

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA CAMPUS PALMEIRA DAS MISSÕES
CURSO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS – LICENCIATURA PLENA**

Sofia Gerhardt Welter

**DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE *TAENIA SAGINATA* NO
RIO GRANDE DO SUL, BRASIL**

Palmeira das Missões, RS

Fevereiro / 2021

Sofia Gerhardt Welter

**DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE *TAENIA*
SAGINATA NO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL**

Trabalho de Conclusão de Curso,
apresentado ao curso de Ciências
Biológicas- Licenciatura Plena, da
Universidade Federal de Santa
Maria campus Palmeira das
Missões, em preparação para
submissão à revista Veterinary
Parasitology, como requisito
parcial para obtenção de título de
**Graduado em Ciências
Biológicas – Licenciatura**

Orientador: Prof. Drº Daniel Ângelo Sganzerla Graichen

Co- Orientadora: Msc Jéssyca Bressan Schwantes

Palmeira das Missões, RS / 2021

1 **Diversidade genética e estrutura populacional de *Taenia saginata* no Rio Grande**
2 **do Sul, Brasil**

3
4 Welter, Sofia Gerhardt¹; Schwantes, Jéssyca Bressan^{1,2}; de Paula, Adriano Alves¹;
5 Graichen, Daniel Ângelo Sganzerla^{1,2}

6
7 ¹ Laboratório de Genética Evolutiva, Universidade Federal de Santa Maria *campus* de
8 Palmeira das Missões. Avenida Independência, 3751, 98300-000, Palmeira das Missões,
9 Rio Grande do Sul, Brasil

10 ² Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade Animal, Universidade Federal de
11 Santa Maria, Avenida Roraima, 1000, Santa Maria, Rio Grande do Sul, 97105-900,
12 Brasil

13 Contato autor correspondente: 055 996605004 / sofiawelter98@gmail.com

14
15 **Resumo**

16 *Taenia saginata* é um parasito que utiliza em seu ciclo de vida bovinos como hospedeiro
17 intermediário e humanos como hospedeiro definitivo, mesmo estando amplamente
18 distribuído no país, pouco se sabe sobre a história evolutiva, diversidade genética e
19 estrutura populacional deste parasito. Este estudo objetivou avaliar a diversidade genética
20 de *T. saginata* e sua estrutura populacional no Rio Grande do Sul. Assim sendo, foram
21 coletadas lesões de *T. sagianta* em bovinos de um frigorifico na região central do Rio
22 Grande do Sul, que foram dissecadas isolando apenas o cisticerco para o processo de
23 isolamento de DNA por meio do protocolo de fenol-clorofórmio, seguindo para a

24 amplificação e sequenciamento do gene citocromo C oxidase subunidade 1 (*COI*). Das
25 amostras do Rio Grande do Sul foi possível encontrar 4 haplótipos em 35 sequências, que
26 apresentaram pouca diversidade nucleotídica (0,001) e haplotípica (0,418) além de
27 apresentar valor de $F_{ST} = -0,080$, o teste de neutralidade de Tajima apresentou valor de
28 $D = -1,41$ mostrando que a fonte diversificadora está dentro da população. Já a rede de
29 haplótipos, apresentou padrão *starlike*. Estes dados estão de acordo com uma colonização
30 recente do parasito, provavelmente introduzido no Brasil por meio de bovinos da Eurásia,
31 a similaridade entre as sequencias pode estar relacionada a um efeito de *bottleneck* e o
32 padrão *starlike* demonstra recentes eventos de expansão populacional, além disso a baixa
33 diversidade também pode estar relacionada ao trânsito intenso de animais dentro do Rio
34 Grande do Sul.

35

36 Palavras- chave: Estrutura genética; Cisticercose; mtDNA; Parasitologia.

37

38 1. Introdução

39 Parasitos do gênero *Taenia* pertencem ao filo Platyhelminthes, classe Cestoda,
40 subclasse Eucestoda e família Taenidae, sendo comumente chamadas de tênias. A
41 primeira descrição deste parasito aconteceu em 1758 por Linnaeus, porém há menções
42 destes parasitos desde a antiguidade, como relatos que apontam a presença de ovos de
43 *Taenia* em múmias encontradas no Irã, datadas em 300 AC (Nezamabadi et al., 2013).

44 Historicamente ocorreram pelo menos dois eventos independentes de
45 transferência de hospedeiros silvestres para hominídeos, um provavelmente por meio da
46 família Felidae (*T. saginata* e *T. asiática*) e outro da família Hyaenidae (*T. solium*),
47 provavelmente antes do início da pecuária (Hoberg, 2006). A manutenção de tênias na
48 população de humanos provavelmente se deu por meio de canibalismo, constituindo um

49 ciclo humano – humano (DeFleur et al., 1999). Outra possível hipótese, está relacionada
50 a domesticação de ungulados, que conseqüentemente originou ciclos sinantrópicos e
51 propiciou a manutenção do parasito (Hoberg et al., 2001).

52 Dentre as espécies de parasitos, *T. solium* possui padrões de dispersão mediados
53 por humanos que, por sua migração dos pontos de domesticação para outras regiões
54 expandiram a distribuição do parasito pela Europa e norte da África, chegando
55 posteriormente nas Américas (Hoberg, 2006). Mesmo o gênero *Taenia* apresentar
56 histórias divergentes, *T. saginata* também apresentou a similaridade da história de
57 colonização e translocação de humanos e bovino (Avisé, 2000). O ciclo de vida de *T.*
58 *saginata* depende das relações entre presa e predador, neste caso, entre hospedeiro
59 definitivo (humanos) e intermediário (bovinos) (Rey, 2008).

60 A Organização Mundial de Saúde (OMS) apresenta cisticercose e teníase como
61 doenças tropicais negligenciadas e no Brasil, ambas são subnotificadas. O Rio Grande do
62 Sul representa o 7º maior produtor de bovino do Brasil, e tem alcançado a prevalência de
63 aproximadamente 5% de lesões registardas nas inspeções sanitárias (Rio Grande do Sul,
64 2020).

65 Os marcadores de DNA mitocondrial tem sido uma ferramenta inicial para
66 descrever e delimitar táxons em nível molecular. Estudos atuais mostram a variação
67 genética da *T. solium* e cisticercose humana, porém quando se trata de *T. saginata* as
68 informações são limitadas em relação a variação genética (ROSTAMI et al., 2015). O uso
69 de ferramentas moleculares pode auxiliar na correta identificação, e com isso ajudar no
70 manejo dos animais, fazendo com que as medidas de controle se tornem mais eficazes
71 (CAMPBELL et al., 2006). Pode-se desta forma, mais uma vez, perceber que conhecer
72 a estrutura genética dentro das postulações é um informativo relacionado às possíveis
73 mudanças evolutivas futuras (ABUSEIR et al., 2018). Segundo Sanpool et al. (2017), não

74 é possível estabelecer relações filogenéticas por conta da escassez de estudos e dados,
75 mostrando ainda mais a relevância de realizar um estudo filogenético populacional de
76 *Taenia* spp. no Brasil.

77 A caracterização molecular desse parasito é importante tanto no âmbito médico
78 quanto no veterinário, pois é um fato determinante para entender a epidemiologia e
79 controle dessas infecções parasitárias, ainda mais considerando sua distribuição mundial
80 e consequente diversidade genética (ROSTAMI et al., 2015). Desta forma, o trabalho
81 busca elucidar e caracterizar geneticamente a espécie *T. saginata* no Rio Grande do Sul,
82 estabelecendo sua diversidade intraespecífica e estrutura populacional deste parasito.

83

84 2. Metodologia

85 2.1 Amostragem

86 A amostragem de *Cysticercus bovis* foi realizada juntamente com a inspeção de
87 um frigorífico do Rio Grande do Sul, que recebe rebanhos de diferentes regiões, assim
88 permitindo maior amplitude na amostragem. Os cisticercos foram coletados de cada
89 hospedeiro intermediário (bovino), sendo imediatamente armazenados em etanol
90 absoluto e conservados em temperaturas de - 20°C até a extração de DNA. A identificação
91 de cada lesão coletada foi identificada por município de origem do hospedeiro
92 intermediário. As lesões foram dissecadas de forma a isolar apenas o cisticerco, buscando
93 retirar todo tecido bovino possível.

94 2.2 Análise Molecular

95 O DNA mitocondrial foi acessado segundo protocolo de extração por fenol-
96 clorofórmio modificado (Green; Sambrook, 2012). O DNA isolado foi amplificado por
97 PCR para o gene da subunidade I do Citocromo *c* oxidase (COI), assim um fragmento de
98 400 pb do COI foi amplificado por meio do *primer* iniciador JB3 5'-

99 TTTTTTGGGCATCCTGAGGTTTAT-3' e reverso JB4.5 5'-
100 TAAAGAAAGAACATAATGAAAATG-3' (Bowles et al., 1992). As reações em cadeia
101 da polimerase (25µL) foram realizadas utilizando 1,5mM de MgCl₂, 2mM cada um dos
102 dNTPs, 20 pmol de cada *primer*, 5 U Taq e cerca de 100 ng de DNA molde, sob o seguinte
103 perfil térmico: desnaturação inicial a 95°C por 5 minutos; 35 ciclos a 95°C por 1 minuto,
104 50°C por 1 minuto, 72°C por 1 minuto; extensão final de 72°C por 5 minutos. Os
105 amplicons foram purificado utilizando precipitação por Polietilenoglicol (PEG) 13% e
106 sequenciados por metodologia de Sanger, em ambas as direções no sequenciador
107 Seqstudio Genetic Analyzer.

108 2.3 Análise dos dados

109 Após o sequenciamento, os eletroferogramas foram analisados e editados no
110 pacote Staden (Staden, 1996), sendo sua identificação confirmada por meio de BLASTn
111 (NCBI). Para o alinhamento das sequências, utilizou-se o algoritmo ClustalW
112 implementado no programa MEGA 7 (KUMAR et al., 2016). As amostras do Rio Grande
113 do Sul, foram divididas em quatro mesoregiões, sendo essas: sudeste (três amostras),
114 sudoeste (três amostras), noroeste (cinco amostras) e central (24 amostras). Além das
115 nossas sequências, foram utilizadas todas as sequências já depositadas no GenBank
116 (Tabela 3), fazendo referência a *T. saginata* para o gene *COI*.

117 Os dados descritivos da variabilidade genética, diversidade haplótípica (Hd) e
118 diversidade nucleotídica (π), bem como o teste de Tajima D foram calculados no
119 programa DNAsp 6.0 (Librado; Rozas, 2009). Posteriormente, foi realizada a construção
120 de duas redes de haplótipos utilizando o software Network 5.0 (Bandelt et al., 1999),
121 ambas as redes de haplótipos consideraram o local de origem, sendo que uma constou
122 com todas as amostras mundiais, sendo divididas em Velho e Novo mundo; e a outra
123 constou com as amostras do Rio Grande do Sul, divididas em mesorregiões. A

124 distribuição hierárquica da diversidade genética dentro das populações amostrados foi
125 realizada por AMOVA.

126

127 3. Resultados

128 Foram analisadas 35 amostras do Rio Grande do Sul, sendo 24 sequências da
129 mesorregião central, cinco da mesorregião noroeste, três da mesorregião sudeste e três da
130 mesorregião sudoeste. Os sequenciamentos contabilizaram 336 pares de base (pb), nestes
131 foi possível encontrar no Rio Grande do Sul quatro haplótipos, com diversidade
132 haplotípica de $Hd=0,418$ e nucleotídica de $\pi=0,001$ (Tabela 1).

133 A diversidade nucleotídica foi baixa nas mesorregiões (Noroeste $\pi= 0,001$ e
134 Centro $\pi= 0,002$), enquanto as mesorregiões Sudeste e Sudoeste foram monomórficas.
135 Entretanto, a diversidade haplotípica variou de zero em mesorregiões monomórficas até
136 $Hd = 0,600$ na mesorregião noroeste. O centro, apesar de apresentar o maior número de
137 haplótipos apresentou $Hd = 0,471$. O teste de Tajima D apresentou $P = -1,418$ no estado
138 do Rio Grande do Sul e $P = -2,510$ para todas as amostras (Tabela 1).

139 A árvore de haplótipos mostrou um padrão *starlike*, onde o haplótipo RS1 foi o
140 mais frequente, e é compartilhado com todas as mesorregiões do estado. A região central
141 compartilha haplótipos com as demais mesorregiões (RS1 e RS2), e dois exclusivos RS3
142 e RS4. Já a mesorregião noroeste possui dois haplótipos, sendo um compartilhado com a
143 região central (RS2) e o outro compartilhado com todas as mesorregiões. As regiões
144 sudoeste e sudeste possuem apenas um haplótipo (RS1) (Figura 1A).

145 A análise das relações entre os haplótipos, mostrou a existência de um haplótipo
146 principal representado por 26 indivíduos (RS1) e presente em todas as regiões, separado
147 por um passo mutacional com o haplótipo RS2 que representa as regiões central e
148 noroeste, o haplótipo mais distante é o RS4, que está separado por três passos mutacionais

149 do RS1. O haplótipo RS2 é representado por sete indivíduos, dois da região noroeste e
150 cinco da região central, estando a um passo mutacional do haplótipo principal (RS1)
151 (Figura 1B). Ao relacionar as amostras deste estudo com as anteriormente depositadas no
152 GenBank, foi possível encontrar 19 haplótipos em um padrão *starlike*. O haplótipo mais
153 frequente foi o H1, que é encontrado tanto no Velho Mundo quanto no Novo Mundo,
154 enquanto nesta relação ainda há dois haplótipos exclusivos do Rio Grande do Sul, o H2
155 (mesorregião central e noroeste) e H3 (mesorregião Central) (Figura 1A).

156 Em relação a estruturação populacional, a AMOVA apresentou valor maior de
157 fonte de diferenciação dentro da população (108,10) do que entre populações (-8,10),
158 conforme Tabela 2. Além disso, o F_{ST} que mede a diferenciação entre quaisquer
159 populações, e que varia de 0 para populações idênticas até 41 para populações totalmente
160 diferentes, apresentou valor de 0,08, indicando populações muito similares no Rio Grande
161 do Sul.

162

163 4. Discussão

164 A lacuna de conhecimento quanto a genética de populações de *Taenia saginata*
165 torna-se perceptível na análise das amostras disponíveis no GenBank, as quais foram
166 provenientes de poucos trabalhos (11 ao total, incluindo muitos estudos de casos, como
167 por exemplo, o trabalho de Won, et al. (2019)), em especial do estudo de Sanpool, et al.
168 (2017) na Tailândia, que representa 40% das sequências depositadas. Este foi o primeiro
169 estudo relacionado a diversidade e estrutura populacional de *Taenia saginata* no Brasil,
170 em específico Rio Grande do Sul. Entender as características genéticas do parasito é
171 importante para elucidar questões sobre: i) a correta identificação, ii) manejo e iii)
172 controle do parasito (Rostami et al., 2015).

173 Neste trabalho, observamos para as amostras do Rio Grande do Sul uma baixa
174 diversidade haplotípica ($H_d = 0,418$) e nucleotídica ($\pi = 0,001$), sendo possível encontrar
175 quatro haplótipos para o Rio Grande do Sul em um total de 35 amostras (Figura 1B). A
176 rede de haplótipos apresentou padrão *starlike* e a análise de neutralidade de Tajima
177 (Tajima, 1989) apresentou valor de $D = -1,41889$. Em conjunto, estes dados são
178 compatíveis com um efeito *bottleneck* seguido de uma expansão populacional na
179 população do Rio Grande do Sul. De maneira similar, o mesmo padrão é observado em
180 um estudo realizado na Tailândia, em que os autores concluem que as populações
181 estudadas se encontram parcialmente isoladas e sofrendo expansões independentemente
182 (Sanpool et al., 2017).

183 Ao compararmos a diversidade genética encontrada em nosso estudo, adicionadas
184 a outros quatro da América do Sul (chamadas aqui de Novo Mundo), com a diversidade
185 de sequências proveniente do Velho Mundo, percebemos que ambas apresentam baixa
186 diversidade nucleotídica e haplotípica (Tabela 1). O valor do teste de Tajima para o
187 conjunto total de sequências ($D = -2,510$) sugere que mundialmente o parasito apresenta
188 eventos generalizados de expansão populacional, isso também é corroborado pela
189 estruturação da rede de haplótipos (Figura 1A) que segue o padrão *starlike*. O mesmo
190 padrão de expansão populacional é observado para outros parasitos do filo Plathelminthes,
191 como em *Fasciola hepatica* no Rio Grande do Sul (Schwantes et al., 2019). As sequências
192 do Rio Grande do Sul apresentaram 4 haplótipos em 35 sequências analisadas, porém ao
193 analisar estas sequências junto com as depositadas no GenBank, encontramos apenas 3
194 haplótipos do Rio Grande do Sul, isso se deve pois após o alinhamento de todas as
195 sequências ocorreu a redução de pares de bases.

196 Este padrão de expansão populacional a partir de *bottlenecks* consecutivos estão
197 de acordo com a biologia do parasito, uma vez que ele é introduzido em uma nova região,

198 poucos haplótipos fazem parte da população fundadora original, estes haplótipos iniciais
199 acabam sofrendo mutações e conseqüentemente geram novos haplótipos (Avise, 2000).

200 Quanto a origem de *Taenia saginata* nas Américas, acredita-se que a principal
201 hipótese está relacionada com o trânsito de animais domésticos (bovinos) oriundos da
202 Eurásia e África (Hoberg, 2006). Na rede de haplótipos construída com sequências do
203 Novo e Velho Mundo (Figura 1A), pode-se perceber que há um haplótipo principal (H_1)
204 que abriga a maior parte das sequencias mundiais, e também sequencias do Rio Grande
205 do Sul. Este compartilhamento de haplótipo nos leva a pensar na origem deste parasito,
206 provavelmente sendo a Eurásia (Hoberg, 2006).

207 Sabe-se que substituições nucleotídicas não são comuns e levam tempo para
208 acontecer, mas mesmo ao considerar as sequências mundiais, foram encontrados dois
209 haplótipos (H2 e H3) exclusivos do Rio Grande do Sul, estes estão distantes um passo
210 mutacional do haplótipo principal (H1), uma situação semelhante de expansão
211 populacional já foi relatada para outros helmintos como para *Fasciola hepática*
212 (Schwantes et al. 2019).

213 A análise de AMOVA do Rio Grande do Sul, demonstrou que a maior parte da
214 diferenciação genética é encontrada dentro das populações, e não entre as populações
215 (Tabela 2). Além disso, a ausência de estruturação populacional é indicada pelo valor de
216 F_{ST} -0.08095. Assim, pode-se sugerir que a estruturação populacional está baseada em
217 apenas uma população ancestral ou pela dinâmica populacional do parasito e de seus
218 hospedeiros (trânsito intenso de hospedeiro intermediário e definitivo) (Sanpool, 2017).

219

220 5. Condiserações finais

221 Este estudo representa a primeira abordagem em relação a caracterização
222 molecular de *T. saginata* no Brasil. Sendo perceptível que a diversidade genética do

223 parasito no Rio Grande do Sul não é significativa, porém a fonte de diversificação esta
224 dentro da população e a rede de haplótipos apresenta padrão que indica expansão
225 populacional, assim sendo necessário manter o acompanhamento a dinâmica evolutiva
226 deste parasito ao longo do tempo. Conhecer estes dados possibilita o manejo adequado
227 da zoonose, tanto do ponto de vista de saúde humana e animal, bem como para
228 acompanhar a dinâmica evolutiva do parasita e suas possíveis variantes (Lopes, 2017).

229 Assim sendo, fica explicita a importância de seguir o estudo com mais amostras;
230 principalmente das mesorregiões Sudoeste, Sudeste e Noroeste, mas também de outros
231 estados do Brasil; bem como, utilizar mais marcadores moleculares para outros genes,
232 para assim elucidar com maior clareza os aspectos da dinâmica populacional em nível de
233 Brasil.

234

235 Agradecimentos

236 Agradeço a FAPERGS pelo apoio financeiro; a CAPES e ao UFSM Detecta pelas bolsas
237 ao longo do projeto e ao Médico Veterinário Luís Antônio Vielmo (SIF 1733, Santa
238 Maria) pela disponibilidade das amostras.

239 Referências Bibliográficas

- 240 Abuseir, S.; Schicht, S.; Springer, A.; Nagel-Kohl, U.; Strube, C. 2018. Genetic
241 Characterization of *Taenia saginata* Cyst Isolates from Germany. Vector-Borne and
242 Zoonotic Diseases, 18(8), 433-439.
- 243 Avise J. C. 2000. Phylogeography: the history and formation of species. Cambridge'
244 Harvard University Press.
- 245 Bandelt, H. J.; Forster, P.; Röhl, A. 1999. Median-joining networks for inferring
246 intraspecific phylogenies. Molecular biology and evolution, 16(1), 37-48.
- 247 Bowles, J.; Blair, D.; McManus, D. P. 1992. Genetic variants within the genus
248 Echinococcus identified by mitochondrial DNA sequencing. Molecular and biochemical
249 parasitology, 54(2), 165-173.
- 250 Campbell, G.; Garcia, H. H.; Nakao, M.; Ito, A.; Craig, P. S. 2006. Genetic variation in
251 *Taenia solium*. Parasitology international, 55 Suppl, S121–S126.
- 252 DeFleur A.; White T.; Valensi P.; Cregut-Bonnoure L. 1999. Neanderthal cannibalism at
253 Mouly-Guercy, Arde`che, France. Science 128 – 31.
- 254 Green, M. R.; Sambrook, J. 2012. Molecular cloning – a laboratory manual. 4th edn. New
255 York, Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- 256 Hoberg E..P.; Alkire N.; de Quieroz A.; Jones A. 2001. Out of Africa: origins of the
257 *Taenia* tapeworms in humans. Proc R Soc Lond B ;268:781 – 7.
- 258 Hoberg, E. P. 2006. Phylogeny of *Taenia*: Species definitions and origins of human
259 parasites. Parasitology International, v.55 p. S23-S30.
- 260 Kumar, S.; Stecher, G.; Tamura, K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics
261 Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. Molecular Biology and Evolution 33, 1870–
262 1874.

263 Librado P.; Rozas J. 2009. DnaSP v5, a software for comprehensive analysis of DNA
264 polymorphism data. *Bioinformatics* 25, 2496–2597.

265 Lopes, F. P. N. 2017. Cisticercose bovina: análise da interpretação da legislação por
266 fiscais estaduais agropecuários do Rio Grande do Sul.

267 Nezamabadi, M.; Mashkour, M.; Aali, A. 2013. Identification of *Taenia* sp. in a Natural
268 Human Mummy (Third Century BC) from the Chehrabad Salt Mine in Iran," *Journal of*
269 *Parasitology*, 99(3), 570-572.

270 Rey, L. 2008. *Parasitologia: parasitos e doenças parasitárias do homem nos trópicos*
271 *ocidentais / Luís Rey.- 4.ed. - Rio de Janeiro : Guanabara Koogan.*

272 Rio Grande do Sul. 2020. *Atlas Socioeconômico do Rio Grande do Sul. Secretaria de*
273 *Planejamento, Governança e Gestão. Departamento de Planejamento, Governança e*
274 *Gestão. Departamento de planejamento Governamental – 5 ed.*

275 Rostami, S.; Salavati, R.; Beech, R. N.; Babaei, Z.; Sharbatkhori, M.; Harandi, M. F.
276 2015. Genetic variability of *Taenia saginata* inferred from mitochondrial DNA
277 sequences. *Parasitology research*, 114(4), 1365-1376.

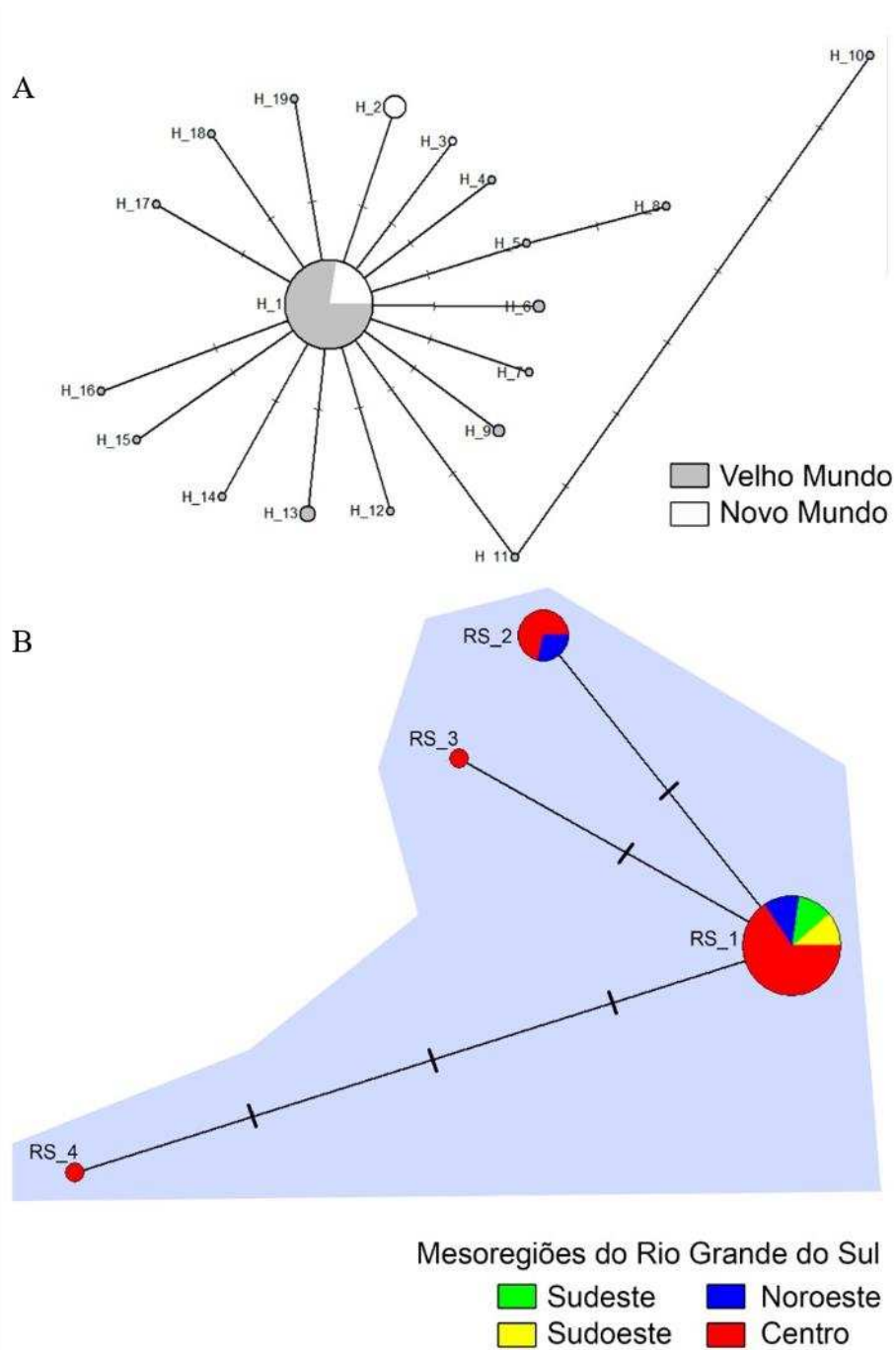
278 Sanpool, O.; Rodpai, R.; Intapan, P. M.; Sadaow, L.; Thanchomnang, T.; Laymanivong,
279 S.; Maleewong, W.; Yamasaki, H. 2017. Genetic diversity of *Taenia saginata* (Cestoda:
280 Cyclophyllidea) from Lao People's Democratic Republic and northeastern Thailand based
281 on mitochondrial DNA. *Parasites & vectors*,10(1), 141.

282 Schwantes J.B.; Quevedo P.; D'Ávila M. F.; Molento M.B.; Graichen D.A.S. 2019.
283 *Fasciola hepatica* in Brazil: genetic diversity provides insights into its origin and
284 geographic dispersion. *Journal of Helminthology* 1–7.

285 Staden R. 1996. The Staden sequence analysis package. *Molecular Biotechnology* 5, 233–
286 241.

287 Tajima, F. 1989. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA
288 polymorphism. *Genetics*, Austin, v. 123, n. 3, p. 585-595.

289 Won, E. J.; Shin, J. H.; Lee, Y. J.; Kim, M. J.; Kang, S. J.; Jung, S. I.; Kim, S. H.; Shin,
290 J. H.; Chai, J. Y.; Shin, S. S. 2019. Four *Taeniasis saginata* Cases Diagnosed at a
291 University Hospital in Korea. *The Korean journal of parasitology*, 57(3), 313–318.



292

293 **Figura 1.** Análise de rede de haplótipos para o gene COI. **A:** as sequências estão
 294 agrupadas em Novo e Velho mundo. **B:** as sequências do Rio Grande do Sul foram
 295 agrupadas segundo suas mesoregiões. Em ambas as análises as cores correspondem as
 296 respectivas localizações geográficas.

297 **Tabela 1.** Índices de diversidade de *Taenia saginata* utilizando o gene *COI*.

298

Nível de divisão	Mesorregião	N	π	h	Hd
Mesorregiões do Rio Grande do Sul	Sudoeste	3	-	1	-
	Sudeste	3	-	1	-
	Noroeste	5	0,00179	2	0,600
	Centro	24	0,00202	4	0,471
	Todas	35	0,00166	4	0,418
Tajima's D: -1,41889		P < 0,10			
Continente	Novo Mundo	39	0,00114	3	0,344
	Velho Mundo	96	0,00176	17	0,374
	Todas	135	0,00174	19	0,370
Tajima's D: -2,51093		P < 0,001			

299 N, número de amostras; π , diversidade nucleotídica; h, úmero de haplótipos; Hd, diversidade haplotípica.

300

301

302

303

304 **Tabela 2.** Resultados de AMOVA com base no gene *COI* de *Taenia saginata* do Rio
305 Grande do Sul.

Fonte de variação	Graus de liberdade	Percentual de variação (%)
Entre grupos	3	-8,10
Dentro das populações	31	108,10
Estadística F	F_{st} :	-0.08095

306

307

308 **Tabela 3.** Tabela com todas as sequências depositadas no GenBank.

Número de acesso	País	Gene
MN044594.1	China	COI
KJ910288.1	Irã	COI
MN337881.1	Eslováquia	COI
MT074048.1	Camboja	COI
MK644934.1	Coreia do Sul	COI
MK644930.1	Coreia do Sul	COI
KY290372.1	Tailândia	COI
KY290371.1	Tailândia	COI
KY290365.1	Tailândia	COI
KY290363.1	Tailândia	COI
KY290362.1	Tailândia	COI
KY290361.1	Tailândia	COI
KY290360.1	Tailândia	COI
KY290358.1	Tailândia	COI
KY290357.1	Tailândia	COI
KY290356.1	Tailândia	COI
KY290355.1	Tailândia	COI
KY290354.1	Tailândia	COI
KY290353.1	Tailândia	COI
KY290352.1	Tailândia	COI
KY290351.1	Tailândia	COI
AB984351.1	China	COI
AB821273.1	Japão	COI
JN986712.1	Tailândia	COI
JN986660.1	Tailândia	COI
JN986657.1	Tailândia	COI
JN986659.1	Tailândia	COI
JN986647.1	Tailândia	COI
AB645845.1	Japão	COI
AB533172.1	China	COI
AB533169.1	China	COI
AB465244.1	Japão	COI
AB465243.1	Equador	COI
AB465240.1	Indonésia	COI

AB465237.1	Etiópia	COI
AB275143.1	Camboja	COI
AB271695.1	Mongólia	COI
AB107246.1	Brasil	COI
AB107244.1	Tailândia	COI
AB107243.1	Nepal	COI
AB107242.1	Bélgica	COI
AB107241.1	Etiópia	COI
AB107240.1	Indonésia	COI
AB107239.1	China	COI
AB107238.1	Equador	COI
AB107237.1	Brasil	COI
MT074050.1	Camboja	COI
MK644932.1	Coreia do Sul	COI
MK644933.1	Coreia do Sul	COI
MK644931.1	Coreia do Sul	COI
KY290373.1	Tailândia	COI
KY290370.1	Tailândia	COI
KY290369.1	Tailândia	COI
KY290368.1	Tailândia	COI
KY290367.1	Tailândia	COI
KY290366.1	Tailândia	COI
KY290364.1	Tailândia	COI
AB984350.1	China	COI
AB984348.1	China	COI
AB984347.1	China	COI
JN986693.1	Tailândia	COI
JN986702.1	Tailândia	COI
JN986696.1	Tailândia	COI
JN986661.1	Tailândia	COI
JN986686.1	Tailândia	COI
JN986682.1	Tailândia	COI
JN986646.1	Tailândia	COI
JN986658.1	Tailândia	COI
JX102911.1	Polónia	COI
MN452862.1	China	COI
AB533173.1	Tailândia	COI

AB533171.1	China	COI
AB465242.1	Tailândia	COI
AB465239.1	Tailândia	COI
AB465235.1	Tailândia	COI
AY684274.1	Coreia do Norte	COI
AB107245.1	Tailândia	COI
AB066495.1	China	COI
AB033409.1	Japão	COI
MT074049.1	Camboja	COI
KY290359.1	Tailândia	COI
LC063349.1	Rússia	COI
AB984346.1	China	COI
JN986703.1	Tailândia	COI
AY195858.1	Coreia do Norte	COI
AM503326.1	Quênia	COI
AB713906.1	Etiópia	COI
AB713905.1	Etiópia	COI
DQ768207.1	França	COI
AB494480.1	Japão	COI
GU097652.1	China	COI
KJ123757.1	Irã	COI
KF989493.1	Irã	COI
JQ756974.1	Irã	COI
JQ756969.1	Irã	COI
MT998286.1	Irã	COI
AB984352.1	China	COI
KJ123756.1	Irã	COI
JQ756973.1	Irã	COI
JQ756972.1	Irã	COI