

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo desta dissertação será disponibilizado somente a partir de 21/02/2024.

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

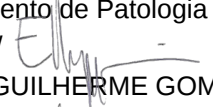
TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: TAXONOMIA INTEGRATIVA DE HELMINTOS DE JAVALIS (*Sus scrofa*)

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 Reprodução e Saúde Única / 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^a. Dr^a. 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.



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 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: Acantocephala, invasive fauna, wild boar, Nematoda, Suidae

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.

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 (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 (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. **Khelmintologiya** 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) Phrap documentation. Disponível: 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, 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

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 (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, Nejsum 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: Selhooziz 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 (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.