontrados em javalis asselvajados por meio da utilização de caracteres morfológicos e inferências filogenéticas baseadas em três marcadores moleculares. Sessenta e um javalis foram abatidos no norte do Estado de São Paulo e helmintos foram recuperadas dos tratos gastrointestinal e urinário. A partir da análise morfológica e da inferência filogenética bayesiana dos genes 18S rRNA e 28S rRNA e do espaçador interno transcrito (ITS), as seis espécies de nematódeos foram identificadas como *Ascarops strongylina*, *Strongyloides ransomi*, *Globocephalus urosubulatus*, *Oesophagostomum dentatum*, *Trichuris suis* e *Stephanurus dentatus* e a espécie de acantocéfalo foi identificada como *Macracanthorhynchus hirudinaceus*. Traz-se descrições morfológicas detalhadas de todas as sete espécies e sequências de pelo menos um gene de interesse taxonômico de todas elas, bem como cinco sequências inéditas, três de *G. urosubulatus* (genes 18S e 28S e região ITS rDNA), duas de *A. strongylina* (genes 18S e 28S rDNA) e uma de *S. dentatus* (região ITS rDNA). Estes resultados sugerem que as populações asselvajadas de javalis do Estado de São Paulo mantiveram alguns dos seus parasitas típicos comuns a suínos e não atuaram como hospedeiros de captura de nenhuma espécie nativa da região Neotropical.

**Palavras-chave:** Acantocephala, fauna invasora, javali, Nematoda, Suidae

## INTEGRATIVE TAXONOMY OF WILD BOARS' (*Sus scrofa*) HELMINTHS

**ABSTRACT** – The wild boar is an invasive species and its slaughter was authorized and regulated in Brazil in 2013. The investigation of the sanitary and epidemiological profile of these populations in the country is one of the actions planned for the control and monitoring of the species. Parasites are often associated to the success and severity of biological invasions, and integrative taxonomy has become one of the most accepted practices to characterize parasitic helminth species. Therefore, we aimed assess the diversity of helminths found in wild boars and to obtain gene sequences of taxonomic interest for these parasites. Sixty-one wild boars were slaughtered in the northern region of São Paulo state and helminths were recovered from the gastrointestinal and urinary tracts. From morphological analysis and Bayesian phylogenetic inference of the 18S rRNA and 28S rRNA genes and the internal transcribed spacer (ITS) region, the six Nematoda species were identified as *Ascarops strongylina*, *Strongyloides ransomi*, *Globocephalus urosubulatus*, *Oesophagostomum dentatum*, *Trichuris suis* and *Stephanurus dentatus* and the Acanthocephala species was identified as *Macracanthorhynchus hirudinaceus*. We present detailed morphometric data for all seven helminth species and sequences of at least one gene of taxonomic interest from all of them, as well as five novel sequences, three from *G. urosubulatus* (18S and 28S rDNA genes and ITS region), two from *A. strongylina* (18S and 28S rDNA genes), and one from *S. dentatus* (ITS rDNA region). These results suggest that the sylvatic populations of wild boar in São Paulo State have maintained their typical parasites common to pigs and have not acted as capture hosts for any species native to the Neotropical region.

**Keywords:** Acanthocephala, invasive fauna, wild boar, Nematoda, Suidae

## Lista de Tabelas

- Tabela 1.** Helminhos dos tratos gastrointestinal e urinário de javalis (*Sus scrofa*) 04  
de vida livre no mundo.
- Tabela 2.** Helminhos dos tratos gastrointestinal e urinário de javalis (*Sus scrofa*) 06  
de cativeiro e vida livre no Brasil.
- Tabela 1.** Descrição dos oligonucleotídeos iniciadores utilizados nas reações 31  
de PCR.
- Tabela 2.** Principais identidades genéticas das sequências 18S, ITS1-5.8S- 33  
ITS2 e 28S dos helmintos dos tratos gastrointestinal e urinário de javalis com  
sequências depositadas no banco de dados do NCBI.
- Tabela 3.** Dados morfométricos de *A. strongylina* por diferentes autores, 37  
apresentados em média  $\pm$  desvio padrão, em milímetros.
- Tabela 4.** Dados morfométricos de fêmeas partenogênicas de *S. ransomi* por 39  
diferentes autores, apresentados em média  $\pm$  desvio padrão, em milímetros.
- Tabela 5.** Dados morfométricos de *G. urosubulatus* por diferentes autores, 43  
apresentados em média  $\pm$  desvio padrão, em milímetros.
- Tabela 6.** Dados morfométricos de *O. dentatum* por diferentes autores, 45  
apresentados em média  $\pm$  desvio padrão, em milímetros.
- Tabela 7.** Dados morfométricos de *T. suis* por diferentes autores, 47  
apresentados em média  $\pm$  desvio padrão, em milímetros.
- Tabela 8.** Dados morfométricos de *M. hirudinaceus* por diferentes autores, 51  
apresentados em valores máximo e mínimo, em milímetros.
- Tabela 9.** Regiões gênicas amplificadas de cada uma das espécies de 52  
helmintos de javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil.

## Lista de Figuras

- Figura 1.** Municípios do Estado de São Paulo onde os javalis do presente estudo foram abatidos: Barretos, Colina, Monte Azul Paulista, Morro Agudo e São Simão (mesorregião de Ribeirão Preto); Cajobi e Paraíso (mesorregião de São José do Rio Preto); Matão (mesorregião de Araraquara). 29
- Figura 2.** A- Mapa da América do Sul destacando a localização do Brasil e do estado de São Paulo. B- Mapa do estado de São Paulo destacando as cidades ao norte nas quais javalis foram abatidos por controladores de fauna para este estudo. C- Mapa da região norte do estado de São Paulo onde é discriminado que espécies foram encontradas por cidade: Barretos (*S. dentatus* e *G. urosubulatus*), Cajobi (*S. dentatus* e *M. hirudinaceus*), Colina (*S. dentatus*), Matão (*G. urosubulatus*), Monte Azul Paulista (*S. dentatus*, *G. urosubulatus*, *A.strongylina*, *S. ransomi*, *O. dentatum* e *T. suis*), Morro Agudo (*S. dentatus*, *G. urosubulatus*, *A.strongylina*, *S. ransomi*, *O. dentatum* e *M. hirudinaceus*), Paraíso (*S. dentatus*, *G. urosubulatus*, *A.strongylina*, *S. ransomi*) e São Simão (*S. dentatus*) 35
- Figura 3.** *Ascarops strongylina* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, macho adulto acima, fêmea adulta abaixo. B- Extremidade anterior, faringe (seta preta). C- Ovejeter e vulva (seta preta). D- Extremidade posterior da fêmea, ânus (seta preta). E- Extremidade posterior do macho, cloaca e espículos maior e menor (seta preta), asa maior (seta cinza). Barras de escala: A = 5mm, B = 3000 µm, C = 200 µm, D = 200 µm, E = 3000 µm. 38
- Figura 4.** *Strongyloides ransomi* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, fêmea partenogenética adulta. B- Extremidade anterior, junção do esôfago ao intestino (seta preta). C- Vulva (seta preta). (D) Extremidade posterior da fêmea, ânus (seta preta). Barras de escala: A = 1mm, B = 200 µm, C = 100 µm, D = 100 µm. 40
- Figura 5.** *Globocephalus urosubulatus* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, macho adulto acima, fêmea adulta abaixo. B- Extremidade anterior, cápsula bucal (seta preta), e papila cervical (seta cinza). C- Poro excretor (seta preta). D- Anel nervoso (seta preta). E- Vulva (seta preta). F- Extremidade posterior da fêmea, ânus (seta preta). G- Extremidade posterior do macho, espículos (seta preta) e gubernáculo (seta cinza). Barras de escala: A = 1mm, B = 200 µm, C = 200 µm, D = 200 µm, E = 100 µm, F = 100 µm, G = 3000 µm. 43
- Figura 6.** *Oesophagostomum dentatum* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, macho adulto acima, fêmea adulta abaixo. B- Extremidade anterior, esôfago (seta preta). C- Extremidade posterior da fêmea, vulva (seta preta), e ânus (seta cinza). D- Extremidade 46

posterior do macho, espículos (seta preta). Barras de escala: A = 1mm, B = 200 µm, C = 200 µm, D = 3000 µm.

**Figura 7.** *Trichuris suis* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, macho adulto acima, fêmea adulta abaixo. B- Extremidade anterior. C- Vulva (seta preta). D- Extremidade posterior da fêmea, ânus terminal (seta preta). E- Extremidade posterior do macho, espículos (seta preta), e projeção da bainha espicular (seta cinza). Barras de escala: A = 5mm, B = 200 µm, C = 200 µm, D = 200 µm, E = 200 µm. 48

**Figura 8.** *Stephanurus dentatus* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, macho adulto acima, fêmea adulta abaixo. B- Extremidade anterior, cápsula bucal (seta preta). C- Extremidade posterior do macho, espículos (seta preta). D- Extremidade posterior da fêmea, vulva (seta preta), e ânus (seta cinza). Barras de escala: A = 5mm, B = 3000 µm, C = 200 µm, D = 3000 µm. 50

**Figura 9.** *Macracanthorhynchus hirudinaceus* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, fêmea adulta. B- Extremidade anterior, espinhos (seta preta). Barras de escala: A = 5cm, B = 3000 µm 51

**Figura 10.** Árvore filogenética bayesiana baseada no modelo evolutivo de tipo de substituição 6 e distribuição gamma da região 18S rDNA englobando parasitas dos filos Nematoda e Acanthocephala, com Rotíferas como grupo externo. 54

**Figura 11.** Árvore filogenética bayesiana baseada no modelo evolutivo de tipo de substituição 6 e distribuição gamma da região ITS rDNA englobando parasitas dos filos Nematoda e Acanthocephala, com Rotíferas como grupo externo. 55

**Figura 12.** Árvore filogenética bayesiana baseada no modelo evolutivo de tipo de substituição 6 e distribuição gamma da região 28S rDNA englobando parasitas dos filos Nematoda e Acanthocephala, com Rotíferas como grupo externo. 56

## CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais

### Introdução

Espécies invasoras são aquelas introduzidas, estabelecidas e difundidas com sucesso em locais fora de sua área nativa, principalmente em decorrência de ações humanas, intencionalmente ou não (Blackburn et al., 2011; Chalkowski et al., 2018). Estima-se que o impacto econômico anual gerado por elas seja de US\$76 bilhões mundialmente e US\$1,6 milhão no Brasil; entre 1984 a 2018, foi estimado um custo de US\$83 milhões para o país (Diagne et al., 2020; Adelino et al., 2021; Heringer et al., 2021). Essas perdas resultam dos impactos das invasões biológicas sobre espécies nativas, infraestrutura e agricultura (Pimentel et al., 2005; Marbuah et al., 2014; Chalkowski et al., 2018), e aos esforços de gestão direcionados à prevenção, ao controle e à erradicação dessas espécies (Courchamp et al., 2017). Além do impacto econômico, a fauna invasora também está relacionada a impactos sanitários, sociais e ecológicos substanciais (Kumschick et al., 2015; Schindler et al., 2015; Bellard et al., 2016; Young et al., 2017; Jones, 2017), sendo atualmente um dos principais fatores ligados à extinção de espécies ameaçadas (Wilcove et al., 1998; Chalkowski et al., 2018). Apesar dos esforços crescentes para a redução do risco de invasões biológicas, estimativas indicam que o ritmo de detecção de espécies invasoras não mostra sinais de abrandamento (Seebens et al., 2017).

Parasitas podem facilitar ou dificultar a propagação de espécies invasoras de maneira indireta e complexa. Espécies exóticas de vertebrados podem ser introduzidas em novas comunidades juntamente com seus parasitas, prejudicando as espécies nativas que não possuem defesas contra estes novos patógenos devido à ausência de história evolutiva conjunta, em um fenômeno denominado “*spillover*” (Prenter et al., 2004; Taraschewski, 2006; Dunn, 2009; Dunn & Hatcher, 2015). As espécies invasoras também podem ser introduzidas livres de seus parasitas originais (*enemy release*), ou adquirir parasitas nativos após a sua introdução, o que pode levar tanto à diluição quanto à amplificação do risco de infecção para espécies nativas; neste último caso, num fenômeno denominado “*spillback*” (Prenter et al., 2004; Taraschewski, 2006; Dunn, 2009; Kelly et al., 2009; Poulin et al., 2011; Dunn et al., 2012). Os parasitas também podem ser introduzidos em novas áreas sem os seus

hospedeiros originais; as doenças infecciosas emergentes, incluindo-se as zoonóticas, podem ser causadas por invasões biológicas de parasitas que estejam se propagando a novas áreas, populações ou espécies hospedeiras (Hatcher et al., 2012; Estrada-Peña et al., 2014; Hulme, 2014).

A identificação de espécies de helmintos tem sido tradicionalmente baseada em características anatômicas particulares, e a principal vantagem desta técnica é o baixo custo (Seesao et al., 2017). Entretanto, delimitar espécies de parasitas é muitas vezes difícil devido aos seus caracteres morfológicos limitados decorrentes de evolução paralela, convergente ou pedomorfismo (Miller et al., 2017). As amostras primárias podem consistir em fases de vida notoriamente difíceis e morosas de identificar em nível específico como, por exemplo, ovos e larvas provenientes de amostras fecais. Ainda assim, este tipo de amostra é a única opção nos casos em que a amostragem invasiva de parasitas adultos não é possível, como em alguns estudos com humanos e espécies ameaçadas (Wimmer et al., 2004; Criscione et al., 2005). A identificação baseada puramente em características anatômicas também requer alto nível de especialização e é suscetível a erro humano, especialmente ao se trabalhar com espécies crípticas (Pauling et al., 2016; Said et al., 2017; Seesao et al., 2017). A ambiguidade de características morfológicas com valor diagnóstico pode levar à identificação incorreta, impedindo a compreensão de como as relações entre o hospedeiro e o parasita são alteradas em invasões biológicas (Miller et al., 2017).

A taxonomia molecular e o *barcoding* são alternativas para a identificação de parasitas para os quais as características morfológicas de diagnóstico são escassas (Janssen et al., 2017). Essas técnicas têm se mostrado rápidas, reproduzíveis e altamente sensíveis, são aplicáveis aos diversos estágios do ciclo de vida dos parasitas, e permitem a identificação de helmintos de morfologia indistinguível sob microscopia de luz (Mesa-Cruz et al., 2016; Pauling et al., 2016; Huggins et al., 2017; Said et al., 2017; Seesao et al., 2017). Esses métodos são, portanto, uma ferramenta necessária à identificação inequívoca de espécies de helmintos e à melhor compreensão de sua distribuição e de sistemas complexos com diversas espécies de hospedeiros e parasitas envolvidos (Said et al., 2017).

Recentemente, a combinação da descrição morfológica tradicional com técnicas moleculares tem se tornado uma das práticas mais aceitas para caracterizar

espécies de helmintos (Blasco-Costa et al., 2016; Poulin & Presswell, 2016; Rashid et al., 2018; Poulin et al., 2019, Karadjian et al., 2020). Esta tendência se enquadra nos princípios de taxonomia integrativa, que exige a utilização de fontes múltiplas e complementares de dados para caracterização e delimitação de espécies (Dayrat, 2005; Padial et al., 2010). Levando em consideração a necessidade crescente de compreender as implicações das espécies invasoras e seus parasitas no equilíbrio dos ecossistemas e na saúde humana e animal, o presente estudo faz uso de taxonomia integrativa para descrever os helmintos encontrados em javalis asselvajados abatidos no norte do estado de São Paulo, sudeste do Brasil, obter sequências de genes de interesse taxonômico destes parasitas e traçar inferências filogenéticas a partir delas.

## **Revisão Bibliográfica**

O javali (*Sus scrofa* Linnaeus, 1758) foi listado como uma das 100 espécies invasoras mais nocivas do mundo devido à sua ampla distribuição geográfica, crescentes conflitos com humanos e dificuldades de manejo (Lowe et al. 2000). A espécie foi globalmente difundida após sua domesticação e formou populações selvagens em diversos locais (Frantz et al. 2016), dentre eles o Brasil, desde o século XV (Donkin, 1985). Seu abate por controladores de fauna selvagem foi autorizado em todo o território nacional pelo Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis – IBAMA em 2013, quando o órgão governamental caracterizou o javali como espécie nociva, considerando todas as suas formas, linhagens, raças e diferentes graus de cruzamento com porcos domésticos (IBAMA, 2013). Em 2017, o Ministério do Meio Ambiente - MMA e o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA elaboraram o Plano Nacional de Prevenção, Controle e Monitoramento do Javali (*Sus scrofa*), por meio do qual uma das ações previstas é investigar o perfil sanitário e epidemiológico das populações de javali, e seus impactos à Saúde Única no Brasil (Brasil, 2017).

Estudos relativos à ocorrência de helmintos nos tratos gastrointestinal e urinário de javalis selvagens foram realizados em diversos países, em quase todos os

continentes (**Tabela 1**). Nestes, a identificação dos helmintos foi realizada em sua maioria apenas por meio de técnicas morfológicas, salvo algumas exceções em que técnicas moleculares também foram empregadas (Rojakovic-Janje et al., 2002; Cutillas et al., 2006; Cutillas et al., 2009; Kamimura et al., 2018).

**Tabela 1.** Helmintos dos tratos gastrointestinal e urinário de javalis (*Sus scrofa*) de vida livre no mundo.

Helmintos	SI	Localidade
<b>Phylum Nematoda</b>		
<i>Ascaris suum</i>	ID	Ilha Cumberland (EUA) <sup>1</sup> , Berlin (Alemanha) <sup>5</sup> , Ilha Saaremaa (Estônia) <sup>11</sup> , Província Catanzaro (Itália) <sup>28</sup> , Honshu (Japão) <sup>12</sup> , Catalonia, Oropesa de Toledo e Toledo (Espanha) <sup>19</sup> , Província Mazandaran (Irã) <sup>22</sup> , Montanhas Vitosha e Rhodope, Sredna, Kraishite e Ludogorie (Bulgária) <sup>25</sup> , Vojvodina (Sérvia) <sup>27</sup> , Miechów, Dąbrowa Tarnowska, Dulowa, Niepołomice e Myślenice (Polônia) <sup>32</sup>
<i>Ascarops dentata</i>	E	Ilha Molokai (Havai) <sup>3</sup>
<i>Ascarops strongylina</i>	E	Ilha Cumberland (EUA) <sup>1</sup> , Reserva de Caça Chambord (França) <sup>2</sup> , Irã <sup>4</sup> , Berlin (Alemanha) <sup>5</sup> , Honshu (Japão) <sup>12</sup> , Província Bursa (Turquia) <sup>15</sup> , Catalonia, Oropesa de Toledo e Toledo (Espanha) <sup>19</sup> , Montanhas Vitosha e Rhodope, Sredna, Kraishite e Ludogorie (Bulgária) <sup>25</sup> , Ariana, Mabtough, Bou Argoub, Djebel Ressas, Bou Salem, Bou Arada, Gaâfour, Fernana e Touaref (Tunísia) <sup>30</sup> , Miechów, Dąbrowa Tarnowska, Dulowa, Niepołomice e Myślenice (Polônia) <sup>32</sup>
<i>Bourgelatia diducta</i>	IG	Honshu (Japão) <sup>12</sup> , Montanhas Suncheon-si, Gwangyang-si e Boseong-gun (Coréia do Sul) <sup>16</sup> , Miechów, Dąbrowa Tarnowska, Dulowa, Niepołomice e Myślenice (Polônia) <sup>32</sup>
<i>Capillaria suis</i>	E	Honshu (Japão) <sup>12</sup>
<i>Eucyathostomum</i> sp.	IG	Ilha Molokai (Havai) <sup>3</sup>
<i>Globocephalus</i> spp.	E	Província Mazandaran (Irã) <sup>22</sup> , Vojvodina (Sérvia) <sup>27</sup>
<i>Globocephalus longimucronatus</i>	E	Honshu (Japão) <sup>12</sup>
<i>Globocephalus samoensis</i>	E	Ilha Molokai (Havai) <sup>3</sup> , Honshu (Japão) <sup>12</sup> , Montanhas Suncheon-si, Gwangyang-si e Boseong-gun (Coréia do Sul) <sup>18</sup>
<i>Globocephalus urosbulatus</i>	E	Ilha Cumberland (EUA) <sup>1</sup> , Irã <sup>4</sup> , Berlin (Alemanha) <sup>5</sup> , Slavonia (Croácia) <sup>7</sup> , Umbria (Itália) <sup>14</sup> , Província Bursa (Turquia) <sup>15</sup> , Catalonia, Oropesa de Toledo e Toledo (Espanha) <sup>19</sup> , Hellshire Hills (Jamaica) <sup>21</sup> , Montanhas Vitosha e Rhodope, Sredna, Kraishite e Ludogorie (Bulgária) <sup>25</sup> , Ariana, Mabtough, Bou Argoub, Djebel Ressas, Bou Salem, Bou Arada, Gaâfour, Fernana e Touaref (Tunísia) <sup>30</sup> , Miechów, Dąbrowa Tarnowska, Dulowa, Niepołomice e Myślenice (Polônia) <sup>32</sup>
<i>Gnathostoma hispidum</i>	ES, E	Slavonia (Croácia) <sup>7</sup> , Vojvodina (Sérvia) <sup>27</sup> , Ariana, Mabtough, Bou Argoub, Djebel Ressas, Bou Salem, Bou Arada, Gaâfour, Fernana e Touaref (Tunísia) <sup>30</sup>
<i>Gnathostoma doloresi</i>	ES, E	Honshu (Japão) <sup>12</sup>
<i>Gongylonema pulchrum</i>	ES	Ilha Molokai (Havai) <sup>3</sup> , Slavonia (Croácia) <sup>7</sup> , Província Bursa (Turquia) <sup>15</sup> , Catalonia, Oropesa de Toledo e Toledo (Espanha) <sup>19</sup> , Província Mazandaran (Irã) <sup>22</sup> , Bou Argoub, Djebel Ressas, Bou Salem, Bou Arada, Gaâfour, Fernana e Touaref (Tunísia) <sup>30</sup>
<i>Hyostrongylus rubidus</i>	E	Slavonia (Croácia) <sup>7</sup> , Umbria (Itália) <sup>14</sup> , Província Bursa (Turquia) <sup>15</sup> , Catalonia, Oropesa de Toledo e Toledo (Espanha) <sup>19</sup> , Hellshire Hills (Jamaica) <sup>21</sup>
<i>Morgascaridia kugii</i>	IG	Honshu (Japão) <sup>12</sup>
<i>Oesophagostomum</i> spp.	IG	Catalonia, Oropesa de Toledo e Toledo (Espanha) <sup>19</sup> , Vojvodina (Sérvia) <sup>27</sup> , Oleśnica (Polônia) <sup>29</sup>

<i>Oesophagostomum dentatum</i>	IG	Irã <sup>4</sup> , Slavonia (Croácia) <sup>7</sup> , Texas (EUA) <sup>8</sup> , Espanha <sup>9</sup> , Honshu (Japão) <sup>12</sup> , Umbria (Itália) <sup>14</sup> , Colinas Hellshire (Jamaica) <sup>21</sup> , Montanhas Vitosha e Rhodope, Sredna, Kraishite e Ludogorie (Bulgária) <sup>25</sup> , Miechów, Dąbrowa Tarnowska, Dulowa, Niepołomice e Myślenice (Polónia) <sup>32</sup>
<i>Oesophagostomum quadrispinulatum</i>	IG	Ilha Cumberland (EUA) <sup>1</sup> , Montanhas Vitosha e Rhodope, Sredna, Kraishite e Ludogorie (Bulgária) <sup>25</sup>
<i>Oesophagostomum watanabei</i>	IG	Honshu (Japão) <sup>12</sup>
<i>Physocephalus sexalatus</i>	E	Reserva de Caça Chambord (França) <sup>2</sup> , Irã <sup>4</sup> , Berlin (Alemanha) <sup>5</sup> , Valencia (Espanha) <sup>6</sup> , Slavonia (Croácia) <sup>7</sup> , Texas (EUA) <sup>8</sup> , Honshu (Japão) <sup>12</sup> , Província Bursa (Turquia) <sup>15</sup> , Montanhas Vitosha e Rhodope, Sredna, Kraishite e Ludogorie (Bulgária) <sup>25</sup> , Vojvodina (Sérvia) <sup>27</sup> , Ariana, Mabtouh, Bou Argoub, Djebel Ressas, Bou Salem, Bou Arada, Gaâfour, Fernana e Touaref (Tunísia) <sup>30</sup> , Miechów, Dąbrowa Tarnowska, Dulowa, Niepołomice e Myślenice (Polónia) <sup>32</sup>
<i>Simondsia paradoxa</i>	E	Espanha <sup>9</sup>
<i>Stephanurus dentatus</i>	TU	Texas (EUA) <sup>8</sup> , Honshu (Japão) <sup>12</sup> , Parque Nacional Doñana (Espanha) <sup>24</sup>
<i>Strongyloides ransomi</i>	ID	Honshu (Japão) <sup>12</sup> , Vojvodina (Sérvia) <sup>27</sup> , Província Catanzaro (Itália) <sup>28</sup> , Oleśnica (Polónia) <sup>29</sup>
<i>Trichuris suis</i>	IG	Ilha Molokai (Havaí) <sup>3</sup> , Berlin (Alemanha) <sup>5</sup> , Províncias Sevilla e Huelva <sup>10,13</sup> , Catalonia, Oropesa de Toledo e Toledo <sup>19</sup> (Espanha), Ilha Saaremaa (Estônia) <sup>11</sup> , Honshu (Japão) <sup>12</sup> , Província Bursa (Turquia) <sup>15</sup> , Província Mazandaran (Irã) <sup>22</sup> , Montanhas Vitosha e Rhodope, Sredna, Kraishite e Ludogorie (Bulgária) <sup>25</sup> , Vojvodina (Sérvia) <sup>27</sup> , Província Catanzaro (Itália) <sup>28</sup> , Miechów, Dąbrowa Tarnowska, Dulowa, Niepołomice e Myślenice (Polónia) <sup>32</sup>
<b>Phylum Platyhelminthes</b>		
<b>Classe Digenea</b>		
<i>Brachylaemus suis</i>	ID	Touaref (Tunísia) <sup>30</sup>
<i>Dicrocoelium dendriticum</i>	DB	Irã <sup>4</sup> , Ilha Saaremaa (Estônia) <sup>11</sup> , Província Bursa (Turquia) <sup>15</sup> , Província Catanzaro (Itália) <sup>28</sup>
<i>Echinochasmus perfoliatus</i>	ID	Slavonia (Croácia) <sup>7</sup>
<i>Fasciola gigantica</i>	F	Irã <sup>4</sup>
<i>Fasciola hepatica</i>	F	Galicia (Espanha) <sup>17</sup> , Província Mazandaran (Irã) <sup>22</sup>
<i>Fascioloides magna</i>	F	Texas (EUA) <sup>8</sup>
<b>Classe Cestoda</b>		
<i>Cysticercus tenuicollis</i> ( <i>Taenia hydatigena</i> )	F*	Valencia (Espanha) <sup>6</sup> , Slavonia (Croácia) <sup>7</sup> , Ilha Saaremaa (Estônia) <sup>11</sup> , Província Bursa (Turquia) <sup>15</sup> , Província Bushehr <sup>20</sup> e Mazandaran <sup>22</sup> (Irã), Marche (Itália) <sup>31</sup>
<i>Echinococcus hidatidosus</i> ( <i>Echinococcus granulosus</i> )	F*	Slavonia (Croácia) <sup>7</sup>
<i>Hymenolepis diminuta</i>	ID	Touaref (Tunísia) <sup>30</sup>
<i>Pseudanoplocephala nipponensis</i>	ID	Honshu (Japão) <sup>12</sup>
<b>Phylum Acantocephala</b>		
<i>Macracanthorhynchus hirudinaceus</i>	ID	Slavonia (Croácia) <sup>7</sup> , Catalonia, Oropesa de Toledo e Toledo (Espanha) <sup>19</sup> , Província Mazandaran (Irã) <sup>22</sup> , Honshu (Japão) <sup>23</sup> , Província Pisa (Itália) <sup>26</sup> , Montanhas Vitosha e Rhodope, Sredna, Kraishite e Ludogorie (Bulgária) <sup>25</sup> , Montanha Bakony (Hungria) <sup>33</sup>

SI – Sítio de infecção de predileção em javalis; ES – Esôfago; E – Estômago; ID – Intestino Delgado; IG – Intestino Grosso; F – Fígado (\* pode acometer outros tecidos); DB – Ductos biliares; TU – Rins, Ureteres e Gordura Perirrenal. <sup>1</sup>Pence et al., 1988; <sup>2</sup>Humbert e Henry, 1989; <sup>3</sup>Mckenzie e Davidson, 1989; <sup>4</sup>Eslami e Farsad-Hamdi, 1992; <sup>5</sup>Mennerich-Bunge et al., 1993; <sup>6</sup>De-La-Muela et al., 2001; <sup>7</sup>Rojakovic-Janje et al., 2002; <sup>8</sup>Shender et al., 2002; <sup>9</sup>Fernandez-de-Mera et al., 2003; <sup>10</sup>Cutillas et al., 2006; <sup>11</sup>Järvis et al., 2007; <sup>12</sup>Sato et al., 2008; <sup>13</sup>Cutillas et al., 2009; <sup>14</sup>Moretta et al., 2011; <sup>15</sup>Senlik et al., 2011; <sup>16</sup>Ahn et al., 2013; <sup>17</sup>Mezo et al., 2013; <sup>18</sup>Ahn et al., 2015; <sup>19</sup>Gassó et al., 2015; <sup>20</sup>Mansouri et al., 2016; <sup>21</sup>Okoro et al., 2016; <sup>22</sup>Dodangeh et al., 2018; <sup>23</sup>Kamimura et al., 2018; <sup>24</sup>Moratal et al., 2018; <sup>25</sup>Panayotova-Pencheva e Dakova, 2018; <sup>26</sup>Papini et al., 2018; <sup>27</sup>Stojanov et al., 2018; <sup>28</sup>Castagna et al., 2019; <sup>29</sup>Jakowska-Makosa et al., 2019; <sup>30</sup>Lahmar et al., 2019; <sup>31</sup>Paoletti et al., 2019; <sup>32</sup>Nosal et al., 2020; <sup>33</sup>Amin et al., 2021.

No Brasil, a helmintofauna gastrointestinal de javalis foi descrita a partir de espécimes recuperados de animais de cativeiro (Mundim et al., 2004; Gomes et al., 2005; Silva e Müller, 2013ab; Marques et al., 2016). Um estudo recente demonstrou pela primeira vez os helmintos de javalis de vida livre no Brasil, incluindo o primeiro relato da presença de nematódeos no trato urinário destes animais no país (Ivan Moura Lopera, dados não publicados). Todos os estudos realizados até o momento acerca da identificação de helmintos parasitas dos tratos gastrointestinal e urinário de javalis no Brasil, sejam eles cativos ou de vida livre, foram baseados em técnicas morfológicas (**Tabela 2**); técnicas moleculares e inferências filogenéticas ainda não foram utilizadas para este fim no Brasil.

**Tabela 2.** Helmintos dos tratos gastrointestinal e urinário de javalis (*Sus scrofa*) de cativeiro e vida livre no Brasil.

Helmintos	SI	Localidade
<b>Phylum Nematoda</b>		
<i>Ascaris suum</i>	ID	Triângulo Mineiro (Minas Gerais) <sup>1</sup> , Mirassol e Fernandópolis <sup>2</sup> , São José do Rio Preto e Monte Azul Paulista <sup>6</sup> (São Paulo), Região Nordeste do Estado <sup>3</sup> , Antônio Prado <sup>4</sup> , Casca <sup>5</sup> (Rio Grande do Sul)
<i>Ascarops strongylina</i>	E	Mirassol e Fernandópolis <sup>2</sup> , São José do Rio Preto e Monte Azul Paulista <sup>6</sup> (São Paulo)
Estrongilídeos	ID	Triângulo Mineiro (Minas Gerais) <sup>1</sup>
<i>Globocephalus urosubulatus</i>	E	São José do Rio Preto e Monte Azul Paulista (São Paulo) <sup>6</sup>
<i>Oesophagostomum dentatum</i>	IG	Mirassol e Fernandópolis <sup>2</sup> , São José do Rio Preto e Monte Azul Paulista <sup>6</sup> (São Paulo), Antônio Prado (Rio Grande do Sul) <sup>4</sup>
<i>Physocephalus sexalatus</i>	E	Mirassol e Fernandópolis (São Paulo) <sup>2</sup>
<i>Stephanurus dentatus</i>	TU	São José do Rio Preto e Monte Azul Paulista (São Paulo) <sup>6</sup>
<i>Strongyloides ransomi</i>	ID	Triângulo Mineiro (Minas Gerais) <sup>1</sup> , Mirassol e Fernandópolis <sup>2</sup> , São José do Rio Preto e Monte Azul Paulista <sup>6</sup> (São Paulo)
<i>Trichostrongylus colubriformis</i>	ID	Antônio Prado (Rio Grande do Sul) <sup>4</sup>
<i>Trichuris suis</i>	IG	Triângulo Mineiro (Minas Gerais) <sup>1</sup> , Mirassol e Fernandópolis <sup>2</sup> , São José do Rio Preto e Monte Azul Paulista <sup>6</sup> (São Paulo), Antônio Prado <sup>4</sup> , Casca <sup>5</sup> (Rio Grande do Sul)
<b>Phylum Acantocephala</b>		
<i>Macracanthorhynchus hirudinaceus</i>	ID	São José do Rio Preto e Monte Azul Paulista (São Paulo) <sup>6</sup>

SI – Sítio de infecção de predileção em javalis; E – Estômago; ID – Intestino Delgado; IG – Intestino Grosso; TU – Rins, Ureteres e Gordura Perirrenal. <sup>1</sup>Mundim et al., 2004; <sup>2</sup>Gomes et al., 2005; <sup>3,4</sup>Silva e Müller, 2013ab; <sup>5</sup>Marques et al., 2016; <sup>6</sup>Ivan Moura Lopera, dados não publicados.

O nematódeo *Ascarops strongylina* (syn. *Spiroptera strongylina*) é um parasita comum do estômago de suídeos e já foi reportado em uma ampla variedade de hospedeiros vertebrados definitivos e paratênicos (Ganzorig et al., 1999). Foi descrito pela primeira vez por Rudolphi (1819), com abertura oral simples, extremidade posterior da fêmea afilada e terminando em um ângulo agudo, e a extremidade posterior do macho espiralada, com asas largas e espículos longos. Em 1860, Molin realizou uma revisão do gênero *Ascarops* (syn. *Spiroptera*) e incluiu características

anatômicas na descrição da espécie, como a presença de estriações transversais, a abertura vulvar da fêmea na extremidade posterior do corpo, e dados morfométricos de largura e comprimento. Webster e Speckmann (1977) apontaram pela primeira vez a presença de gubernáculo em machos de *A. strongylina*. Ganzorig et al. (1999) realizaram a redescrição da espécie a partir de dados morfológicos e morfométricos e afirmaram que ela é morfologicamente distinguível de outras do gênero por meio de características como as margens proeminentemente serrilhadas da cloaca, espículos longos e o número e distribuição das papilas caudais. Mais recentemente, Panayotova-Pencheva e Dakova (2017) obtiveram dados morfológicos e morfométricos de *A. strongylina* parasitas de javalis selvagens da Bulgária e verificaram que eles correspondiam aos de espécimes provenientes de porcos domésticos. Até o momento, não foram realizados estudos moleculares com esta espécie.

O gênero *Globocephalus* já teve diversas classificações taxonômicas (Pinheiro et al., 2021). Atualmente, ele comporta nove espécies das quais duas ocorrem no Brasil: *Globocephalus urosubulatus* (Alessandrini, 1909), parasitas do intestino delgado de suídeos, e *Globocephalus marsupialis*, parasitas do intestino delgado de didelfos (Freitas e Lent, 1936). Há poucos estudos taxonômicos para este gênero e as descrições originais têm limitações e argumentos taxonômicos fracos, que dificilmente apoiariam a distinção entre espécies (Pinheiro et al., 2021). Buscando critérios que possam ser usados como uma característica confiável na identificação *G. urosubulatus*, Nanev et al. (2007) analisaram espécimes provenientes de javalis na Bulgária, e afirmaram que características taxonômicas do gênero frequentemente se sobrepunham, com opiniões conflitantes acerca delas, sugerindo que a identificação correta de espécies deste gênero requer o uso de outros métodos de investigação em conjunto com a análise morfológica. Mais recentemente, Pinheiro et al. (2021) propuseram uma redescrição de *G. urosubulatus* utilizando espécimes provenientes de porcos domésticos do estado do Pará, Brasil, atualizando os dados morfológicos e morfométricos da espécie. Não existem estudos moleculares de *G. urosubulatus* até o momento.

O nematódeo que parasita rins, ureteres e gordura perirrenal de suídeos foi descrito por Diesing (1839) como *Stephanurus dentatus*, a única espécie do gênero.

Ela teve sua nomenclatura confundida por algum tempo com uma das espécies que parasita o intestino grosso de suídeos, *Oesophagostomum dentatum*, descrita inicialmente como *Strongylus dentatus* (Rudolphi, 1803). Entre 1943 a 1955, a Comissão Internacional de Nomenclatura Zoológica avaliou a questão e decidiu pela nomenclatura atual de ambas as espécies.

As descrições morfológicas iniciais de *Oesophagostomum dentatum* (syn. *Strongylus (Sclerostoma) dentatus*) incluem apenas dados morfológicos simples, como a presença de dez a doze dentes, corpo afinando-se em ambas as extremidades e abertura genital da fêmea logo acima da ponta da cauda (Diesing 1950). Ozerskaya (1930), Georgiev e Kamburov (1977) e Poelvoorde (1978) incluíram dados morfométricos e morfológicos à descrição da espécie. Haupt (1966) afirmou que outra espécie do mesmo gênero que também parasita o intestino grosso de suínos, *Oesophagostomum quadrispinulatum* (Marcone, 1901) tem seus ínstares larvais morfologicamente indistinguíveis de *O. dentatum*, e que apenas as formas adultas podem ser diferenciadas com base no comprimento da cauda de fêmeas e do espículo de machos. Poelvoorde (1978) incluiu o formato da cápsula bucal e do esôfago como critérios morfológicos diferenciais entre as duas espécies. Panayotova-Pencheva e Dakova (2017) identificaram morfológica e morfometricamente *O. dentatum* e *O. quadrispinulatum* parasitas de javalis na Bulgária, incluindo descrições e dados morfométricos detalhados de ambas as espécies. As autoras também afirmaram que estas podem ser distinguidas pelo comprimento corporal e dos espículos, a forma do gubernáculo e do esôfago, e pela distância da vulva ao ânus e do ânus à ponta da cauda. Há 64.721 sequências de *O. dentatum* depositadas no GenBank, das quais 64.255 são *scaffolds* genômicos não vinculados a publicações formais. O restante das sequências é composto por genes relacionados a processos reprodutivos e metabólicos e genes de interesse filogenético. Por meio de inferências filogenéticas baseadas em diferentes genes e regiões intergênicas (ITS1, ITS2 e 28S rRNA, *cox1* e *nadh* mDNA) e o genoma mitocondrial completo, foi possível verificar que *O. dentatum* e *O. quadrispinulatum* são espécies distintas (Lin et al., 2007, 2012ab, 2014) e inferir as relações filogenéticas destes com as demais espécies de Trichostrongylina (de Bellocq et al., 2001).

As primeiras descrições do nematódeo *Stephanurus dentatus* informavam algumas características morfológicas erroneamente, como a presença de apenas um espículo e o posicionamento da vulva na porção média do corpo (Diesing, 1839). A presença de dois espículos iguais foi então descrita por Skrjabin (1921). Daubney (1923) redescreveu a espécie corrigindo os relatos anteriores e descreveu de forma mais detalhada as características morfológicas, informando alguns dados morfométricos. De modo geral os estudos anatômicos de *S. dentatus* são escassos e antigos, tratando apenas de morfogênese larval (Clunies et al., 1932, 1966; Lichtenfels e Tromba, 1972) ou apresentando breve descrição morfológica com poucas características morfométricas relevantes (Graber et al., 1971; Xu, 1980; Fan et al., 1998). Há quatro sequências de *S. dentatus* depositadas no GenBank. Uma sequência do genoma mitocondrial completo foi utilizada para inferir relações filogenéticas da superfamília Syngamidae, em que os autores sugeriram que *S. dentatus* está geneticamente relacionado à família Chabertiidae, devendo, portanto, ser movido da família Syngamidae (Deng et al., 2021). Uma sequência parcial do gene 18S rDNA não está vinculada a uma publicação formal. Duas sequências completas, uma do gene 18S rDNA e uma do gene 28S rDNA, foram utilizadas em análises filogenéticas da ordem Strongylida com relação a sítios de predileção em hospedeiros (Chilton et al., 2006).

O nematódeo *Strongyloides ransomi*, um parasita do intestino delgado de suídeos, foi estabelecido como espécie por Schwartz e Alicata (1930) em um trabalho que explicitou a necessidade de diferenciá-lo de *Strongyloides papillosus*, um parasita de ruminantes. Os autores incluíram dados morfológicos e morfométricos em sua descrição, e afirmaram que a única diferença morfológica significativa entre as duas espécies era o formato da cauda, digitiforme e romba em *S. papillosus* e cônica em *S. ransomi*. Tarczyński (1930), entretanto, relatou grande variabilidade individual no formato da cauda da fêmea de *S. ransomi* e afirmou que esta não é uma característica confiável de distinção entre as espécies. Em 1966, Little propôs uma redefinição do gênero *Strongyloides* e, de forma semelhante a Tarczyński (1930), descreveu a ausência de caracteres morfológicos significativos para a distinção entre as espécies do gênero. Hasegawa et al. (2009) também afirmaram ser impossível distinguir as espécies de *Strongyloides* estritamente com base na morfologia, e utilizaram

sequências de DNA para tornar o diagnóstico mais preciso, sendo os primeiros a publicar uma sequência parcial do gene ribossomal 18S RNA de espécimes de *S. ransomi* obtidos de javalis do Japão. Giang et al. (2017) realizaram o primeiro e único estudo que aliou caracteres morfológicos e morfométricos de diagnóstico baseados na descrição de Schwartz e Alicata (1930), à inferência filogenética para identificar espécimes de *S. ransomi* de porcos domésticos do Vietnã. Cinco sequências parciais do gene ribossomal 18S RNA foram amplificadas e analisadas conjuntamente às outras três sequências de *S. ransomi* depositadas no GenBank, duas de espécimes provenientes de porcos domésticos do Camboja (sequências não vinculadas a trabalho publicado) e uma que foi gerada no estudo de Hasegawa et al. (2009). As oito sequências de *S. ransomi* agruparam-se em um ramo comum próximo a *Strongyloides venezuelensis*, o que levou os autores a concluir que apesar de *S. ransomi* apresentar características morfológicas mais semelhantes a *S. papillosus*, a espécie é filogeneticamente mais próxima a *S. venezuelensis*.

O nematódeo *Trichuris suis* parasita o intestino grosso de suínos e pode acometer humanos (Cutillas et al. 2009). A diferenciação de espécies do gênero *Trichuris* tem sido controversa. Os primeiros estudos morfológicos consideravam *T. suis* e *Trichuris trichiura* como uma única espécie (Creplin, 1825; Leuckart, 1876; Schwartz, 1926). Ao redescrever o gênero, Sarwar (1959) considerou as duas espécies como sendo distintas e as designou como pertencentes a um grupo de espécies denominado “trichiura”, distinguindo-as pela presença de um par de papilas caudais presente apenas em *T. trichiura*, o que foi corroborado por outros autores (Tenora et al., 1988, 1992; Spakulová, 1994). Oliveros et al. (1998) e Cutillas et al. (2009), entretanto, observaram a presença de papilas caudais em *T. suis*. Chandler (1930) afirmou que o tamanho do espículo era o critério de diferenciação morfológica mais confiável entre as espécies, mas Cutillas et al. (2009) verificaram que o comprimento desta estrutura se sobrepunha entre *T. trichiura* e *T. suis* e apontaram a falta de critérios morfológicos diferenciais entre estas espécies. Há 8.145 sequências de *T. suis* depositadas no GenBank, das quais 7.866 são *scaffolds* genômicos não vinculados a publicações formais. O restante das sequências relacionadas a este parasita é composto por genes de interesse filogenético e patentes. Por meio de inferências filogenéticas baseadas em diferentes genes e regiões intergênicas (TPI

DNA; 18S, ITS1, 5,8S, ITS2 e 28S rRNA; *cox1*, *cob*, *nad1*, e *rrnL* mDNA) e o genoma mitocondrial completo, foi possível verificar que *T. trichiura* e *T. suis* são espécies distintas e sugerir a presença de uma espécie críptica de *Trichuris* associado a primatas (Zarlenga et al., 2006; Cutillas et al., 2007 e 2009; Liu et al., 2012; Callejón et al., 2013, 2015; Hawash et al., 2015, 2016; Meekums et al., 2015).

O acantocéfalo *Macracanthorhynchus hirudinaceus* é um parasita do intestino delgado de suídeos e outros mamíferos, sendo potencialmente zoonótico (Amin et al., 2021). Foi descrito inicialmente por Pallas (1781) como *Taenia hirudinacea* e sua nomenclatura atual passou a ser adotada após o estabelecimento do gênero *Macracanthorhynchus* por Travassos (1917), no qual foi incluído. Sua descrição morfológica é principalmente baseada nos estudos de Travassos (1917), Meyer (1932,1933), Petrochenko (1958), Hoklova (1986) e Lisitsyna (2019). Amin et al. (2021) discutiram em detalhes as características morfológicas e morfométricas da espécie a partir de espécimes obtidos de javalis na Ucrânia e verificaram uma aparente variação morfológica intraespecífica. Os autores afirmaram que poucas descrições da espécie detalham características morfológicas e morfométricas, especialmente em espécimes provenientes de animais selvagens. Eles também obtiveram o que afirmaram ser a primeira sequência parcial do gene 18S rRNA publicada. Entretanto, Kamimura et al. (2018) obtiveram quatro sequências de *M. hirudinaceus*, uma do gene mitocondrial COX1 e três das regiões 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA. Com base nos caracteres morfológicos e inferências filogenéticas realizadas com as sequências obtidas, os autores identificaram os acantocéfalos que encontraram no intestino delgado de um javali no Japão como *M. hirudinaceus*. Além das referidas acima, existem mais oito sequências de *M. hirudinaceus* depositadas no GenBank. Seis delas são do gene mitocondrial COX1, parciais, provenientes de espécimes obtidos de javalis na Itália (submissão direta, não vinculada à publicação formal). As outras duas são genomas mitocondriais completos obtidos por Weber et al. (2013), que investigaram as relações filogenéticas dos acantocéfalos e verificaram monofilia entre Archiacanthocephala.

## Referências

- Adelino JRP, Heringer G, Diagne C, Courchamp F, Faria LDB, Zenni RD (2021) The economic costs of biological invasions in Brazil: a first assessment. **NeoBiota** 67:349. doi:10.3897/neobiota.67.5918
- Ahn KS, Oh DS, Ahn AJ, Suh GH, Shin SS (2013) First record of *Bourgelatia diducta* (Nematoda: Chabertiidae) from wild boars in the Republic of Korea. **Korean Journal of Parasitology** 51:441–448.
- Ahn KS, Ahn AJ, Kim TH, Suh GH, Joo KW, Shin SS (2015) Identification and prevalence of *Globocephalus samoensis* (Nematoda: Ancylostomatidae) among wild boars (*Sus scrofa coreanus*) from Southwestern regions of Korea. **Korean Journal of Parasitology** 53:611–618.
- Amin OM, Heckmann RA, Dallarés S, Constenla M, Kuzmina T (2021) New morphological and molecular perspectives about *Macracanthorhynchus hirudinaceus* (Acanthocephala: Oligacanthorhynchidae) from wild boar, *Sus scrofa* Linn., in Ukraine. **Journal of Helminthology** 95. doi: 10.1017/S0022149X21000675
- Bellard C, Cassey P, Blackburn TM (2016) Alien species as a driver of recent extinctions. **Biology letters** 12:20150623. doi: 10.1098/rsbl.2015.0623
- Blackburn TM, Pyšek P, Bacher S, Carlton JT, Duncan RP, Jarošík V, Wilson JRU, Richardson DM (2011) A proposed unified framework for biological invasions. **Trends in Ecology & Evolution** 26:333-339. doi: 10.1016/j.tree.2011.03.023
- Blasco-Costa I, Cutmore SC, Miller TL, Nolan MJ (2016) Molecular approaches to trematode systematics: 'best practice' and implications for future study. **Systematic Parasitology** 93:295-306. doi: 10.1007/s11230-016-9631-2
- Brasil 2017: **Plano Nacional de Prevenção, Controle e Monitoramento do Javali (*Sus scrofa*) no Brasil**. Brasília: Ministério do Meio Ambiente (MMA) e Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Disponível em: gov.br/ibama/pt-br/centrais-de-conteudo/2017-planojavali-2017-2022-pdf (data de acesso 01 de janeiro de 2022)

Callejón R, Nadler S, De Rojas M, Zurita A, Petrášová J, Cutillas C (2013) Molecular characterization and phylogeny of whipworm nematodes inferred from DNA sequences of *cox1* mtDNA and 18S rDNA. **Parasitology Research** 112:3933-3949.

Callejón R, Cutillas C, Nadler SA (2015) Nuclear and mitochondrial genes for inferring *Trichuris* phylogeny. **Parasitology Research** 114:4591-4599.

Castagna F, Musella V, Esposito L, Poerio A, Rinaldi L, Bosco A, Cringoli G, Britti D (2019) Helminths of wild boar (*Sus scrofa*) in the calabrian region of southern Italy. **Journal of Wildlife Diseases** 55:416–420.

Chalkowski K, Lepczyk CA, Zohdy S (2018) Parasite ecology of invasive species: conceptual framework and new hypotheses. **Trends in Parasitology** 34:655-663. doi: 10.1016/j.pt.2018.05.008

Chilton NB, Huby-Chilton F, Gasser RB, Beveridge I (2006) The evolutionary origins of nematodes within the order Strongylida are related to predilection sites within hosts. **Molecular Phylogenetics and Evolution** 40:118-128.

Clunies Ross I, Kauzal G (1932) The life cycle of *Stephanurus dentatus* Deising [sic], 1839; the kidney worm of pigs; with observations on its economic importance in Australia and suggestions for its control. **Council of Scientific & Industrial Research** 58:80.

Courchamp F, Fournier A, Bellard C, Bertelsmeier C, Bonnaud E, Jeschke JM, Russell JC (2017) Invasion biology: specific problems and possible solutions. **Trends in Ecology & Evolution** 32:13-22. doi: 10.1016/j.tree.2016.11.001

Creplin FCH (1825) **Creplin Observaciones de Entozois** (Gryphisw). 86 p.

Criscione CD, Poulin R, Blouin MS (2005) Molecular ecology of parasites: elucidating ecological and microevolutionary processes. **Molecular Ecology** 14:2247-2257. doi: 10.1111/j.1365-294X.2005.02587.x

Cutillas C, de Rojas M, Ariza C, Ubeda JM, Guevara D (2007) Molecular identification of *Trichuris vulpis* and *Trichuris suis* isolated from different hosts. **Parasitology Research** 100:383-389.

Cutillas C, Callejon R, De Rojas M, Tewes B, Ubeda JM, Ariza C, Guevara DC (2009) *Trichuris suis* and *Trichuris trichiura* are different nematode species. **Acta Tropica** 111:299-307.

Daubney R (1923) The kidney-worm of Swine: a short Redescription of *Stephanurus dentatus* Diesing, 1839. **Journal of Comparative Pathology and Therapeutics** 36:97-103.

Dayrat B (2005) Towards integrative taxonomy. **Biological Journal of the Linnean Society** 85:407-417. doi: 10.1111/j.1095-8312.2005.00503.x

De Bellocq JG, Ferte H, Depaquit J, Justine JL, Tillier A, Durette-Desset MC (2001) Phylogeny of the Trichostrongylina (Nematoda) inferred from 28S rDNA sequences. **Molecular Phylogenetics and Evolution** 19:430-442.

De-la-Muela N, Hernández-de-Luján S, Ferre I (2001) Helminths of wild boar in Spain. **Journal of Wildlife Diseases** 37:840–843.

Deng YP, Zhang XL, Li LY, Yang T, Liu GH, Fu YT (2021) Characterization of the complete mitochondrial genome of the swine kidney worm *Stephanurus dentatus* (Nematoda: Syngamidae) and phylogenetic implications. **Veterinary Parasitology** 295:109475.

Diagne C, Leroy B, Gozlan RE, Vaissière AC, Assailly C, Nuninger L, Roiz D, Jourdain F, Jarić I, Courchamp F (2020) InvaCost, a public database of the economic costs of biological invasions worldwide. **Scientific data** 7:1-12. doi: 10.6084/m9.figshare.11627406

Diesing CM (1839) Neue Gattungen von Binnenwürmern nebst einem Nachtrage zur Monographie der Amphistomen. **Annalen des Naturhistorischen Museums in Wien** 2:219-242.

Diesing CM (1850) **Systema helminthus** (Vol. 1).

Dodangeh S, Azami D et al. (2018) Parasitic helminths in wild boars (*Sus scrofa*) in Mazandaran Province, northern Iran. **Iranian Journal of Parasitology** 13:416–422.

Donkin RA (1985) The peccary: with observations on the introduction of pigs to the New World. **Transactions of the American Philosophical Society** 75:1-152. doi: 10.2307/1006340

Dunn AM (2009) Parasites and biological invasions. **Advances in Parasitology** 68:161-184. doi: 10.1016/S0065-308X(08)00607-6

Dunn AM, Torchin ME et al. (2012) Indirect effects of parasites in invasions. **Functional Ecology** 26:1262-1274. doi: 10.1111/j.1365-2435.2012.02041.x

Dunn AM, Hatcher MJ (2015) Parasites and biological invasions: parallels, interactions, and control. **Trends in Parasitology** 31:189-199. doi: 10.1016/j.pt.2014.12.003

Eslami A, Farsad-Hamdi S (1992) Helminth parasites of wild boar, *Sus scrofa*, in Iran. **Journal of Wildlife Diseases** 28:316–318.

Estrada-Peña A, Ostfeld RS, Peterson AT, Poulin R, de la Fuente J (2014) Effects of environmental change on zoonotic disease risk: an ecological primer. **Trends in Parasitology** 30:205-214. doi: 10.1016/j.pt.2014.02.003

Fernandez-de-Mera IG, Gortazar C, Vicente J, Höfle U, Fierro Y (2003) Wild boar helminths: Risks in animal translocations. **Veterinary Parasitology**, 115:335–341.

Fan PC, Lin CY, Huang P, Yen C W (1998) Finding of *Stephanurus Dentatus* in Pigs in Taiwan. **Taiwan Veterinary Journal** 24:63-67. doi: 10.7009/JTCSVS

Frantz L, Meijaard E, Gongora J, Haile J, Groenen MA, Larson G (2016) The evolution of Suidae. **Annual review of animal biosciences** 4:61-85. doi: 10.1146/annurev-animal-021815-111155

Ganzorig S, Batsaikhan N, Samiya R, Morishima Y, Oku Y, Kamiya M (1999) A second record of adult *Ascarops strongylina* (Rudolphi, 1819) (Nematoda: Spiroceridae) in a rodent host. **The Journal of Parasitology** 283-285. doi: 10.2307/3285633

Gassó D., Feliu C et al. (2015) Uses and limitations of faecal egg count for assessing worm burden in wild boars. **Veterinary Parasitology** 209:133–137.

Georgiev M, Kamburov P (1977) Occurrence of *Oesophagostomum quadrispinulatum* Marcone, 1901 (syn. *O. longicaudum* Goodey, 1925) in domestic pigs in Bulgaria. **Khel'mintologiya** 4:11-16.

Giang NT, Hoan TD, Huyen NTT, Lan NTK, Doanh PN (2017) Morphological and molecular characterisation of *Strongyloides ransomi* (Nematoda: Strongyloididae) collected from domestic pigs in Bac Giang province, Vietnam. **Academia Journal of Biology** 39: 270-275.

Gomes RA, Bonuti MR, Almeida KS, Nascimento AA (2006) Infecções por helmintos em Javalis (*Sus scrofa scrofa*) criados em cativeiro na região Noroeste do Estado de São Paulo, Brasil. **Ciência Rural** 35(3):625–628.

Graber M, Euzéby J, Thal J (1971) *Stephanurus dentatus* Diesing, 1839 chez un phacochère, *Phacochoerus aethiopicus* Pallas, de Test de la R.C.A. **Bulletin de la Société de Pathologie Exotique** 64:468-473.

Hasegawa H, Hayashida S, Ikeda Y, Sato H (2009) Hyper-variable regions in 18S rDNA of *Strongyloides* spp. as markers for species-specific diagnosis. **Parasitology Research** 104:869-874.

Hatcher MJ, Dick JT, Dunn AM (2012) Disease emergence and invasions. **Functional Ecology** 26:1275-1287. doi: 10.1111/j.1365-2435.2012.02031.x

Haupt W (1966) Ein Beitrag zur Morphologie der Knötchenwürmer des Hausschweines, ihrer Eier sowie der dritten invasionstüchtigen Larvenstadien. **Archiv für Experimentelle Veterinärmedizin** 20:701-711.

Hawash MB, Andersen LO, Gasser RB, Stensvold CR, Nejsum P (2015) Mitochondrial genome analyses suggest multiple *Trichuris* species in humans, baboons, and pigs from different geographical regions. **PLoS Neglected Tropical Diseases** 9:e0004059.

Hawash MB, Betson M et al. (2016). Whipworms in humans and pigs: origins and demography. **Parasites & Vectors**, 9(1), 1-11. doi: 10.1186/s13071-016-1325-8

Heringer G, Angulo E, Ballesteros-Mejia L, Capinha C, Courchamp F, Diagne C, Duboscq-Carra V, Nuñez M, Zenni R (2021) The economic costs of biological invasions in Central and South America: a first regional assessment. **NeoBiota** 67:401-426. doi: 10.3897/neobiota.67.59193

Hoklova IG (1986) **The acanthocephalan fauna of terrestrial vertebrates of the USSR**. Moscow: Nauka p. 276.

Huggins LG, Michaels CJ, Cruickshank SM, Preziosi RF, Else KJ (2017) A novel copro-diagnostic molecular method for qualitative detection and identification of parasitic nematodes in amphibians and reptiles. **PloS One** 12:e0185151. doi: 10.1371/journal.pone.0185151

Hulme PE (2014) Invasive species challenge the global response to emerging diseases. **Trends in Parasitology** 30:267-270. doi: 10.1016/j.pt.2014.03.005

Humbert JF, Henry C (1989) Studies on the prevalence and the transmission of lung and stomach nematodes of the wild boar (*Sus scrofa*) in France. **Journal of Wildlife Diseases** 25:335-341.

IBAMA 2013: **Instrução Normativa Ibama N8 03 de 31 de janeiro de 2013 do Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Renováveis (IBAMA)**. Brasília: Ministério do Meio Ambiente (MMA). Disponível em: [arquivos.ambiente.sp.gov.br/fauna/2014/07/IN\\_ibama\\_03\\_2013.pdf](http://arquivos.ambiente.sp.gov.br/fauna/2014/07/IN_ibama_03_2013.pdf) (data de acesso 01 de janeiro de 2022)

Jankowska-Mąkosza A, Knecht D, Nicpoń J, Nicpoń J, Duziński K (2019) Level of endoparasite infection in free-living wild boars in relation to carcass weight and sex. **Medycyna Weterynaryjna** 75:232–237.

Janssen T, Karssen G, Couvreur M, Waeyenberge L, Bert W (2017) The pitfalls of molecular species identification: a case study within the genus *Pratylenchus* (Nematoda: Pratylenchidae). **Nematology** 19:1179-1199. doi: 10.1163/15685411-00003117

Järvis T, Kapel C, Moks E, Talvik H, Mägi E (2007) Helminths of wild boar in the isolated population close to the northern border of its habitat area. **Veterinary Parasitology** 150:366–369.

Jones BA (2017) Invasive species impacts on human well-being using the life satisfaction index. **Ecological Economics** 134:250-257. doi: 10.1016/j.ecolecon.2017.01.002

Karadjian G, Kaestner C, Laboutière L, Adicéam E, Wagner T, Johné A, Thomas M, Polack B, Mayer-Scholl A, Vallée I (2020) A two-step morphology-PCR strategy for the identification of nematode larvae recovered from muscles after artificial digestion at meat inspection. **Parasitology Research**, 119:4113-4122. doi: 10.1007/s00436-020-06899-7

Kamimura K, Yonemitsu K, Maeda K, Sakaguchi S, Setsuda A, Varcasia A, Sato H (2018) An unexpected case of a Japanese wild boar (*Sus scrofa leucomystax*) infected with the giant thorny-headed worm (*Macracanthorhynchus hirudinaceus*) on the mainland of Japan (Honshu). **Parasitology Research** 117:2315–2322.

Kelly DW, Paterson RA, Townsend CR, Poulin R, Tompkins DM (2009) Parasite spillback: a neglected concept in invasion ecology? **Ecology** 90:2047-2056. doi: 10.1890/08-1085.1

Kumschick S, Gaertner M et al. (2015) Ecological impacts of alien species: quantification, scope, caveats, and recommendations. **BioScience** 65:55-63. doi: 10.1093/biosci/biu193

Lahmar S, Togerson PR, et al. (2019) Cystic echinococcosis and other helminth infections of wild boar in northeastern and northwestern regions of Tunisia. **Parasitology** 146:1263-1274. doi: 10.1017/S0031182019000532

Leuckart R (1876) **Die Menschlichen Parasiten und die von ihnen herrührenden Krank-heiten**. Leipzig.

Lichtenfels JR, Tromba FG (1972) The morphogenesis of *Stephanurus dentatus* (Nematoda: Strongylina) in swine with observations on larval migration. **The Journal of Parasitology** 757-766. doi: 10.2307/3278309

Lin RQ, Zhu XQ et al. (2007) Characterization of *Oesophagostomum* spp. from pigs in China by PCR-based approaches using genetic markers in the internal transcribed spacers of ribosomal DNA. **Parasitology Research** 101:351-356.

Lin RQ, Liu GH et al. (2012). *Oesophagostomum dentatum* and *Oesophagostomum quadrispinulatum*: characterization of the complete mitochondrial genome sequences of the two pig nodule worms. **Experimental Parasitology** 131:1-7.

Lin RQ, Liu GH et al. (2012) Sequence variability in three mitochondrial genes between the two pig nodule worms *Oesophagostomum dentatum* and *O. quadrispinulatum*. **Mitochondrial DNA** 23:182-186.

Lin RQ, Shu L (2014) Characterization of the intergenic spacer rDNAs of two pig nodule worms, *Oesophagostomum dentatum* and *O. quadrispinulatum*. **The Scientific World Journal**.

Lisitsyna OI (2019) **Fauna of Ukraine**. Acanthocephala. Kyiv: Naukova Dumka p. 1–223.

Little MD (1966) Comparative morphology of six species of *Strongyloides* (Nematoda) and redefinition of the genus. **The Journal of Parasitology** 69-84.

Liu GH, Gasser RB et al. (2012) Clear genetic distinctiveness between human-and pig-derived *Trichuris* based on analyses of mitochondrial datasets. **PLoS Neglected Tropical Diseases** 6:e1539.

Lowe S, Browne, M, Boudjelas S, De Poorter M (2000) 100 of the world's worst invasive alien species: a selection from the global invasive species database. **World Conservation Union (IUCN)** 11:6. Disponível em: [issg.org/pdf/publications/worst\\_100/english\\_100\\_worst.pdf](http://issg.org/pdf/publications/worst_100/english_100_worst.pdf) (acesso em 01 de janeiro de 2022)

Mansouri M, Sarkari B, Mowlavi GR (2016) Helminth parasites of wild boars, *Sus scrofa*, in Bushehr Province, Southwestern Iran. **Iranian Journal of Parasitology** 11:377–382.

Marbuah G, Gren IM, McKie B (2014) Economics of harmful invasive species: a review. **Diversity** 6:500-523. doi: 10.3390/d6030500

Marques S, Sato J, Barcellos D (2016) Parasitos Intestinais de Javalis (*Sus Scrofa*) Criados Na Região Sul Do Brasil. **Ars Veterinaria** 32:31-34.

McKenzie ME, Davidson WR (2013) Helminth Parasites of Intermingling Axis Deer, Wild Swine and Domestic Cattle from the Island of Molokai, Hawaii. **Journal of Wildlife Diseases** 25:252–257.

Meekums H, Hawash MB et al. (2015) A genetic analysis of *Trichuris trichiura* and *Trichuris suis* from Ecuador. **Parasites & Vectors** 8:1-5.

Mennerich-Bunge B, Pohlmeier K, Stoye M (1993) The helminth fauna of wild boars of the West Berlin forests. **Berliner und Munchener Tierarztliche Wochenschrift** 106:203-207.

Mesa-Cruz JB, Brown JL, Waits LP, Kelly MJ (2016) Non-invasive genetic sampling reveals diet shifts, but little difference in endoparasite richness and faecal glucocorticoids, in Belizean felids inside and outside protected areas. **Journal of Tropical Ecology** 32:226-239. doi: 10.1017/S0266467416000213

Mezo M, González-Warleta M, Castro-Hermida JA, Manga-González MY, Peixoto R, Mas-Coma S, Valero, M. A (2013) The wild boar (*Sus scrofa* Linnaeus, 1758) as secondary reservoir of *Fasciola hepatica* in Galicia (NW Spain). **Veterinary Parasitology** 198:274–283.

Meyer A (1932–1933) **Acanthocephala**. Akademische Verlagsgesellschaft p.1–582.

Miller MA, Kinsella JM, Snow RW, Hayes MM, Falk BG, Reed RN, Mazzotti FJ, Guyer C, Romagosa CM (2018) Parasite spillover: indirect effects of invasive Burmese pythons. **Ecology and Evolution** 8:830-840. doi: 10.1002/ece3.3557

Molin R (1860) **Una monografía del genere Spiroptera**. Hof-und Staatsdruckerei p.911-1005.

Moratal S, Ruíz de Ybáñez R, Barroso P, Granados, J. E.; Höfle, U.; Martínez-Carrasco C, Acevedo P, Vicente J (2018) High prevalence and intensity of *Stephanurus dentatus* in a population of wild boar (*Sus scrofa*) in south western Spain. **Veterinary Journal** 240:47–49.

Moretta I, Veronesi F, Di Paola R, Battistacci L, Moretti A (2011) Indagine parassitologica in cinghiali (*Sus scrofa*) cacciati nella stagione venatoria 2009-2010 in Umbria (Italia centrale). **Large Animal Review** 17:187–192.

Mundim MJS, Mundim AV, Santos ALQ, Cabral DD, Faria ESM, Moraes FM (2004) Helminhos e protozoários em fezes de javalis (*Sus scrofa scrofa*) criados em cativeiro. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia** 56(6):792–795.

Nanev V, Mutafova T, Todev I, Hrusanov D, Radev V (2007) Morphological characteristics of Nematodes of the *Globocephalus* genus prevalent among wild boars from various regions of Bulgaria. **Bulgarian Journal of Veterinary Medicine** 10:103-111.

Nosal P, Kowal J, Nowosad B (2010) Structure of Metastrongylidae in wild boars from southern Poland. **Helminthologia** 47(4):212–218.

Okoro CK, Wilson BS, Lorenzo-Morales J, Robinson RD (2016) Gastrointestinal helminths of wild hogs and their potential livestock and public health significance in Jamaica. **Journal of Helminthology** 90:139–143.

Oliveros R, Cutillas C, Arias P, Guevara D (1998) Morphologic, biometric and isoenzyme characterization of *Trichuris suis*. **Parasitology Research** 84:513-515.

Opinions and declarations rendered by the International Commission on Zoological Nomenclature. International Commission on Zoological Nomenclature. London: 1943-1955.

Ozerskaya VN (1930) **Ascarid diseases in the digestive tract of pigs and their importance in the pigbreeding**. Moscow: Selhoozgis 128 p.

Padial JM, Miralles A, De la Riva I, Vences M (2010) The integrative future of taxonomy. **Frontiers in Zoology** 7:1-14. doi: 10.1186/1742-9994-7-16

Pallas PS (1781) **Bemerkungen über die Bandwürmer in Menschen und Thieren**. Neue Nordische Beyträge zur Physikalischen und Geographischen Erd- und Völkerbeschreibung, Naturgeschichte und Oekonomie. St. Petersburg p.39–112.

Panayotova-Pencheva M, Dakova V (2018) Studies on the gastrointestinal and lung parasite fauna of wild boars (*Sus scrofa scrofa* L.) from Bulgaria. **Annals of Parasitology** 64:379–384.

Paoletti B, Della Salda L, Di Cesare A, Iorio R, Vergara A, Fava C, Olivastrì A, Dessì G, Scala A, Varcasia A (2019). Epidemiological survey on cystic echinococcosis in wild boar from Central Italy. **Parasitology Research** 118:43–46.

Papini RA, Vannucci S, Rocchigiani G, Nardoni S, Mancianti F (2018) Prevalence of *Toxoplasma gondii* and potentially zoonotic helminths in wild boars (*Sus Scrofa*) hunted in central Italy. **Macedonian Veterinary Review** 41:83–93

Poelvoorde J (1978) Some characteristics of a laboratory produced strain of *Oesophagostomum dentatum*. **Veterinary Parasitology** 4:369-376.

Schwartz B (1926) A possible new source of infection of man with *Trichuris*, with a consideration of the question of physiological varieties among helminths. **Archiv fur Schiffs und Tropenhygiene** 9:544-577.

Pauling CD, Oller AR, Jackson V (2016) Fecal parasite identification by microscopy and PCR in scimitar-horned oryx, *Oryx dammah*, managed at two sites. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife** 5:312-320.

Pence DB, Warren RJ, Ford CR (1988) Visceral helminth communities of an insular population of feral swine. **Journal of Wildlife Diseases** 24:105–112.

Petrochenko VI (1958) **Acanthocephala of domestic and wild animals**. Moscow: Izdatel'stvo Akademii Nauk USSR. 478 p.

Pimentel D, Zuniga R, Morrison D (2005) Update on the environmental and economic costs associated with alien-invasive species in the United States. **Ecological Economics** 52:273-288. doi: 10.1016/j.ecolecon.2004.10.002

Pinheiro RHDS, Melo S, Benigno RNM, Giese EG (2021) *Globocephalus urosubulatus* (Alessandrini, 1909) (Nematoda: Ancylostomatidae) in Brazil: a morphological revisitation. **Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária** 30. doi: 10.1590/S1984-29612021078

Poulin R, Paterson RA, Townsend CR, Tompkins DM, Kelly DW (2011) Biological invasions and the dynamics of endemic diseases in freshwater ecosystems. **Freshwater Biology** 56:676-688. doi: 10.1111/j.1365-2427.2010.02425.x

Poulin R, Presswell B (2016) Taxonomic quality of species descriptions varies over time and with the number of authors, but unevenly among parasitic taxa. **Systematic Biology** 65:1107-1116. doi: 10.1093/sysbio/syw053

Poulin R, Hay E, Jorge F (2019) Taxonomic and geographic bias in the genetic study of helminth parasites. **International Journal for Parasitology** 49:429-435. doi: 10.1016/j.ijpara.2018.12.005

Prenter J, MacNeil C, Dick JT, Dunn AM (2004) Roles of parasites in animal invasions. **Trends in Ecology & Evolution** 19:385-390. doi: 10.1016/j.tree.2004.05.002

Rajković-Janje R, Bosnić S, Rimac D, Dragičević P, Vinković B (2002) Prevalence of helminths in wild boar from hunting grounds in eastern Croatia. **Zeitschrift Fur Jagdwissenschaft** 48:261–270.

Rashid MH, Gebrekidan H, Jabbar A (2018) Multiplexed-tandem PCR (MT-PCR) assay to detect and differentiate gastrointestinal nematodes of alpacas. **Parasites & Vectors** 11:1-6. doi: 10.1186/s13071-018-2963-9

Rudolphi KA (1819) **Entozoorum synopsis: cui accedunt mantissa duplex et indices locupletissimi**. Rücker.

Said Y, Gharbi M, Mhadhbi M, Dhibi M, Lahmar S (2018) Molecular identification of parasitic nematodes (Nematoda: Strongylida) in feces of wild ruminants from Tunisia. **Parasitology** 145:901-911. doi: 10.1017/S0031182017001895

Sato H, Suzuki K, Yokoyama M (2008) Visceral helminths of wild boars (*Sus scrofa leucomystax*) in Japan, with special reference to a new species of the genus *Morgascaridia* Inglis, 1958 (Nematoda: Schneidernematidae). **Journal of Helminthology** 82:159–168.

Schindler S, Staska B, Adam M, Rabitsch W, Essl F (2015) Alien species and public health impacts in Europe: a literature review. **NeoBiota** 27. doi: 10.3897/neobiota.27.5007

Schwartz B, Alicata JE (1930) Species of the Nematode Genus *Strongyloides* Parasitic in Domestic Swine. **Journal of Agricultural Research** 40:11-23.

Seebens H, Blackburn TM et al. (2017) No saturation in the accumulation of alien species worldwide. **Nature Communications** 8:1-9. doi: 10.1038/ncomms14435

Seesao Y, Gay M, Merlin S, Viscogliosi E, Aliouat-Denis C M, Audebert C (2017) A review of methods for nematode identification. **Journal of Microbiological Methods** 138:37-49. 10.1016/j.mimet.2016.05.030

Senlik B, Cirak VY, Girisgin O, Akyol CV (2011) Helminth infections of wild boars (*Sus scrofa*) in the Bursa province of Turkey. **Journal of Helminthology** 85:404-408.

Shender LA, Botzler RG, George TL (2002) Analysis of Serum and Whole Blood Values in Relation to Helminth and Ectoparasite Infections of Feral Pigs in Texas. **Journal of Wildlife Diseases** 38:385–394.

Silva D, Müller G (2013a) Parasitic helminths of the digestive system of wild boars bred in captivity. **Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária** 22(3):433–436.

Silva D, Müller G (2013b) Parasites of the respiratory tract of *Sus scrofa scrofa* (wild boar) from commercial breeder in southern Brazil and its relationship with *Ascaris suum*. **Parasitology Research** 112(3):1353–1356.

Skrjabin K (1921) Skrjabin La Stéphanurose des porcs et son agent. **Bulletin de la Société de Pathologie Exotique** 14:47-53

Spakulová M (1994) Discriminant analysis as a method for the numerical evaluation of taxonomic characters in male trichurid nematodes. **Systematic Parasitology** 29:113-119.

Stojanov I, Pavlović I, Pušić I, Prodanov-Radulović J, Ratajac R, Marčić D, Savić, B. (2018) Determination of endoparasites by faecal examination in the wild boar population in vojvodina (Serbia). **Macedonian Veterinary Review** 41:39–46.

Taraschewski H (2006) Hosts and parasites as aliens. **Journal of Helminthology** 80:99-128. doi: 10.1079/JOH2006364

Tarczyński S. (1961) **A Study of the Morphology and Developmental Cycle of the European Form of *Strongyloides Ransomi* Schwarz and Alicata, 1930**. National Science Foundation and the Department of Agriculture on the order of Centralny Instytut Informacji Naukowo-Technicznej i Ekonomiczne.

Tenora F, Hovorka I, Hejlková D (1988) A supplement to the scanning electron microscopy of some *Trichocephalus* spp. (Nematoda). **Helminthologia** 25:227-234.

Sarwar MM (1959) Reconstruction of the genus *Trichuris* and a short review of its taxonomy and morphology. **Biología (Lahore)** 5:19-35.

Travassos L (1917) **Contribuições para o conhecimento da fauna helmintológica brasileira**. VI. Revisao dos acantocefalos brasileiros. Parte I. Fam. Gigantorhynchidae Hamann, 1892. Memórias do Instituto Oswaldo Cruz p. 5–62.

Weber M, Wey-Fabrizius AR, Podsiadlowski L, Witek A, Schill RO, Sugár L, Herlyn H, Hankeln T (2013). Phylogenetic analyses of endoparasitic Acanthocephala based on mitochondrial genomes suggest secondary loss of sensory organs. **Molecular Phylogenetics and Evolution** 66:182-189.

Webster WA, Speckmann G (1977) The description of a gubernaculum in *Ascarops strongylina* (Rudolphi, 1819) (Spiruroidea) and a note on the recovery of this nematode from a bird. **Canadian Journal of Zoology** 55: 310-313.

Wilcove DS, Rothstein D, Dubow J, Phillips A, Losos E (1998) Quantifying threats to imperiled species in the United States. **BioScience** 48:607-615. doi: 10.2307/1313420

Wimmer B, Craig BH, Pilkington JG, Pemberton JM (2004) Non-invasive assessment of parasitic nematode species diversity in wild Soay sheep using molecular markers. **International Journal for Parasitology** 34:625-631. doi: 10.1016/j.ijpara.2003.11.022

Xu PR (1980) Studies on kidney worm diseases of swine. I. Morphological studies of *Stephanurus dentatus* Diesing, 1839 with a description of a new species. **Annual Bulletin of the Society of Parasitology** 2:68-71.

Young HS, Parker IM, Gilbert GS, Guerra AS, Nunn CL (2017) Introduced species, disease ecology, and biodiversity–disease relationships. **Trends in Ecology & Evolution** 32:41-54. doi: 10.1016/j.tree.2016.09.008

Zarlenga DS, Rosenthal BM, La Rosa G, Pozio E, Hoberg E P (2006) Post-Miocene expansion, colonization, and host switching drove speciation among extant nematodes of the archaic genus *Trichinella*. **Proceedings of the National Academy of Sciences** 103:7354-7359.

## **CAPÍTULO 2 - A taxonomia integrativa revela que parasitas de javalis são representados por Nematoda e Acantocephala relacionados a suínos domésticos**

**RESUMO** - O javali é uma espécie invasora e seu abate foi autorizado e regulamentado no Brasil em 2013. A investigação do perfil sanitário e epidemiológico destas populações no país é uma das ações previstas para o controle e monitoramento da espécie. Os parasitas estão frequentemente relacionados ao sucesso e à gravidade das invasões biológicas e a taxonomia integrativa tem se tornado uma das práticas mais aceitas para caracterizar espécies de helmintos. Sendo assim, objetivou-se identificar os helmintos encontrados em javalis asselvajados e obter sequências de genes de interesse taxonômico destes parasitas. Sessenta e um javalis foram abatidos no norte do Estado de São Paulo e helmintos foram recuperadas dos tratos gastrointestinal e urinário. A partir da análise morfológica e da inferência filogenética bayesiana dos genes 18S rRNA e 28S rRNA e do espaçador interno transcrito (ITS), as seis espécies de nematódeos foram identificadas como *Ascarops strongylina*, *Strongyloides ransomi*, *Globocephalus urosubulatus*, *Oesophagostomum dentatum*, *Trichuris suis* e *Stephanurus dentatus* e a espécie de acantocéfalo foi identificada como *Macracanthorhynchus hirudinaceus*. Traz-se descrições morfológicas detalhadas de todas as sete espécies e sequências de pelo menos um gene de interesse taxonômico de todas elas, bem como cinco sequências inéditas, três de *G. urosubulatus* (genes 18S e 28S e região ITS rDNA), duas de *A. strongylina* (genes 18S e 28S rDNA) e uma de *S. dentatus* (região ITS rDNA). Estes resultados sugerem que as populações asselvajadas de javalis do Estado de São Paulo mantiveram alguns dos seus parasitas típicos comuns a suínos e não atuaram como hospedeiros de captura de nenhuma espécie nativa da região Neotropical.

**Palavras-chave:** Acantocephala, fauna invasora, javali, Nematoda, Suidae

## 1. Introdução

O javali (*Sus scrofa* Linnaeus, 1758) foi listado como uma das 100 espécies invasoras mais danosas no mundo (Lowe et al. 2000). Estes animais são registrados no Brasil desde o século XV (Donkin, 1985), porém o reconhecimento da invasão ocorreu apenas no final da década de 1990 (IBAMA, 1998abc). Os javalis foram caracterizados como espécie nociva em 2013, com abate autorizado e regulamentado como parte do Plano Javali. Uma das ações previstas no plano é investigar o perfil sanitário e epidemiológico das populações de javali, e seus impactos à Saúde Única no Brasil (Brasil, 2017).

Parasitas podem facilitar ou dificultar a propagação de espécies invasoras por meio de mecanismos conhecidos como *spillover*, *spillback*, *enemy release* e da diluição do risco de infecção para espécies nativas (Prenter et al., 2004; Taraschewski, 2006; Dunn, 2009; Kelly et al., 2009; Poulin et al., 2011; Dunn e Hatcher, 2015; Dunn et al., 2012). Os parasitas também podem ser introduzidos em novas áreas sem os seus hospedeiros originais; como acontece com algumas doenças emergentes (Hatcher et al., 2012; Estrada-Peña et al., 2014; Hulme, 2014).

Tradicionalmente a identificação de helmintos é baseada na aviação de características morfológicas particulares (Seesao et al., 2017), mas estas são por vezes limitadas (Miller et al., 2017), especialmente quando a amostragem invasiva de hospedeiros para a aquisição de espécimes adultos não é uma opção (Wimmer et al., 2004; Criscione et al., 2005). Estudos morfológicos requerem alto nível de especialização e são suscetíveis a erro humano (Pauling et al., 2016; Said et al., 2017; Seesao et al., 2017). A identificação incorreta prejudica a compreensão das alterações nas relações parasita-hospedeiro em decorrência de invasões biológicas (Miller et al., 2017).

A taxonomia molecular é uma técnica rápida, reproduzível e altamente sensível, aplicável aos diversos estágios do ciclo de vida dos parasitas que permite a identificação de helmintos, incluindo-se aqueles de morfologia indistinguível sob microscopia de luz (Mesa-Cruz et al., 2016; Pauling et al., 2016; Huggins et al., 2017; Said et al., 2017; Seesao et al., 2017). É uma ferramenta necessária à identificação

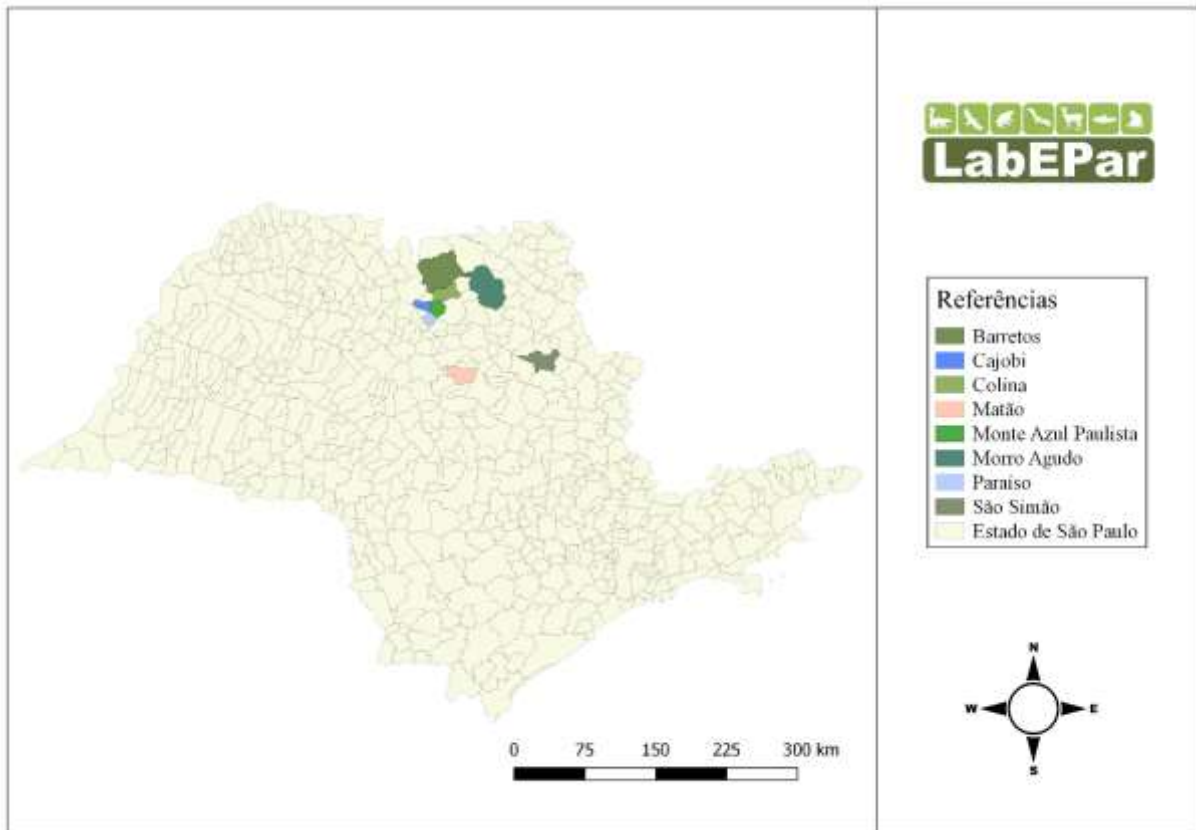
inequívoca de espécies de helmintos e à melhor compreensão de sua distribuição e de sistemas multi-hospedeiro/multi-parasita (Said et al., 2017).

Recentemente, a análise combinada de caracteres morfológicos e moleculares tem se tornado uma das práticas mais aceitas para caracterizar espécies de helmintos por se enquadrar aos princípios da taxonomia integrativa (Dayrat, 2005; Padial et al., 2010; Blasco-Costa et al., 2016; Poulin & Presswell, 2016; Rashid et al., 2018; Poulin et al., 2019, Karadjian et al., 2020). Levando em consideração a necessidade crescente de compreender as implicações das espécies invasoras e seus parasitas no equilíbrio dos ecossistemas e na saúde humana e animal, o presente estudo faz uso de taxonomia integrativa para descrever os helmintos encontrados em javalis asselvajados abatidos no norte do estado de São Paulo, sudeste do Brasil, obter sequências de genes de interesse taxonômico destes parasitas e traçar inferências filogenéticas a partir delas.

## **2. Material e métodos**

### **2.1 Área de Estudo**

O estudo foi realizado em oito cidades das mesorregiões de Ribeirão Preto, Araraquara e São José do Rio Preto, localizadas no norte do estado de São Paulo, e abrangeu uma área de aproximadamente 43.000 Km<sup>2</sup> (Figura 1). A soma da população estimada destes municípios é de 327.000 pessoas (IBGE, 2010). O setor agropecuário predomina na economia local, destacando-se as lavouras de cana-de-açúcar, laranja, borracha, soja, milho, amendoim, tomate, a bovinocultura de corte e a avicultura (São Paulo, 2012). A cobertura vegetal da área de estudo é de transição entre os biomas Cerrado e Mata Atlântica, e o clima é subtropical úmido (classificação climática de Köppen).



**Figura 1.** Municípios do Estado de São Paulo onde os javalis do presente estudo foram abatidos: Barretos, Colina, Monte Azul Paulista, Morro Agudo e São Simão (mesorregião de Ribeirão Preto); Cajobi e Paraíso (mesorregião de São José do Rio Preto); Matão (mesorregião de Araraquara).

## 2.2 Obtenção das Amostras

Sessenta e um javalis foram abatidos entre abril de 2019 e outubro de 2021 por controladores de fauna invasora certificados. O sexo dos animais foi identificado e a idade estimada conforme a erupção dentária (Magnell e Carter, 2007). Os órgãos foram removidos em bloco, embalados em sacos plásticos, identificados, armazenados em caixas isotérmicas com gelo e encaminhados imediatamente ao Laboratório de Enfermidades Parasitárias (LabEPar) do Departamento de Patologia, Reprodução e Saúde Única (DPRSU) da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), da Universidade Estadual Paulista (Unesp), Campus de Jaboticabal, São Paulo, Brasil, e prontamente processados.

## 2.3 Identificação Morfológica dos Helmintos

Rins, ureteres, bexiga, gordura perirrenal e fígado foram dissecados e inspecionados macroscopicamente para a presença de helmintos. O trato gastrointestinal foi separado em segmentos anatômicos (estômago, intestino delgado e intestino grosso) e seccionado longitudinalmente. O conteúdo e a mucosa dos segmentos foram lavados em água corrente sobre tamises de malha metálica de 100 µm. Alíquotas do material retido nos tamises e os helmintos encontrados ao exame macroscópico foram acondicionados em frascos contendo álcool 70% para posterior separação e identificação com auxílio de microscópio estereoscópico Leica EZ4 HD (Leica Microsystems Limited). Todos os helmintos recuperados foram então fixados em álcool absoluto (Merk, GE) e armazenados a -20°C até seu processamento. Para identificação morfológica foram utilizadas as chaves propostas por Yamaguti (1963), Vicente et al. (1997), Richardson (2005) e Anderson et al. (2009). Para tanto, 20 espécimes adultos de cada espécie (10 machos e 10 fêmeas), a menos que descrito o contrário, foram clarificados em solução de ácido acético a 80% e diafanizados em creosoto vegetal, se necessário. Montou-se então os espécimes em lâminas temporárias para observação em microscópio óptico (Olympus BX-51) equipado com uma câmera digital Olympus BX-51 QColor3 (Olympus America Inc., Pensilvânia, EUA), com a qual fotomicrografias foram obtidas e processadas utilizando-se o software Image-Pro Plus (Media Cybernetics Inc., Bethesda, Maryland, EUA). As informações morfométricas obtidas são dadas em milímetros e compostas de média  $\pm$  desvio padrão.

## 2.4 Análise Molecular

### 2.4.1 Extração de DNA

DNA genômico foi extraído de um espécime adulto macho de cada uma das espécies de parasitas identificadas morfolologicamente, com exceção de *Strongyloides ransomi*, para o qual utilizou-se uma fêmea partenogenética. Os espécimes selecionados para a extração foram lavados individualmente com PBS pH 7,4

esterilizado, transferidos para microtubos de 1,5 µL contendo 50 µL de tampão ATL do kit DNeasy Blood & Tissue (Qiagen, Hilden, Alemanha), onde foram macerados com hastes plásticas esterilizadas. Posteriormente, *beads* de vidro tratadas com Triton X-100, 130 µL do tampão ATL, 20 µL de proteinase K foram acrescentados aos microtubos. O restante da extração procedeu-se conforme o protocolo do fabricante do kit. A análise da concentração e qualidade do DNA, cuja relação da absorbância entre os comprimentos de onda de 260 e 280 nm desejável é entre 1,8 e 2,0 (Sambrook & Russell, 2001), foi realizada mediante a utilização do espectrofotômetro NanodropOne (Thermo Fisher Scientific) e os produtos da extração foram armazenados a -20° C até a amplificação por PCR convencional.

#### 2.4.2 Amplificação do DNA

Foram amplificadas três regiões ribossomais (18S, ITS1-5.8S-ITS2 e 28S) utilizando-se os oligonucleotídeos iniciadores presentes na Tabela 1. As reações de amplificação foram compostas por tampão 1X (KCl 50mM, TRIS-HCl 200mM, pH 8,4); 50mM de MgCl<sub>2</sub>; 10mM de dNTP's; 0,5U de Platinum Taq DNA polimerase (Invitrogen); 5 pmol de cada primer Forward e Reverse; 60 ng de DNA genômico e água ultrapura para completar um volume final de 20 µL. As amplificações ocorreram em um termociclador Nexus (Eppendorf) programado para realizar um ciclo a 95°C por 3 minutos, 35 ciclos a 94°C por 40 segundos, temperatura de anelamento dos oligonucleotídeos iniciadores (Tabela 1) por 30 segundos, e 72°C por 50 segundos, seguido de um ciclo final a 72°C por 10 minutos.

**Tabela 1.** Descrição dos oligonucleotídeos iniciadores utilizados nas reações de PCR.

Nematoda					
Região	Nome	T°C	pb	Sequência	Referência
18S1 rRNA	<b>988-F</b> <b>1912-R</b>	50°C	1500	5'- CTCAAAGATTAAGCCATGC-3' 5'- TTTACGGTCAGAACTAGGG-3'	Holterman et al., 2006
18S2 rRNA	<b>1813-F</b> <b>2646-R</b>	52°C	1500	5'-CTGCGTGAGAGGTGA AAT-3' 5'-GCTACCTTGTACGACTTTT-3'	
ITS1 5.8S ITS2	<b>NC5-F</b> <b>NC2-R</b>	54,5°C	800	5'-GTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT-3' 5'-TTAGTTTCTTTTCCCGCT-3'	Gasser et al., 1993
28S rRNA	<b>D2A-F</b> <b>D3B-R</b>	56°C	770	5'-ACAAGTACCGTGAGGGAAAGTTG-3' 5'-TCGGAAGGAACCAGCTACTA-3'	De Ley et al., 1999

<b>Acantocephala</b>					
ITS1 5.8S ITS2	<b>LSU-5-F</b> <b>1500R-R</b>	56°C	1400	5'-TAGGTCGACCCGCTGAAYTTAAGCA-3' 5'-GCTATCCTGAGGGAACTTCG-3'	Olson et al., 2003
28S	<b>BD1-F</b> <b>BD2-R</b>	49°C	850	5'-GTCGTAACAAGGTTTCCGTA-3' 5' -TATGCTTAAATTCAGCGGGT-3'	Luton et al., 1992

Para verificação da amplificação, os produtos de PCR foram submetidos à eletroforese em gel de agarose 1%, corados com brometo de etídio e visualizados em um fotodocumentador GeldocXR (Biorad). Quando houve a presença de bandas inespecíficas, procedeu-se a purificação da banda de interesse por excisão do gel de agarose e posterior purificação com o kit Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System (Promega) de acordo com instruções do fabricante. Os demais produtos de PCR que apresentaram uma única banda foram purificados diretamente do microtubo utilizando-se o mesmo kit citado anteriormente. Os produtos de PCR purificados foram submetidos à PCR de sequenciamento utilizando-se o kit BigDye Terminator v3.1 (Applied Biosystems), conforme instruções do fabricante. O sequenciamento foi realizado por eletroforese de capilar em um sequenciador ABI3130 (Applied Biosystems) pelo método de Sanger (Sanger et al., 1977).

### 2.4.3 Análise Filogenética

Os eletroferogramas gerados no sequenciamento foram submetidos ao pacote de programas Phred/Phrap/Consed (Green, 1996; Ewing e Green, 1998; Gordon, Abajian e Green, 1998) para verificação da qualidade de bases e corte das extremidades das sequências, levando-se em consideração bases com qualidade Phred igual ou superior a 20. As sequências qualificadas foram comparadas a outras sequências depositadas no banco de dados do NCBI (National Center for Biotechnology Information) por meio da ferramenta BLAST (Altschul et al., 1990). Para obtenção da árvore filogenética, as sequências obtidas neste estudo e sequências depositadas no NCBI (Tabela 2) foram alinhadas utilizando-se a ferramenta MUSCLE (Edgar, 2004).

**Tabela 2.** Principais identidades genéticas das sequências 18S rRNA, ITS1-5.8S-ITS2 e 28S rRNA dos tratos gastrointestinal e urinário de javalis com sequências depositadas no banco de dados do NCBI.

Espécime	pb	Espécie (hospedeiro, localidade)	Identidade	E value*	Query Cover	Nº Acesso NCBI
<b>Nematoda</b>						
<b>18S rRNA</b>						
<i>A. strongylina</i>	1773	<i>Streptopharagus</i> sp. ( <i>Macaca mulata</i> , Guilin, China)	98,71%	0.0	100%	HM067977
<i>S. ransomi</i>	1539	<i>S. ransomi</i> ( <i>Sus scrofa</i> , Wakayama, Japão)	99,94%	0.0	80%	AB453327
<i>G. urosubulatus</i>	1599	<i>Ancylostoma caninum</i> ( <i>Canis familiaris</i> , não informado)	99%	0.0	99%	AJ920347
<i>O. dentatum</i>	753	<i>Oesophagostomum muntiacum</i> ( <i>Muntiacus reevesi</i> , Tokyo, Japão)	100%	0.0	100%	LC415112
<i>T. suis</i>	1728	<i>T. suis</i> ( <i>Sus scrofa domestica</i> , Espanha)	100%	0.0	100%	HF586905
<i>S. dentatus</i>	1587	<i>S. dentatus</i> (Não informado)	100%	0.0	100%	MW979564
<b>ITS1-5.8S-ITS2</b>						
<i>G. urosubulatus</i>	790	<i>Ancylostoma caninum</i> ( <i>Canis lupus familiaris</i> , EUA)	90,58%	0.0	100%	JQ812694
<i>O. dentatum</i>	726	<i>O. dentatum</i> ( <i>Sus scrofa</i> , Yangjiang, China)	99,86%	0.0	94%	AJ619979
<i>S. dentatus</i>	580	<i>Strongylus edentatus</i> ( <i>Equus asinus</i> , Henan, China)	83,42%	6e-151	78%	KP693438
<b>28S rRNA</b>						
<i>A. strongylina</i>	991	<i>Cylicospirura petrowi</i> ( <i>Felis silvestris</i> , Taunus, Alemanha)	89,29%	0.0	100%	KM434335
<i>G. urosubulatus</i>	605	<i>Ancylostoma caninum</i> ( <i>Canis familiaris</i> , não informado)	98,84%	0.0	100%	AM039739
<i>O. dentatum</i>	599	<i>Oesophagostomum muntiacum</i> ( <i>Muntiacus reevesi</i> , Tokyo, Japão)	99,00%	0.0	99%	LC415112
<i>S. dentatus</i>	621	<i>S. dentatus</i> ( <i>Sus scrofa</i> , não informado)	100%	0.0	100%	MW979564
<b>Acantocephala</b>						
<b>28S rRNA</b>						
<i>M. hirudinaceus</i>	1032	<i>M. hirudinaceus</i> ( <i>Sus scrofa leucomystax</i> , Yamaguchi, Japão)	98,55%	0.0	100%	LC350002
<b>ITS1-5.8S-ITS2</b>						
<i>M. hirudinaceus</i>	585	<i>M. hirudinaceus</i> ( <i>Sus scrofa leucomystax</i> , Yamaguchi, Japão)	94,41%	0.0	100%	LC350000

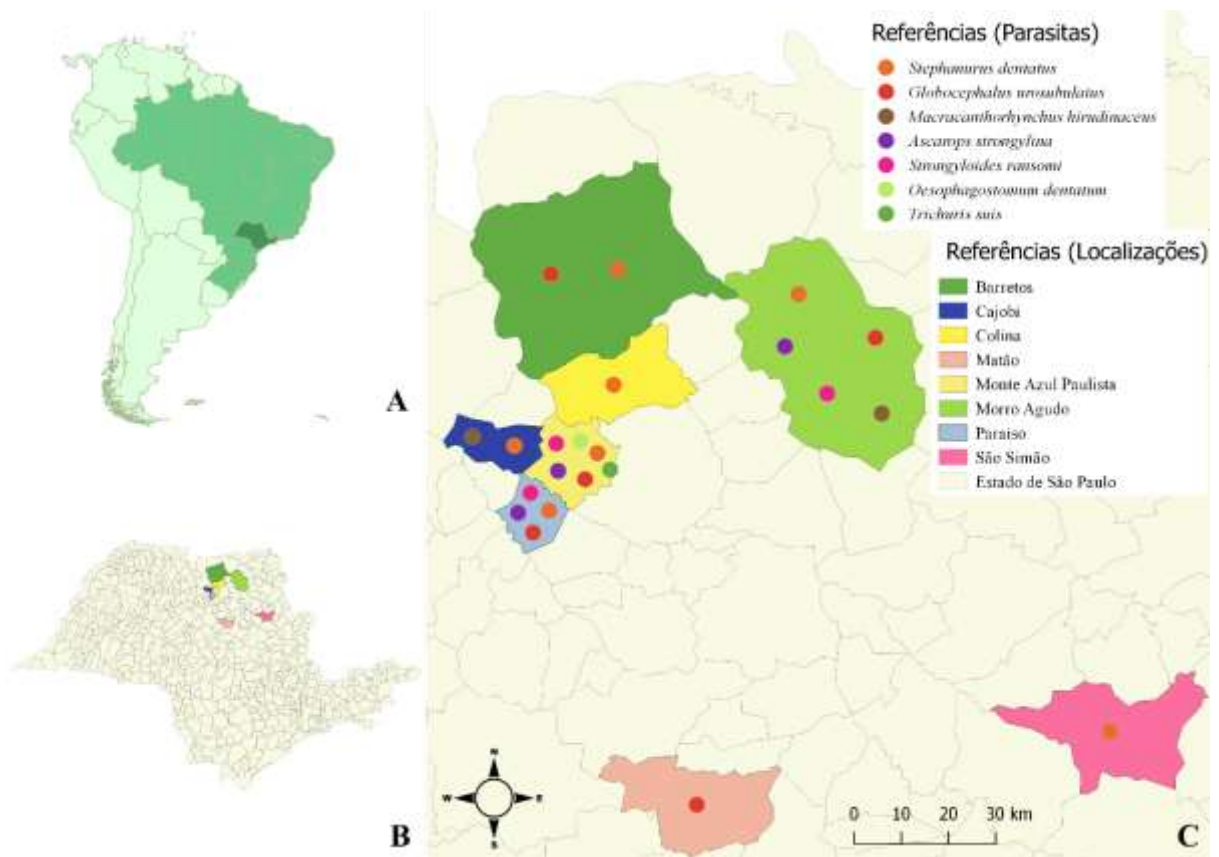
Para as análises filogenéticas, o melhor modelo evolutivo foi selecionado de acordo com o critério de informação de Akaike (AIC), utilizando-se a ferramenta ModelTest 3.7 (Posada e Crandall, 1998; Posada e Buckley, 2004). As árvores filogenéticas foram obtidas pela análise bayesiana utilizando-se o algoritmo Markov Chain Monte Carlo (MCMC), pelo software MrBayes 3.2.3 (Ronquist e Huelsenbeck, 2003). O modelo evolutivo utilizado foi correspondente ao tipo de substituição 6 e distribuição gamma. As análises foram realizadas em quatro cadeias com 5.000.000 de gerações, sendo as árvores amostradas a cada 100 gerações. Ao final das análises, obtendo-se desvio padrão inferior a 0,01, 25% das árvores geradas

inicialmente foram descartadas. Os filogramas obtidos foram editados graficamente pelo software Dendroscope 3 (Hudson e Scornavacca, 2012).

### 3. Resultados

Entre os 61 animais abatidos observaram-se 29 fêmeas e 32 machos. Doze animais foram classificados como leitões, 37 como jovens ou adultos jovens e 12 como adultos. Recuperaram-se helmintos de 42 dos animais abatidos, e observou-se coinfeção por pelo menos duas espécies em 30 (74%) animais, com dois javalis (12%) apresentando coinfeção por cinco espécies. Foram coletadas sete espécies de helmintos, sendo seis Nematoda: *Ascarops strongylina* (parasitando o Estômago), *Strongyloides ransomi*, *Globocephalus urosubulatus* (ambos parasitando o Intestino Delgado), *Oesophagostomum dentatum*, *Trichuris suis* (ambos parasitando o Intestino Grosso), e *Stephanurus dentatus* (parasitando rins, ureteres e gordura perirrenal); e um Acantocephala: *Macracanthorhynchus hirudinaceus* (parasitando o Intestino Delgado).

Nas cidades da mesorregião de Ribeirão Preto (Barretos, Colina, Monte Azul Paulista, Morro Agudo e São Simão), foram recuperados espécimes de todas as sete espécies encontradas neste estudo; nas cidades da mesorregião de São José do Rio Preto (Cajobi e Paraíso), foram recuperados espécimes de cinco espécies: *Ascarops strongylina*, *Globocephalus urosubulatus*, *Macracanthorhynchus hirudinaceus*, *Stephanurus dentatus* e *Strongyloides ransomi*; em Matão, cidade da mesorregião de Araraquara, foram recuperados espécimes de *Globocephalus urosubulatus* (Figura 2).



**Figura 2.** A- Mapa da América do Sul destacando a localização do Brasil e do estado de São Paulo. B- Mapa do estado de São Paulo destacando as cidades ao norte nas quais javalis foram abatidos por controladores de fauna para este estudo. C- Mapa da região norte do estado de São Paulo onde é discriminado que espécies foram encontradas por cidade: Barretos (*S. dentatus* e *G. urosubulatus*), Cajobi (*S. dentatus* e *M. hirudinaceus*), Colina (*S. dentatus*), Matão (*G. urosubulatus*), Monte Azul Paulista (*S. dentatus*, *G. urosubulatus*, *A.strongylina*, *S. ransomi*, *O. dentatum* e *T. suis*), Morro Agudo (*S. dentatus*, *G. urosubulatus*, *A.strongylina*, *S. ransomi*, *O. dentatum* e *M. hirudinaceus*), Paraíso (*S. dentatus*, *G. urosubulatus*, *A.strongylina*, *S. ransomi*) e São Simão (*S. dentatus*).

Todos os helmintos foram representados por espécimes maduros de ambos os sexos, com exceção de *Macracanthorhynchus hirudinaceus*, para o qual foram recuperadas três fêmeas adultas e quatro espécimes imaturos, e *Strongyloides ransomi*, cuja forma parasitária é composta apenas por fêmeas partenogênicas.

### 3.1 Análise Morfométrica

#### 3.1.1 *Ascarops strongylina* Rudolphi, 1819

##### Geral

Nematódeo de corpo fino (Figura 3), fusiforme, de coloração marrom-avermelhada *in vivo*. As fêmeas são maiores que os machos e a extremidade anterior é semelhante para ambos os sexos. A abertura oral é arredondada, com dois lábios trilobulados mal desenvolvidos. A cavidade bucal apresenta seis dentes. A partir da abertura oral, se inicia a faringe, que é reta e constituída por anéis em espiral. O esôfago é claviforme e dividido em duas porções: a muscular, que é anterior e curta, e a glandular, que é posterior e mais alongada. Duas papilas cervicais assimétricas, entre as quais localiza-se o anel nervoso. O poro excretor surge ligeiramente posterior ao anel nervoso e anterior à papila cervical direita.

##### Machos

Comprimento total  $13,4 \pm 0,73$ , largura corporal na junção do esôfago ao intestino  $0,336 \pm 0,005$ , comprimento da faringe  $0,10 \pm 0,01$ , comprimento do esôfago  $3,65 \pm 0,12$ , distância do poro excretor e do anel nervoso à extremidade anterior é de  $0,295 \pm 0,023$  e  $0,256 \pm 0,012$ , respectivamente. A extremidade posterior é curvada ventralmente e dotada de duas asas assimétricas com sulcos transversais ( $0,33 \pm 0,093$  de largura da maior asa caudal). Os espículos são dissimilares em comprimento e forma, sendo um longo e afilado, com  $2,940 \pm 0,151$  de comprimento, e o outro curto e mais largo, com  $0,515 \pm 0,117$  de comprimento. A cloaca apresenta ornamentação cuticular de margem serrilhada e sua distância à extremidade posterior é de  $0,25 \pm 0,037$ . O gubernáculo está situado em torno da cloaca e se parece com uma membrana triangular alongada, de comprimento  $0,071 \pm 0,08$  e largura  $0,054 \pm 0,01$ . Ao redor da cloaca existem vários pares de papilas genitais, sendo quatro pares pré-anais e um par pós-anal de papilas pedunculadas e cinco pares de papilas sésseis.

##### Fêmeas

Comprimento total  $17,945 \pm 1,09$ , largura corporal na junção do esôfago ao intestino  $0,375 \pm 0,033$ , comprimento da faringe  $0,11 \pm 0,008$ , comprimento do esôfago

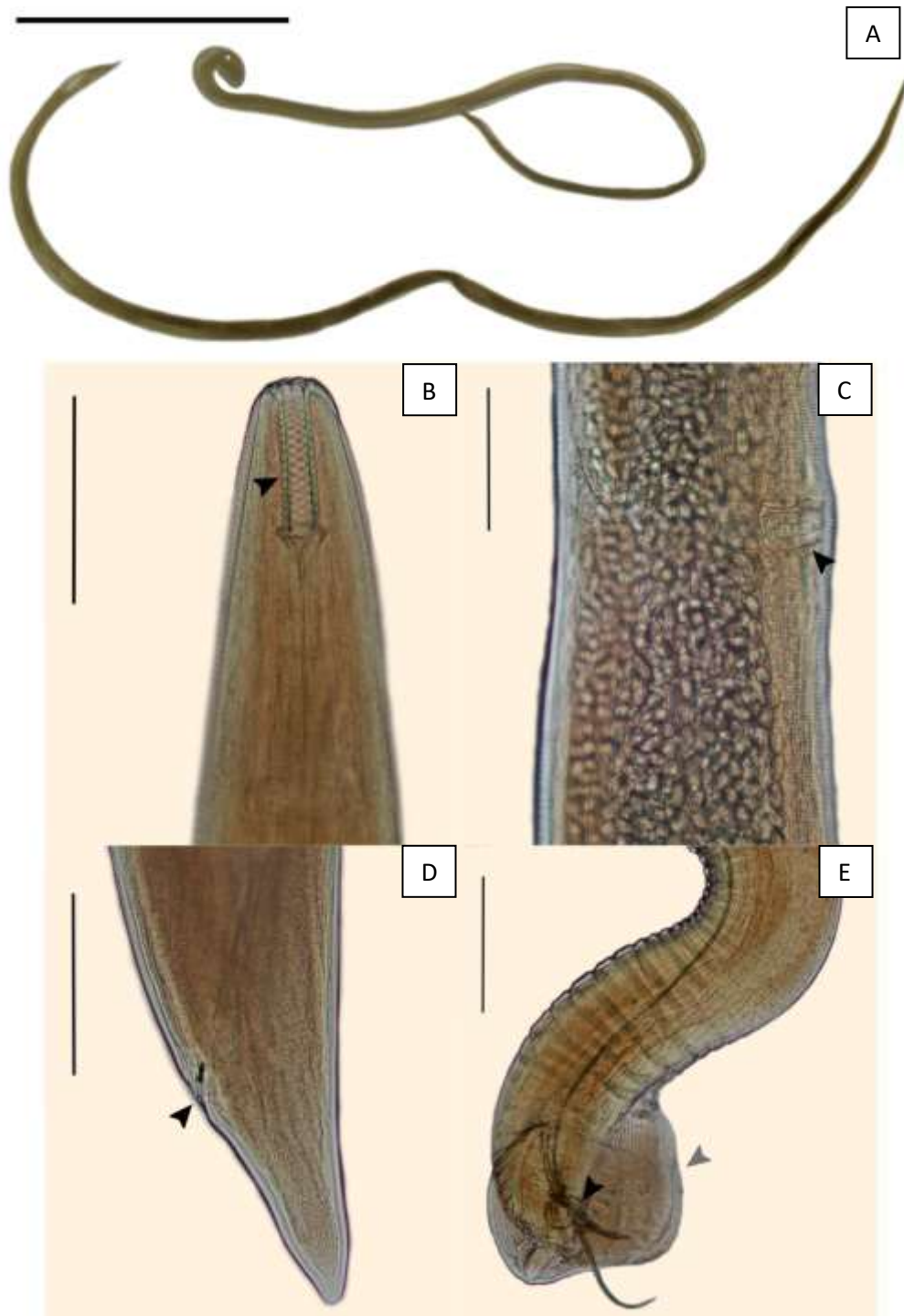
3,46 ± 0,48, distância do poro excretor e do anel nervoso à extremidade anterior de 0,417 ± 0,011 e 0,288 ± 0,03, respectivamente. O ovejetor é tubular e contém ovos embrionados, e a vulva (8,525 ± 0,60 de distância à extremidade anterior), é situada na porção média do corpo. A extremidade posterior é reta e a cauda é curta com uma ponta arredondada. A distância do ânus à extremidade posterior é de 0,305 ± 0,017.

Os dados morfométricos de *A. strongylina* deste estudo foram comparados aos de Shmytova (1963), Ganzorig et al. (1999) e Dakova e Panayotova-Pencheva (2017), e apresentados na Tabela 3.

**Tabela 3.** Dados morfométricos de *A. strongylina* por diferentes autores, apresentados em média ± desvio padrão, em milímetros.

	Presente estudo (n=10)	Shmytova, 1963	Ganzorig et al., 1999	Dakova e Panayotova- Pencheva, 2017
<b>Hospedeiro</b>	<i>Sus scrofa</i> <sup>S</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>D</sup>	<i>Myospalax psilurus</i>	<i>Sus scrofa</i> <sup>S</sup>
<b>Macho</b>				
Comprimento	13,4 ± 0,73	10,1 – 14,9	9,616 ± 0,5	12
Largura	0,336 ± 0,005	0,27 – 0,36	0,361 ± 0,041	0,33
Faringe	0,10 ± 0,01	0,08 – 0,1	0,096 ± 0,01	0,086
Esôfago	3,65 ± 0,12	2,34 – 3,7	2,565 ± 0,153	3,2
Poros excretor	0,295 ± 0,023	-	0,307 ± 0,038	-
Anel nervoso	0,256 ± 0,012	-	0,24 ± 0,027	-
Espículo menor	0,515 ± 0,117	0,5 – 0,6	0,544 ± 0,03	0,575
Espículo maior	2,940 ± 0,151	2,3 – 2,9	2,705 ± 0,116	2,1
Cloaca à posterior	0,25 ± 0,037	-	-	0,253
Gubernáculo				
Comprimento	0,071 ± 0,08	0,066 – 0,08	0,062 ± 0,04	0,055
Largura	0,054 ± 0,01	0,05 – 0,069	-	0,038
Asa caudal maior	0,33 ± 0,093	0,2 – 0,23	-	0,29
<b>Fêmea</b>				
Comprimento	17,945 ± 1,09	12,4 – 23,7	13,307 ± 2,066	16,52 ± 2,76
Largura	0,375 ± 0,033	0,23 – 0,43	0,356 ± 0,042	0,357,8 ± 0,037
Faringe	0,11 ± 0,008	0,9 – 0,105	0,095 ± 0,006	0,083 ± 0,008
Esôfago	3,460 ± 0,48	2,73 – 3,8	2,852 ± 0,226	3,36 ± 0,4
Poros excretor	0,417 ± 0,011	-	0,329 ± 0,021	-
Anel nervoso	0,288 ± 0,03	-	0,244 ± 0,017	-
Vulva à anterior	8,525 ± 0,6	6,8 – 1,11	6,066 ± 0,558	8,120 ± 1,34
Ânus à posterior	0,305 ± 0,017	0,23 – 0,3	0,264 ± 0,024	0,232 ± 0,059

<sup>S</sup> javalis; <sup>D</sup> porcos domésticos.



**Figura 3.** *Ascarops strongylina* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, macho adulto acima, fêmea adulta abaixo. B- Extremidade anterior, faringe (seta preta). C- Ovejeter e vulva (seta preta). D- Extremidade posterior da fêmea, ânus (seta preta). E- Extremidade posterior do macho, cloaca e espículos maior e menor (seta preta), asa maior (seta cinza). Barras de escala: A = 5mm, B = 3000  $\mu$ m, C = 200  $\mu$ m, D = 200  $\mu$ m, E = 3000  $\mu$ m.

### 3.1.2 *Strongyloides ransomi* Schwartz and Alicata 1930

#### Fêmeas

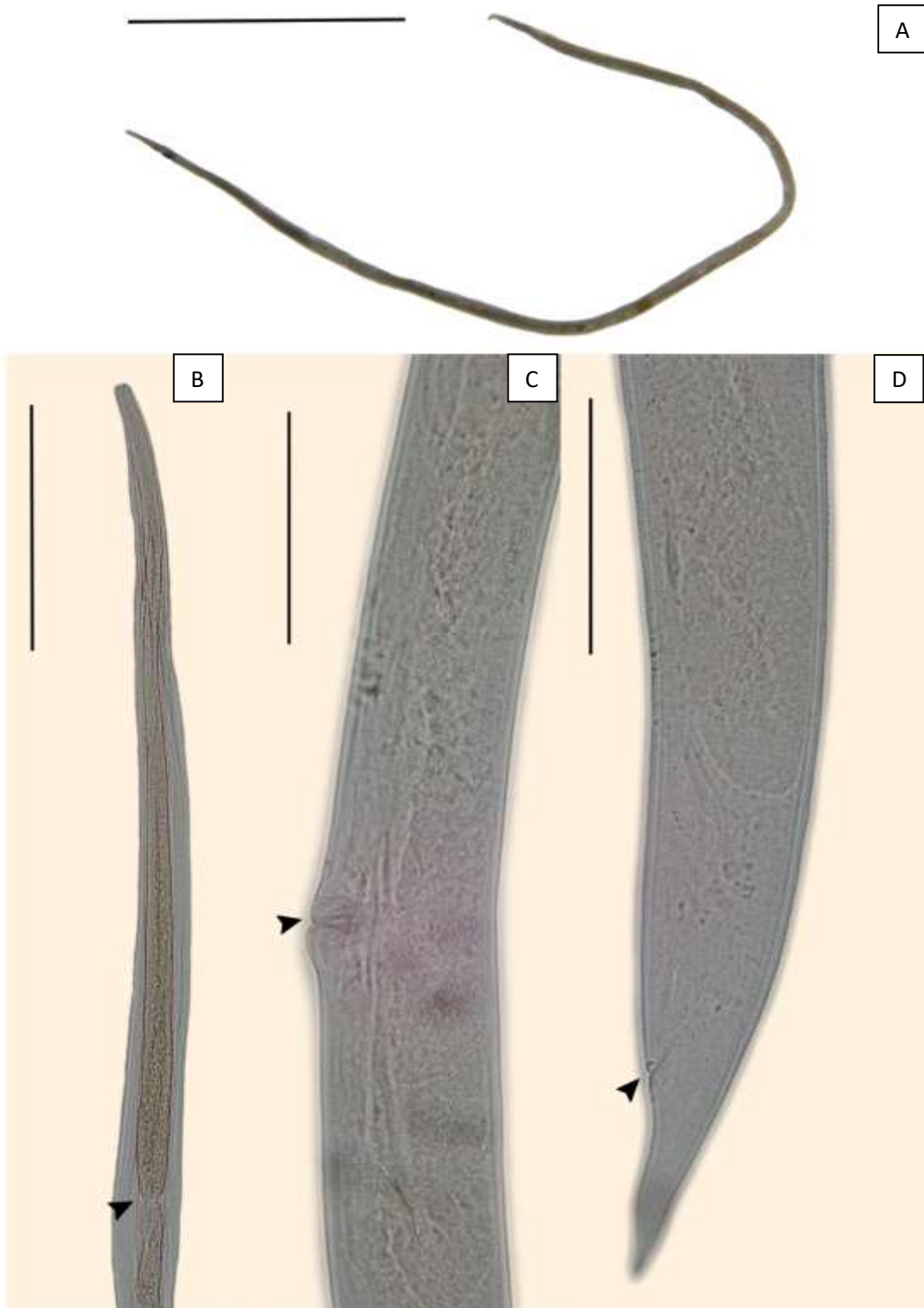
Espécie de nematódeo na qual apenas as fêmeas partenogênicas são parasitas. Estas possuem corpo alongado e filiforme (Figura 4). O comprimento total é  $5,26 \pm 0,276$ , a largura corporal na junção do esôfago ao intestino é  $0,09 \pm 0,008$ , o comprimento do esôfago é  $1,015 \pm 0,026$ , e a distância do anel nervoso à extremidade anterior é de  $0,25 \pm 0,015$ . A largura corporal aumenta gradualmente da extremidade anterior até a base do esôfago. Da região ovariana até a extremidade posterior, a largura corporal diminui gradualmente terminando em uma cauda cônica e pontiaguda. O ovário apresenta voltas na porção anterior que diminuem em direção à posterior. O ovejeter contém ovos embrionados elipsoidais de casca fina. A vulva é uma fenda transversal de lábios salientes situada pouco depois da porção média do corpo, a uma distância de  $3,26 \pm 0,159$  da extremidade anterior. O ânus está localizado a uma distância de  $0,08 \pm 0,005$  da extremidade posterior.

Os dados morfométricos de *S. ransomi* deste estudo foram comparados aos de Alicata (1930) e Giang et al. (2017), e apresentados na Tabela 4.

**Tabela 4.** Dados morfométricos de fêmeas partenogênicas de *S. ransomi* por diferentes autores, apresentados em média  $\pm$  desvio padrão, em milímetros.

	Presente estudo (n=10)	Alicata, 1930	Giang et al., 2017
<b>Hospedeiro</b>	<i>Sus scrofa</i> <sup>S</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>D</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>D</sup>
<b>Fêmea</b>			
Comprimento	$5,26 \pm 0,276$	3,3 – 4,5	4,5 – 5,0
Largura	$0,09 \pm 0,008$	0,054 – 0,062	0,052 – 0,060
Anel nervoso	$0,25 \pm 0,015$	–	–
Esôfago	$1,015 \pm 0,026$	0,61 – 0,88	0,940 – 1,1
Vulva à anterior	$3,26 \pm 0,159$	1,9 – 2,9	2,6 – 3,1
Ânus à posterior	$0,08 \pm 0,005$	0,053 – 0,083	0,055 – 0,075

<sup>S</sup> javalis; <sup>D</sup> porcos domésticos.



**Figura 4.** *Strongyloides ransomi* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, fêmea partenogenética adulta. B- Extremidade anterior, junção do esôfago ao intestino (seta preta). C- Vulva (seta preta). (D) Extremidade posterior da fêmea, ânus (seta preta). Barras de escala: A = 1mm, B = 200  $\mu$ m, C = 100  $\mu$ m, D = 100  $\mu$ m.

### 3.1.3 *Globocephalus urosubulatus* Alessandrini, 1909

#### **Geral**

Nematódeo de corpo fino (Figura 5), fusiforme, de coloração amarelada *in vivo*. As fêmeas são maiores que os machos e a extremidade anterior é semelhante para ambos os sexos. Dotados de cutícula espessa com estriações transversais. A abertura oral é circular e rodeada por um delicado anel cuticular que forma uma cápsula bucal que contém um par de dentes próximo à sua base. O esôfago é claviforme e bem desenvolvido, abrindo-se para o intestino através de uma válvula. O anel nervoso é localizado pouco antes das papilas cervicais.

#### **Machos**

Comprimento total  $6,17 \pm 0,471$ , largura corporal na junção do esôfago ao intestino  $0,35 \pm 0,023$ , cápsula bucal com  $0,15 \pm 0,014$  de comprimento por  $0,13 \pm 0,023$  de largura, comprimento do esôfago  $0,62 \pm 0,026$ . A distância do poro excretor, anel nervoso e papilas cervicais bem desenvolvidas à extremidade anterior é de  $0,49 \pm 0,04$ ,  $0,48 \pm 0,039$  e  $0,56 \pm 0,042$ , respectivamente. Os espículos são semelhantes em comprimento e forma, longos e filiformes ( $0,61 \pm 0,09$  de comprimento). O gubernáculo é esguio e em forma de meia lua ( $0,08 \pm 0,001$  de comprimento). A bolsa copulatória é bem desenvolvida, mais larga do que longa. Cinco raios emergem do raio dorsal, bifurcado a partir de dois terços de seu comprimento, e cada sub-raio é trifurcado em sua extremidade. Os raios ventrolateral e lateroventral são bifurcados, os raios anterolateral, mediolateral e posterolateral emergem da base em tronco comum e se dividem, se projetando de forma paralela até a borda da bolsa. Os raios externodorsais emergem da base e se projetam de forma paralela até a borda da bolsa.

#### **Fêmeas**

Comprimento total  $8,4 \pm 0,27$ , largura corporal na junção do esôfago ao intestino  $0,47 \pm 0,054$ , cápsula bucal com  $0,21 \pm 0,017$  de comprimento por  $0,14 \pm 0,02$  de largura, comprimento do esôfago  $0,84 \pm 0,11$ . A distância do poro excretor, anel nervoso e papilas cervicais à extremidade anterior é de  $0,65 \pm 0,02$ ,  $0,63 \pm 0,035$  e  $0,71 \pm 0,017$ , respectivamente. Os lábios vulvares são elevados, a distância da vulva à extremidade posterior é de  $6,67 \pm 0,023$ , o ovejeter contém ovos elípticos de casca

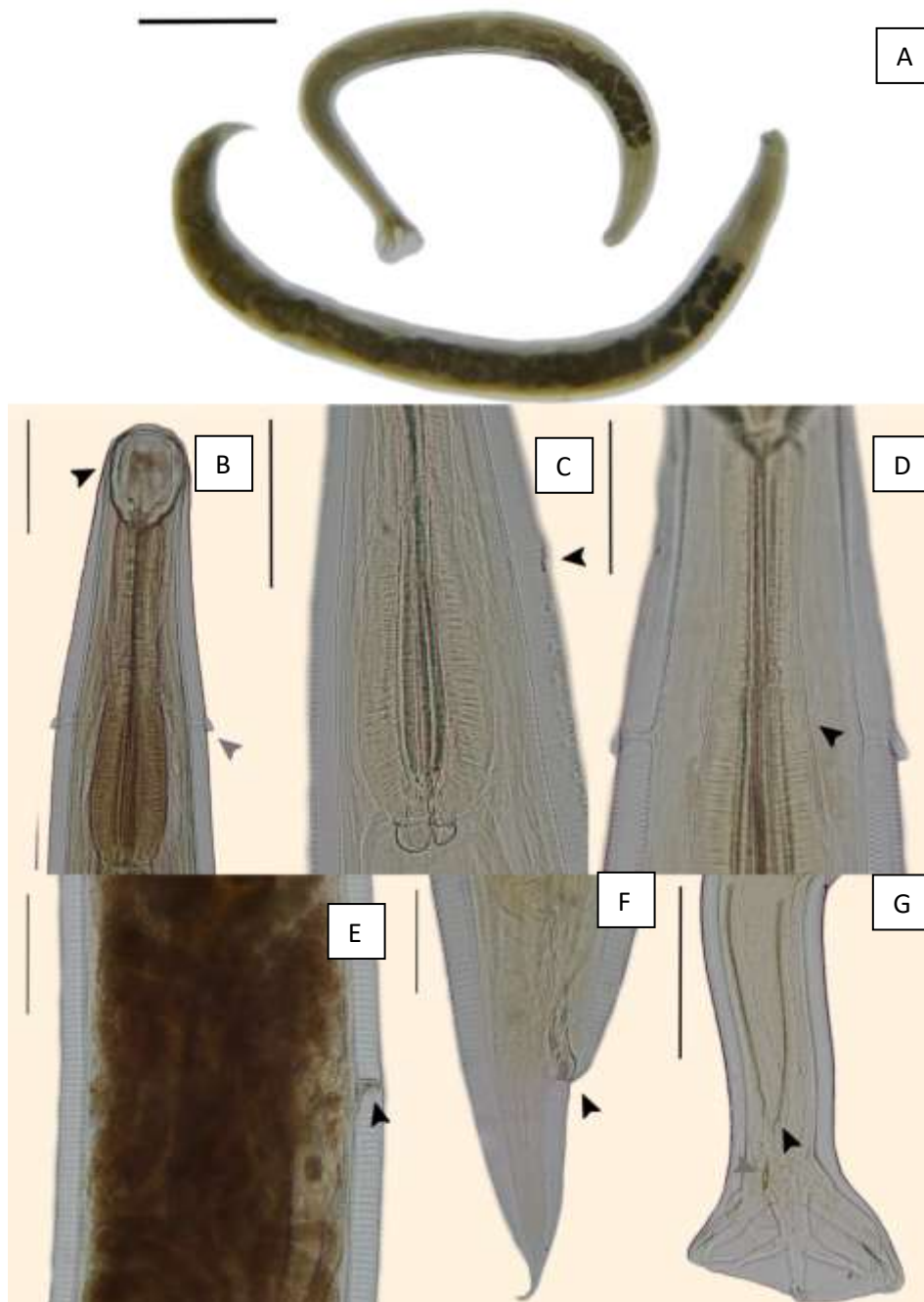
fina, lisa e transparente com embriões morulados. O ânus é dotado de lábio superior proeminente, a distância do ânus à extremidade posterior é de  $0,22 \pm 0,034$ , e a cauda é cônica.

Os dados morfométricos de *G. urosubulatus* deste estudo foram comparados aos de Francis (1978), Nanev et al. (2007), e Pinheiro et al. (2021) e apresentados na Tabela 5.

**Tabela 5.** Dados morfométricos de *G. urosubulatus* por diferentes autores, apresentados em média  $\pm$  desvio padrão, em milímetros.

	Presente estudo (n=10)	Francis, 1978	Nanev et al., 2007	Pinheiro et al., 2021
<b>Hospedeiro</b>	<i>Sus scrofa</i> <sup>S</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>D</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>S</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>D</sup>
<b>Macho</b>				
Comprimento	6,17 $\pm$ 0,471	3,16-5,32	3,5-5	4 – 5
Largura	0,35 $\pm$ 0,023	0,320 – 0,400	0,360 – 0,370	0,167 – 0,300
Cápsula bucal				
Comprimento	0,15 $\pm$ 0,014	0,119 – 0,127	0,140 – 0,200	0,125 – 0,150
Largura	0,13 $\pm$ 0,023	0,162 – 0,186	0,150 – 0,170	0,100 – 0,140
Poros excretor	0,49 $\pm$ 0,04	0,320 – 0,500	–	0,317 – 0,417
Anel nervoso	0,48 $\pm$ 0,039	0,290 – 0,460	0,380 – 0,520	0,317 – 0,367
Papila cervical	0,56 $\pm$ 0,042	–	0,430 – 0,610	0,370 – 0,533
Esôfago	0,62 $\pm$ 0,026	0,550 – 0,710	0,560 – 0,690	0,487 – 0,540
Espículos	0,61 $\pm$ 0,09	0,490 – 0,550	0,420 – 0,580	0,337 – 0,527
Gubernáculo	0,08 $\pm$ 0,001	0,089 – 0,110	0,070 – 0,080	0,060 – 0,088
<b>Fêmea</b>				
Comprimento	8,4 $\pm$ 0,27	5,02-6,53	4,5-8	6-8
Largura	0,47 $\pm$ 0,054	0,490 – 0,570	0,420 – 0,500	0,429 – 0,514
Cápsula bucal				
Comprimento	0,21 $\pm$ 0,017	0,192 – 0,220	0,140 – 0,200	0,167 – 0,227
Largura	0,14 $\pm$ 0,02	0,159 – 0,178	0,150 – 0,170	0,140 – 0,160
Poros excretor	0,65 $\pm$ 0,02	0,320 – 0,530	–	0,433 – 0,547
Anel nervoso	0,63 $\pm$ 0,035	0,380 – 0,460	0,380 – 0,520	0,387 – 0,500
Papila cervical	0,71 $\pm$ 0,017	–	0,430 – 0,610	0,433 – 0,547
Esôfago	0,84 $\pm$ 0,11	0,680 – 0,75	0,560 – 0,690	0,593 – 0,687
Vulva à posterior	6,67 $\pm$ 0,023	1,73-2,91	2,20-2,40	3-5
Ânus à posterior	0,22 $\pm$ 0,034	–	0,120 – 0,180	0,130 – 0,200

<sup>S</sup> javalis; <sup>D</sup> porcos domésticos.



**Figura 5.** *Globocephalus urosubulatus* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, macho adulto acima, fêmea adulta abaixo. B- Extremidade anterior, cápsula bucal (seta preta), e papila cervical (seta cinza). C- Poro excretor (seta preta). D- Anel nervoso (seta preta). E- Vulva (seta preta). F- Extremidade posterior da fêmea, ânus (seta preta). G- Extremidade posterior do macho, espículos (seta preta) e gubernáculo (seta cinza). Barras de escala: A = 1mm, B = 200  $\mu$ m, C = 200  $\mu$ m, D = 200  $\mu$ m, E = 100  $\mu$ m, F = 100  $\mu$ m, G = 3000  $\mu$ m.

### 3.1.4 *Oesophagostomum dentatum* Rudolphi, 1803

#### **Geral**

Nematódeo de corpo fino (Figura 6), fusiforme, de coloração amarelada *in vivo*. As fêmeas são maiores que os machos e a extremidade anterior é semelhante para ambos os sexos. Ao redor da abertura oral há uma cápsula bucal relativamente pequena que apresenta uma coroa externa de lamelas afiadas em forma de folha, e uma coroa interna pouco desenvolvida com numerosas pequenas lamelas (corona radiata externa e interna). Após a cápsula bucal tem início o esôfago, que apresenta uma dilatação bulbar em sua região posterior.

#### **Machos**

Comprimento total  $8,98 \pm 0,038$ , largura corporal na altura da junção do esôfago ao intestino  $0,21 \pm 0,018$ , comprimento  $0,43 \pm 0,017$  e largura  $0,13 \pm 0,013$  do esôfago, distância do poro excretor e anel nervoso à extremidade anterior  $0,34 \pm 0,023$  e  $0,24 \pm 0,008$ , respectivamente. A bolsa copulatória é bem desenvolvida. O raio dorsal e os raios exterodorsais surgem de um amplo tronco comum, e os primeiros a deixar o tronco são os raios externodorsais, que não atingem a borda da bolsa. O tronco continua no raio dorsal, que posteriormente se divide em dois ramos, que na metade de seu comprimento se subdividem em um ramo lateral mais curto e um ramo medial mais longo, e apenas este último atinge a borda da bolsa. Os raios laterais também surgem de um tronco comum. O raio anterolateral é o primeiro a separar-se do tronco comum e é o mais curto dos raios laterais. Os outros dois raios laterais separam-se logo em seguida, mas permanecem aderidos entre si até sua extremidade posterior. O raio mediolateral é ligeiramente mais curto que o posterolateral. Os raios ventrais têm o mesmo comprimento e também se iniciam de um mesmo tronco comum, e permanecem aderidos entre si por todo seu comprimento mesmo após sua diferenciação. Os espículos são similares em comprimento ( $0,98 \pm 0,118$ ) e forma, sendo sua extremidade anterior mais grossa e a posterior mais afilada. O gubernáculo tem  $0,10 \pm 0,007$  de comprimento e forma semelhante à de uma espada direcionada à extremidade posterior.

### Fêmeas

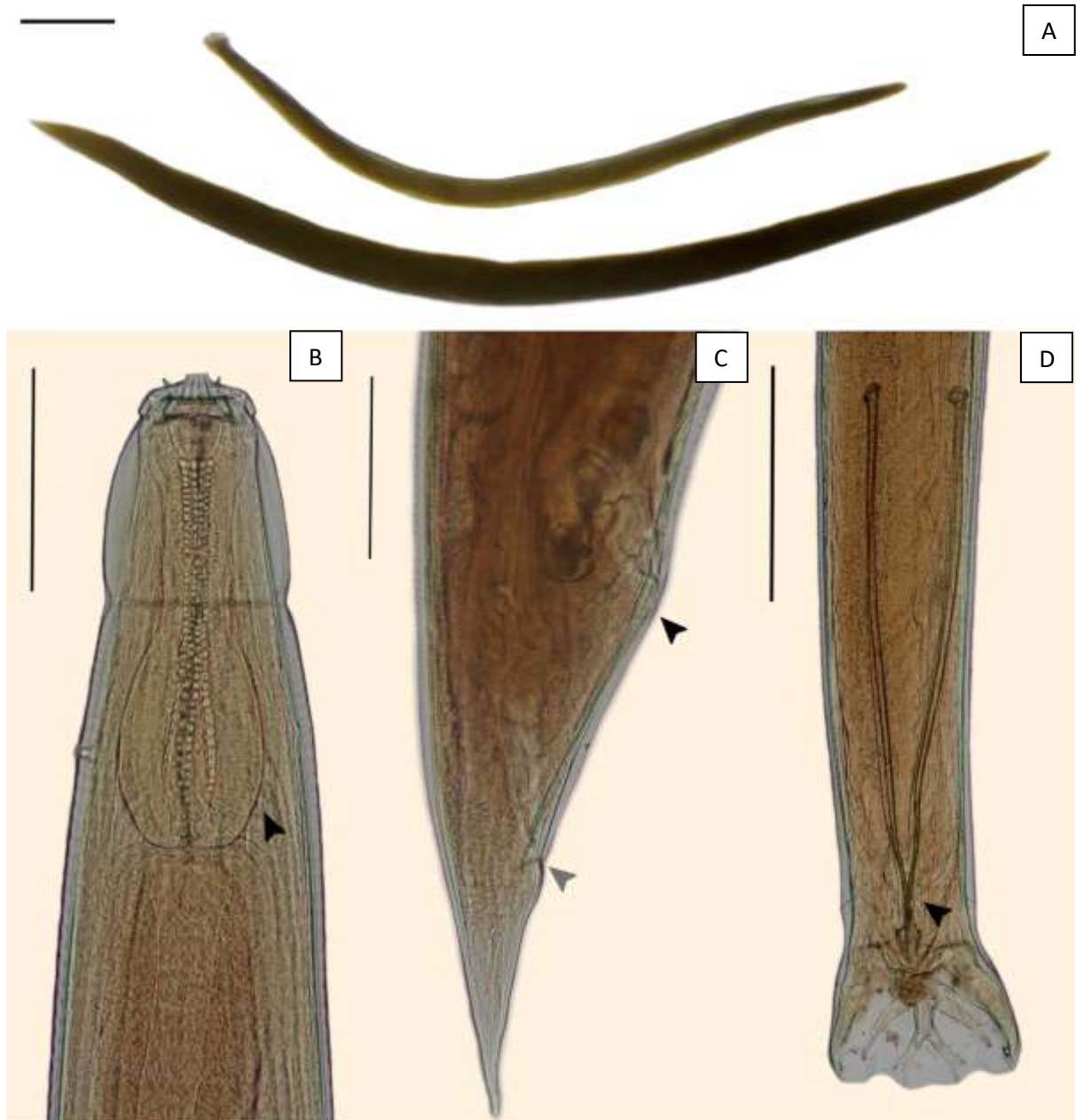
Comprimento total  $12,88 \pm 0,409$ , largura corporal na altura da junção do esôfago ao intestino  $0,24 \pm 0,008$ , comprimento  $0,45 \pm 0,02$  e largura  $0,12 \pm 0,008$  do esôfago, distância do poro excretor e anel nervoso à extremidade anterior  $0,345 \pm 0,021$  e  $0,24 \pm 0,023$ , respectivamente. A distância da vulva à extremidade posterior é de  $0,63 \pm 0,113$ . A cauda tem o formato de um cone prolongado e a distância do ânus à extremidade posterior é de  $0,27 \pm 0,043$ .

Os dados morfométricos de *O. dentatum* deste estudo foram comparados aos de Ozerskaya (1930), Georgiev e Kamburov (1977) e Dakova e Panayotova-Pencheva, (2017) e apresentados na Tabela 6.

**Tabela 6.** Dados morfométricos de *O. dentatum* por diferentes autores, apresentados em média  $\pm$  desvio padrão, em milímetros.

	Presente estudo (n=10)	Ozerskaya, 1930	Georgiev e Kamburov, 1977	Dakova e Panayotova-Pencheva, 2017
<b>Hospedeiro</b>	<i>Sus scrofa</i> <sup>S</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>D</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>D</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>S</sup>
<b>Macho</b>				
Comprimento	$8,98 \pm 0,038$	8,829	–	$9,46 \pm 0,28$
Largura	$0,21 \pm 0,018$	–	–	$0,218 \pm 0,014$
Poros excretor	$0,34 \pm 0,023$	–	–	–
Anel nervoso	$0,24 \pm 0,008$	–	–	–
Esôfago <sup>C</sup>	$0,43 \pm 0,017$	–	–	$0,397 \pm 0,104$
Esôfago <sup>L</sup>	$0,13 \pm 0,013$	–	–	$0,110 \pm 0,007$
Espículos	$0,98 \pm 0,118$	0,896 – 0,937	1,030 – 1,205	$1,135 \pm 0,030$
Gubernáculo	$0,10 \pm 0,007$	0,101 – 0,122	0,092 – 0,138	$0,127 \pm 0,006$
<b>Fêmea</b>				
Comprimento	$12,88 \pm 0,409$	7,5-13,4	–	$11,5 \pm 0,6$
Largura	$0,24 \pm 0,008$	–	–	$0,233 \pm 0,014$
Poros excretor	$0,345 \pm 0,021$	–	–	–
Anel nervoso	$0,24 \pm 0,023$	–	–	–
Esôfago <sup>C</sup>	$0,45 \pm 0,02$	–	–	$0,426 \pm 0,102$
Esôfago <sup>L</sup>	$0,12 \pm 0,008$	–	–	$0,115 \pm 0,005$
Vulva à posterior	$0,63 \pm 0,113$	–	–	–
Vulva ao ânus	$0,29 \pm 0,021$	0,315 – 0,366	0,265 – 0,393	$0,347 \pm 0,015$
Ânus à posterior	$0,27 \pm 0,043$	0,255 – 0,265	0,241 – 0,324	$0,293 \pm 0,007$

<sup>S</sup> javalis; <sup>D</sup> porcos domésticos; <sup>C</sup> comprimento; <sup>L</sup> largura.



**Figura 6.** *Oesophagostomum dentatum* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, macho adulto acima, fêmea adulta abaixo. B- Extremidade anterior, esôfago (seta preta). C- Extremidade posterior da fêmea, vulva (seta preta), e ânus (seta cinza). D- Extremidade posterior do macho, espículos (seta preta). Barras de escala: A = 1mm, B = 200  $\mu$ m, C = 200  $\mu$ m, D = 3000  $\mu$ m.

### 3.1.5 *Trichuris suis* Schrank 1788

#### Geral

Nematódeo de corpo fino (Figura 7), em forma de chicote, de coloração amarronzada *in vivo*. As fêmeas são maiores que os machos e a extremidade anterior é semelhante para ambos os sexos. A região anterior do corpo é afilada e filiforme, e a largura corporal aumenta na região da junção do esôfago ao intestino, se mantendo constante até a extremidade posterior.

#### Machos

Comprimento total  $36,784 \pm 3,854$ , comprimento do esôfago  $2,346 \pm 0,29$ , largura da região anterior (esofagiana)  $0,184 \pm 0,07$ , largura na altura da junção do esôfago ao intestino  $0,379 \pm 0,08$ , largura da região posterior  $0,725 \pm 0,098$ . Ausência de bolsa copulatória, espículo único de comprimento  $2,37 \pm 0,182$  e bainha espicular rugosa de comprimento  $0,29 \pm 0,132$ , presença de papilas pericloacais.

#### Fêmeas

Comprimento total  $44,77 \pm 3,8$ , comprimento do esôfago  $3,268 \pm 0,201$ , largura da região anterior  $0,21 \pm 0,04$ , largura na altura da junção do esôfago ao intestino  $0,34 \pm 0,08$ , largura da região posterior  $0,73 \pm 0,11$ . Não foram observados prolapsos vulvares, região vulvar coberta por espinhos cuticulares, a distância da vulva à junção do esôfago ao intestino é de  $0,25 \pm 0,05$ , o ânus é terminal.

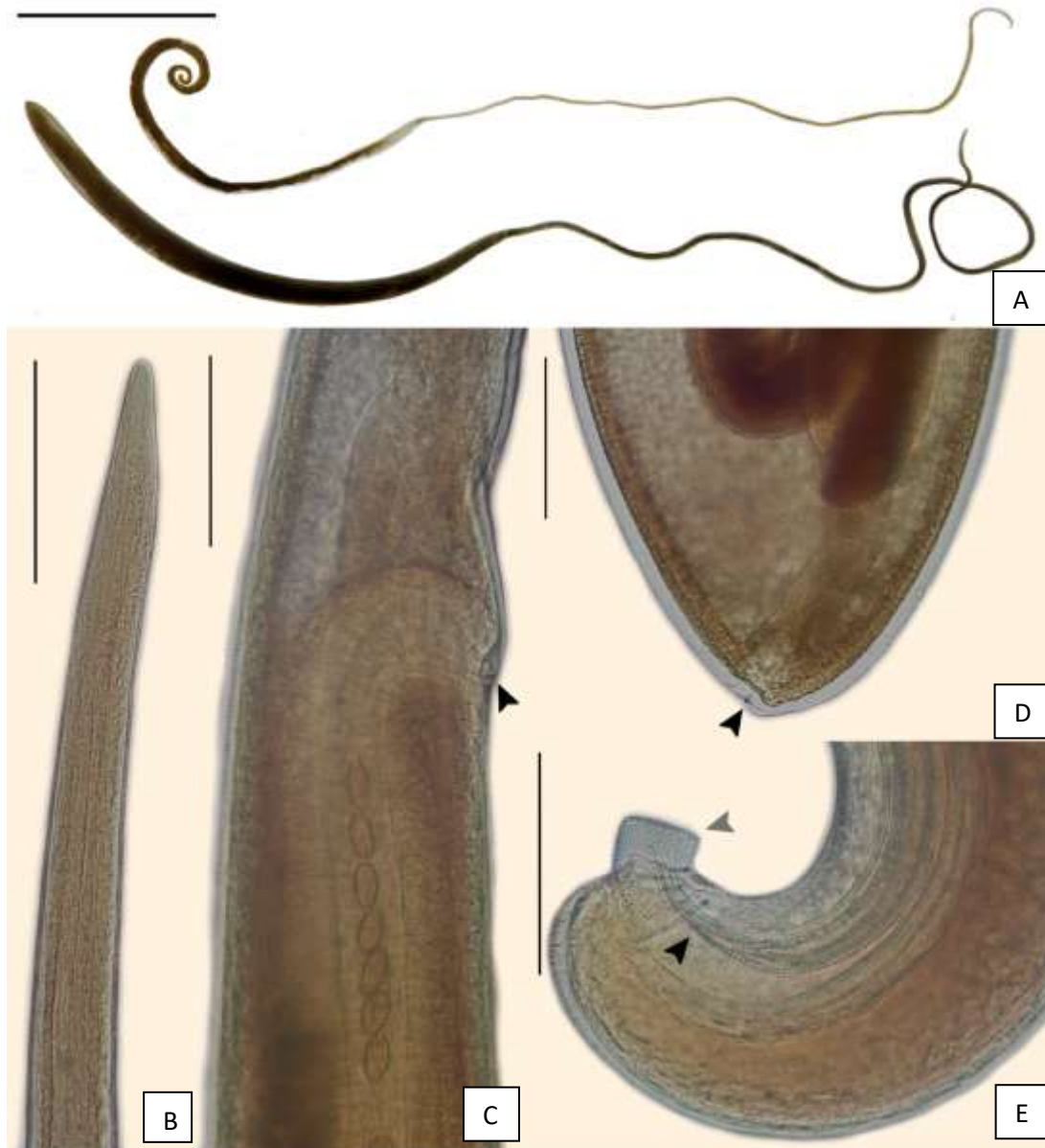
Os dados morfométricos de *T. suis* deste estudo foram comparados aos de Cutillas et al., (2009) e Nissen et al. (2012) e apresentados na Tabela 7.

**Tabela 7.** Dados morfométricos de *T. suis* por diferentes autores, apresentados em média  $\pm$  desvio padrão, em milímetros.

	Presente estudo (n=10)	Cutillas et al., 2009		Nissen et al., 2012
Hospedeiro	<i>Sus scrofa</i> <sup>S</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>D</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>S</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>D</sup>
<b>Macho</b>				
Comprimento	$36,784 \pm 3,854$	$40,4 \pm 4,2$	$40,8 \pm 8,8$	28,9
Esôfago	$2,346 \pm 0,29$	$2,61 \pm 0,31$	$2,5 \pm 0,58$	-
Largura (anterior)	$0,184 \pm 0,07$	$0,20 \pm 0,02$	$0,20 \pm 0,03$	0,16
Largura (junção esôfago-intestino)	$0,379 \pm 0,08$	$0,35 \pm 0,04$	$0,38 \pm 0,06$	-
Largura (posterior)	$0,725 \pm 0,098$	$0,87 \pm 0,06$	$0,83 \pm 0,13$	0,58
Espículo	$2,37 \pm 0,182$	$2,35 \pm 0,15$	$2,43 \pm 0,22$	2,21
Bainha espicular	$0,29 \pm 0,132$	$0,34 \pm 0,20$	$0,15 \pm 0,09$	-
<b>Fêmea</b>				
Comprimento	$44,77 \pm 3,8$	$44,3 \pm 2,8$	$46,3 \pm 5,3$	28,5

Esôfago	3,268 ± 0,201	3,12 ± 0,16	3,28 ± 0,39	-
Largura (anterior)	0,21 ± 0,04	0,19 ± 0,01	0,20 ± 0,02	0,18
Largura (junção esôfago-intestino)	0,34 ± 0,08	0,36 ± 0,03	0,30 ± 0,08	-
Largura (posterior)	0,73 ± 0,11	0,93 ± 0,10	0,90 ± 0,08	0,69
Distância vulva à junção esôfago - intestino	0,25 ± 0,05	0,23 ± 0,08	0,25 ± 0,022	-

<sup>S</sup> javalis; <sup>D</sup> porcos domésticos.



**Figura 7.** *Trichuris suis* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, macho adulto acima, fêmea adulta abaixo. B- Extremidade anterior. C- Vulva (seta preta. D- Extremidade posterior da fêmea, ânus terminal (seta preta). E- Extremidade posterior do macho, espículos (seta preta), e projeção da bainha espicular (seta cinza). Barras de escala: A = 5mm, B = 200 µm, C = 200 µm, D = 200 µm, E = 200 µm.

### 3.1.6 *Stephanurus dentatus* Diesing, 1839

#### **Geral**

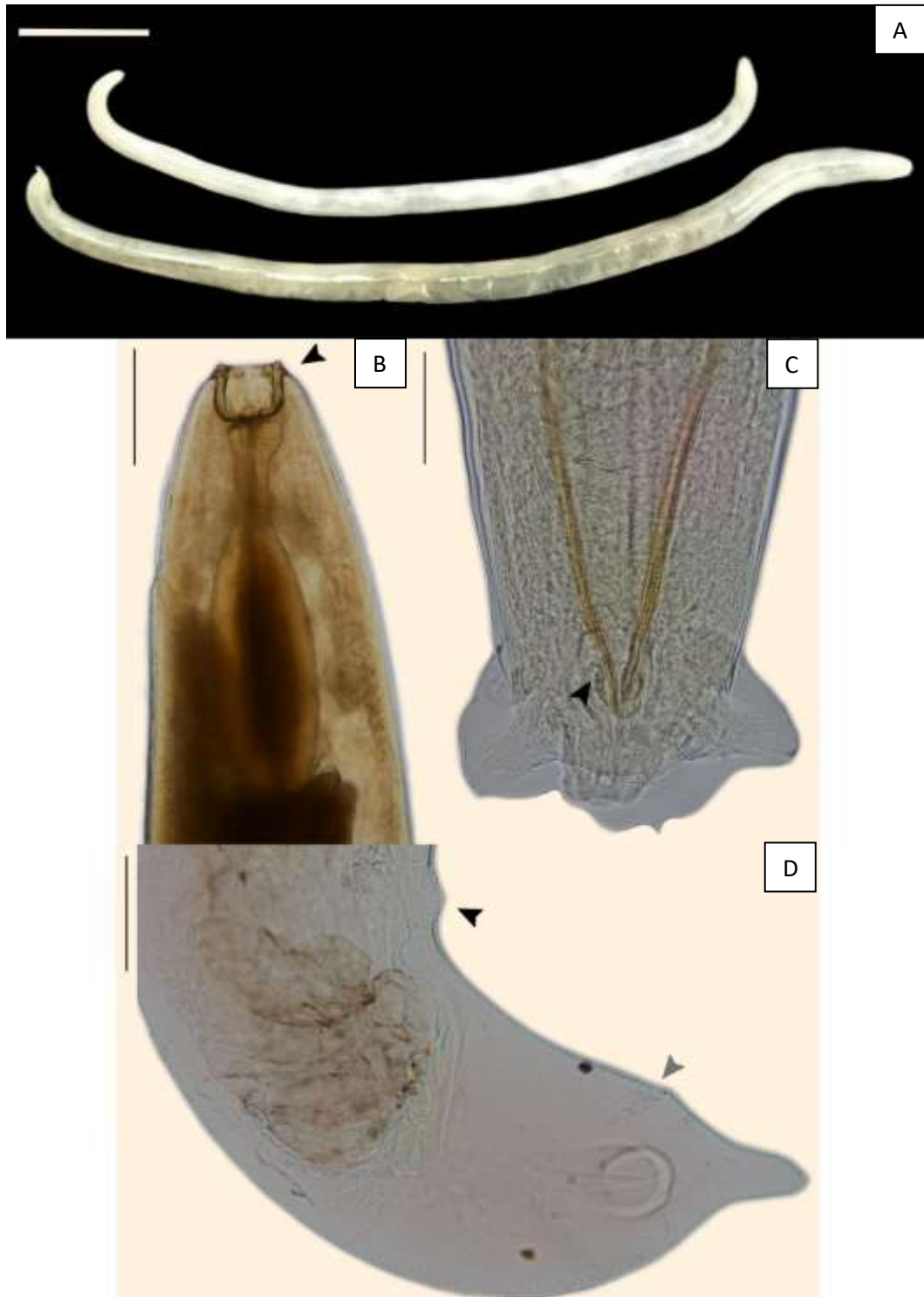
Nematódeo robusto (Figura 8), fusiforme, de coloração amarelada clara *in vivo* e tegumento fino que permite distinguir os órgãos internos, onde se pode observar um longo intestino com uma série de circunvoluções acinzentadas. As fêmeas são maiores que os machos e a extremidade anterior é semelhante em ambos os sexos. A abertura oral é circundada por um anel cuticular que forma uma cápsula bucal com dentes próximos à sua base. O esôfago é claviforme, mais estreito em sua porção anterior e com uma dilatação bulbar em sua porção posterior.

#### **Machos**

Comprimento total  $23,267 \pm 1,931$ , largura corporal na altura da junção do esôfago ao intestino  $1,97 \pm 0,12$ , comprimento do esôfago  $1,864 \pm 0,27$ , cápsula bucal com  $0,19 \pm 0,001$  de comprimento por  $0,18 \pm 0,002$  de largura, distância do poro excretor e anel nervoso à extremidade anterior  $0,575 \pm 0,21$  e  $0,504 \pm 0,088$ , respectivamente. Os espículos são similares em comprimento ( $1,079 \pm 0,018$ ) e forma, sendo sua extremidade anterior mais grossa e a posterior mais afilada. O gubernáculo tem  $0,237 \pm 0,073$  de comprimento e forma semelhante à de uma meia lua. A bolsa copulatória é pouco desenvolvida com raios curtos e lobos insignificantes.

#### **Fêmeas**

Comprimento total  $29,883 \pm 0,276$ , largura corporal na altura da junção do esôfago ao intestino  $1,634 \pm 0,015$ , comprimento do esôfago  $1,894 \pm 0,51$ , cápsula bucal com  $0,22 \pm 0,003$  de comprimento por  $0,201 \pm 0,002$  de largura, distância do poro excretor e anel nervoso à extremidade anterior  $0,594 \pm 0,134$  e  $0,552 \pm 0,038$ , respectivamente. A vulva está situada próximo ao ânus e o ovejetero é curto, a distância da vulva à extremidade posterior é de  $1,174 \pm 0,047$ . A extremidade posterior se estreita subitamente após o ânus e termina em uma cauda cônica pequena. A distância da vulva ao ânus é de  $1,41 \pm 0,013$  e do ânus à extremidade posterior é de  $0,31 \pm 0,01$ . Há uma papila de cada lado do ânus.



**Figura 8.** *Stephanurus dentatus* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, macho adulto acima, fêmea adulta abaixo. B- Extremidade anterior, cápsula bucal (seta preta). C- Extremidade posterior do macho, espículos (seta preta). D- Extremidade posterior da fêmea, vulva (seta preta), e ânus (seta cinza). Barras de escala: A = 5mm, B = 3000  $\mu$ m, C = 200  $\mu$ m, D = 3000  $\mu$ m.

### 3.1.7 *Macracanthorhynchus hirudinaceus* (Pallas, 1781)

Acantocéfalo robusto, grande, de coloração amarelada *in vivo* (Figura 9). As três fêmeas mediram 304, 315 e 381 milímetros de comprimento e 6,8 e 9 milímetros de largura, respectivamente, se afinando de forma gradual em direção à extremidade posterior. A probóscide é cilíndrica, globular, mais ampla em sua porção anterior e plana em seu ápice, com seis fileiras espirais de seis espinhos cada. Os espinhos são incorporados à probóscide em orifícios cuticulares elevados de maior diâmetro que eles.

Os dados morfométricos de *M. hirudinaceus* deste estudo foram comparados aos de Lisitsyna (2019) e Amin *et al.* (2021) e apresentados na Tabela 8.

**Tabela 8.** Dados morfométricos de *M. hirudinaceus* por diferentes autores, apresentados em valores máximo e mínimo, em milímetros.

	Presente estudo (n=3)	Lisitsyna, 2019	Amin et al., 2021
Hospedeiro	<i>Sus scrofa</i> <sup>S</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>S</sup>	<i>Sus scrofa</i> <sup>S</sup>
Fêmea			
Comprimento	304 – 381	105 – 500	110 – 120
Largura	6 - 9	7 - 9	5 – 6
Fileiras de espinhos	6	6	5 - 6
Número de espinhos por fileira	6	5 - 6	5 - 6

<sup>S</sup> javalis.



**Figura 9.** *Macracanthorhynchus hirudinaceus* encontrados em javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil. A- Vista total, fêmea adulta. B- Extremidade anterior, espinhos (seta preta). Barras de escala: A = 5cm, B = 3000 µm.

### 3.2 Relações Filogenéticas

Todos os sete espécimes de parasitas analisados tiveram pelo menos uma região ribossomal amplificada. Embora tenham sido testados diferentes conjuntos de oligonucleotídeos iniciadores, não foi possível obter produtos de PCR das três regiões ribossomais para todos os indivíduos (Tabela 9). A árvore filogenética obtida a partir do gene 18S rRNA pode ser observada na Figura 10, da região ITS na Figura 11, e da região 28S rRNA na Figura 12.

**Tabela 9.** Regiões gênicas amplificadas de cada uma das espécies de helmintos de javalis abatidos no estado de São Paulo, Brasil.

Espécie	18S rRNA	28S rRNA	ITS1-5.8S-ITS2
<i>A. strongylina</i>	X	X	N/A
<i>G. urosubulatus</i>	X	X	X
<i>S. ransomi</i>	X	N/A	N/A
<i>O. dentatum</i>	X	X	X
<i>T. suis</i>	X	N/A	N/A
<i>S. dentatus</i>	X	X	X
<i>M. hirudinaceus</i>	N/A	X	X

X - regiões amplificadas; N/A - regiões não amplificadas.

O nematódeo *Ascarops strongylina* foi analisado pelas regiões 18S e 28S rDNA, e em ambas as análises filogenéticas as sequências foram agrupadas juntamente com demais sequências correspondentes a espécimes da família Spirocercidae, ao qual pertence. Por não haver sequências correspondentes às regiões sequenciadas da espécie *A. strongylina* e nem do gênero *Ascarops*, a identidade mais próxima encontrada no banco de dados para esta espécie foi para o gênero *Streptopharagus* sp. (98.71%), indicando assim que esta será a primeira identificação molecular dessas regiões ribossomais para este parasita.

Para *Strongyloides ransomi*, obtiveram-se apenas sequências para a região 18S rDNA. Porém, devido ao tamanho da região obtida (1590 pb), a identidade com outra sequência de *S. ransomi* do banco de dados de 99,94%, e ao agrupamento filogenético juntamente com a sequência citada e sequências de demais espécies do gênero *Strongyloides*, é possível afirmar a identidade genética do espécime obtido neste trabalho.

As sequências de *G. urosubulatus* de 18S rDNA foram agrupadas a um clado contendo integrantes de sua ordem (Strongylida). Nas análises correspondentes às

regiões ITS e 28S rRNA as sequências de *G. urosubulatus* obtidas agruparam-se às sequências de demais integrantes da sua família (Ancylostomatidae). Não há sequências no banco de dados dessas regiões ribossomais para a espécie encontrada, sendo assim, as principais correspondências para as sequências 18S rRNA, ITS e 28S rRNA foram sequências de *Ancylostoma caninum*, nematódeo que parasita o intestino delgado de cães domésticos, com valores de identidade 99%, 90.58% e 98.84%, respectivamente.

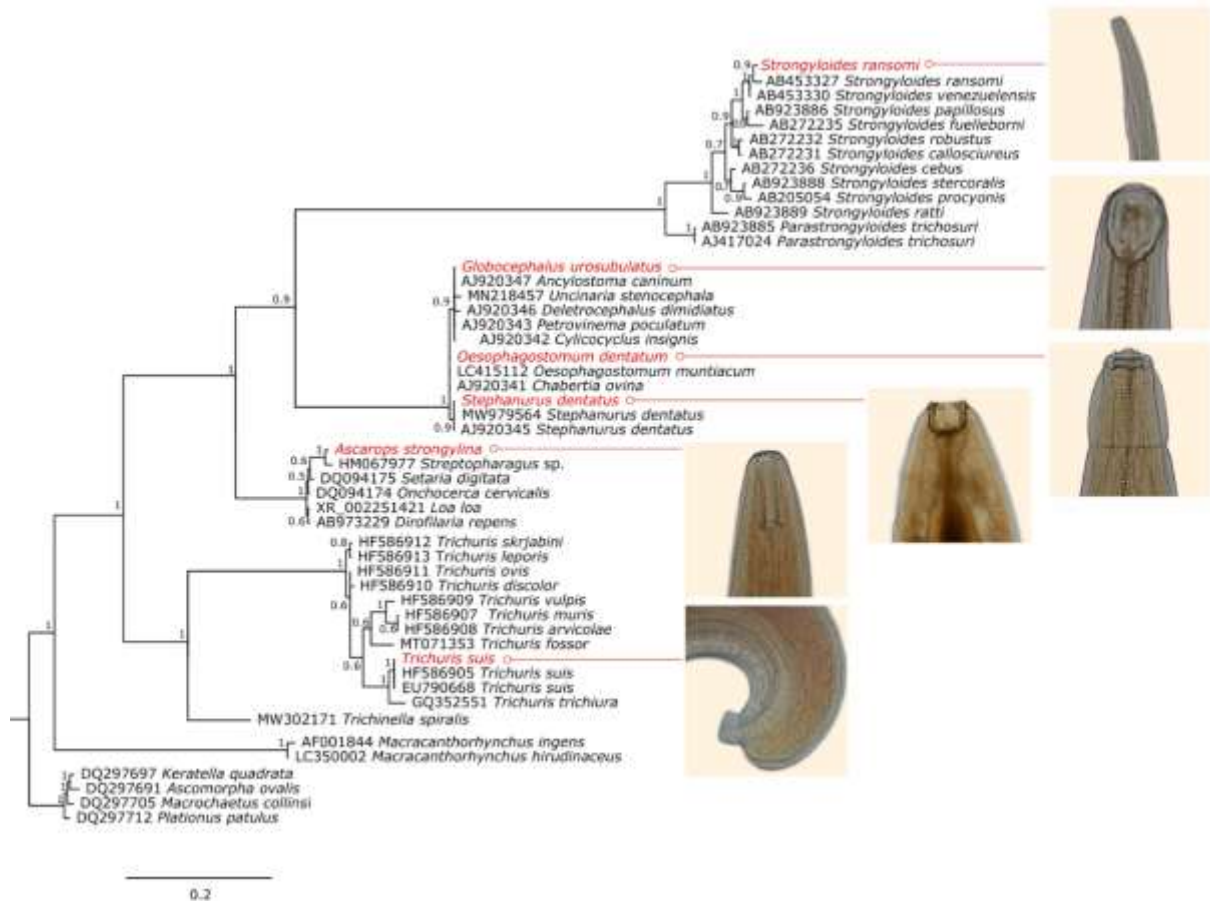
As sequências 18S e 28S rRNA de *O. dentatum* foram agrupadas no clado composto por integrantes da sua família (Chabertiidae). Para estas regiões a principal sequência correspondente foi de *Oesophagostomum muntiacum*, nematódeo que parasita o intestino grosso de cervídeos do gênero *Muntiacus* com 99 e 100% de identidade. Já para a região ITS, a sequência de *O. dentatum* do presente trabalho se agrupou com outra sequência da mesma espécie com a qual apresentou identidade de 99.86%.

Para o espécime de *T. suis* foi possível amplificar apenas a região 18S rDNA, porém, devido ao tamanho da sequência obtida (1780 pb), sua identidade de 100% com sequências desta espécie do banco de dados e o seu agrupamento na análise filogenética, é possível afirmar a identidade genética desse espécime a nível de espécie.

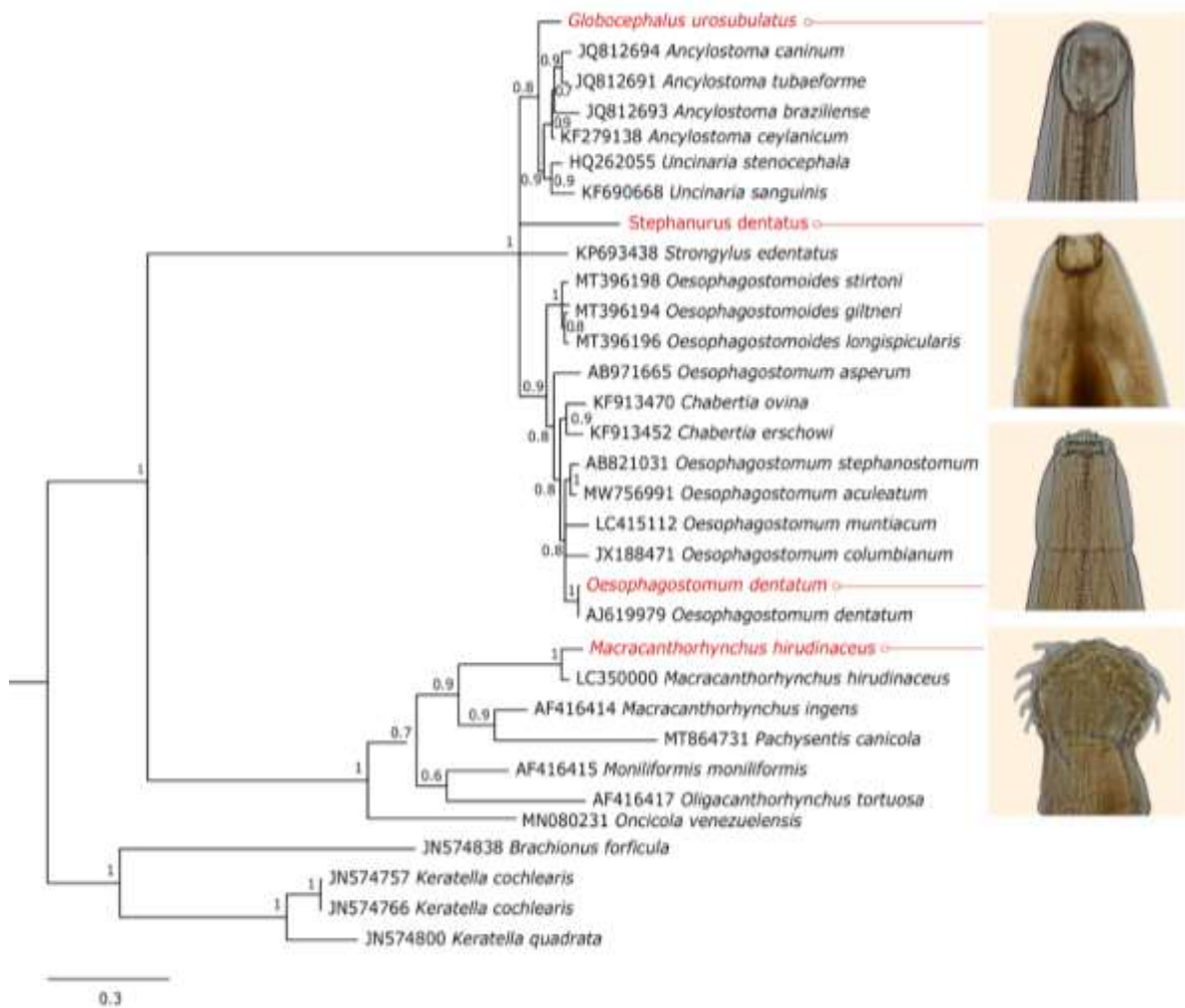
As sequências 18S e 28S rRNA de *S. dentatus* também foram agrupadas juntamente com demais sequências desta espécie com as quais apresentaram identidade de 100%. Por não haver sequências ITS desta espécie e gênero no banco de dados, a sequência ITS de *S. dentatus* do presente estudo agrupou-se juntamente a demais sequências correspondentes a indivíduos da sua ordem (Strongylida), e a principal correspondência foi uma sequência de *Strongylus edentatus*, nematódeo que parasita o intestino grosso de equinos, com 83.42% de identidade.

As sequências ITS e 28S rRNA de *M. hirudinaceus* foram agrupadas juntamente com demais sequências dessa espécie cuja identidade apresentada foi de 94,41% e 98,55%, respectivamente, o que indica que o espécime encontrado no presente trabalho apresenta consideráveis diferenças genéticas do espécime cujas sequências foram depositadas no banco de dados.

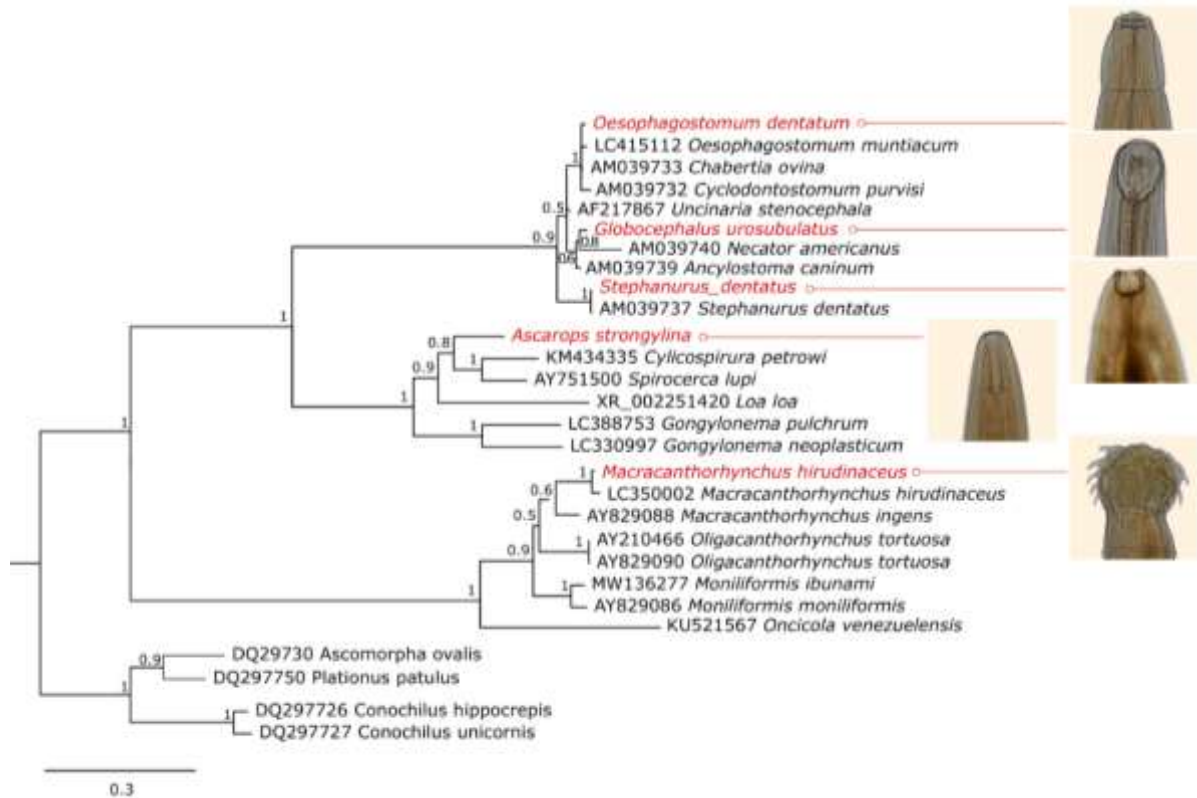
Todas as relações filogenéticas obtidas no presente estudo apresentaram elevados valores de confiabilidade dos ramos.



**Figura 10.** Árvore filogenética bayesiana baseada no modelo evolutivo de tipo de substituição 6 e distribuição gamma da região 18S rDNA englobando parasitas dos filos Nematoda e Acanthocephala, com Rotíferas como grupo externo.



**Figura 11.** Árvore filogenética bayesiana baseada no modelo evolutivo de tipo de substituição 6 e distribuição gamma da região ITS rDNA englobando parasitas dos filos Nematoda e Acanthocephala com Rotíferas como grupo externo.



**Figura 12.** Árvore filogenética bayesiana baseada no modelo evolutivo de tipo de substituição 6 e distribuição gamma da região 28S rDNA englobando parasitas dos filos Nematoda e Acanthocephala, com Rotíferas como grupo externo.

#### 4. Discussão

Foi possível identificar a espécie de todos os helmintos recuperados por meio da utilização conjunta de caracteres morfológicos e dados moleculares; todas as espécies aqui identificadas são parasitas de suídeos. O padrão observado foi que os javalis mantiveram alguns de seus parasitas típicos comuns a suínos e não atuaram como hospedeiros de captura de nenhuma espécie nativa da região Neotropical.

A espécie de nematódeo recuperada do estômago dos javalis foi identificada como *A. strongylini* com base em características como a morfologia da faringe, a ausência de bolsa copulatória, a dissimetria das asas caudais e a morfologia dos espículos (Dakova e Panayotova-Pencheva, 2017). As medições obtidas de modo geral corresponderam às de Shmytova (1963) e de Dakova e Panayotova-Pencheva

(2017) de parasitas obtidos de porcos domésticos e javalis na Bulgária, respectivamente, com exceção do comprimento dos espículos e da largura da maior asa caudal. Os espécimes de *A. strongylina* obtidos do roedor *Myospalax psilurus* (Ganzorig et al., 1999) apresentaram dimensões um pouco menores. Estudos morfológicos e morfométricos de *A. strongylina* são escassos e antigos, sendo necessárias atualizações e complementação de dados como a que foi realizada por Dakova e Panayotova-Pencheva (2017) em *A. strongylina* de javalis na Bulgária. Este é o primeiro estudo molecular da espécie e não há sequências de *A. strongylina* depositadas no GenBank. A análise filogenética bayesiana dos genes 18S e 28S rRNA agrupou adequadamente as sequências de *A. strongylina* deste estudo em clados com outros integrantes de sua infraordem (Spiromorpha) e família (Spirocercidae), indicando que estes podem ser bons marcadores moleculares para futuros estudos nesta espécie.

Uma das espécies de nematódeos recuperadas do intestino delgado dos javalis foi identificada como *S. ransomi* com base em características como o comprimento total e do esôfago, a largura corporal e o posicionamento da vulva e do ânus (Giang et al., 2017). As características morfométricas obtidas de *S. ransomi* corresponderam às descritas por outros autores em parasitas de porcos domésticos (Alicata, 1930; Giang et al., 2017). Estudos morfológicos e morfométricos de *S. ransomi* são escassos e antigos, sendo necessárias atualizações e complementação de dados como a que foi realizada por Giang et al. (2017) em *S. ransomi* de porcos no Vietnã; faltam estudos morfométricos de *S. ransomi* em javalis. Existem apenas oito sequências parciais do gene 18S rRNA de *S. ransomi* depositadas no Genbank. Apesar do presente estudo ter falhado em realizar a amplificação das demais regiões, a análise filogenética do gene 18S rRNA foi suficiente para alocar a sequência de *S. ransomi* em um clado com um táxon da mesma espécie. De forma semelhante a Giang et al. (2017), que realizaram o primeiro e único estudo de taxonomia integrativa para a espécie, as sequências obtidas de *S. ransomi* mostraram proximidade genética a *S. venezuelensis* neste estudo.

A outra espécie de nematódeo recuperada do intestino delgado dos javalis foi identificada como *G. urosubulatus* com base em características como a morfometria da cápsula oral, a morfologia dos dentes, a posição da vulva, a distribuição dos raios

da bolsa copulatória e a morfologia do raio dorsal (Freitas e Lent, 1936; Ahn et al., 2015). Segundo Nanev et al. (2007), características como a largura e o comprimento do corpo, o comprimento do esôfago, a posição do anel nervoso e o comprimento do gubernáculo não são critérios taxonômicos confiáveis para serem utilizados independentemente para a identificação de espécies deste gênero. Existem poucos estudos taxonômicos para o gênero *Globocephalus*, e os trabalhos descritivos originais têm limitações em seus dados morfológicos e morfométricos (Lane, 1922; Cameron, 1924; Freitas e Lent, 1936), o que torna necessário atualizar e aprofundar estes dados, como foi realizado por Nanev et al. (2007) para *G. urosubulatus* de javalis na Bulgária e por Pinheiro et al. (2021) para *G. urosubulatus* de porcos domésticos no Brasil. Observou-se que as dimensões morfométricas de *G. urosubulatus* obtidas foram mais semelhantes às descritas por de Nanev et al. (2007), nas quais os parasitas também foram obtidos de javalis, e pouco maiores que as dimensões descritas por Pinheiro et al. (2021) e Francis (1978), onde os helmintos foram obtidos de porcos domésticos. Este é o primeiro estudo molecular da espécie, não há sequências de *G. urosubulatus* depositadas no GenBank, e existem apenas quatro sequências parciais do gene 18S rDNA de espécimes do gênero *Globocephalus* depositadas, com as quais não houve identidade com as sequências obtidas neste estudo. Apesar disso, por meio da análise filogenética bayesiana dos genes 18S e 28S rRNA e da região ITS, foi possível localizar as sequências obtidas de *G. urosubulatus* em clados com outros integrantes da ordem Strongylida e da família Ancylostomatidae. Sendo assim, três sequências inéditas foram obtidas para a espécie, que podem vir a auxiliar futuras análises moleculares.

Uma das espécies recuperadas do intestino grosso foi identificada como *O. dentatum* com base em características como o comprimento total e dos espículos, a distância da vulva ao ânus e do ânus à extremidade posterior, e a morfologia do esôfago e da bolsa copulatória (Dakova e Panayotova-Pencheva, 2017). Apesar de alguma variabilidade ter sido observada, de modo geral as características morfométricas de *O. dentatum* obtidas corresponderam às descritas por outros autores em parasitas obtidos de porcos domésticos (Ozerskaya, 1930; Georgiev e Kamburov, 1977) e javalis (Dakova e Panayotova-Pencheva, 2017). Os estudos taxonômicos para a espécie *O. dentatum* são antigos e seus dados morfológicos e

morfométricos limitados (Ozerskaya, 1930; Georgiev e Kamburov, 1977), demonstrando a necessidade da atualização e aprofundamento destes dados como foi realizado por Dakova e Panayotova-Pencheva (2017) para *O. dentatum* de javalis na Bulgária. Entre as espécies deste estudo, *O. dentatum* é a que mais tem estudos moleculares a seu respeito, devido provavelmente à sua relevância econômica para a suinocultura e sua similaridade morfológica a *O. quadrispinulatum*, outro parasita de suídeos; é também utilizada como modelo experimental em análises reprodutivas e fisiológicas de parasitas devido à sua capacidade de sobreviver em culturas *in vitro* durante longos períodos através de várias fases de seu ciclo de vida (Williams et al., 2014). Existem 64,721 sequências de *O. dentatum* depositadas no GenBank, em sua maioria compostas por *scaffolds* de genoma mitocondrial. Há 15 sequências parciais do gene 18S rDNA e 8 sequências parciais do gene 28S rDN depositadas, mas não houve identidade entre elas e as sequências de *O. dentatum* deste estudo, mesmo refinando-se a busca e procurando por sequências mais dissimilares. Isso sugere que as sequências parciais depositadas e as sequências parciais obtidas neste estudo para os genes 18S e 28S rDNA correspondem a regiões diferentes dentro destes genes. Sendo assim, com a análise filogenética bayesiana foi possível alocar a sequência de *O. dentatum* em clados contendo integrantes de sua família para os genes 18S e 28S rRNA, e em um clado com um táxon da mesma espécie para a região ITS. No presente estudo não houve identidade entre as sequências de *O. dentatum* obtidas e sequências de *O. quadrispinulatum* depositadas no GenBank, apesar de a maioria das análises filogenéticas realizadas para a espécie buscarem diferenciá-la de *O. quadrispinulatum* (Lin et al., 2007; 2012ab; 2014).

A outra espécie de nematódeo recuperada do intestino grosso de javalis foi identificada como *T. suis*. A diferenciação entre espécies do gênero *Trichuris* tem causado controvérsia há muitos anos. *Trichuris suis* é um parasita de suínos e javalis que pode ocasionalmente parasitar humanos e *Trichuris trichiura* é um parasita de humanos e primatas (Ooi et al., 1993; Jessee et al., 1970; Flynn, 1973). Diversos estudos morfológicos comparativos já foram realizados entre eles, assumindo que o principal critério morfológico para diferenciar as duas espécies é a existência de papilas periclocais em *T. trichiura* e a ausência destas em *T. suis* (Cutillas et al., 2009). Oliveros et al. (1998) e Cutillas et al. (2009), entretanto, observaram papilas

pericloacais em machos de *T. suis* de suínos e javalis, e o mesmo foi observado no presente estudo. Sendo assim, a existência de papilas pericloacais não é um critério diferencial claro e são necessários novos critérios morfológicos para diferenciar estas duas espécies (Cutillas et al., 2009). Tenora et al. (1993) declararam que existem dois tipos diferentes de vulva nas fêmeas de tricurídeos, com e sem espinhos, sendo *T. suis* pertencente ao grupo de espécies que possuem a região vulvar dotada de com espinhos cuticulares, o que foi observado nos espécimes analisados neste trabalho. O aparato espicular de *T. suis* provenientes de javalis do presente estudo e de Cutillas et al. (2009) foi menor que os de suínos domésticos, enquanto as fêmeas deste nematódeo recuperadas de javalis de forma geral foram maiores que as de suínos domésticos de Cutillas et al. (2009) e Nissen et al. (2012). Entre as espécies deste estudo, *T. suis* é a que mais tem trabalhos filogenéticos a seu respeito, devido provavelmente à similaridade morfológica a *T. trichiura*, que parasita humanos. O presente estudo falhou em realizar a amplificação das regiões ITS e 28S rRNA, mas a análise filogenética do gene 18S rRNA foi suficiente para alocar a sequência obtida de *T. suis* em um clado contendo dois táxons da mesma espécie, em proximidade a um táxon de *Trichuris trichiura*, demonstrando que este gene também é um bom marcador para inferir relações filogenéticas entre espécies proximamente relacionadas de *Trichuris*. Diversos trabalhos verificaram que *T. trichiura* e *T. suis* são espécies distintas por meio de inferências filogenéticas baseadas em diferentes genes: TPI DNA; 18S, ITS1, 5,8S, ITS2 e 28S rRNA; COX1, COB, nad1, e rrnL mDNA e o genoma mitocondrial completo (Zarlenga et al., 2006; Cutillas et al., 2007 e 2009; Liu et al., 2012; Callejón et al., 2013, 2015; Hawash et al., 2015; 2016; Meekums et al., 2015).

O nematódeo recuperado dos ureteres, rins e gordura perirrenal de javalis foi identificado como *S. dentatus*. Estudos morfológicos e morfométricos desta espécie são escassos e antigos, tratam apenas de morfogênese larval (Clunies et al., 1932, 1966; Lichtenfels e Tromba, 1972) ou apresentam breve descrição morfológica e poucas características morfométricas relevantes (Graber et al., 1971; Xu, 1980; Fan et al., 1998). Sendo assim, o presente estudo amplia e atualiza estas informações, trazendo uma descrição morfológica da espécie juntamente com diversas características morfométricas. Há quatro sequências de *S. dentatus* depositadas no

GenBank, o genoma mitocondrial completo, uma sequência parcial do gene 18S rDNA e uma completa, e uma sequência completa do gene 28S rDNA. Houve identidade entre as três últimas e as sequências de *S. dentatus* deste estudo e a análise filogenética bayesiana de ambos os genes agruparam as sequências obtidas de *S. dentatus* a táxons da mesma espécie. Para ambos os genes foi possível observar padrão semelhante ao obtido por Deng et al. (2021), estando *S. dentatus* filogeneticamente relacionado à família Chabertiidae. Com relação à região ITS, não há sequências de *S. dentatus* depositadas no GenBank, sendo a sequência obtida a primeira para esta espécie. A análise filogenética bayesiana para este gene não apresentou boa resolução para a espécie, que foi agrupada a um clado com outros membros da ordem Strongylida.

A única espécie do Filo Acantocephala recuperada do intestino delgado dos javalis estudados foi identificada como *M. hirudinaceus*. As descrições da espécie baseiam-se nos relatos de Travassos (1917), Meyer (1932), Petrochenko (1958), Hoklova (1986) e Lisitsyna (2019) e, mais recentemente, Amin et al. (2021). A média do comprimento das três fêmeas recuperadas neste estudo está abaixo do limite superior das fêmeas de Lisitsyna (2019), e consideravelmente acima do limite superior de Amin et al. (2021), ambos os casos sendo parasitas provenientes de javalis selvagens da Ucrânia. Esta espécie aparenta exibir considerável variação de tamanho de estruturas taxonomicamente importantes em relação à região geográfica e o hospedeiro (Amin et al., 2021). Existem 12 sequências de *M. hirudinaceus* depositadas no GenBank, sendo dois genomas mitocondriais completos, sete sequências do gene COX1 mDNA, e três sequências parciais e completas de 18S rRNA, ITS e 28S rDNA. O presente estudo falhou em realizar a amplificação da região 18S rRNA para esta espécie, mas a análise filogenética bayesiana da região ITS e do gene 28S rRNA alocou as sequências obtidas de *M. hirudinaceus* em um clado contendo um táxon da mesma espécie em ambos os casos, é aparente que a diversidade deste parasita seja não apenas morfológica, mas também genética. É necessário que mais sequências sejam obtidas para esta espécie, provenientes de diferentes localidades, para que seja possível realizar uma análise de haplótipos.

A variação intraespecífica das características morfométricas das diversas espécies de helmintos encontradas pode ser decorrente de diferenças nos métodos

de preparação e observação dos helmintos, bem como às peculiaridades das populações parasitárias e hospedeiras distribuídas em diferentes partes do mundo (Dakova e Panayotova-Pencheva, 2017).

## Referências

Ahn KS, Ahn AJ, Kim TH, Suh GH, Joo KW, Shin SS (2015) Identification and prevalence of *Globocephalus samoensis* (Nematoda: Ancylostomatidae) among wild boars (*Sus scrofa coreanus*) from Southwestern regions of Korea. **Korean Journal of Parasitology** 53:611–618.

Alicata JE (1930) Species of the nematode genus *Strongyloides* parasitic in domestic swine. **Journal of Agricultural Research** 40:11. Disponível em: [naldc.nal.usda.gov/download/IND43967804/PDF](http://naldc.nal.usda.gov/download/IND43967804/PDF) (acesso em 01 de janeiro de 2022)

Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ (1990) Basic local alignment search tool. **Journal of Molecular Biology** 215:403-410. doi: 10.1016/S0022-2836(05)80360-2

Amin OM, Heckmann RA, Dallarés S, Constenla M, Kuzmina T (2021) New morphological and molecular perspectives about *Macracanthorhynchus hirudinaceus* (Acanthocephala: Oligacanthorhynchidae) from wild boar, *Sus scrofa* Linn., in Ukraine. **Journal of Helminthology** 95. doi: 10.1017/S0022149X21000675

Anderson RC, Chabaud AG, Willmott S (2009) **Keys to the Nematode Parasites of Vertebrates**. Londres: CABI International 463pp.

Blasco-Costa I, Cutmore SC, Miller TL, Nolan MJ (2016) Molecular approaches to trematode systematics: 'best practice' and implications for future study. **Systematic Parasitology** 93:295-306. doi: 10.1007/s11230-016-9631-2

Brasil 2017: **Plano Nacional de Prevenção, Controle e Monitoramento do Javali (*Sus scrofa*) no Brasil**. Brasília: Ministério do Meio Ambiente (MMA) e Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Disponível em: [gov.br/ibama/pt-br/centrais-de-conteudo/2017-planojavali-2017-2022-pdf](http://gov.br/ibama/pt-br/centrais-de-conteudo/2017-planojavali-2017-2022-pdf) (data de acesso 01 de janeiro de 2022)

Callejón R, Nadler S, De Rojas M, Zurita A, Petrášová J, Cutillas C (2013) Molecular characterization and phylogeny of whipworm nematodes inferred from DNA sequences of *cox1* mtDNA and 18S rDNA. **Parasitology research** 112:3933-3949.

Callejón R, Cutillas C, Nadler SA (2015) Nuclear and mitochondrial genes for inferring *Trichuris* phylogeny. **Parasitology Research** 114:4591-4599.

Cameron, TWM (1924) On the nematode genus *Globocephalus* Molin, 1861. **Journal of Helminthology** 2:65-76. doi: 10.1017/S0022149X00003035.

Clunies Ross I, Kauzal G (1932) The life cycle of ***Stephanurus dentatus*** Deising [sic], 1839; the kidney worm of pigs; with observations on its economic importance in Australia and suggestions for its control. **Council of Scientific & Industrial Research** 58:80.

Criscione CD, Poulin R, Blouin MS (2005) Molecular ecology of parasites: elucidating ecological and microevolutionary processes. **Molecular ecology** 14:2247-2257. doi: 10.1111/j.1365-294X.2005.02587.x

Cutillas C, de Rojas M, Ariza C, Ubeda JM, Guevara D (2007) Molecular identification of *Trichuris vulpis* and *Trichuris suis* isolated from different hosts. **Parasitology Research** 100:383-389.

Cutillas C, Callejon R, De Rojas M, Tewes B, Ubeda JM, Ariza C, Guevara DC (2009) *Trichuris suis* and *Trichuris trichiura* are different nematode species. **Acta tropica** 111:299-307.

Dayrat B (2005) Towards integrative taxonomy. **Biological journal of the Linnean society** 85:407-417. doi: 10.1111/j.1095-8312.2005.00503.x

De Bellocq JG, Ferte H, Depaquit J, Justine JL, Tillier A, Durette-Desset MC (2001) Phylogeny of the Trichostrongylina (Nematoda) inferred from 28S rDNA sequences. **Molecular Phylogenetics and Evolution** 19:430-442.

De Ley P, Felix MA, Frisse L, Nadler S, Sternberg P, Thomas WK (1999) Molecular and morphological characterisation of two reproductively isolated species with mirror-image anatomy (Nematoda: Cephalobidae). **Nematology** 1:591-612.

Deng YP, Zhang XL, Li LY, Yang T, Liu GH, Fu YT (2021) Characterization of the complete mitochondrial genome of the swine kidney worm *Stephanurus dentatus* (Nematoda: Syngamidae) and phylogenetic implications. **Veterinary Parasitology** 295:109475.

Donkin RA (1985) The peccary: with observations on the introduction of pigs to the New World. **Transactions of the American Philosophical Society** 75:1-152. doi: 10.2307/1006340

Dunn AM (2009) Parasites and biological invasions. **Advances in parasitology** 68:161-184. doi: 10.1016/S0065-308X(08)00607-6

Dunn AM, Torchin ME et al. (2012) Indirect effects of parasites in invasions. **Functional Ecology** 26:1262-1274. doi: 10.1111/j.1365-2435.2012.02041.x

Dunn AM, Hatcher MJ (2015) Parasites and biological invasions: parallels, interactions, and control. **Trends in Parasitology** 31:189-199. doi: 10.1016/j.pt.2014.12.003

Edgar RC (2004) Muscle: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. **Nucleic Acids Research** 32:1792-1797. doi: 10.1093/nar/gkh340

Estrada-Peña A, Ostfeld RS, Peterson AT, Poulin R, de la Fuente J (2014) Effects of environmental change on zoonotic disease risk: an ecological primer. **Trends in Parasitology** 30:205-214. doi: 10.1016/j.pt.2014.02.003

Ewing B, Green P (1998) Base calling of automated sequencer traces using PHRED. II. Error probabilities. **Genome Research** 8:186-94. doi: 10.1101/gr.8.3.186

Fan PC, Lin CY, Huang P, Yen C W (1998) Finding of *Stephanurus Dentatus* in Pigs in Taiwan. **Taiwan Veterinary Journal** 24:63-67. doi: 10.7009/JTCSVS

Flynn RJ (1973) **Parasites of Laboratory Animals**. Iowa: Iowa state University Press.

Francis M (1978) **Estudo da helmintofauna de *Sus scrofa* L., 1758 no Estado do Rio de Janeiro - Brasil**. Rio de Janeiro: Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Disponível em: tede.ufrj.br/jspui/handle/jspui/3990 (acesso em 01 de janeiro de 2022)

Freitas MG, Costa HDA (1967) Pesquisas sobre helmintos e artrópodes parasitos de animais domésticos no Baixo Amazonas. **Atas do simpósio sobre a Biota Amazônica** 6:103-1.

Ganzorig S, Batsaikhan N, Samiya R, Morishima Y, Oku Y, Kamiya M (1999) A second record of adult *Ascarops strongylina* (Rudolphi, 1819) (Nematoda: Spirocercidae) in a rodent host. **The Journal of Parasitology** 283-285. doi: 10.2307/3285633

Gasser, RB, Chilton NB, Hoste H, Beveridge I (1993) Rapid sequencing of rDNA from single worms and eggs of parasitic helminths. **Nucleic acids research** 21:2525. doi: 10.1093/nar/21.10.2525

Georgiev M, Kamburov P (1977) Occurrence of *Oesophagostomum quadrispinulatum* Marcone, 1901 (syn. *O. longicaudum* Goodey, 1925) in domestic pigs in Bulgaria. **Khelmitologiya** 4:11-16.

Giang NT, Hoan TD, Huyen NTT, Lan NTK, Doanh PN (2017) Morphological and molecular characterisation of *Strongyloides ransomi* (Nematoda: Strongyloididae) collected from domestic pigs in Bac Giang province, Vietnam. **Academia Journal of Biology** 39: 270-275.

Gordon D, Abajian C, Green P (1998) Consed: a graphical tool for sequence finishing. **Genome Research** 8:195-202. doi: 10.1101/gr.8.3.195

Graber M, Euzéby J, Thal J (1971) *Stephanurus dentatus* Diesing, 1839 chez un phacochère, *Phacochoerus aethiopicus* Pallas, de Test de la R.C.A. **Bulletin de la Société de Pathologie Exotique** 64:468-473.

Green P (1996) Phrad documentation. Disponível: [bozeman.mbt.washington.edu/phrap.docs/phrap.html](http://bozeman.mbt.washington.edu/phrap.docs/phrap.html) (acesso em 01 de janeiro de 2022)

Hatcher MJ, Dick JT, Dunn AM (2012) Disease emergence and invasions. **Functional Ecology** 26:1275-1287. doi: 10.1111/j.1365-2435.2012.02031.x

Hawash MB, Andersen LO, Gasser RB, Stensvold CR, Nejsum P (2015) Mitochondrial genome analyses suggest multiple *Trichuris* species in humans, baboons, and pigs from different geographical regions. **PLoS Neglected Tropical Diseases** 9:e0004059.

Hoklova IG (1986) **The acanthocephalan fauna of terrestrial vertebrates of the USSR**. Moscow: Nauka 276pp.

Holterman, M., van der Wurff, A., van den Elsen, S., van Megen, H., Bongers, T., Holovachov, O., Bakker, J. & Helder, J. (2006) Phylum-wide analysis of SSU rDNA reveals deep phylogenetic relationships among nematodes and accelerated evolution toward crown clades. *Molecular Biology and Evolution*, 23, 1792-1800. doi: 10.1093/molbev/msl044

Hudson DH, Scornavacca C (2012) Dendroscope 3: an interactive tool for rooted phylogenetic trees and networks. **Systematic Biology** 61:1061-7. doi: 10.1093/sysbio/sys062.

Huggins LG, Michaels CJ, Cruickshank SM, Preziosi RF, Else KJ (2017) A novel copro-diagnostic molecular method for qualitative detection and identification of parasitic nematodes in amphibians and reptiles. **PloS One** 12:e0185151. doi: 10.1371/journal.pone.0185151

Hulme PE (2014) Invasive species challenge the global response to emerging diseases. **Trends in Parasitology** 30:267-270. doi: 10.1016/j.pt.2014.03.005

IBAMA. **Portaria No 102, de 15 de julho de 1998, do Instituto Brasileiro do Meio Ambiente dos Recursos Naturais Renováveis (IBAMA) dispõe sobre criadores com fins econômicos de fauna silvestre exótica**. Brasília: Ministério do Meio Ambiente, 1998a.

IBAMA. **Portaria No 93, de 7 de julho de 1998, do Instituto Brasileiro do Meio Ambiente dos Recursos Naturais Renováveis (IBAMA) dispõe sobre importação e exportação de fauna silvestre**. Brasília: Ministério do Meio Ambiente, 1998b.

IBAMA. **Portaria No 33/98, de 31 de março de 1998, do Instituto Brasileiro do Meio Ambiente dos Recursos Naturais Renováveis (IBAMA)**. Brasília: Ministério do Meio Ambiente, 1998c

Jessee MT, Schilling PW, Stunkard JA (1970) Identification of intestinal helminth eggs in old world primates. **Laboratory Animal Care** 20:83-7.

Karadjian G, Kaestner C, Laboutière L, Adicéam E, Wagner T, Johne A, Thomas M, Polack B, Mayer-Scholl A, Vallée I (2020) A two-step morphology-PCR strategy for the identification of nematode larvae recovered from muscles after artificial digestion at meat inspection. **Parasitology Research**, 119:4113-4122. doi: 10.1007/s00436-020-06899-7

Kelly DW, Paterson RA, Townsend CR, Poulin R, Tompkins DM (2009) Parasite spillback: a neglected concept in invasion ecology? **Ecology** 90:2047-2056. doi: 10.1890/08-1085.1

Lane C (1922) A preliminary note on two Strongylata from swine in the Pacific. **Annals & Magazine of Natural History** 9:683-685. doi:10.1080/00222932208632732.

Lichtenfels JR, Tromba FG (1972) The morphogenesis of *Stephanurus dentatus* (Nematoda: Strongylina) in swine with observations on larval migration. **The Journal of Parasitology** 757-766. doi: 10.2307/3278309

Lin RQ, Zhu XQ et al. (2007) Characterization of *Oesophagostomum* spp. from pigs in China by PCR-based approaches using genetic markers in the internal transcribed spacers of ribosomal DNA. **Parasitology Research** 101:351-356.

Lin RQ, Liu GH et al. (2012). *Oesophagostomum dentatum* and *Oesophagostomum quadrispinulatum*: characterization of the complete mitochondrial genome sequences of the two pig nodule worms. **Experimental Parasitology** 131:1-7.

Lin RQ, Liu GH et al. (2012) Sequence variability in three mitochondrial genes between the two pig nodule worms *Oesophagostomum dentatum* and *O. quadrispinulatum*. **Mitochondrial DNA** 23:182-186.

Lin RQ, Shu L (2014) Characterization of the intergenic spacer rDNAs of two pig nodule worms, *Oesophagostomum dentatum* and *O. quadrispinulatum*. **The Scientific World Journal**.

Lisitsyna OI (2019) **Fauna of Ukraine**. Acanthocephala. Kyiv: Naukova Dumka p. 1–223.

Liu GH, Gasser RB et al. (2012) Clear genetic distinctiveness between human-and pig-derived *Trichuris* based on analyses of mitochondrial datasets. **PLoS Neglected Tropical Diseases** 6:e1539.

Lowe S, Browne, M, Boudjelas S, De Poorter M (2000) 100 of the world's worst invasive alien species: a selection from the global invasive species database. **World Conservation Union (IUCN)** 11:6. Disponível em: [issg.org/pdf/publications/worst\\_100/english\\_100\\_worst.pdf](http://issg.org/pdf/publications/worst_100/english_100_worst.pdf) (acesso em 01 de janeiro de 2022)

Luton K, Walker D, Blair D (1992) Comparisons of ribosomal internal transcribed spacers from two congeneric species of flukes (Platyhelminthes: Trematoda: Digenea). **Molecular and Biochemical Parasitology** 56:323-327. doi: 10.1016/0166-6851(92)90181-I

Meekums H, Hawash MB et al. (2015) A genetic analysis of *Trichuris trichiura* and *Trichuris suis* from Ecuador. **Parasites & Vectors** 8:1-5.

Mesa-Cruz JB, Brown JL, Waits LP, Kelly MJ (2016) Non-invasive genetic sampling reveals diet shifts, but little difference in endoparasite richness and faecal glucocorticoids, in Belizean felids inside and outside protected areas. **Journal of Tropical Ecology** 32:226-239. doi: 10.1017/S0266467416000213

Meyer A (1932–1933) **Acanthocephala**. Akademische Verlagsgesellschaft p.1–582.

Miller MA, Kinsella JM, Snow RW, Hayes MM, Falk BG, Reed RN, Mazzotti FJ, Guyer C, Romagosa CM (2018) Parasite spillover: indirect effects of invasive Burmese pythons. **Ecology and Evolution** 8:830-840. doi: 10.1002/ece3.3557

Nanev V, Mutafova T, Todev I, Hrusanov D, Radev V (2007) Morphological characteristics of Nematodes of the *Globocephalus* genus prevalent among wild boars from various regions of Bulgaria. **Bulgarian Journal of Veterinary Medicine** 10:103-111.

Nissen S, Al-Jubury A, Hansen TV, Olsen A, Christensen H, Thamsborg SM, Nejsun P (2012) Genetic analysis of *Trichuris suis* and *Trichuris trichiura* recovered from humans and pigs in a sympatric setting in Uganda. **Veterinary parasitology** 188: 68-77. doi: 10.1016/j.vetpar.2012.03.00

Oliveros R, Cutillas C, Arias P, Guevara D (1998) Morphologic, biometric and isoenzyme characterization of *Trichuris suis*. **Parasitology Research** 84:513-515.

Olson P D, Cribb TH, Tkach VV, Bray RA, Littlewood DTJ (2003) Phylogeny and classification of the Digenea (Platyhelminthes: Trematoda). **International journal for parasitology** 33:733-755. doi: 10.1016/S0020-7519(03)00049-3

Ooi HK, Tenora F, Itoh K, Kamiya M (1993) Comparative study of *Trichuris trichiura* from non-human primates and from man, and their difference with *T. suis*. **Journal of Veterinary Medical Science** 55:363-366. doi: 10.1292/jvms.55.363

Ozerskaya VN (1930) **Ascarid diseases in the digestive tract of pigs and their importance in the pigbreeding**. Moscow: Selhoozgis 128 p.

Padial JM, Miralles A, De la Riva I, Vences M (2010) The integrative future of taxonomy. **Frontiers in Zoology** 7:1-14. doi: 10.1186/1742-9994-7-16

Panayotova-Pencheva M, Dakova V (2018) Studies on the gastrointestinal and lung parasite fauna of wild boars (*Sus scrofa scrofa* L.) from Bulgaria. **Annals of Parasitology** 64:379–384.

Posada D, Crandall KA (1998) MODELTEST: testing the model of DNA substitution. **Bioinformatics** 14:817-8. doi: 10.1093/bioinformatics/14.9.817

Posada D, Buckley TR (2004) Model selection and model averaging in phylogenetics: advantages of Akaike Information Criterion and bayesian approaches over likelihood ratio tests. **Systematic Biology** 53:793-808. doi: 10.1080/10635150490522304

Pauling CD, Oller AR, Jackson V (2016) Fecal parasite identification by microscopy and PCR in scimitar-horned oryx, *Oryx dammah*, managed at two sites. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife** 5:312-320. doi: 10.1016/j.ijppaw.2016.11.001

Petrochenko VI (1958) **Acanthocephala of domestic and wild animals**. Moscow: Izdatel'stvo Akademii Nauk USSR. 478 p.

Pinheiro RHDS, Melo S, Benigno RNM, Giese EG (2021) *Globocephalus urosubulatus* (Alessandrini, 1909)(Nematoda: Ancylostomatidae) in Brazil: a morphological revisitation. **Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária** 30. doi: 10.1590/S1984-29612021078

Poulin R, Paterson RA, Townsend CR, Tompkins DM, Kelly DW (2011) Biological invasions and the dynamics of endemic diseases in freshwater ecosystems. **Freshwater Biology** 56:676-688. doi: 10.1111/j.1365-2427.2010.02425.x

Poulin R, Presswell B (2016) Taxonomic quality of species descriptions varies over time and with the number of authors, but unevenly among parasitic taxa. **Systematic Biology** 65:1107-1116. doi: 10.1093/sysbio/syw053

Poulin R, Hay E, Jorge F (2019) Taxonomic and geographic bias in the genetic study of helminth parasites. **International Journal for Parasitology** 49:429-435. doi: 10.1016/j.ijpara.2018.12.005

Prenter J, MacNeil C, Dick JT, Dunn AM (2004) Roles of parasites in animal invasions. **Trends in Ecology & Evolution** 19:385-390. doi: 10.1016/j.tree.2004.05.002

Rashid MH, Gebrekidan H, Jabbar A (2018) Multiplexed-tandem PCR (MT-PCR) assay to detect and differentiate gastrointestinal nematodes of alpacas. **Parasites & Vectors** 11:1-6. doi: 10.1186/s13071-018-2963-9

Richardson DJ (2005) Identification of cystacanths and adults of *oligacanthorhynchus tortuosa*, *Macracanthorhynchus ingens*, and *Macracanthorhynchus hirudinaceus* based on proboscis and hook morphometrics. **Journal of the Arkansas Academy of Science** 59:205-209. Disponível em: scholarworks.uark.edu/jaas/vol59/iss1/30 (acesso em 01 de janeiro de 2022)

Ronquist F, Huelsenbeck JP (2003) MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. **Bioinformatics** 19:1572-1574. doi: 10.1093/bioinformatics/btg180

Said Y, Gharbi M, Mhadhbi M, Dhibi M, Lahmar S (2018) Molecular identification of parasitic nematodes (Nematoda: Strongylida) in feces of wild ruminants from Tunisia. **Parasitology** 145:901-911. doi: 10.1017/S0031182017001895

São Paulo (2012) **Caracterização socioeconômica das regiões do Estado de São Paulo – Região Administrativa de Barretos**. São Paulo: Secretaria de Planejamento e Desenvolvimento Regional. Disponível em: [smastr16.blob.core.windows.net/legislacao/2017/11/resolucao-sma-146-2017.pdf](https://smastr16.blob.core.windows.net/legislacao/2017/11/resolucao-sma-146-2017.pdf) (acesso em 01 de janeiro de 2022)

Sambrook J, Russell DW (2001) **Molecular cloning: a laboratory manual**. Londres: CSHL Press, 3ed.1448 pp.

Sanger F Nicklen S, Coulson AR (1977) DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. **Proceedings of the National Academy of Sciences**. 74:5463–5467.

Seesao Y, Gay M, Merlin S, Viscogliosi E, Aliouat-Denis C M, Audebert C (2017) A review of methods for nematode identification. **Journal of Microbiological Methods** 138:37-49. 10.1016/j.mimet.2016.05.030

Shmytova GY (1963) Byology *Ascarops strongylina* (Rudolphi, 1819) and questions about the epizootology of ascaropsosis in pigs. Moscow.

Taraschewski H (2006) Hosts and parasites as aliens. **Journal of Helminthology** 80:99-128. doi: 10.1079/JOH2006364

Tenora F, Hovorka I, Hejlková D (1988) A supplement to the scanning electron microscopy of some *Trichocephalus* spp. (Nematoda). **Helminthologia** 25:227-234.  
Sarwar MM (1959) Reconstruction of the genus *Trichuris* and a short review of its taxonomy and morphology. **Biología (Lahore)** 5:19-35.

Travassos L (1917) **Contribuições para o conhecimento da fauna helmintológica brasileira**. VI. Revisao dos acantocefalos brasileiros. Parte I. Fam. Gigantorhynchidae Hamann, 1892. Memórias do Instituto Oswaldo Cruz p. 5–62.

Vicente JJ, Rodrigues HO, Gomes DC, Pinto R M (1997) Nematóides do Brasil. **Revista Brasileira de Zoologia**, 14:1–452. doi: 10.1590/S0101-81751997000500001  
Xu PR (1980) Studies on kidney worm diseases of swine. I. Morphological studies of *Stephanurus dentatus* Diesing, 1839 with a description of a new species. **Annual Bulletin of the Society of Parasitology** 2:68-71.

Williams AR, Ropiak HM, Fryganas C, Desrues O, Mueller-Harvey I, Thamsborg S M (2014) Assessment of the anthelmintic activity of medicinal plant extracts and purified condensed tannins against free-living and parasitic stages of *Oesophagostomum dentatum*. **Parasites & vectors** 7:1-12.

Wimmer B, Craig BH, Pilkington JG, Pemberton JM (2004) Non-invasive assessment of parasitic nematode species diversity in wild Soay sheep using molecular markers. **International Journal for Parasitology** 34:625-631. doi: 10.1016/j.ijpara.2003.11.022

Yamaguti S (1963) *Systema helminthum*. 5th vol. 423 pp. Acanthocephala. New York, Interscience Publishers Inc.

Zarlenga DS, Rosenthal BM, La Rosa G, Pozio E, Hoberg E P (2006) Post-Miocene expansion, colonization, and host switching drove speciation among extant nematodes of the archaic genus *Trichinella*. **Proceedings of the National Academy of Sciences** 103:7354-7359.

### **CAPÍTULO 3 – Considerações Finais**

Os resultados obtidos fornecem evidências de que os javalis mantiveram alguns de seus parasitas típicos comuns a suídeos e não atuaram como hospedeiros de captura de nenhuma espécie nativa da região Neotropical. Eles podem atuar como dispersores destes parasitas para a suinocultura, em especial criações extensivas de subsistência pouco tecnificadas, e, possivelmente, para os taiassuídeos nativos.

De modo geral os estudos morfológicos e morfométricos das espécies analisadas se encontravam defasados e incompletos, em especial para *S. dentatus*. Este trabalho trouxe descrições morfológicas e dados morfométricos detalhados e padronizados para atualizar estas informações. Mesmo com o avanço das técnicas moleculares de identificação de espécies, o conhecimento da morfologia continua sendo essencial e o ideal é que ambas as técnicas sejam utilizadas de forma complementar segundo os princípios da taxonomia integrativa.

Foi possível perceber uma carência de estudos moleculares para quase todas as espécies analisadas. As sequências de genes de interesse filogenético obtidas irão auxiliar trabalhos futuros, e é importante que os estudos moleculares continuem a se ampliar no campo da helmintologia. Uma boa base de dados moleculares irá possibilitar a execução de trabalhos utilizando-se amostras não invasivas, como fezes, por exemplo; estudos puramente morfológicos deste tipo de amostras, especialmente se provenientes de animais selvagens, são limitados.