

UNIVERSIDAD BUENOS AIRES

FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES

DEPARTAMENTO DE ECOLOGÍA, GENÉTICA Y EVOLUCIÓN

Efectos de la modificación de hábitat en la salud del ecosistema: el papel del mono caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) en la transmisión de enfermedades infecciosas en áreas de interfaz doméstico-silvestre

Tesis presentada para optar el título de Doctora de la Universidad de Buenos Aires en el área de Ciencias Biológicas

Lic. Gimena Anahí Illia

Directora de Tesis: Dra. Luciana Oklander
Co-director de Tesis: Dr. Kowalewski, Martín
Consejero de Estudios: Dr. Cavia, Regino
Lugar de trabajo: Estación Biológica Corrientes, Centro de Ecología Aplicada del Litoral, Corrientes (CONICET-UNNE)

Buenos Aires, 2025

Efectos de la modificación de hábitat en la salud del ecosistema: el papel del mono caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) en la transmisión de enfermedades infecciosas en áreas de interfaz doméstico-silvestre

Resumen

Los parásitos juegan un papel clave en la ecología y evolución de sus hospedadores, afectando su salud, comportamiento y dinámicas poblacionales. La expansión de la población humana y la degradación ambiental han incrementado la presencia de primates silvestres en áreas antropizadas, aumentando el riesgo de intercambio interespecífico de patógenos. El enfoque de "Una Salud" permite comprender de manera integral cómo la carga, diversidad y frecuencia de los parásitos en los hospedadores pueden reflejar alteraciones ambientales. El mono caí negro (*Sapajus nigritus cucullatus*), se encuentra categorizado como Vulnerable en Argentina debido a la transformación y fragmentación de su hábitat. El objetivo de esta tesis es analizar el efecto de la modificación del hábitat en la frecuencia, riqueza y composición de las comunidades parasitarias de poblaciones silvestres de monos caí y la posible transmisión cruzada entre primates y animales domésticos en ambientes de interfaz. Entre 2019 y 2021, se recolectaron 292 muestras fecales de *S. n. cucullatus,* 71 de perros domésticos y 29 de ganado vacuno, en seis sitios de estudio con distintos grados de antropización en la provincia de Misiones, Argentina. Además, se realizaron 50 entrevistas semiestructuradas a pobladores locales para evaluar prácticas que podrían favorecer el intercambio de parásitos. Se utilizaron técnicas coproparasitológicas de flotación y sedimentación, además de análisis moleculares para detectar bacterias enteropatógenas zoonóticas. Se identificaron 15 taxones parasitarios en *S. n. cucullatus*, con una prevalencia del 52.7% (154/292). Ocho de estos taxones también se hallaron en perros y ganado. Se detectó *Salmonella enterica* en monos caí; *S. enterica* y *Shigella flexneri* en perros, y *E. coli* enterohemorrágico en ganado, siendo éste el primer registro de bacterias zoonóticas en primates de Argentina. Se encontró que características intrínsecas del hospedador, como su edad, y factores ambientales, tienen influencia en la estructura y composición de las comunidades parasitarias de *S. n. cucullatus*. El análisis del Índice Estandarizado de Precipitación-Evapotranspiración mostró que eventos como sequías y la humedad ambiental, pueden modificar la dinámica de las comunidades parasitarias. La edad del hospedador influyó significativamente en la frecuencia de *Filariopsis* sp. e Hymenolepididae en individuos adultos. Por otro lado, se encontró que la riqueza parasitaria fue mayor en ambientes fragmentados con presencia de actividad ganadera, y menor en ambientes urbanizados. Resulta importante la conservación de los ambientes naturales para reducir el riesgo de transmisión interespecífica de parásitos entre primates y animales domésticos. Se recomienda continuar con estudios parasitológicos y moleculares para mejorar la identificación de los taxones parasitarios, y evaluar su impacto en la salud de los monos caí. Esta investigación aporta información clave para la conservación de *S. n. cucullatus* y la mitigación de la transmisión de patógenos en ambientes de interfaz doméstico-silvestre.

Palabras claves: Primates, Animales domésticos, Antropización, Parásitos gastrointestinales, Bosque Atlántico

Landscape modification effects on ecosystem health: The role of the Black Horned Capuchin Monkey (*Sapajus nigritus cucullatus)* in the transmission of infectious diseases at the domestic-wildlife interphase.

Abstract

Parasites play a key role in the ecology and evolution of their hosts, affecting their health, behavior, and population dynamics. Human population expansion and environmental degradation have increased the presence of wild primates in anthropized areas, raising the risk of interspecific exchange with humans. The One-Health approach offers an integrated framework to understand the role of parasites as indicators of changes in the ecosystem. The black horned capuchin monkey (*Sapajus nigritus cucullatus*) is classified as Vulnerable in Argentina due to habitat fragmentation. The aim of this thesis is to analyze the effect of habitat modification on the gastrointestinal parasites of capuchin monkey populations and the possible cross-transmission between primates and domestic animals in domestic-wildlife interface. Between 2019 and 2021, 292 fecal samples from *S. n. cucullatus,* 71 from domestic dogs and 29 from cattle were collected across six study sites with different degrees of fragmentation in Misiones, Argentina. Fifty semi-structured interviews were conducted to local residents to assess practices that might facilitate parasite exchange. Coprological flotation and sedimentation techniques were used, along with molecular analyses to detect zoonotic bacteria. A total of 15 parasite taxa were identified in *S. n. cucullatus*, with a frequency of 52.7% (154/292). Eight of these taxa were also found in dogs and cattle. *Salmonella enterica* was detected in capuchin monkeys, *S. enterica and Shigella flexneri* in dogs, and enterohemorrhagic *E. coli* in cattle. This is the first record of zoonotic bacteria in Argentine primates. It was found that intrinsic host characteristics, such as age, and environmental factors influence the structure and composition of *S. n. cucullatus* parasite communities. The analysis of the Standardized Precipitation-Evapotranspiration Index showed that extreme climatic events, such as prolonged droughts and humidity levels, can modify parasite community dynamics. Additionally, host age significantly influenced the frequency of certain parasites, with *Filariopsis* sp. and Hymenolepididae more frequent in adults. Furthermore, parasite richness and frequency varied depending on the degree of habitat fragmentation and anthropization, being higher in fragmented environments with livestock presence and lower in urbanized areas. The conservation of natural environments is crucial to reducing the risk of interspecific parasite transmission between primates and domestic animals. Further parasitological and molecular studies are recommended to improve taxa identification and assess their impact on capuchin monkey health. This research provides key information for the conservation of *S. n. cucullatus* and the mitigation of pathogen transmission at the domestic-wildlife interphase.

Keywords: Primates, Domestic animals, Anthropization, Gastrointestinal parasites, Atlantic Forest

A mis padres,

Norma y Gustavo.

Esto es tan mío como suyo…

Con infinita complacencia, la raza humana continuaba sus ocupaciones sobre este globo, abrigando la ilusión de su superioridad sobre la materia. Es muy posible que los infusoiros que se hallan bajo el microscopio hagan lo mismo.

La guerra de los mundos — H. G. Wells (1898)

Agradecimientos

A mi directora de tesis, Luciana Oklander. Muchas gracias, Lula, porque sin conocerme confiaste en mí para dirigirme. Gracias por el tiempo dedicado a mi formación y por todos los consejos. Por la paciencia que me has tenido a lo largo de los años, y ayudarme a superar cada una de las crisis que he tenido con el doctorado. Pero especialmente gracias a vos y tu familia (Julián, Ivy y Atenea) porque me abrieron las puertas de su casa y me dieron una cálida recibida en Misiones. Y junto al equipo de trabajadores de la Reserva Karadya Eco-Lodge, también me han tenido que aguantar tres intensos años de muestreos en la reserva. ¡Muchísimas gracias!

A mi codirector de tesis, Martin Kowalewski. Gracias por haber accedido a ser codirector, haberme recibido en la EBCo con entusiasmo y MUCHO HUMOR, por acompañarme en toda la etapa final. Gracias por confiar en mí y darme tantas oportunidades de crecimiento en todos estos años. Por las palabras de aliento tan necesarias y ser un excelente guía en el mundo de la parasitología de primates. Gracias por preocuparte por mí cada vez que me enfermaba o tenía efectos secundarios del estrés. Pero, además, muchísimas gracias a vos, Brunis K. y Mariana P. por estar pendiente de mí en este último tramo de la tesis.

A mi familia, Norma, Gustavo y Nico, que en toda esta etapa de mi vida me han visto atravesar una montaña rusa emocional. Que confiaron en que este era mi camino, me acompañaron y me apoyaron en cada una de las decisiones que tomase. Fueron mis ejemplos a seguir, mis guías y consejeros. Por ustedes hoy estoy acá y con lágrimas en los ojos debo reconocer que mis agradecimientos, jamás van a estar a la altura de todo lo que han hecho por mí. ¡Perdón y gracias! Los amo.

A las Reservas privadas y ONGs: Yacutinga Lodge, Reserva Agroecológica Iguazú, Karadya Birding Lodge, Aves Argentinas, Surucuá Lodge, Fundación Vida Silvestre y Reserva privada Yvitú, y sus trabajadores, por brindarme su ayuda permitiéndome acceder al monte de sus reservas y ofreciéndome alojamiento, a mí y todos mis voluntarios. ¡Muchísimas gracias!

A mis 22 asistentes de campo que con buena predisposición lo han dado todo en el campo para que esta tesis tenga muestras que analizar: Erika López, Jaime García, Florencia Fortini, Delfina Arancio, Joaquín Dimario, Eliana Lattuada, Natalia Gómez Barros, Lito Diaz,, Florencia Alvarez, Lorena Rojas, María Emilia Taroni, Macarena Penskofer, Nicolas Lonardi, Florencia Pustetto, Braian Carmaran, Jesús Escobar Aristizábal, Nicolas Gudiño, Katia Jaluff, Alejando Penco, Nicolás Gorostiaga y Julian Marquez. ¡Muchísimas gracias! Todos ustedes fueron extremadamente valiosos con su ayuda y los recuerdo a todos con cariño.

A todos los Guardaparques Nacionales y Provinciales de las áreas protegidas: Reserva de Conservación Estricta San Antonio, Parque Provincial Segismundo Welz, Parque Provincial Urugua-í, Parque Provincial Horacio Foerster, Reserva Natural Yate-í, Parque Provincial Roberto Cametti, que me han tenido una paciencia abismal. Muchísimas gracias por ayudarme innumerables veces y regalarme de su tiempo, sabiduría y risas.

A todas las familias de San Antonio, Península de Andresito, Piñalito Norte, Corredor Biológico y Comandante Andresito que me recibieron y colaboraron de esta tesis. ¡¡¡Gracias por abrirme las puertas de sus casas, por las anécdotas, los mates y los teres!!!

A Thomas Gillespie, por colaborar en la tesis sin tener formalmente un rol académico. Gracias por brindarme asesoramiento para mejorar el proyecto, y abriéndome las puertas del laboratorio en Estados Unidos para analizar las muestras allí. Este agradecimiento se extiende a Jessica Deere quién me enseñó todo lo necesario acerca del análisis molecular para la identificación de diferentes parásitos de interés sanitario y mejoró los protocolos de análisis. También a las estudiantes, Sarah y Madeley que se interesaron en el proyecto y me ayudaron a analizar mis muestras ¡Gracias Thom, Jess, Sarah y Maddy por la paciencia infinita todos los meses que estuve con ustedes!

A Karen Dematteo, del proyecto Zorro Pitoco por permitirme trabajar con April y Juliana Notarnicola por ayuda en la identificación de parásitos. La ayuda de ambas es invaluable, y por ello, ¡muchísimas gracias!

A mis HERMANAZAS del alma (y veterinarias de confianza) Maca y Bel. Ambas fueron, son y serán por siempre dos pilares muy importantes de esta tesis. Gracias por acompañarme y ayudarme a mantenerme firme. Por todas las risas y llantos, por escucharme cuando más lo necesitaba, por los viajecitos de ruta y los mates, y por acompañarme en este sueño. ¡¡¡Eternamente gracias!!!

A mi amigo Leo. Mi visita obligada cada vez que viajo a Buenos Aires. Gracias por regalarme tu amistad desde hace tantos años, y con tus podcasts haces que la distancia desaparezca en un microsegundo; y a mis cromátides Anto y Aldi, y que en el 2020 se nos sumó la pequeña Mailén. Gracias por todos estos años de amistad, apoyo incondicional y compañía a la distancia. ¡Los quiero y los adoro!

A Ceci Gozzi, mi primer guía académica y hoy amiga. Desde que nos conocimos, me enseñaste tantas cosas de la ciencia, la academia y de la vida, que no sé ni siquiera qué agradecerte. A vos y a tus hermosas hijas, Luci y Agus, ¡las amo! Gracias por acompañarme y aconsejarme por tantos años. ¡Gracias por ser la voz de la conciencia cuando estaba metiendo la pata!

A mis amigos que tuve el lujo de conocer gracias a este doctorado: Manu, Maca, Ale, Lore, Yola, Ana, Andrés, Santi, Nati B., Bel G., Debbie, Rodri, Fifi y Marian R. Y mi segunda familia en Iguazú: Nati Vreys, Pocho y Octi. La pasión por el monte, las aves, los monos (y otros animalillos) me dio el lujazo de conocerlos. ¡Los quiero demasiado!

A mis profesores, guías y modelos a seguir de la UNLu, José Aguirre y Nancy Apostolo que me vieron literalmente crecer desde que pisé por primera vez la universidad con mi mamá como estudiante, y que, junto a Guillermo Cassini, siempre estuvieron pendientes de mis progresos y me ofrecieron consejos y acompañamiento.

A mis compañeras de cuatro patas: April, que supo ser una excelente compañera de trabajo de campo y una fiel guardiana de las siestas; y Cayetana, que con sus "*miau*" y sus "*prrrr*" reclamadores de mimos, sobrevivió a vivir en el monte para adoptarme, y se convirtió en una hermosa extensión del monitor de mi computadora y me enseñó lo importantes que son esas pausas de la tesis para dar y recibir amor gatuno.

A Victoria Martínez de Zorzi, José Paliza y Agustín Solari, por la ayuda y acompañamiento de las primeras etapas del doctorado.

Al equipo de la Estación Biológica Corrientes: Belén Natalini, Francisco Sanchez Gavier, Rodrigo Bay, Débora Gilles, Lucila Citon, Florencia Quijano, Patricia Fernández y Martín Kowalewski. Gracias por recibirme en el team ebco y por acompañarme en la recta final.

Al Ministerio de Ecología de la Provincia de Misiones, el Instituto Misionero de Biodiversidad, el Ministerio de Ecología y Desarrollo Sustentable, el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, la Administración de Parques Nacionales y el Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria. Por otorgarme los permisos de colecta o certificaciones necesarias para el desarrollo de esta tesis.

A la Universidad de Buenos Aires por aceptarme en la carrera del Doctorado en la Facultad de Ciencias Naturales y Exactas.

Al Consejo Nacional De Investigaciones Científicas y Técnicas por la Beca Doctoral otorgada. Al Instituto de Biología Subtropical y la Estación Biológica Corrientes, por brindarme el espacio y la infraestructura para desarrollar mi proyecto doctoral.

A la *American Society of Mammalogist*, *Primate Conservation Inc, Emory University* y la Sociedad Argentina para el Estudio de los Mamíferos, por las becas, premios y subsidios brindados.

A la educación pública y al sistema científico argentino, a los que voy a defender siempre; y a la República Argentina, porque tuve las oportunidades que me trajeron hasta acá.

Por último, gracias a todos aquellos que, sin ser amigos o compañeros de trabajo, tuvieron buenos deseos para conmigo.

A todos, gracias por hacer esto realidad.

Índice general

Resumen 2
Abstract 3
Agradecimientos 6
Capítulo 1. Introducción general 12
1.1 El parásito, su relación con el hospedador y la salud del ecosistema 12
1.2 Las enfermedades infecciosas en la interfaz doméstico-silvestre 15
1.3 Enfermedades infecciosas en el Orden Primates 17
1.4 Diversidad parasitaria en monos capuchinos (*Cebus* y *Sapajus*) 22
1.5 El mono caí negro (*Sapajus nigritus cucullatus*) como modelo para el estudio 25
Antecedentes parasitológicos en *Sapajus nigritus cucullatus* 28
1.6 Relevancia de la tesis 30
1.7 Objetivo general y específicos 32
Objetivos específicos 32
1.8 Hipótesis y predicciones 33
1.9 Estructura de la tesis 34
Capítulo 2. Metodología 35
2.1 Área de estudio: El bosque Atlántico del alto paraná 35
2.2 Sitios de estudio 40
2.3 Colecta de muestras fecales de monos caí 45
2.4 Visitas a pobladores locales: Entrevistas y colecta de muestras de animales domésticos 51
2.5 Análisis coproparasitológico de las muestras 52
Capítulo 3. Parásitos gastrointestinales en monos caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) y animales domésticos en la interfaz doméstico-silvestre 55
3.1 Introducción 55
3.2 Objetivos específicos 59
3.3 Hipótesis y predicciones 59
3.4 Métodos 60
3.4.1 Análisis descriptivo 60
3.4.2 Definición de áreas utilizadas por los grupos de monos 61
3.4.3 Análisis de comunidades componentes entre hospedadores y sitios 61
3.5 Resultados 63
3.5.1 Descripción de las comunidades parasitológicas 66
3.5.2 Análisis de las comunidades componentes entre hospedadores y sitios 72
3.5.3 Entrevistas semiestructuradas 74
3.6 Discusión 78
3.6.1 Parásitos gastrointestinales en *Sapajus nigritus cucullatus* 78
3.6.2 Parásitos gastrointestinales en animales domésticos y su relevancia zoonótica 85

3.6.3 Prácticas antrópicas y manejo sanitario de animales domésticos: implicancias para la salud del mono caí 87
3.7 Conclusiones 89
Capítulo 4. Análisis de la relación entre la parásito-hospedador-ambiente en el contexto de antropización 90
4.1 Introducción 90
4.2 Objetivos específicos 95
4.3 Hipótesis y predicciones 95
4.4 Métodos 96
4.4.1 Análisis de la relación entre la comunidad parasitaria y características del hospedador 97
4.4.2 Análisis de la relación entre la comunidad parasitaria y el ambiente 98
4.4.3 Caracterización de los sitios en base a la fragmentación y antropización 100
4.4.4 Relación entre la comunidad parasitaria y el grado de antropización y fragmentación 102
4.5 Resultados 103
4.5.1 Análisis de la relación entre la comunidad parasitaria y características del hospedador 104
4.5.2 Análisis de la relación entre la comunidad parasitaria y características del ambiente 106
4.5.3 Caracterización de los sitios en base a índices y métricas de fragmentación y antropización 107
4.5.4 Relación entre la comunidad parasitaria y el grado de antropización 116
4.6 Discusión 118
4.6.1 Influencia de características del hospedador en la comunidad parasitaria de *S. n. cucullatus* 118
4.6.2 Relación entre las características ambientales y la dinámica de la comunidad parasitaria de *S. n. cucullatus* 120
4.6.3 Impacto de las actividades antrópicas y fragmentación en las comunidades parasitarias 122
4.6.4 Desafíos, síntesis y revisión de hipótesis 126
4.7 Conclusiones 128
Capítulo 5. Detección de Bacterias zoonóticas de importancia sanitaria en áreas de interfaz doméstico-silvestre 129
5.1 Introducción 129
5.1.1 *Salmonella enterica* 130
5.1.2 *Escherichia coli* 131
5.1.3 *Campylobacter jejuni* 133
5.1.4 *Shigella flexneri* 133
5.2 Objetivo específico 134
5.3 Hipótesis y predicciones 134
5.4 Métodos 135
5.4.1 Extracción de ADN 136

5.4.2 Amplificación de marcadores marcadores indicadores de las cuatro bacterias de interés (*Salmonella enterica*, EHEC, *Shigella flexneri* y *Campylobacter jejuni*) por medio de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) 138
5.5 Resultados 141
5.6 Discusión 144
5.6.1 *Salmonella enterica* 144
5.6.2 *Shigella flexneri* 145
5.6.3 *Escherichia coli* enterohemorrágico 146
5.6.4 Distribución espacial e implicancia en la salud pública y conservación de animales silvestres 147
5.7 Conclusiones 150
Capítulo 6. Conclusiones y consideraciones finales 151
6.1 Comunidad de parásitos gastrointestinales en el mono caí *Sapajus nigritus cucullatus* y relación parásito-hospedador-ambiente 151
6.2 Relación entre las comunidades parasitarias de monos caí y animales domésticos en áreas de interfaz doméstico-silvestre y su relevancia epidemiológica 154
6.3 Impacto de la fragmentación y la antropización en las comunidades parasitarias de monos caí 155
6.4 Síntesis de hipótesis planteadas y resultados obtenidos 156
6.6 Obstáculos y limitaciones del estudio 157
6.7 Interrogantes derivados de esta tesis 158
6.8 Futuras líneas de investigación y toma de acciones 159
Bibliografía 161
Anexos 198

Capítulo 1. Introducción general

1.1 El parásito, su relación con el hospedador y la salud del ecosistema

Los parásitos constituyen una parte significativa de la biodiversidad del planeta y el parasitismo es una de las formas de vida más comunes de la Tierra (Windsor 1998; Poulin & Morand 2004). Por definición, el parasitismo es una relación ecológica en la cual un organismo, el parásito, depende metabólicamente de otro (el hospedador) y vive a expensas de este, ya sea sobre o dentro de él, durante una parte significativa de su vida (Windsor 1998; Bush et al. 2001; Poulin & Morand 2004; Loker & Hofkin 2022). Se entiende por hospedador al organismo que proporciona las condiciones necesarias para que el parásito se alimente, desarrolle y reproduzca y, en esta interacción, recibe un efecto negativo producido por el parásito (Loker & Hofkin 2022). Los parásitos son componentes importantes en las comunidades hospedadoras, se mueven en la cadena trófica, generan demandas energéticas, alteran su comportamiento, pueden aumentar su mortalidad, afectar el crecimiento y el estado nutricional del hospedador, así como también pueden causar daños directos o indirectos a especies de importancia económica (Hudson et al. 1995; Marcogliese & Price 1997). En la relación parásito-hospedador, para maximizar su éxito reproductivo, los hospedadores deben desarrollar adaptaciones que les permitan eliminar, evitar o minimizar las infecciones y daños producidos por los parásitos (Loker & Hofkin 2022). A su vez, los parásitos desarrollan estrategias para encontrar e infectar a sus hospedadores, haciendo de esta relación una interacción íntima y dinámica modelada en una escala evolutiva de tiempo (Hart 1990; Bush et al. 2001; Moore 2002; Morand et al. 2006; Poulin 2011).

Una especie hospedadora puede albergar una o varias especies de parásitos que coexisten entre sí formando una comunidad parasitaria (Bush et al. 1997; Poulin & Morand 2004). La estructura de esta comunidad es el resultado de la interacción entre el hospedador, los parásitos y el ambiente en el que se encuentran. Por este motivo, factores intrínsecos de los parásitos (e.g. ciclo de vida, ecología, distribución)

y del hospedador (e.g. sexo, edad, área de acción), y factores extrínsecos a ambos (e.g. variaciones estacionales, temperatura y humedad ambiental) determinarán la composición y estructura de la comunidad parasitaria (Morand & Poulin 1998; Marcogliese 2004; Morand et al. 2006; Nunn & Altizer 2006; Benavides et al. 2012). Por ejemplo, en algunos mamíferos, los machos pueden consumir mayores cantidades de alimento que las hembras, lo que incrementa su exposición a estructuras infectivas de parásitos (Nunn & Altizer 2006). Además, altos niveles de testosterona, característicos en machos de algunas especies, como lo observado en las ardillas coloradas (*Sciurus vulgaris*) (Bertolino et al. 2003) o chimpancés (Muehlenbein & Watts 2010), tienen efectos inmunosupresores, aumentando la susceptibilidad a infecciones parasitarias (Lewis & Twigg 1972; Poulin 1996; Evans 2001; Bertolino et al. 2003; Klein 2004; Muehlenbein 2005; Muehlenbein & Watts 2010; Prall & Muehlenbein 2014). La edad del hospedador también influye en la comunidad parasitaria ya que a medida que el hospedador envejece, la comunidad parasitaria presente será el resultado de una acumulación de infecciones ocurridas a lo largo de su vida (Clough et al. 2010; Erkenswick et al. 2017). Por otro lado, las características del ambiente tienen influencia no solo en la ecología del hospedador, sino en la probabilidad de supervivencia de las estructuras infectivas de las especies parásitas en el ambiente. Las variaciones estacionales en la humedad y temperaturas ambiental también influyen sobre las comunidades parasitarias. Por ejemplo, las estaciones cálidas y húmedas facilitan la supervivencia y desarrollo de los parásitos en el ambiente aumentando así la probabilidad de que los posibles hospedadores se infecten (Hausfater & Meade 1982; Stuart & Strier 1995; Nunn & Altizer 2006)

Los parásitos que pueden causar mortalidad directa del hospedador son los que reciben especial atención, sin embargo, la mayoría de los parásitos no son letales ni patológicos en circunstancias normales (Carlson et al. 2020). Usualmente las infecciones parasitarias no letales son dadas por los macroparásitos (por ejemplo, los helmintos gastrointestinales) que no necesariamente producen síntomas clínicos evidentes, sino que son responsables de infecciones crónicas en baja intensidad (Grenfell et al. 1995; Hudson et al. 1995; Ghai et al. 2015). Sin embargo, estas infecciones pueden tener consecuencias a largo plazo, incluidas la reducción en el estado general de salud y su estado físico (Anderson 1978; Ghai et al. 2015). Hasta la fecha, el conocimiento acerca de las comunidades parasitarias naturales en las poblaciones hospedadoras silvestres es escaso (Thompson et al. 2010; Thompson 2013). La mayoría de los estudios parasitológicos provienen de registros puntuales,

generalmente obtenidos de manera oportunista, o de estudios longitudinales (estudios que colectan datos de la misma población a lo largo del tiempo) de corta duración (Thompson 2013; Poulin 2021). Estudiar la estructura, composición y las dinámicas de las comunidades parasitarias y su relación con el hospedador puede revelar los patrones de coevolución entre parásitos y hospedadores, así como los factores ecológicos y ambientales que determinan la diversidad y abundancia de los parásitos en distintas poblaciones y regiones geográficas (Dobson et al. 2008; Poulin 2021).

Se considera que un ecosistema es saludable cuando persiste en el tiempo, mantiene su vigor (productividad), organización (biodiversidad y predictibilidad) y resiliencia (capacidad de recuperación) frente a diferentes perturbaciones externas (Costanza & Mageau 1999; Hudson et al. 2006). Además, debe ser sostenible en la provisión de bienes y servicios, favoreciendo tanto el desarrollo sustentable como la salud de los organismos (Kruse 2018). Los parásitos desempeñan un papel clave en la estructura y el funcionamiento de los ecosistemas (Hudson et al. 2006; Tompkins et al. 2011). Su presencia en un ecosistema puede reflejar su estado de salud, ya que regulan poblaciones, moldean interacciones entre especies y pueden contribuir a la estabilidad de las redes tróficas (Hudson et al. 2006; Tompkins et al. 2011). De hecho, ecosistemas ricos en especies parásitas suelen presentar mayor diversidad y funcionalidad, mientras que sistemas degradados o invadidos por especies exóticas (organismos fuera de su área natural de distribución) tienden a mostrar una disminución en la diversidad de sus parásitos, lo que puede alterar la dinámica de las comunidades y reducir su resiliencia (Hudson et al., 2006). Además, el estudio de las comunidades parasitarias en poblaciones de animales silvestres proporciona información importante sobre la transmisión de enfermedades, especialmente en el contexto de la alteración de hábitats y el creciente contacto entre humanos y fauna silvestre (Gillespie & Chapman 2006; Estrada et al. 2017). A través del monitoreo de las poblaciones silvestres y la aplicación de herramientas moleculares y ecológicas, es posible avanzar en la comprensión de estas interacciones y desarrollar estrategias de conservación y manejo de fauna silvestre que tengan en cuenta a las comunidades parásitas. De esta manera, los estudios sobre comunidades parasitarias en fauna silvestre no solo proporcionan información sobre la ecología de las enfermedades, sino que también tienen implicaciones directas para la conservación de la biodiversidad y la salud de los ecosistemas, ya que permiten identificar amenazas emergentes y diseñar estrategias de mitigación para conservar especies en riesgo de extinción (Scott 1988; Brearley et al. 2013). Dado que los parásitos pueden actuar como indicadores

de alteraciones ambientales, el enfoque de "Una Salud" se presenta como un marco integral para comprender estas interacciones. Este enfoque resalta la interconexión entre la salud humana, animal y ambiental, y promueve la vigilancia epidemiológica a través del trabajo colaborativo multidisciplinario incluyendo profesionales de la salud humana, veterinarios, investigadores y responsables gubernamentales (Chatterjee et al. 2021; Petrovan et al. 2021; Leifels et al. 2022; Mubareka et al. 2023).

En esta tesis, se analiza la relación entre la modificación del hábitat y las comunidades de parásitos gastrointestinales en poblaciones de monos caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) que habitan en áreas de interfaz doméstico-silvestre en Misiones, Argentina. A través del estudio de la comunidad parasitaria en estos primates y su posible transmisión con animales domésticos, se evalúa si las actividades antrópicas influyen en la ecología de las comunidades parasitarias que albergan. Además, se analiza la presencia de bacterias zoonóticas de importancia sanitaria, contribuyendo a la comprensión del riesgo de transmisión de patógenos en estos ecosistemas. Desde este enfoque se genera información para el manejo y conservación de la fauna silvestre en paisajes antropizados y aportar información desde el marco de "Una Salud".

1.2 Las enfermedades infecciosas en la interfaz doméstico-silvestre

La mayoría de las pandemias ocurridas a lo largo de la historia en los humanos, se han clasificado como zoonóticas (Devaux et al. 2019). Se considera como enfermedades zoonóticas a aquellas transmisibles desde especies animales vertebrados hacia el hombre, siendo los animales (silvestres o domésticos) quienes poseen el rol de mantener al patógeno en el ambiente (reservorios) (Plowright et al. 2017). Por otro lado, un patógeno se considera emergente cuando ha aumentado su incidencia en una población específica o ha aparecido en una nueva área geográfica o en una especie donde no se había detectado anteriormente. Se estima que aproximadamente el 75% de las enfermedades infecciosas emergentes tienen un origen zoonótico (Leifels et al. 2022)

Para que un patógeno se convierta en una amenaza para la población humana, primero, debe ocurrir un contacto entre los humanos y, las especies de animales que

actúan como reservorio (Baker et al. 2022). Además, ese patógeno debe tener la capacidad de transmitirse entre los humanos y finalmente esta transmisión debe tener la capacidad para expandirse geográficamente más allá de la zona donde ocurrió la zoonosis (Baker et al. 2022). El contacto entre los humanos y los animales silvestres ha ido en aumento a medida que las poblaciones humanas fueron trasladándose a nuevas regiones, antes prístinas, habitadas por animales silvestres. En estas zonas de superposición o interfaz, distintas especies conviven compartiendo recursos, creándose un ambiente propicio para la transmisión y el intercambio interespecífico de patógenos, poniendo en riesgo tanto la salud pública, como la salud animal (Wells *et al.,* 2018). Así, la interacción entre los humanos y/o animales domésticos con la fauna silvestre, los expone a los ciclos silvestres de los patógenos, incrementando el riesgo de infección interespecífica a una nueva especie (también conocido como "*spillover*" o en español "derrame") de dichos agentes infecciosos. De esta manera, el aumento en las interacciones crea la oportunidad para que agentes infecciosos, que antes no eran conocidos, pasen desde los animales silvestres hacia los animales domésticos y/o humanos y así se establece un nuevo ciclo de transmisión en el ambiente doméstico (Plowright et al. 2017).

El crecimiento demográfico, la urbanización y la expansión agrícola son las principales causas de la transformación de ambientes naturales en áreas antropizadas, lo cual incrementa la degradación del ambiente natural (Magouras et al. 2020). En particular, la expansión de la agricultura y su intensificación ha creado condiciones que pueden favorecer la circulación de patógenos entre los animales domésticos y silvestres (Magouras et al. 2020). El ganado puede actuar como hospedador intermediario o amplificador de ciertos patógenos (Childs et al. 2007; Jones et al. 2013). Un hospedador intermediario es aquel en el que los patógenos pueden completar parte de su ciclo de vida antes de llegar a un hospedador definitivo. Un hospedador amplificador, por otro lado, es una especie en la que el patógeno puede reproducirse o aumentar en cantidad, facilitando así su propagación a otros organismos (Childs et al. 2007; Jones et al. 2013). Esto puede permitir que los patógenos pasen del ganado a las personas o que los humanos se infecten directamente a través de la fauna silvestre o a través de vectores (Brown 2004). El aumento de la demanda global de alimento, con la consecuente intensificación de la producción de carne impulsa en gran manera que estos procesos puedan suceder. Además, el uso desmedido de antibióticos en animales domésticos tiene el potencial de seleccionar patógenos resistentes que pueden afectar a la salud humana (Carroll et

al. 2015). Por último, tradiciones culinarias que incluyan el consumo de la carne de animales silvestres o medicinas tradicionales y, la captura y venta de animales vivos, puede contribuir a la aparición o emergencia de nuevos agentes infecciosos (Karesh et al. 2005; Magouras et al. 2020). En un planeta cada vez más globalizado, un evento de *spillover* que resulte en una transmisión eficiente y sostenida en el tiempo entre humanos, puede extenderse muy rápidamente. Esto se ha demostrado con la pandemia producida por el coronavirus SARS-CoV-2 (comúnmente llamado COVID-19) que generó una crisis socio-económica y de salud pública en todo el mundo (Leach et al. 2021; Lefrançois et al. 2023).

1.3 Enfermedades infecciosas en el Orden Primates

Los primates no humanos (de ahora en adelante, "primates") son extremadamente importantes en muchas de las funciones, procesos y servicios ecosistémicos (o contribuciones de la naturaleza), tales como la dispersión de semillas, el mantenimiento y regeneración de la estructura forestal, el reciclaje de nutrientes y la modulación de interacciones tróficas, en los bosques tropicales del mundo (Estrada et al. 2018). Por su estrecha relación filogenética con los humanos, resultan cruciales para poder comprender aspectos evolutivos, biológicos y comportamentales de los humanos (Kowalewski et al. 2016). Sin embargo, actualmente las actividades antrópicas son la principal amenaza de extinción de las especies de primates (Estrada et al. 2017). Las actividades antrópicas han modificado rápidamente los ecosistemas naturales, y muchos de estos cambios han afectado de manera negativa principalmente a los bosques tropicales y subtropicales en los cuales se distribuyen los primates de todo el mundo (Kalbitzer & Chapman 2018; Chapman et al. 2020). De acuerdo con la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN), la principal amenaza que enfrentan los primates son la pérdida del hábitat por la agricultura, seguido por la extracción maderera, la ganadería, el comercio ilegal y la caza furtiva (Fernández et al. 2022). Alrededor del 65% de las especies de primates del mundo se encuentran en riesgo de extinción y más del 90% de las especies tienen sus poblaciones en declive (Figura 1.1) (Estrada et al. 2017; Estrada & Garber 2022). La gran expansión de las poblaciones humanas y sus actividades dentro de los ambientes naturales ha incrementado el contacto entre los humanos, los animales domésticos y los primates del mundo (Chapman et al. 2005) (Figura 1.2).

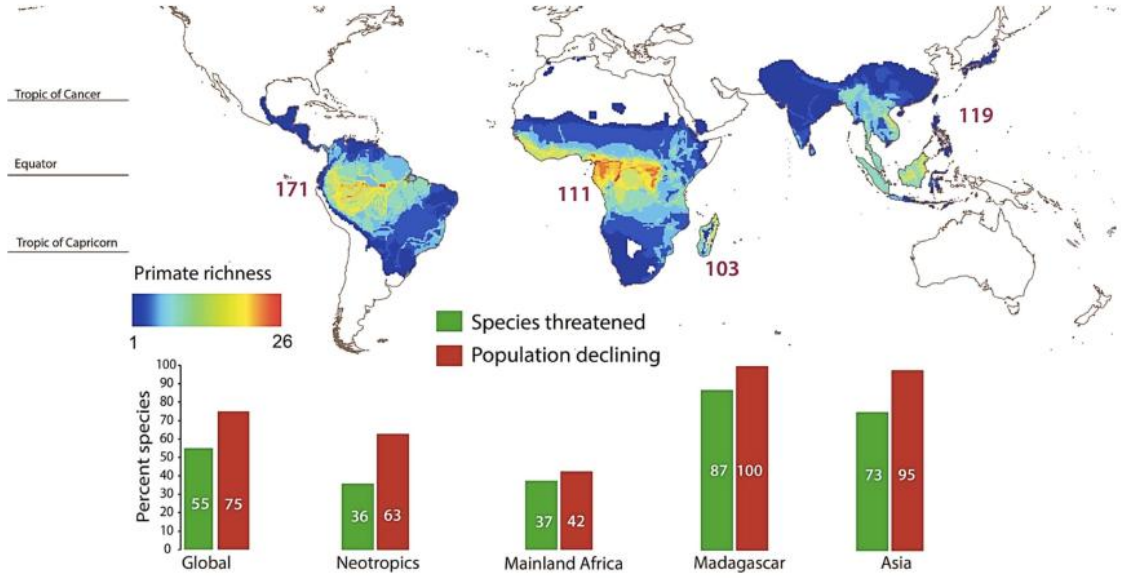


Figura 1.1. Arriba: distribución geográfica de las especies de primates del mundo y la riqueza geográfica. Los números en rojo en cada región representan el número de especies presentes. Abajo: gráficos de barra que representan el porcentaje de especies amenazadas a la extinción y de poblaciones en declive. Extraído de Estrada et al. (2017).

Si bien los humanos siempre hemos intercambiado infecciones parasitarias con los primates, el crecimiento poblacional global y la modificación y degradación ambiental han incrementado el número de poblaciones de primates silvestres que viven en áreas antropizadas, aumentando así el probable intercambio interespecífico de patógenos entre humanos y primates (Chapman et al. 2005; Cooper & Nunn 2013). La urbanización, la provisión intencional de alimento a los primates por parte de humanos (por ejemplo, en áreas turísticas o urbanizadas), las actividades de investigación, la caza, el ecoturismo y el mascotismo pueden resultar en un contacto estrecho creando oportunidades para el intercambio de agentes infecciosos en ambas direcciones, desde los primates hacia los humanos, y viceversa (Macfie & Williamson 2010; Lappan et al. 2020).

Debido al vínculo evolutivo y ecológico entre los primates y sus patógenos, algunos de ellos pueden actuar como especies indicadoras, alertando sobre posibles amenazas para la conservación de los primates (Gillespie 2006; Gillespie et al. 2008; Kowalewski et al. 2011). Esto se debe a que los cambios en la salud de las poblaciones de primates, reflejados en la presencia y dinámica de sus patógenos, pueden ser una alerta temprana de alteraciones ambientales o presiones antrópicas.

Numerosos brotes de enfermedades zoonóticas han tenido su origen en la transmisión de primates a humanos (Wolfe et al. 2007). De hecho, aunque los primates representan solo el 0.5% de la biodiversidad de vertebrados del mundo, se estima que han contribuido con aproximadamente el 20% de las enfermedades infecciosas humanas (Harper et al. 2013), incluyendo la malaria (*Plasmodium knowlesi*), el VIH/SIDA, y posiblemente la hepatitis B (Chen et al. 1997; Gao et al. 1999; Liu et al. 2010; Harper et al. 2013). Por ello, varias especies de primates pueden ser consideradas centinelas de la salud ambiental y humana, permitiendo la detección temprana de riesgos sanitarios (Calvignac-Spencer et al. 2012; Kowalewski & Gillespie 2018; Sousa et al. 2023)

Diversos agentes infecciosos de origen humano han sido vinculados al declive de poblaciones silvestres de primates. Por ejemplo, la transmisión de patógenos desde los humanos hacia los primates ha causado, en algunos casos, brotes que han reducido las densidades de poblaciones de primates silvestres (Wolfe et al. 1998). Existen numerosos ejemplos de primates en cautiverio que son afectados por patógenos de humanos como la tuberculosis (*Mycobacterium tuberculosis*), el virus de la Poliomielitis y el Herpes virus (HHV-1) (Dowdle & Birmingham 1997; Montali et al. 2001; Casagrande et al. 2014; Ehlers et al. 2020). Las enfermedades de transmisión aérea, como el sarampión, el virus respiratorio sincitial, el virus de la neumonía humana se han reconocido como las causantes de la mayor morbilidad y mortalidad en primates silvestres (Köndgen et al. 2008; Grützmacher et al. 2018; Mazet et al. 2020), y el virus de fiebre amarilla, de transmisión vectorial, que puede causar la muerte de monos aulladores (Holzmann et al. 2010; Moreno et al. 2015; Kowalewski & Gillespie 2018; Rosser et al. 2022; Salas-Rojas et al. 2023). Hoy en día, se sabe que más de la mitad de las poblaciones de chimpancés que son estudiadas a largo plazo han mostrado decrecimiento poblacional principalmente como consecuencia de enfermedades de trasmisión aérea, en su mayoría por infecciones provenientes de humanos (Hill et al. 2001). Otros ejemplos de patógenos que afectan a los primates, derivados del contacto con humanos, incluyen casos como el de los gorilas de montaña (*Gorilla gorilla beringei*) y los chimpancés *(Pan troglodytes*), quienes pueden contraer ácaros de la sarna tras interacciones cercanas y repetidas con personas, resultando severamente afectados (Wallis & Rick Lee 1999; Graczyk et al. 2001). Además, bacterias como *Shigella* spp., *Salmonella* spp. y *Campylobacter* (Nizeyi et al. 1999), así como helmintos como *Strongyloides* sp. (Penner 1981), pueden transmitirse a estos grandes simios a través del contacto con heces humanas,

pudiendo llevarlos a la muerte. En Madagascar, en un estudio realizado con siete especies de lémures (*Avahi laniger*, *Eulemur rubiventer*, *Eulemur rufifrons, Hapalemur aureus*, *Microcebus rufus, Propithecus edwardsi,* y *Prolemur simus*) y humanos que comparten el ambiente, analizaron la presencia de diferentes virus comunes causantes de enfermedades diarreicas en humanos, y encontraron todas las especies de lémures tenían al menos uno o dos tipos de grupos virales analizados (Adenovirus, Enterovirus, Norovirus y Rotavirus). Si bien los autores discuten que es necesario continuar con el estudio para determinar si se trata de transmisiones virales interespecíficas, resaltan que la presencia tanto en humanos como en lémures en ambientes de interfaz tiene implicancia tanto para la salud pública como para la conservación de las poblaciones de primates silvestres (Zohdy et al. 2015).

Los humanos comparten patógenos como la malaria, el Chagas y la leishmaniasis específicamente con primates platirrinos (Malta et al. 2010; de Alvarenga et al. 2015; Martínez et al. 2016; Solórzano-García & Pérez-Ponce de León 2018; Chaves et al. 2022; Lopes et al. 2022). Sin embargo, el conocimiento acerca de los agentes infecciosos presentes en estas especies sigue siendo limitado, ya que muchas especies de primates y regiones geográficas aún no han sido estudiadas (Solórzano-García & Pérez-Ponce de León 2018). Este patrón de falta de estudio también se observa en Argentina, donde los estudios sobre parasitismo y enfermedades infecciosas en primates aún son limitados o ausentes para especies como el mono caí de las yungas (*Sapajus cay*), aunque han comenzado a incrementarse, especialmente en los aulladores negros y dorados (*Alouatta caraya*) y el caí negro (*Sapajus nigritus cucullatus*) (Illia et al. 2022). De esta manera, contar con información base sobre la prevalencia y los patrones de infección en primates puede ofrecer un índice del estado de salud de las poblaciones silvestres y ayudar a evaluar el riesgo de contraer enfermedades específicas en estas poblaciones.

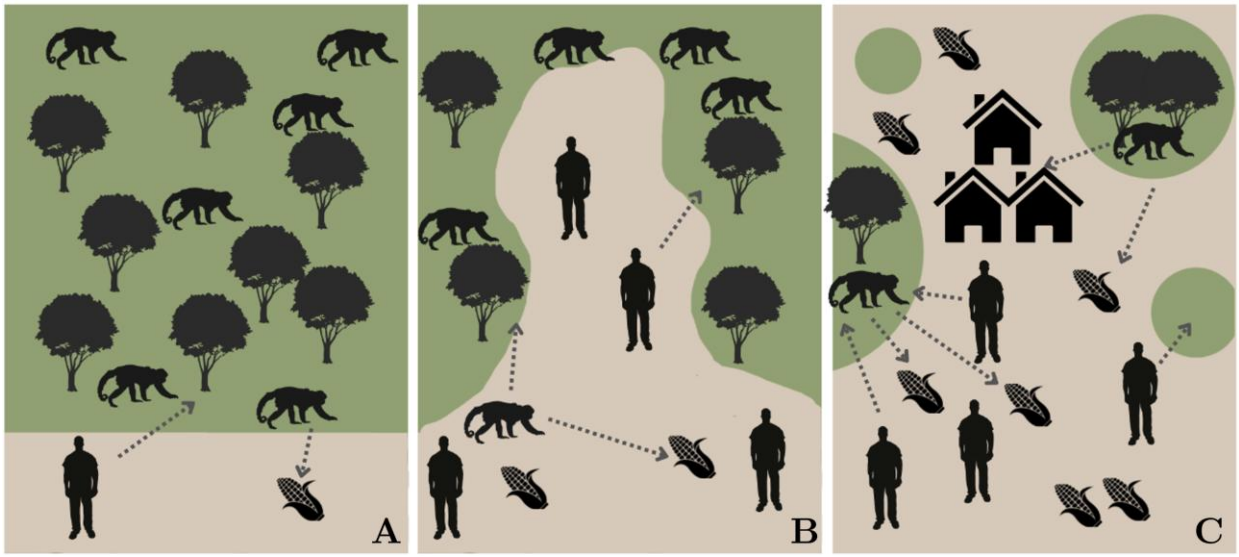


Figura 1.2. Ilustración conceptual del avance de la fragmentación y el aumento de contactos entre primates y humanos. A. La matriz natural (verde) se encuentra mayormente intacta con una superficie de contacto (borde) con la matriz antrópica (marrón) mínima, una población abundante de primates y un contacto mínimo tanto de humanos como de primates. B. Se observa la matriz con un área natural menor y un aumento de borde, ha disminuido la población de primates, ha aumentado la población humana y ha aumentado el movimiento de las especies a través de las matrices. C. Se forman parches de áreas naturales fragmentadas y aisladas en una matriz casi en su totalidad antropizada, ocurre una disminución de las poblaciones de primates, una mayor cantidad de humanos junto con la aparición de asentamientos urbanos, y un mayor movimiento a través de los bordes. Modificado de Bloomfield et al. (2020).

1.4 Diversidad parasitaria en monos capuchinos (*Cebus* y *Sapajus*)

Los monos caí o capuchinos, son primates platirrinos de la familia Cebidae. Hasta hace unos años, los monos caí eran clasificados en cuatro especies pertenecientes al género *Cebus*: *C. capucinus, C. albifros, C. olivaceus* y *C. apella*, con varias subespecies dentro de cada una. Actualmente, estos primates se separan en dos géneros: los monos grácileS del género *Cebus* y los robustos del género *Sapajus* (Rylands et al. 2005; Lynch-Alfaro et al. 2012; Lima et al. 2018). El género *Sapajus* está compuesto por ocho especies: *S. apella, S. macrocephalus, S. libidinosus, S. nigritus, S. xanthosternos, S. robustus, S. cay* y *S. flavius* (Fragaszy et al. 2004; Rylands et al. 2013; Lima et al. 2018). Estos primates han sido objeto de varios estudios debido a su relevancia ecológica y la interacción que mantienen con patógenos y parásitos en sus hábitats naturales y en cautiverio (Phillips et al. 2004; Bueno et al. 2017; Solórzano-García & Pérez-Ponce de León 2018; Oliveira & Santos 2023; Chaves et al. 2024).

Entre las enfermedades infecciosas, aquellas que son causadas por bacterias son las más reportadas en poblaciones silvestres de primates platirrinos (da Silva et al. 2020; Ehlers et al. 2022; Oliveira & Santos 2023). Diversos estudios han documentado la presencia de bacterias patógenas de interés sanitario en monos capuchinos, destacando la infección con *Pseudomonas* spp. en *Cebus apella* en Brasil, con una prevalencia del 100% en individuos silvestres (Menezes-Costa et al. 2013); *Leptospira spp.* en *Sapajus nigritus*, también en Brasil, con una prevalencia del 78% en poblaciones silvestres (Girio et al. 2021); *Mycoplasma* spp., en *Sapajus* sp. en un 45% de la población silvestre estudiada (Bonato et al. 2015). Por otro lado, se halló *Mycobacterium tuberculosis* en individuos en cautiverio de *S. nigritus* en Brasil (Ehlers et al. 2020) y *Mycobacterium bovis* en individuos silvestres de *S. n. cucullatus* en Argentina (Lamattina et al. 2024).

En cuanto a infecciones virales, estudios en Brasil han identificado el virus del Zika en *Sapajus libidinosus* con una prevalencia del 5% en poblaciones silvestres, lo que resalta la relevancia de estos primates como potenciales reservorios de este virus, conocido por su importancia epidemiológica en humanos (Favoretto et al. 2019). Además, otros virus como el de la encefalitis de San Luis, han sido reportados en varias especies de *Sapajus*, incluyendo *S. nigritus* y *S. cay*, con prevalencias del

12,5% y 31%, respectivamente (Svoboda et al. 2014). El virus de la rabia también ha sido encontrado en *Cebus apella* y *Sapajus nigritus* en Brasil, con una prevalencia del 100% en *C. apella*, lo cual destaca por su riesgo de transmisión zoonótica (Machado et al. 2012; Kobayashi et al. 2013). También se han detectado parvovirus, el virus del papiloma, y otros Spumaretrovirus, Hepatitis A y Orthopoxvirus en poblaciones tanto de cautiverio como en estado silvestre de capuchinos (Abrahão et al. 2010; Svoboda et al. 2014; Ghersi et al. 2015; Sanchez-Fernandez et al. 2022).

Dentro del grupo de los protozoos, *Toxoplasma gondii* ha sido identificado en múltiples especies de capuchinos en Brasil y Costa Rica, con prevalencias que varían entre el 12% en Brasil y hasta el 67% en individuos en cautiverio (Bueno et al. 2017; Niehaus et al. 2020). La infección por *Leishmania* en capuchinos ha sido registrada en poblaciones silvestres de varias especies de *Sapajus* en Brasil, con prevalencias que van entre el 8% y al 100% en estado silvestre, dependiendo de la especie (Voltarelli et al. 2009; Malta et al. 2010; Bueno et al. 2017; Porfirio et al. 2018; Cândido et al. 2021; Lopes et al. 2022). Dentro de los protozoos gastrointestinales se han detectado en varias especies de capuchinos parásitos como: *Giardia sp.*, *Blastocystis sp.*, *Entamoeba sp.*, *Endolimax* sp., *Entamoeba* sp. *Balantadium coli*, *Cystoisospora cebi*, *Cryptosposridium* sp., entre otros, tanto en capuchinos en cautiverio como en poblaciones silvestres (Duszynski et al. 1999; Phillips et al. 2004; Silva et al. 2008; Parr et al. 2013c; Martin-Solano et al. 2017; da Silva et al. 2023).

Los parásitos helmintos, incluyendo nematodes, cestodes y trematodes, también están ampliamente descriptos en especies de capuchinos. Entre los cestodes, se reportan los parásitos *Mathevotaenia megastoma*, *Hymenolepis* sp., *Moniezia rugosa* e Hymenolepididae en poblaciones de *Cebus* y *Sapajus* en estado silvestre (Travassos et al. 1969; Parr et al. 2013c; Corrêa et al. 2016; Martin-Solano et al. 2017; Agostini et al. 2018). Por otro lado, especies de trematodes y acantocéfalos como *Athesmia heterolecithoides, Oncicola spirula, Prosthenorchis elegans*, entre otros se encuentran registrados para los capuchinos (Thatcher & Porter 1968; Travassos et al. 1969; Chinchilla et al. 2010; Parr et al. 2013c; Corrêa et al. 2016; Martin-Solano et al. 2017; Agostini et al. 2018; Pereira et al. 2020; Rondón et al. 2021). Por último, los nematodes son el grupo que más se encuentra registrado en monos capuchinos. Los registros provienen de numerosas especies de primates de Brasil, Argentina, Perú, Colombia, Guayana Francesa, Panamá, Costa Rica y Ecuador. Algunos de estos parásitos descriptos son *Ancylostoma* sp., *Ascaris* sp., *Enterobius vermicularis*,

Molineus torulosis, Dipetalonema caudispina, Dipetalonema gracile, Dipetalonema robini, Trypanoxyuris clementinae, Physaloptera sp., *Protospirura muricola, Strongyloides* sp., *Subulura* sp., *Vianella dubia, Filariopsis barretoi, Capillaria* sp., y *Trichuris* sp. (Travassos 1941; Thatcher & Porter 1968; Sousa et al. 1974; Hugot & Hugot 1985; Lee et al. 1996; Vicente et al. 1997; Durette-Desset et al. 2001; Chinchilla et al. 2010; Parr et al. 2013c; Alcântara et al. 2016; Bacalhao et al. 2016; Corrêa et al. 2016; Martin-Solano et al. 2017; Vanderhoeven et al. 2017; Agostini et al. 2018; Echeverri De la Hoz et al. 2020; Rondón et al. 2021). En el Anexo I, se puede encontrar un resumen de los registros con información de la especie hospedadora, prevalencia, región geográfica y si se trata de reportes de poblaciones silvestres o en cautiverio. Por otro lado, dentro de la familia Cebidae, también se encuentra el género *Saimiri*, del cual pertenecen los comúnmente llamados monos ardilla. Los primates de este género comparten varios taxones parasitarios con los capuchinos y una completa revisión bibliográfica fue realizada por Solórzano-García y Pérez-Ponce de León (2018).

Los diversos estudios parasitológicos en monos capuchinos han mostrado una alta diversidad de parásitos que incluye bacterias, virus, protozoos y helmintos. A pesar de esto, las investigaciones parasitológicas presentan limitaciones en cuanto a grupos taxonómicos y áreas geográficas, especialmente en áreas de difícil acceso (Solórzano-García & Pérez-Ponce de León 2018). Así, se destaca la necesidad de realizar estudios más amplios, sistemáticos y ecológicos que permitan caracterizar con mayor precisión la fauna parasitaria en distintas especies y regiones.

1.5 El mono caí negro (*Sapajus nigritus cucullatus*) como modelo para el estudio

El mono caí negro, *Sapajus nigritus cucullatus* (Figura 1.3) se encuentra presente en el sureste y sur de Brasil y en el noreste de Argentina, únicamente en la provincia de Misiones (Martins et al. 2019). Su distribución geográfica se encuentra restringida al Bosque Atlántico. Al noroeste, su distribución se limita por el Cerrado de Brasil, y al Sur se interrumpe por la Sabana Uruguaya (Vilanova et al. 2005; Martins et al. 2019).

Al igual que las demás especies del género *Sapajus*, *S. n. cucullatus* es diurno, arborícola con un hábito alimenticio generalista y flexible, pero es esencialmente frugívoro-insectívoro (Janson et al. 2012). En períodos de escasez de frutos y artrópodos, pueden complementar su dieta con: semillas, hojas y pecíolo de hojas, tales como de la palmera *Euterpe edulis* (Brown & Zunino 1990; Taira & Izar 2007; Rímoli et al. 2008a). *Sapajus nigritus cucullatus* es una especie con importantes roles en los bosques que habita ya que actúan como polinizadores y dispersores de semillas (Janson et al. 1981; Wehncke et al. 2003; Wehncke & Domínguez 2007; Wehncke & Di Bitetti 2013; Tujague et al. 2019) y controladores de insectos (Mikich 2001; Moura & McConkey 2007; Tujague et al. 2019). Viven en grupos polígamos multimacho-multihembra con hembras filopátricas, de entre 7 a 45 individuos (Janson et al. 2012). Los machos dominantes suelen monopolizar las copulas de las hembras. Durante el período receptivo, que corresponde a la fase del ciclo estral en la que las hembras están dispuestas a aparearse, éstas solicitan preferentemente el apareamiento con el macho dominante (Di Bitetti & Janson 2001). Este ciclo ocurre aproximadamente cada 21 días, y la duración del período receptivo varía, pero suele estar presente en la fase de celo que ocurre principalmente entre febrero y agosto, siendo menos frecuente después de este último mes (Di Bitetti & Janson 2001). En promedio, puede tomar de dos a cinco ciclos estrales antes de que la hembra quede preñada (Di Bitetti & Janson 2001). La madurez sexual es alcanzada entre los 4 y 5 años en las hembras y a los 8 años en machos (Rylands et al. 2013). El intervalo entre nacimientos es cada 19.4 meses (± 5.52 meses), teniendo una cría por preñez (Di Bitetti & Janson 2001). La densidad poblacional estimada en un área natural protegida de Argentina (PNI: Parque Nacional Iguazú) fue de 0.16 individuos/ha (Di Bitetti 2001). Sin embargo, en un estudio reciente realizado por Martínez de Zorzi et

al. (2024) en áreas no protegidas del Noreste de la provincia de Misiones, hallaron que la densidad poblacional fue de 0.14 individuos/ha en áreas de bosque continuo y 0.62 ind/ha en áreas fragmentadas.



Figura 1.3. Individuo adulto de mono caí negro *Sapajus nigritus cucullatus*. Foto: Gimena Illia.

Respecto al área de acción de la especie, los datos son heterogéneos. En Argentina, en el PNI el área de acción reportada para 3 grupos de monos caí es de 161±77 ha (81-293 ha) (Di Bitetti 2001). Sin embargo en un estudio realizado en poblaciones en áreas no protegidas se observó que a partir del seguimiento de cuatro grupos durante tres meses por dos años consecutivos, en bosque continuo, presentaron áreas de acción promedio de 125 ha (110-140 has) y en bosques fragmentados los grupos presentaron áreas de acción menores, de 55 has en promedio (51-57 ha) (Martinez De Zorzi et al. 2024). Este trabajo, además, se destaca debido a que fue realizado en dos sitios de estudio compartidos con la presente tesis (Capítulo 2, Sección 2.2: Sitios de estudio). Por otro lado, en Brasil también se han registrado áreas de acción variados. En los ambientes fragmentados las áreas de acción fueron de 56 ha en Paraná, a partir del seguimiento de dos grupos de monos caí durante un año (Ludwig et al. 2005) y 117 ha en un grupo seguidos durante un año en São Pablo

(Izar et al. 2007). Y en los continuos el área de acción fueron de: 312 y 422 (Tokuda 2013) en São Pablo a partir del seguimiento durante un año y medio de dos grupos; y, 268 ha en un grupo seguido durante un año en Minas Gerais (Rímoli et al. 2008b). Los movimientos diarios son entre 750m (para las estaciones secas) y 3000m (para las estaciones lluviosas) (Rímoli 2001; Martins et al. 2019).

Si bien en la UICN *S. n. cucullatus* se encuentra clasificado como "Preocupación Menor", en Argentina la especie fue categorizada como "Vulnerable" por la Lista Roja de Mamíferos Argentinos (Tujague et al. 2019). La principal amenaza para la especie es la pérdida, degradación y fragmentación de hábitat. Se sospecha que en nuestro país, debido a la transformación de su hábitat, la población ha sufrido una reducción poblacional de por lo menos 10% en 50 años y se proyecta que en los próximos 48 años la población sufrirá una reducción de al menos otros 20% (Tujague et al. 2019). Otras amenazas que enfrenta la especie, son el atropellamiento en rutas, la electrocución, la caza para consumo de su carne y por conflictos humano-mono, y el comercio ilegal para mascotismo (Tujague et al. 2019; García de la Chica et al. 2023). La información relacionada a la especie en Argentina proviene en su mayoría del Parque Nacional Iguazú (PNI), un área protegida de gran extensión de bosque nativo (Agostini et al. 2015), pero que recibe cientos de turistas de todo el mundo por día y algunos de los grupos de mono tienen un alto contacto con los visitantes, con interacciones que van desde contacto físico hasta recibir alimento de origen antrópico (Tujague et al. 2023).

Por otro lado, la superposición del ambiente utilizado por *S. n. cucullatus* con las actividades antrópicas genera conflictos entre los monos y los humanos, por ejemplo, tanto en PNI y en reservas privadas, los monos son un atractivo turístico para los visitantes (Tujague et al. 2023), sin embargo, los hurtos de comida y pertenencias personales de los turistas y mordeduras son frecuentes en las áreas de descanso y los senderos. Además, se registran conflictos en áreas de producción forestal y cultivos agrícolas (Mikich & Liebsch 2014, 2017). Con respecto a las producciones forestales, estos monos son percibidos de manera negativa y son cazados, ya que extraen y consumen la corteza de los pinos, provocando daños en la producción y pudiendo generar la muerte de los árboles (Di Bitetti 2019). En los cultivos agrícolas, los productores tienen frecuentes ingresos de los grupos de monos que consumen (Figura 1.4) las producciones de maíz, mandioca, papa, caña de azúcar y cítricos, y pueden representar hasta un 20% del total de sus dieta (Ludwig et al. 2006; Rímoli et al. 2008a).

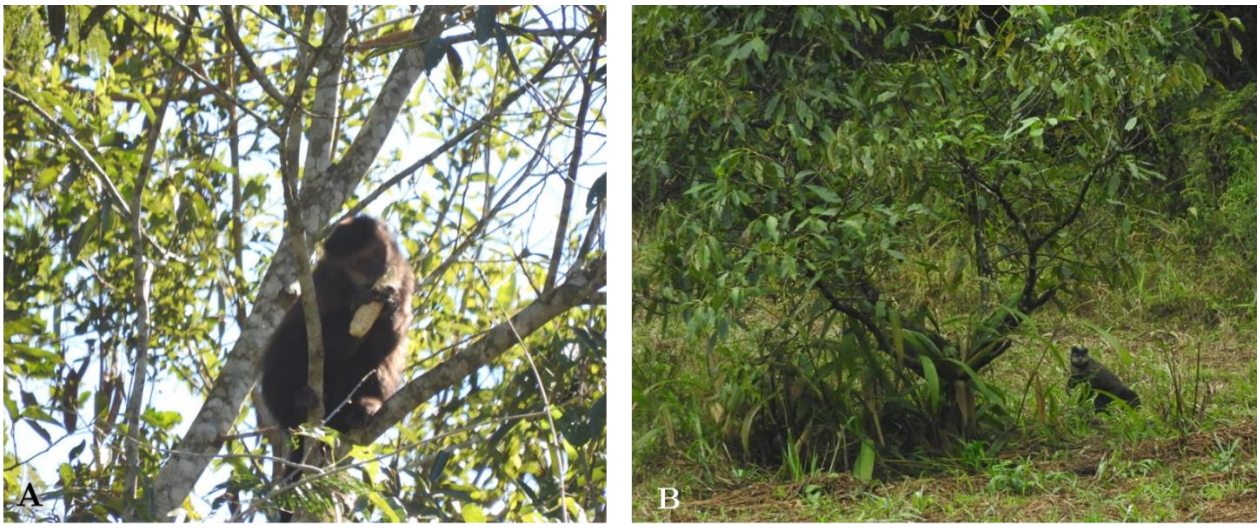


Figura 1.4. A. Individuo adulto de *Sapajus nigritus cucullatus* comiendo una mazorca de maíz obtenida del cultivo de un poblador local. B. Individuo en el suelo para acceder al cultivo de cítricos. Fotos: Gimena Illia.

Antecedentes parasitológicos en *Sapajus nigritus cucullatus*

Los trabajos parasitológicos en *Sapajus nigritus cucullatus* en Argentina provienen principalmente de las poblaciones del PNI. El PNI es un área protegida de 670.000 has que ha sido área de estudio de poblaciones de monos caí desde 1989 (Brown & Zunino 1990; Janson et al. 2012). El primer reporte parasitológico fue publicado por Vanderhoeven et al. (2017). En este trabajo, los autores reportaron por primera vez en la especie y en el país a la filaria *Dipetalonema robini* en la cavidad abdominal de un mono encontrado muerto. En general, las filarias son parásitos con potencial zoonótico y patogénico ya que pueden generar daño en el sistema linfático. Por ello, si bien hasta la fecha, no se han registrado casos de especies de *Dipetalonema* causando enfermedades en monos o humanos, la presencia de *D. robini* en los monos caí podría llegar a tener consecuencias negativas en la salud humana, especialmente si existe contacto entre los monos y los seres humanos (Vanderhoeven et al. 2017). Otros estudios parasitológicos registran, a partir de la colecta de materia fecal de grupos de monos del PNI y análisis por microscopia óptica, los parásitos gastrointestinales: *Filariopsis* sp., *Strongyloides* sp., *Trichuris* sp., *Ascaris* sp., huevos de Subuluridae, Physalopteridae, Hymenolepididae y un Trematode indeterminados

(Agostini et al. 2018). En este trabajo, la prevalencia se reporta para cada taxón parasitario por temporada de colecta de muestra. La prevalencia total (sin diferenciar por estaciones) fue entre el 45 al 80% y los taxones parasitarios más prevalentes fueron Hymenolepididae, *Filariopsis* sp. y *Strongyloides* sp.

En paralelo con Agostini et al. (2018), se realizaron estudios acerca de la interacción entre la comunidad de parásitos gastrointestinal y la nutrición (Agostini et al. 2017) y el comportamiento (Tiddi et al. 2019; Agostini et al. 2023) en los mismos grupos de monos del PNI. La distribución de algunos de estos grupos se encuentra en el área turística donde tienen un alto contacto con los visitantes y frecuentemente reciben alimento por parte de los turistas (Agostini et al. 2017; Tujague et al. 2023). De esta manera, Agostini et al. (2017) realizó un estudio experimental en el cual manipuló por un lado el aprovisionamiento de alimento y por el otro la carga parasitaria de los individuos utilizando antiparasitarios de uso veterinario. El objetivo de este trabajo fue evaluar si el parasitismo (carga parasitaria y riqueza) afecta a la condición física (masa corporal) de los individuos. Sin embargo, los autores no hallaron diferencias significativas en la condición física de los monos parasitados y los desparasitados. Asimismo, cuando evaluaron el parasitismo y el aprovisionamiento de alimento en las dinámicas sociales, los autores encontraron que el aprovisionamiento tenía mayor implicancia en las dinámicas sociales del grupo que el parasitismo (Tiddi et al. 2019). Además, observaron que aquellos individuos que no han sido tratados con antiparasitarios dedican menos tiempo de búsqueda de alimento que aquellos individuos que fueron desparasitados (75% menos) cuando hay poco aprovisionamiento de comida (Agostini et al. 2023). Los autores sugieren que la modificación del comportamiento causado por los parásitos esté relacionado con el efecto "debilitante" por una mala nutrición y la presencia de los parásitos (Agostini et al. 2023). Además, un estudio reciente de Lamattina et al. (2024) reportó la presencia de *Mycobacterium bovis* en un mono caí silvestre del PNI. Si bien el reporte se basa en la descripción de un único individuo infectado, hasta la fecha otros dos individuos de monos caí y coatíes (*Nasua nasua*) que comparten el ambiente con los caí, han sido positivos para *M. bovis* (Guzmán 2024). Estos registros toman especial relevancia para la salud pública, ya que los individuos provienen de un grupo que frecuentemente ingresa en las instalaciones turísticas del PNI. Estos son los primeros casos registrados de este patógeno en un primate platirrino y existe un alto riesgo zoonótico debido a la interacción entre humanos y animales silvestres en áreas con alto contacto entre humanos y primates.

1.6 Relevancia de la tesis

Argentina ha experimentado una notable reducción de sus bosques nativos debido al avance de la urbanización, la industrialización y la expansión agropecuaria con transformaciones particularmente evidentes en las provincias del norte argentino, donde se distribuyen las especies de primates que habitan en Argentina (Misiones, Corrientes, Formosa, Chaco, Tucumán, Jujuy, Salta y Santa Fe). En la provincia de Misiones, sólo el 29% de la superficie ocupada por bosques nativos se encuentra dentro de áreas protegidas (MAyDS 2022). Se estima una pérdida de más de 200 mil hectáreas de bosque en el período 1985-2022 (Eljall et al. 2022), de las cuales aproximadamente 70 mil hectáreas se perdieron durante los últimos 15 años (STAyD 2023). Esta transformación del paisaje, producto principalmente de actividades agropecuarias y urbanas, tiene efectos directos sobre la fauna silvestre, incluyendo al mono caí negro (*Sapajus nigritus cucullatus*), cuya presencia disminuye notablemente en áreas no protegidas (Agostini et al. 2015). Como se mencionó anteriormente, la mayoría de los estudios de *S. n. cucullatus* provienen de áreas protegidas, por lo que resulta importante realizar estudios fuera de las mismas, donde la presión por las diferentes actividades antrópicas podría generar eventos de *spillover* que podrían llevar a extinciones locales y brotes de enfermedades de interés para la salud pública.

La cercana relación filogenética entre humanos y primates genera un riesgo significativo de intercambio de parásitos y otros agentes infecciosos. En Argentina, los monos aulladores (*Alouatta caraya* y *A. guariba*) han demostrado ser centinelas clave para la salud del ecosistema debido a su alta susceptibilidad al virus de la fiebre amarilla, lo cual permite detectar brotes de enfermedades que representan amenazas tanto para la salud pública como para la conservación de especies amenazadas en las mismas áreas (Holzmann et al. 2010; Moreno et al. 2015; Kowalewski & Gillespie 2018). Identificar los parásitos presentes en primates contribuye a una mejor comprensión de la ecología de las enfermedades en estos ecosistemas y proporciona datos importantes para el desarrollo de estrategias de conservación y salud pública efectivas. La presente tesis se centra en la relación entre la modificación del hábitat y la dinámica de los parásitos gastrointestinales en *Sapajus nigritus cucullatus*, una especie de primate que habita tanto en áreas continuas y protegidas, como en matrices productivas y en áreas de interfaz doméstico-silvestre en la provincia de Misiones, Argentina. Esta tesis se enmarca en una perspectiva que abarca la conservación de la biodiversidad, la salud pública y la

ecología de parásitos, con énfasis en los impactos que la modificación del ambiente tiene sobre la salud de poblaciones silvestres de *S. n. cucullatus*. Además, la tesis tiene un enfoque de Una Salud, reconociendo la conexión entre la salud humana, animal y ambiental, y destacando la importancia de estrategias para la gestión y mitigación de riesgos asociados a enfermedades zoonóticas y/o emergentes en el Bosque Atlántico, una de las regiones más biodiversas y amenazadas del planeta.

Sapajus nigritus cucullatus es un buen modelo de estudio en parasitología y dinámicas de enfermedades, dado su estrecha relación filogenética con los humanos y el potencial intercambio de patógenos entre ambos. Además, su capacidad para sobrevivir en áreas de interfaz doméstico-silvestre permite investigar la transmisión de enfermedades en un contexto donde el contacto entre primates humanos y no humanos se ha intensificado. Estos estudios son fundamentales para anticipar y mitigar riesgos de enfermedades zoonóticas en el contexto de la transformación actual del paisaje del Bosque Atlántico.

Esta tesis presenta información sobre la diversidad y distribución de los parásitos gastrointestinales en *S. nigritus cucullatus* y su potencial transmisión cruzada con especies domésticas. Además, genera información de base para comprender mejor las interacciones parásito-hospedador-ambiente en un paisaje modificado por la fragmentación y antropización, y ayuda a identificar factores de riesgo asociados a la emergencia de enfermedades zoonóticas en áreas de interfaz. Por último, esta tesis se encuentra enmarcada dentro de los objetivos (A, B y E) del Plan Nacional para la Conservación de los Primates de la Argentina (Resolución 430/2021 de la Subsecretaría de Ambiente).

1.7 Objetivo general y específicos

En base a lo expuesto anteriormente, el objetivo general de esta tesis doctoral es explorar el efecto de la modificación del hábitat sobre los parásitos gastrointestinales de poblaciones de monos caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) y la posible transmisión cruzada entre primates y especies domésticas en ambientes de interfaz doméstico-silvestre.

Objetivos específicos

- Caracterizar la comunidad parasitaria gastrointestinal de *Sapajus nigritus cucullatus* en áreas de interfaz doméstico-silvestre del noreste de la provincia de Misiones, Argentina.
- Explorar la potencial transmisión cruzada de parásitos gastrointestinales entre monos caí y animales domésticos en áreas de interfaz doméstico- silvestre.
- Analizar el efecto del sexo y categoría etaria del hospedador y estaciones del año en la frecuencia y riqueza de parásitos gastrointestinales.
- Determinar mediante índices parasitológicos en forma indirecta el estado de salud de grupos de monos residentes en ambientes de interfaz doméstico-silvestre con diferentes grados de antropización.
- Evaluar la presencia de bacterias enteropatógenas zoonóticas de importancia sanitaria (*Salmonella enterica*, EHEC, *Shigella flexneri* y *Campylobacter jejuni*) en poblaciones silvestres de *Sapajus nigritus cucullatus* y animales domésticos en áreas de interfaz doméstico-silvestre en Argentina

1.8 Hipótesis y predicciones

En base a los objetivos propuestos, se plantean las siguientes hipótesis con sus predicciones asociadas.

Hipótesis 1. El solapamiento espacial entre los ambientes utilizados por *Sapajus nigritus cucullatus* y aquellos frecuentados por humanos y animales domésticos influye en su comunidad parasitaria.

Predicción 1. Los monos caí que habitan en áreas con mayor grado de solapamiento con ambientes antropizados compartirán taxones parasitarios con animales domésticos

Hipótesis 2. Existen variaciones en la riqueza y frecuencia de parásitos gastrointestinales de *Sapajus nigritus cucullatus* a través de ciclos estacionales.

Predicción 2. Durante las estaciones del año más cálidas y húmedas, los monos caí tendrán mayor frecuencia y riqueza parasitaria.

Hipótesis 3. El comportamiento diferencial entre individuos de diferentes sexos determina diferencias en la estructura y composición de la comunidad parasitaria de *Sapajus nigritus cucullatus*.

Predicción 3. Los individuos machos tendrán mayor frecuencia y riqueza de parásitos que las hembras de *S. n. cucullatus*.

Hipótesis 4. La edad de los individuos influye en la estructura y composición de la comunidad parasitaria asociada.

Predicción 4. Los individuos adultos tendrán mayor frecuencia y riqueza parasitaria que los juveniles.

Hipótesis 5. Existen variaciones en la frecuencia y riqueza de parásitos gastrointestinales con relación al grado de fragmentación y antropización del hábitat.

Predicción 5. La prevalencia y la riqueza de parásitos gastrointestinales será mayor en el ambiente con mayor fragmentación antrópica, y menor en ambientes continuos y conservados.

Hipótesis 6. *Sapajus nigritus cucullatus* participa en la epidemiología de bacterias enteropatógenas zoonóticas en áreas de interfaz doméstico-silvestre.

Predicción 6.1. Se detectará la presencia de bacterias enteropatógenas zoonóticas en *Sapajus nigritus cucullatus* en áreas de interfaz doméstico-silvestre.

Predicción 6.2. Se identificarán bacterias enteropatogénicas zoonóticas en animales domésticos que coexisten con *S. n. cucullatus*.

1.9 Estructura de la tesis

Esta tesis consta de seis capítulos. En este primer capítulo se realizó una introducción general al tema de la tesis, se presentan los objetivos planteados, las hipótesis y sus predicciones. En el Capítulo 2 se describen los sitios de estudio incluidos en este trabajo, las etapas de toma de muestras y los métodos de análisis de laboratorio. En el Capítulo 3 se presenta la comunidad de parásitos gastrointestinales de 16 grupos de mono caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) y animales domésticos (perros y ganado vacuno), estudiados durante el 2019-2021, en diferentes áreas de interfaz doméstico-silvestre de la provincia de Misiones, y se analiza si los monos caí y los animales domésticos podrían compartir taxones parasitarios (Hipótesis 1). También se presentan los resultados de entrevistas semiestructuradas realizadas a pobladores locales con el fin de evaluar posibles prácticas que faciliten el intercambio interespecífico de parásitos. En el Capítulo 4 se analiza la relación de la comunidad parasitaria de *S. n. cucullatus* con las variables ambientales y las características intrínsecas del hospedador (Hipótesis 2, 3 y 4) y el efecto de la modificación del hábitat en la comunidad de parásitos (Hipótesis 5). En el Capítulos 5 se realiza un análisis sobre el efecto de la interfaz a partir de estudios de identificación molecular de bacterias zoonóticas de interés en la salud pública regional (Hipótesis 6). Por último, en el capítulo 6 se desarrollan las conclusiones generales que se desprenden de este trabajo de Tesis, dificultades enfrentadas y las perspectivas a futuro.

Capítulo 2. Metodología

En este capítulo se describe el área de estudio, que abarca la región geográfica en la que se llevó a cabo este trabajo, y se detallan los sitios de estudio específicos, donde se colectaron las muestras. Además, se presenta la metodología utilizada para la colecta de datos y muestras, y se detallan todos los análisis de laboratorio realizados. Los análisis de datos particulares para cada uno de los objetivos se describen más adelante en sus respectivos capítulos.

2.1 Área de estudio: El bosque Atlántico del alto paraná

El Bosque Atlántico es un complejo de ecorregiones de selva que originalmente presentaba alrededor de 1.700.000 km^2 (Muylaert et al. 2018; Marques et al. 2021). Actualmente más del 92% de su superficie original se ha perdido debido al cambio de uso de suelo por actividades antrópicas (Morellato & Haddad 2000) (Figura 2.1). Debido a esto, según el Fondo Mundial para la Naturaleza (WWF) el Bosque Atlántico es una de las áreas más amenazadas del mundo por su biodiversidad y con prioridad en conservación (Myers et al., 2000).

Por su extensión, el Bosque Atlántico puede ser dividido en 15 ecorregiones de selvas tropicales y subtropicales. Entre estas ecorregiones del Bosque Atlántico, la ecorregión más extensa es el Bosque Atlántico del Alto Paraná (BAAP) o también llamado Selva Paranaense, con una extensión original de aproximadamente 471.200 km^2 (Olson et al. 2001; Di Bitetti et al. 2003). El BAAP se ubica en la porción sur del Bosque Atlántico, y es la ecorregión que se encuentra más alejada de la costa oceánica. Estos factores generan que el BAAP tenga un clima subtropical con gran estacionalidad térmica, principalmente en temperatura (veranos muy cálidos e inviernos fríos con presencia de heladas principalmente en las regiones más altas). La temperatura media anual oscila entre 16 y 22ºC (Di Bitetti et al., 2003), y las precipitaciones ocurren de forma homogénea durante todo el ciclo anual, sin una estación seca marcada, pudiendo variar entre los 1200 y 2000 mm anuales (Di Bitetti et al. 2003; Marques & Grelle 2021). La vegetación natural está compuesta por un bosque subtropical semi-deciduo con ambientes de selvas altas mixtas, selvas abiertas

con sotobosque dominado por bambúes y, en menor proporción, bañados de valles aluviales de arroyos internos (Di Bitetti et al., 2003; Srur et al., 2009).

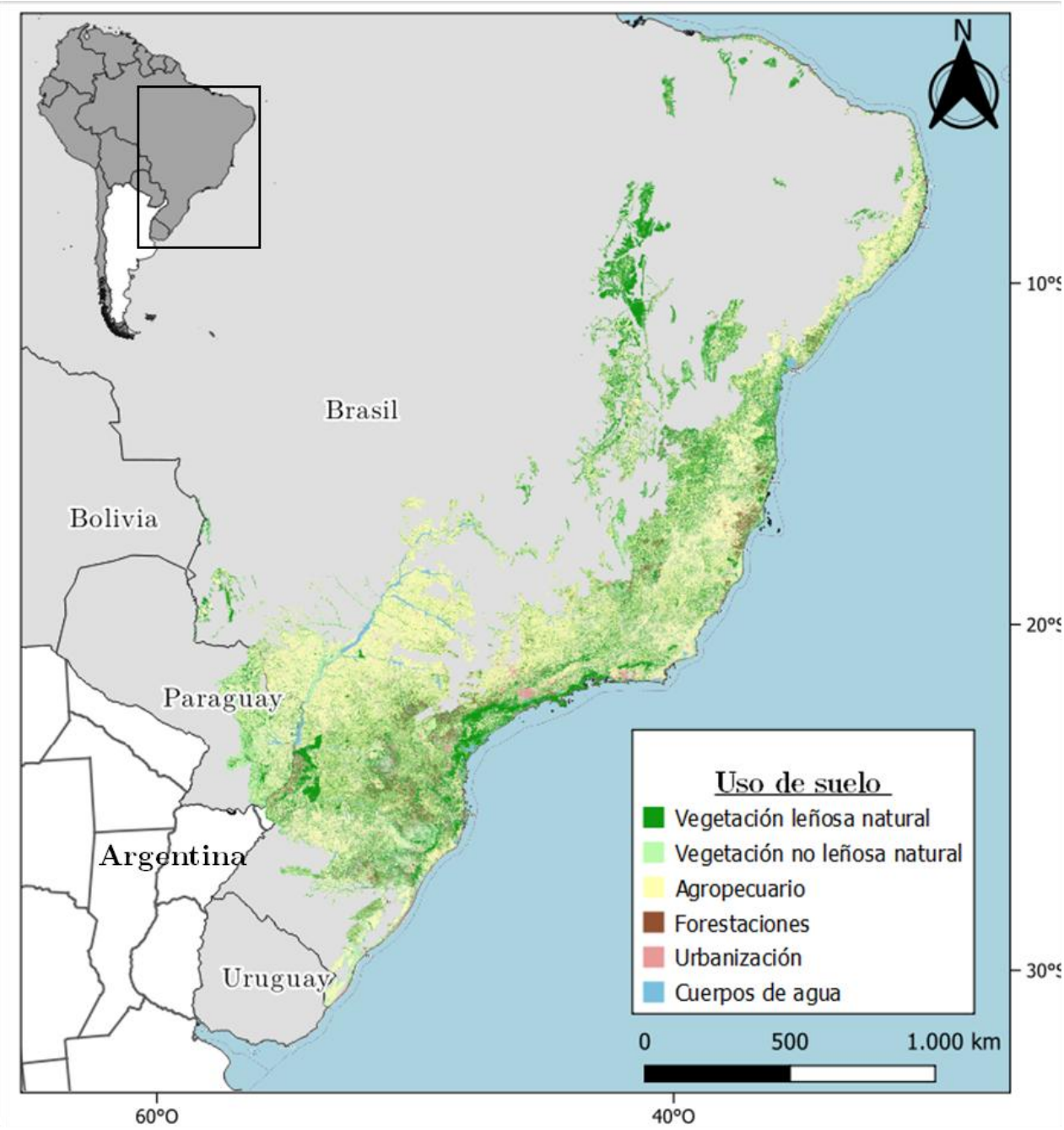


Figura 2.1. Uso de suelo del Bosque Atlántico a partir de imágenes satelitales obtenidas a partir de MapBiomas 2021 (Eljall et al. 2022).

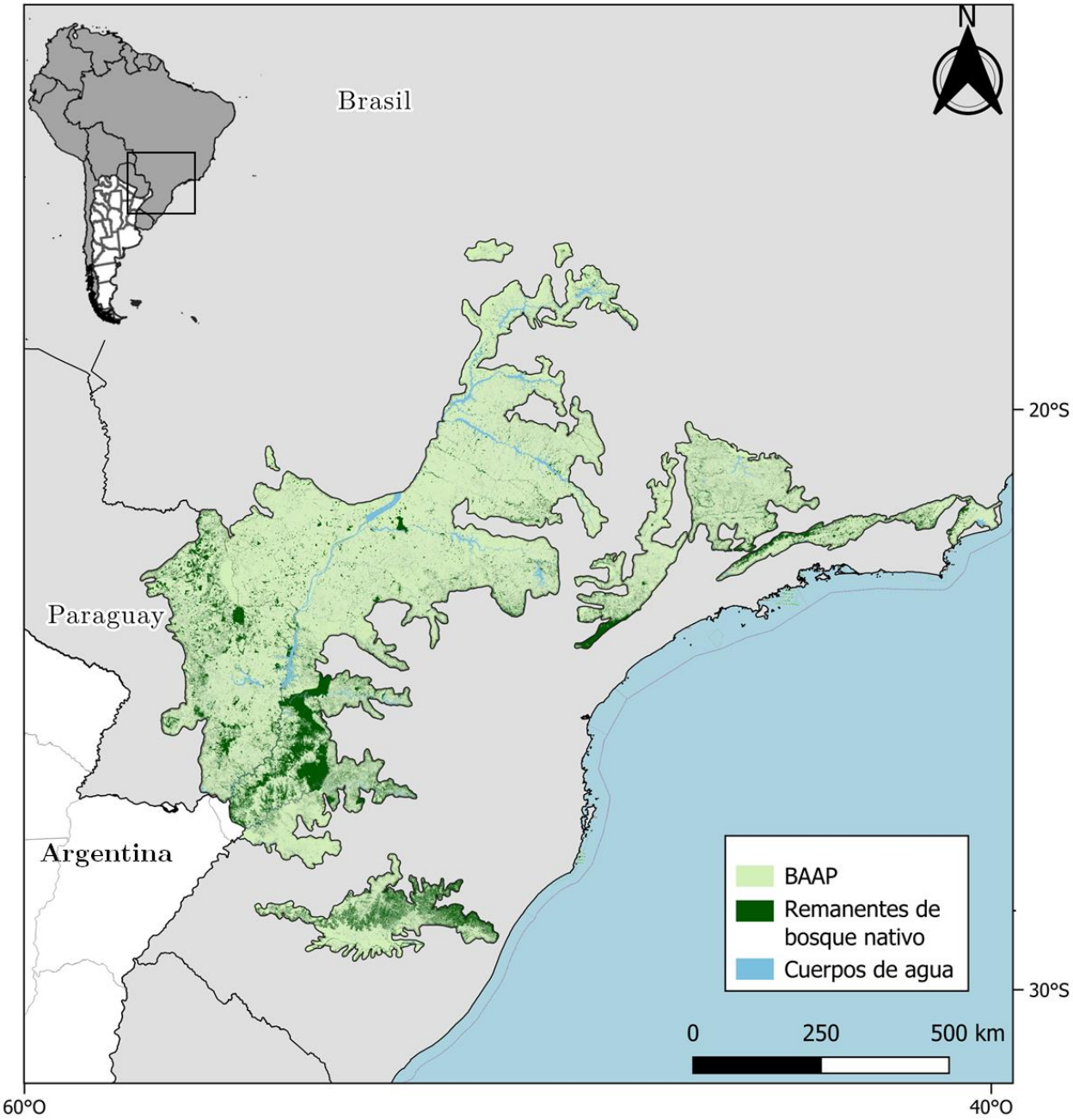


Figura 2.2. Remanentes de bosque del Bosque Atlántico del Alto Paraná, modificado de Di Bitetti et al. (2003) y realizado a partir de imágenes satelitales obtenidas a partir de MapBiomas 2021 (Eljall et al. 2022).

Originalmente, el BAAP se extendía desde el oeste de Serra do Mar en Brasil y Este de Paraguay hasta el Sur de la provincia de Misiones en Argentina (Figura 2.2; De Angelo 2009; Marques & Grelle 2021). Desde el inicio del siglo XX hasta la década de 1980, el BAAP ha sufrido un gran proceso de pérdida y fragmentación impulsado por el crecimiento urbano, desarrollo industrial y expansión de la frontera agrícola (Izquierdo & Clark 2012). Actualmente, en Brasil el BAAP cuenta con

menos del 3% de su extensión original (Marques & Grelle 2021). En Paraguay, este mismo proceso de pérdida y fragmentación comenzó a mediados del siglo XX, resultando así en la pérdida de alrededor del 91% de la extensión original de los bosques (Da Ponte et al. 2017). En Argentina, el proceso fue a menor velocidad y comenzó a tomar importancia a finales de la década de 1980 y actualmente la provincia de Misiones cuenta con alrededor del 50% de su superficie original (Figura 2.3; Zuleta et al. 2015; Iezzi et al. 2019). Por otro lado, gran parte del remanente del BAAP en Argentina forma el Corredor Verde de Misiones (CVM), un área de conservación y uso sustentable creada en 1999 por la ley provincial "Ley del Corredor Verde" (Ley provincial N° 3631)(Izquierdo & Clark 2012). El CVM tiene un área de 11.000 km^2 y permite algunas actividades productivas como plantaciones forestales. Este Corredor Verde tiene como objetivo preservar y promover la conectividad de las áreas de bosques de la provincia de Misiones. Sin embargo, actualmente muchos de los remanentes de bosque se encuentran degradados por la tala selectiva y fragmentados por la expansión agrícola-ganadera.

En Misiones, de acuerdo al informe productivo provincial realizado en 2023, la producción agrícola se caracteriza principalmente por producir a mediana y gran escala maíz, tabaco, yerba mate, cítricos y té (Min. Economía 2023). La producción forestal que se realiza en la provincia es principalmente de pino y eucaliptus (Izquierdo & Clark 2012; Mohebalian et al. 2022) y representan aproximadamente el 14% de la superficie total de la provincia (MAyDS 2022). Por otra parte, la ganadería representa el 22% de la superficie total (MAyDS 2022). Otra de las principales actividades económicas de la provincia es el cultivo de subsistencia (cultivo a pequeña escala y pasturas) los cuales generan áreas heterogéneas de parches de bosques, cultivos y potreros (Campanello et al. 2019).

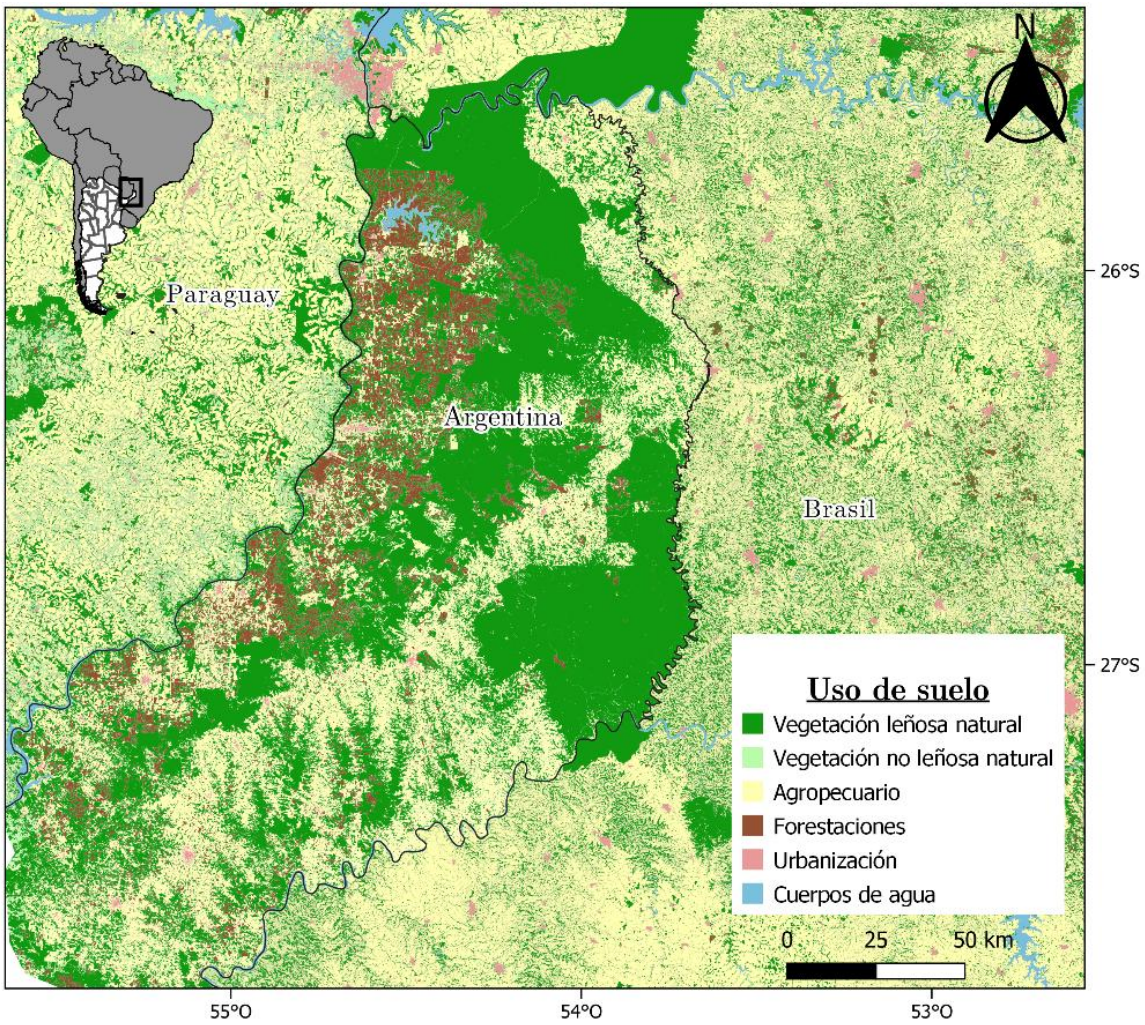


Figura 2.3. Uso de suelo del Bosque Atlántico en la provincia de Misiones, Argentina. Obtenidas a partir de MapBiomas (Eljall et al. 2022).

Alrededor de 150 millones de personas habitan en el Bosque Atlántico, con tasas de crecimiento poblacional por encima de la media mundial (Cincotta et al. 2000; Galindo-Leal & Câmara 2003; Jacobsen 2003; De Angelo 2009; Mohebalian et al. 2022). De acuerdo al último Censo Nacional de Población, Hogares y Viviendas realizado en 2022, la población de la provincia de Misiones es de aproximadamente 1.3 millones de habitantes, 100 mil habitantes más que en el censo realizado en el 2010 (INDEC, 2023). El crecimiento de la población en el Bosque Atlántico, genera una demanda de recursos naturales (materias primas, agua potable, energía, madera, etc.) que incrementan no sólo la transformación de las áreas naturales sino también la explotación de los escasos remanentes boscosos. De esta manera, los procesos de pérdida de biodiversidad (especies, poblaciones, variabilidad genética, etc.) asociados con la pérdida de hábitat y fragmentación, son potenciados por el empobrecimiento de los hábitats naturales remanentes (Galindo-Leal & Câmara 2003; De Angelo

2009), llevando a un cambio en la composición de especies y dinámica de los ecosistemas del bosque (Chiarello 1999, 2003; Cullen et al. 2000; Giraudo et al. 2008; De Angelo 2009; Vieira et al. 2009; Iezzi et al. 2019).

2.2 Sitios de estudio

Para el desarrollo de esta tesis, se trabajó con grupos de monos caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) y animales domésticos (*Canis lupus familiaris* y *Bos taurus*) en seis sitios de estudio dentro del departamento de Manuel Belgrano, provincia de Misiones, Argentina (Figura 2.4).



Figura 2.4. Sitios de estudio en el departamento de Manuel Belgrano (gris claro), provincia de Misiones, Argentina. De Norte a Sur, PA: Península de Andresito; YL: Yacutinga Lodge; RUA: Reserva Urbana Andresito; COR: Corredor Biológico Urugua-í-Foerster; PN: Piñalito Norte; SA: San Antonio.

Península de Andresito (PA)

Península de Andresito (Figura 2.5, 25°32'S 54°7'O) es un área de aproximadamente 6000 hectáreas de las cuales 1800 se encuentran ocupadas por actividades agrícola-ganaderas. De las 6000 hectáreas que comprenden la península, se relevaron aproximadamente 2300 (Tabla 2.1). Las propiedades privadas de PA son pequeñas granjas de hasta 100 ha que forman parte de pequeñas explotaciones agrícola-ganaderas, algunas de carácter intensivo, pero que en general han sufrido relativamente pocos cambios en su estructura, si es comparado con el uso de la tierra en la región (Placci & Di Bitetti 2005). PA se encuentra rodeado de dos grandes áreas protegidas: el Parque Nacional Iguazú al Oeste y al Norte el Parque Nacional do Iguaçu en Brasil. Al Sur y Este, este sitio se encuentra rodeado por grandes granjas de producción de yerba mate, té, maíz, entre otros. Dentro de la península, existen varias áreas protegidas: la Reserva Natural Silvestre del Alto Iguazú, el Parque Provincial Yacuy, el Parque Provincial Raúl Cametti y el Parque Provincial Isla Grande y el Refugio Privado de Vida Silvestre Ariraí. La Península de Andresito en su integridad, forma parte de la propuesta de zona de amortiguamiento del Parque Nacional Iguazú, por lo que su condición ambiental resulta de suma importancia para la conservación del BAAP (Guerrero Borges 2013). La principal actividad económica de este sitio se basa en el aprovechamiento sustentable del fruto del palmito, para la venta de sus semillas y pulpa (Placci & Di Bitetti 2005).

Yacutinga Lodge (YL)

La reserva Yacutinga Lodge (Figura 2.5, 25°34'S 54°4'O) es una reserva privada de 570 hectáreas (Bustos 2008). La principal actividad de este sitio es el ecoturismo y la conservación del monte nativo (Kaefer 2022; Kremar 2022). El bosque de YL se encuentra rodeado por el Río Iguazú al Norte, Este y Oeste. Al Sur de YL se encuentran dos comunidades mbya guaraní y una granja de producción de yerba-mate. El monte nativo de este sitio se caracteriza por presentar especies arbóreas emblemáticas como el Palo Rosa (*Aspidosperma polyneuron*) y Palmitales (*Euterpes edulis*) (Bustos 2008). El área relevada en este sitio fue de 1000 has que incluyen la reserva privada y alrededores (Tabla 2.1).

Reserva Urbana Andresito (RUA)

La Reserva Urbana Andresito (Figura 2.5, 25°40'S 54°3'O) es un área protegida de 54 hectáreas inserta en una matriz urbana. La RUA, es administrada por el Ministerio de Ecología y Recursos Naturales Renovables, fue creada a partir de un proyecto de desarrollo ecoturístico en convenio con Japón entre 2004 y 2007 (Gómez & Ferrero 2016; Kremar 2022). Este proyecto no fue continuado, pero RUA recibe constantes ingresos no permitidos de habitantes de la Ciudad de Andresito, así como de animales domésticos. El área que se relevó en este sitio fue de 154 has que comprenden la reserva urbana y alrededores (Tabla 2.1).

Corredor Biológico Urugua-í-Foerster (COR)

El Corredor Biológico Urugua-í-Foerster (Figura 2.5, 25°51'S 53°57'O) es un mosaico de pequeñas granjas agrícola-ganaderas, reservas privadas enfocadas en el ecoturismo y dos áreas protegidas: el Parque Provincial Segismundo Welcz y la Reserva Natural Yate-í. El COR es un área aproximadamente de 1300 hectáreas (Tabla 2.1) rodeada por dos grandes Parques Provinciales: el Parque Provincial Urugua-í de 84000 hectáreas al Oeste del COR y Horacio Foerster con 4300 hectáreas al Este (Barzan et al. 2015). El Parque Provincial Segismundo Welcz de 209 ha ubicado dentro del COR fue creado en el 2007, sin embargo, hasta el 2021 estuvo ocupado por pobladores que realizaban ganadería dentro del área. Por otro lado, diversos proyectos de restauración del bosque (organizados por ONGs como Fundación Vida Silvestre, Neotropical Primate Conservation Argentina) se encuentran actualmente en desarrollo reforestando con árboles nativos en áreas donde anteriormente fueron utilizadas para cultivo de tabaco y maíz, y ganadería. Al Norte y Sur del corredor, se encuentran granjas con ganadería de subsistencia y cultivo de yerba mate, maíz y tabaco.

Piñalito Norte (PN)

El sitio Piñalito Norte (Figura 2.5, 25°56'S 53°55'O) es un paraje ubicado entre dos ciudades (Andresito y San Antonio). La principal actividad de este paraje es la producción forestal (Cerno 2019). El área relevada en esta tesis fue de 190 hectáreas, las cuales pertenecen a la propiedad de un poblador local interesado en la conservación de la fauna silvestre (Tabla 2.1). La propiedad es la única en el área que cuenta con un fragmento de bosque con árboles que no han sido removidos para su aprovechamiento forestal. Sin embargo, el bosque es utilizado como potrero vacuno, por lo que la flora remanente es solamente de dosel medio-alto.

San Antonio (SA)

En San Antonio (Figura 2.5, 26°2'S 53°46'O), el área relevada consistió en un total de 2700 hectáreas las cuales corresponden al Campo Anexo Manuel Belgrano (administrado por el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria) de 2200 hectáreas y la Reserva Natural Estricta San Antonio de 500 hectáreas (administrado por la Administración de Parques Nacionales) (Barth et al. 2018; APN 2019). De las 2700 hectáreas, las correspondientes a la Reserva Natural son de conservación estricta, donde sólo puede accederse con permiso para investigación (APN 2019). Por otro lado, el área administrada por el INTA, 1500 hectáreas son de bosque nativo en conservación, 450 hectáreas son de plantación de *Araucaria angustifolia* y 174 hectáreas corresponden a diferentes plantaciones (pino, eucaliptus, entre otros) (Goya et al. 2012; Penco & Jaluff 2020).

En este sitio, la Ruta Nacional 101 separa el monte nativo. Al Norte del fragmento de bosque, el río San Antonio separa la frontera Argentina-Brasil. Tanto al Sur y Oeste (en Argentina) y al Norte (en Brasil) el fragmento de bosque se encuentra rodeado por grandes granjas de producción de maíz, yerba mate y pino. En el límite Este del fragmento se encuentra la ciudad San Antonio (Goya et al. 2012). Durante el fin de semana el sitio suele recibir ingresos de visitantes de San Antonio y los paradores locales. El monte nativo se caracteriza por la predominancia de *A. angustifolia* en el dosel alto, y helechos arborescentes en el bajo dosel (Penco & Jaluff 2020).

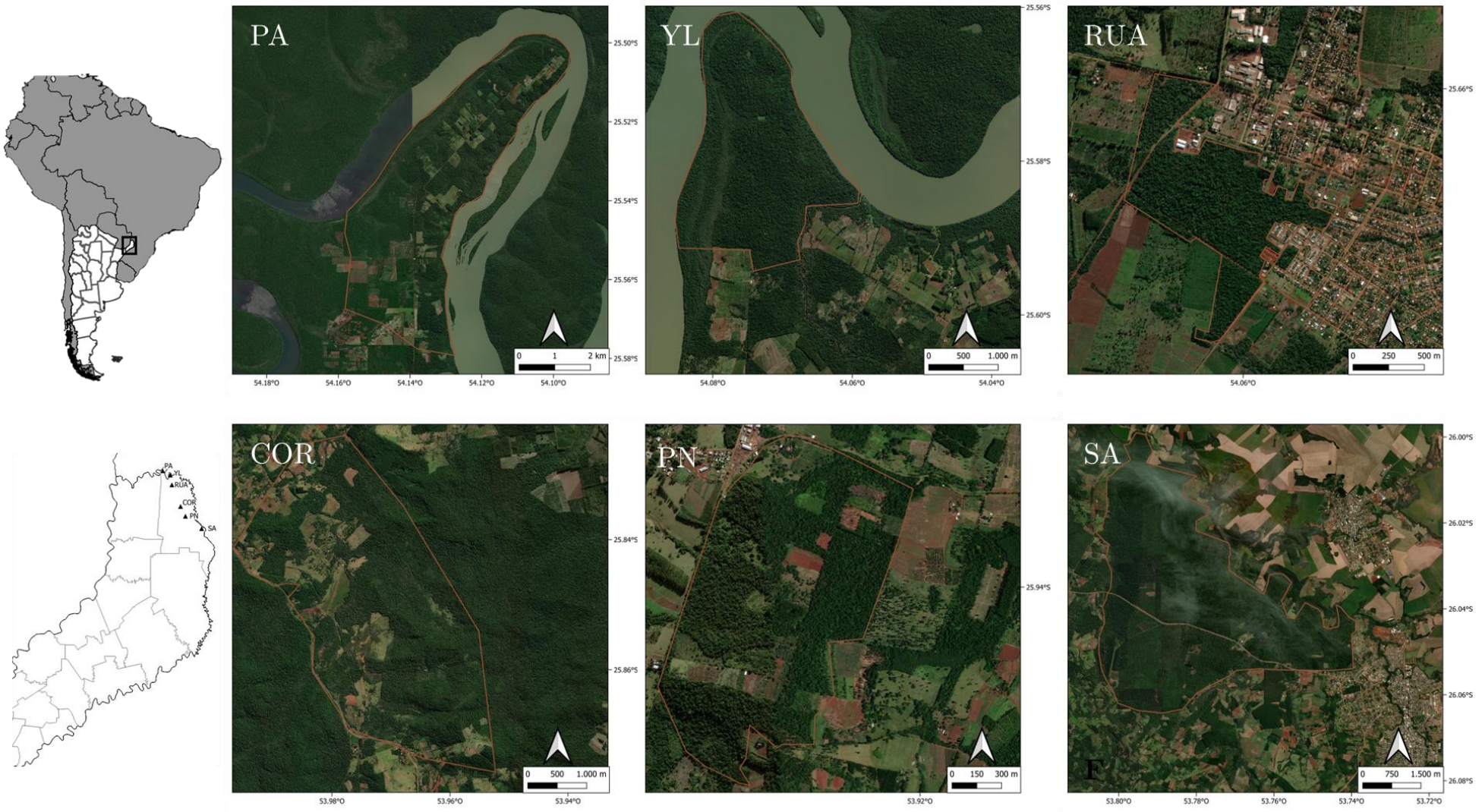


Figura 2.5. Sitios de estudio de norte a sur: PA. Península de Andresito; YL. Yacutinga Lodge; RUA. Reserva Urbana Andresito; COR. Corredor Biológico Urugua-í-Foerster; PN. Piñalito Norte; SA. San Antonio.

2.3 Colecta de muestras fecales de monos caí

La colecta de muestras se realizó en dos etapas: La etapa I (previa a la pandemia producida por el coronavirus SARS-CoV-2) se realizó a partir de mayo de 2019 hasta marzo del 2020. Esta etapa consistió en realizar el seguimiento de grupos de monos caí en dos sitios de estudio (YL y COR) durante 15 días una vez al mes. Los trabajos de campo fueron suspendidos a partir del 20 de marzo del 2020 por el establecimiento del Aislamiento Obligatorio y Preventivo por la pandemia del coronavirus SARS-COVID19. Por otro lado, durante la etapa II se reanudó el trabajo de campo en enero del 2021 con un permiso especial del Gobierno de la provincia de Misiones para desarrollar tareas de investigación durante el aislamiento y distanciamiento social preventivo y obligatorio (ASPO/DISPO) por COVID-19. Se siguieron protocolos y recomendaciones de bioseguridad para la reanudación de trabajo de campo que se describen en la metodología de la Etapa II. Todas las muestras fueron colectadas con permisos otorgados por el Ministerio de Ecología y Recursos Renovables de la provincia de Misiones (Resoluciones: 008/19, 020/19, 002/20, 003/21) la Administración de Parques Nacionales y el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. En total, entre las dos etapas de colecta de muestras, se realizaron 352 días de trabajo de campo distribuidos en los seis sitios de muestreo (Tabla 2.1).

Etapa I (2019-2020)

Durante este período, se colectaron muestras de materia fecal de individuos de dos grupos de *S. n. cucullatus* entre mayo 2019 y marzo 2020 en los sitios: Corredor Biológico Urugua-í-Foerster (COR) y Yacutinga Lodge (YL). En estos sitios, los grupos de monos no habían sido estudiados previamente, por lo que se tuvo que realizar un período de acostumbramiento para poder realizar los muestreos. El acostumbramiento o habituación consistió en buscar a los grupos y seguirlos durante el máximo tiempo posible evitando movimientos bruscos, manteniendo distancia y evitando realizar ruidos fuertes por parte de los observadores (Williamson & Feistner 2011). Este proceso llamado habituación a la presencia humana, es común en los estudios primatológicos (Hernández Tienda et al. 2022) y se realizó para mejorar la probabilidad de colecta de materia fecal y obtener información de la composición de

los grupos de monos caí. Durante este proceso, se colectaron muestras de materia fecal de manera oportunista.

Las colectas de muestras tuvieron una duración de 5 días consecutivos en YL y entre 7 a 10 días consecutivos en COR, con una frecuencia mensual durante 8 meses. La diferencia en la cantidad de días entre sitios es debida a la dificultad en hallar los grupos de monos en el sitio COR con respecto a los grupos en el sitio YL. Durante estas campañas, se realizó la búsqueda de los grupos de monos y su seguimiento la mayor cantidad de horas luz posible con un equipo de cuatro observadores (Figura 2.6-A), para registrar sus movimientos diarios, dormideros (áreas donde los individuos pasan la noche) y áreas de acción parciales. Además, se registró el número de individuos por grupo.

Para cada materia fecal colectada, se registró: Fecha, hora y posición geográfica de colecta, características de las heces (color, consistencia, presencia de mucosidad, presencia de ectoparásitos o restos vegetales identificados, presencia de parásitos macroscópicos) y, sexo y categoría etaria (adulto/juvenil) siempre que fuese posible identificar la procedencia de la materia fecal. La materia fecal fue almacenada en formaldehido 10%.

El 20 de marzo del 2020, la campaña de muestreo tuvo que ser interrumpida por el establecimiento del Aislamiento Obligatorio y Preventivo por la pandemia del coronavirus SARS-COVID19. En agosto del 2020, con un equipo de sólo dos personas, con aislamiento previo e hisopados COVID negativo y los permisos tanto de la provincia de Misiones como de CONICET, se realizó una visita al sitio COR para evaluar el estado de los grupos luego de varios meses sin seguimiento. Durante esta campaña, se observó que los individuos presentaban comportamientos esquivos similares a las primeras campañas durante el 2019. Por ello, se decidió realizar modificaciones en la metodología de campo para optimizar la subsiguiente toma de muestras y datos cuando las actividades pudiesen ser retomadas.

Etapa II (2021)

La colecta de muestras se retomó en enero del 2021, siguiendo protocolos y recomendaciones de bioseguridad dispuestos por la Sociedad Argentina de Estudios en Mamíferos (https://www.sarem.org.ar/acerca-de-la-covid-19/), la Sociedad Latinoamericana de Primatología (Comunicado sobre primates, COVID-19 y SARS-CoV-2: https://slaprim.org/avisos/) y la Sociedad Americana de Primatología (Garber et al. 2020). Estos protocolos consistieron en realizar un hisopado COVID negativo previo al ingreso de áreas naturales, utilizar máscara facial todo el tiempo, no ingresar a áreas naturales si alguno de los integrantes del equipo de trabajo presentaba algún síntoma de COVID o de enfermedades de transmisión aeróbica, asimismo como cancelar las campañas si había un caso sospechoso de contacto estrecho y mantener distancia con los grupos de monos.

Durante esta etapa se incorporaron al proyecto cuatro sitios de estudio para evaluar el efecto de la antropización en distintos escenarios: Península de Andresito (PA), San Antonio (SA), Piñalito Norte (PN) y la Reserva Urbana Andresito (RUA). Debido a la distancia entre sitios y la discontinuidad de las áreas boscosas, se consideró que los sitios son independientes entre sí. Se colectaron muestras de materia fecal de individuos de *S. n. cucullatus* de todos los grupos dentro de cada sitio de estudio utilizado un perro detector identificado como "*April*" de raza "*Border collie*" pertenecientes al Proyecto Zorro Pitoco (De Matteo et al. 2009, 2014) que fue entrenado para detectar heces de *S. n. cucullatus* (Figura 2.6-B). El uso de un perro de detección facilitó la búsqueda tanto de los grupos de monos como de la materia fecal para su colecta. El uso de perros de detección es más efectivo que las metodologías tradicionales. Se estima que los perros son capaces de incrementar el número de muestras halladas entre 5 a 15 veces más de lo que hallaría el investigador por su cuenta (Long et al. 2007; De Matteo et al. 2009).

En cada uno de los sitios, se realizaron caminatas diarias de alrededor de 8 horas, 4 horas por la mañana y 4 horas por la tarde, para localizar la materia fecal y evitar el agotamiento del perro. April tenía la capacidad de detectar materia fecal tanto fresca como vieja. Debido a que se disponía de muy poca información acerca de los grupos de monos en cada uno de los nuevos sitios de muestreo, la capacidad de detectar materia fecal vieja permitió hallar los diferentes grupos de mono con mayor facilidad comparado a la etapa I. Debido a la diferencia de tamaño de las áreas a

relevar entre los sitios (por ejemplo, RUA se relevaron 154 has mientras que en SA se relevaron 2660 has) el tiempo dedicado a cada sitio, para recorrer la totalidad del área, fue diferente y dependió de la capacidad de hallazgo de los grupos de monos y la colecta de muestras. Para determinar cuándo finalizar la campaña en cada uno de los sitios, se decidió asegurarse identificar todos los grupos de monos en cada sitio, y tener como mínimo el mismo número de muestras que el número de individuos de ese grupo.

Una vez encontrados los grupos de monos, se registró el número de individuos, y las áreas de desplazamiento de cada grupo durante mínimo una semana. De esta manera, se diferenciaron los grupos de monos para cada sitio. Sólo se colectó materia fecal cuando los monos estaban siendo observados y la materia fecal era fresca. Sin embargo, la identificación individual de los individuos no fue siempre posible. Al igual que en la etapa I, para cada materia fecal colectada, se registró la ubicación geográfica, grupo de pertenencia, fecha y hora, características de las heces (color, consistencia, presencia de mucosidad o sangre, presencia de ectoparásitos o restos vegetales identificados, presencia de parásitos macroscópicos). El número de muestras colectadas por sitios dependió del éxito de encuentro de éstas, del número de grupos de monos por sitio y el número de individuos por grupo. Se repitió la colecta de muestras fecales por grupo en cada uno de los sitios al menos dos veces en diferentes épocas del año, con excepción del sitio PN y RUA, que las muestras fueron todas recolectadas en una misma estación (Tabla 2.1). Una parte de la materia fecal fue almacenada en ARN*later*® (conservante para ADN y ARN), y posteriormente congelada a -20°C y el resto se almacenó en formaldehido 10%.

En los sitios YL y COR, durante esta etapa se colectó materia fecal de los grupos que eran seguidos en la Etapa I, de manera estacional. De esta manera, para estos dos sitios se obtuvieron muestras repetidas de los grupos de monos en dos años diferentes y en las cuatro estaciones de ambos años.



Figura 2.6. Trabajo de campo. A- Búsqueda y registro de datos de los grupos de monos. B. Colecta de materia fecal con perro de detección. C- Visitas a pobladores locales. D- Colecta de muestras de animales domésticos.

Tabla 2.1. Características de los sitios de muestreo y esfuerzo de muestreo de monos caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) en los seis sitios de muestreo: PA. Península de Andresito; YL. Yacutinga Lodge; RUA. Reserva Urbana Andresito; COR. Corredor Biológico Urugua-í-Foerster; PN. Piñalito Norte; SA. San Antonio. *El cronograma de muestreo para la Etapa I, se encuentran en la figura 4.1.

	PA	**YL**	**RUA**	**COR**	**PN**	**SA**
Tamaño (ha)	2314.44	1054.21	154.61	1314.17	190.54	2665.24
Tipo de bosque	Bosque nativo y cultivo de palmito (*E. edulis*)	Bosque nativo	Remanente de bosque nativo	Bosque nativo primario y regiones de bosque secundario	Bosque con remoción de regeneración	Bosque nativo y plantaciones de Araucaria con interés forestal
Cobertura boscosa (%)	70.32	71.00	60.42	64.37	65.81	71.05
Uso del suelo y actividades antrópicas	Agricultura, Ganadería, Proyectos de conservación, Aprovechamiento sustentable de frutos nativos	Ecoturismo, Agricultura, Comunidades originarias	Urbanización	Ecoturismo, Agricultura, Ganadería, Proyectos de conservación y restauración de bosques	Ganadería	Agricultura, Ganadería, Forestal de nativas, Conservación, Proyectos de investigación, Urbanización
Número de grupos de monos caí muestreados	5	2	1	2	1	5
Días totales de muestreo	49	63	15	154	15	56
Etapas de muestreo	Etapa II	Etapa I y II	Etapa II	Etapa I y II	Etapa II	Etapa II
Meses muestreados durante Etapa II *	Abril, Agosto, Octubre	Enero, Abril, Julio, Octubre	Noviembre	Enero, Abril, Julio, Octubre	Noviembre-Diciembre	Febrero-Marzo Mayo-Junio

2.4 Visitas a pobladores locales: Entrevistas y colecta de muestras de animales domésticos

La toma de muestras de animales domésticos (perros domésticos y ganado vacuno, Figura 2.7) se realizó a partir de visitas a los pobladores locales, los cuales tuviesen su vivienda situada en los alrededores de las áreas relevadas para la colecta de materia fecal de monos. Para ello, a partir de imágenes satelitales de *Google Earth* se identificaron posibles estructuras con techos, se decidió cuáles podrían estar en contacto con los grupos de *S. n. cucullatus* relevados y se realizó un reconocimiento en terreno para corroborar que los puntos fuesen viviendas o galpones. Para la selección de casas, se midió la distancia desde los posibles techos hasta el área boscosa más cercana fuese menor a un kilómetro. Una vez identificadas las viviendas, se procedió a visitar a los pobladores.

En las visitas, se explicó el objetivo del trabajo de investigación y se solicitó la autorización por medio de un consentimiento previo, libre e informado (Anexo II) para participar del proyecto por medio de una entrevista semiestructurada y con la colecta de materia fecal de sus animales domésticos. Los pobladores tuvieron la posibilidad de rechazar o aceptar por separado tanto la colecta de muestras, como el participar de la entrevista.



Figura 2.7. Animales domésticos. A: Perro doméstico (*Canis lupus familiaris*), B:ganado vacuno (*Bos taurus*). Fotos: Gimena Illia.

En las entrevistas, se registró qué animales domésticos presentaban, si observaban a los monos caí u otra especie de animal silvestre, y la frecuencia con la que observaban u oían a los caí cerca de su vivienda (Figura 2.6-C). En caso de tener perros, se registraron datos demográficos de los animales, como cantidad de perros presentes por vivienda, alimentación, edad, plan sanitario (vacunación y desparasitaciones), utilización de estos (mascota, caza, protección), si se aplica alguna restricción o control del movimiento del animal y si sus perros habían sido observados alguna vez interaccionando con los monos (ladridos, persecución, caza, etc.). Se consultó por la presencia de ganado vacuno y se registró el número de animales, plan sanitario y destino del ganado (Ver formato de preguntas en Anexo II). Además, se les consultó si los entrevistados o alguno de los miembros de la vivienda ingresaban en el bosque nativo y la razón de esos ingresos (por ejemplo, actividades recreativas, recolección de frutos de árboles nativos, caza, extracción maderera), y si trabajaban en sus tierras para actividades como cultivo, ganadería, forestación.

Para la toma de materia fecal de animales domésticos, se solicitó permiso para recorrer el área en búsqueda de materia fecal de perros y el ingreso a los potreros para recolectar materia fecal del ganado. Sólo se colectó la materia fecal cuando era fresca (Figura 2.6-D). Una parte de la materia fecal fue almacenada en ARN*later*® y posteriormente congelada a -20°C y el resto se almacenó en formaldehido 10%.

2.5 Análisis coproparasitológico de las muestras

Para describir la comunidad de parásitos gastrointestinales de las tres especies hospedadoras de estudio (*S. n. cucullatus*, perro doméstico y ganado vacuno) se utilizaron las muestras almacenadas en formaldehido 10%. Se implementaron las técnicas cualitativas de concentración por flotación con solución sobresaturada de sacarosa Sheather (500 gramos de azúcar comercial en 1000 ml de agua o hasta llegar a una concentración de 1250-1270 ρ) (Becerril Flores & Romero Cabello 2004) (Figura 2.8) y sedimentación. La técnica de Sheather, se basa en la flotación de huevos y quistes que se encuentran presentes en la materia fecal utilizando una solución más densa que ellos. Para ello, se tomó una alícuota de materia fecal y se homogeneizó en un mortero con la solución de Sheather. Para remover de la materia fecal las partículas de mayor tamaño (tales como semillas, restos vegetales, etc.), se procedió a filtrar la mezcla de materia fecal con solución Sheather utilizando un

colador con gasa. El filtrado se recogió en un tubo centrífuga de 15 ml, y luego se adicionó solución azucarada hasta completar los 15 ml del tubo. Luego, se procedió a centrifugar la muestra por 3 minutos a 2000 rpm. Una vez finalizada la centrifugación, se tomó del menisco una alícuota de la solución con un asa comercial o asa bacteriológica y se colocó la gota sobre un portaobjeto, este procedimiento se repitió varias veces en diferentes zonas del menisco, para asegurar la colecta de la mayoría de los huevos y quistes flotando. Se colocó un cubreobjeto y se examinó por duplicado cada muestra a través de un microscopio óptico (100x y 400x).

Debido a que los huevos de mayor tamaño pueden tener densidades mayores a la solución Sheather, se utilizó el sedimento de la centrifugación para buscar huevos de mayores tamaños. Para ello, luego de la centrifugación de la materia fecal con solución Sheather, se eliminó el sobrenadante y con una pipeta Pasteur se tomó una gota del sedimento y se observó en un portaobjeto a través de un microscopio óptico LEICA DM500 ICC50W (100x y 400x).



Figura 2.8. Análisis de muestras por medio de técnicas coproparasitológicas de flotación y sedimentación tradicionales y observación con microscopía óptica.

Para las muestras de materia fecal de ganado vacuno, por la cantidad de material vegetal en las heces las técnicas coproparasitológicas realizadas fueron el Método de Teuscher modificado (Teuscher 1965) para la flotación y el método Telemann modificado para la sedimentación (Thienpont et al. 1986).

El método Teuscher consiste en colocar 5 gr de materia fecal en un mortero, macerar con 200 ml de agua y filtrar con 50 ml más de agua en un colador con casa. El filtrado se recogió en un vaso de 100 ml de capacidad y se dejó reposar por 20 minutos. Pasado el tiempo, el sedimento se pasó a un tubo Falcon de 15 ml y se deja reposar toda la noche. Luego, se descartó el sobrenadante, se adicionó 10ml de Sulfato de Magnesio (Mg_2SO_4). Posteriormente, se procedió a centrifugar la muestra por 5 minutos a 2000 rpm. Una vez finalizada la centrifugación, se tomó del menisco una alícuota de la solución con un asa comercial o asa bacteriológica y se colocó la gota sobre un portaobjeto. Se colocó un cubreobjeto y se examinó por duplicado cada muestra a través de un microscopio óptico (100x y 400x).

Por otro lado, para la sedimentación por el método de Telemann se tomaron 5gr de materia fecal y se homogeneizó en un mortero con formaldehído 5%. La mezcla se filtró utilizando un colador con gasa y el filtrado se recogió en un tubo centrifuga de 15 ml. En el tubo, se adicionó 2 ml de éter etílico, mezclando con la muestra. Luego, se procedió a centrifugar la muestra por 5 minutos a 2000 rpm. Como resultado de la centrifugación, se obtuvieron cuatro capas: en la superficie se obtiene el éter etílico con restos grandes de materia orgánica, luego un tapón de restos de materia fecal, luego el formol y por último el sedimento. Para poder observar la muestra, se eliminó todo el sobrenadante de las 3 capas superiores y con una pipeta Pasteur se tomó una gota del sedimento y se observó en un portaobjeto a través de un microscopio óptico (100x y 400x).

Los huevos, quistes y larvas hallados en los tres hospedadores se fotografiaron, midieron utilizando el software Leica Application Suite 2016, y se registraron las características de valor taxonómico. La identificación taxonómica se realizó utilizando las claves, descripciones y checklists de Agostini et al. (2018), Thienpont et al. (1986), Rondón et al. (2021), Solórzano-García y Pérez-Ponce (2018), Vicente et al. (1997) y Zajac et al. (2021).

Los análisis de laboratorio para la identificación con técnicas moleculares de las muestras almacenadas en ARNlater se describen en el Capítulo 5.

Capítulo 3. Parásitos gastrointestinales en monos caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) y animales domésticos en la interfaz doméstico-silvestre

3.1 Introducción

El estudio de las comunidades parasitarias, en conjunto con sus hospedadores, proporciona información esencial para entender procesos en biología evolutiva, ecología y biogeografía (Poulin 2011). La capacidad de una especie parásita para que infecte a un hospedador depende de la posibilidad de encuentro del parásito con el hospedador y la capacidad de supervivencia del parásito en el ambiente en el cual se encuentran (Esch & Fernandez 2013). El proceso de transmisión de parásitos es complejo y puede ocurrir a través de tres mecanismos principales: (1) contacto directo con el parásito (por ejemplo, mediante inhalación, exposición a alimentos o bebidas contaminados, contacto con suelo contaminado, así como la penetración activa del tegumento, entre otros), (2) por la cadena trófica a través de la ingestión de presas parasitadas, o (3) a través de la transmisión vectorial (Breban et al. 2010; Waters et al. 2023).

Los estudios parasitológicos en primates platirrinos se encuentran limitados en algunas especies o regiones debido a la dificultad en la colecta de muestras o el difícil acceso a determinadas regiones geográficas (Solórzano-García & Pérez-Ponce de León 2018). En el caso de los monos capuchinos (*Cebus* y *Sapajus*) la mayoría de los estudios parasitológicos se basan en registros puntuales de parásitos, sin embargo, se han hallado numerosos taxones parasitarios de virus, bacterias, protozoos, nematodes y cestodes (Anexo I y Capítulo 1 Sección 1.5). Se han identificado patógenos de relevancia para la salud pública, como el virus de la encefalitis equina, el virus de la rabia, orthopoxvirus, entre otros, que pueden suponer un riesgo tanto para la salud pública como para la conservación de las especies de los capuchinos (Machado et al. 2012; Kobayashi et al. 2013; Svoboda et al. 2014; Girio et al. 2021; Sanchez-Fernandez et al. 2022). Como se mencionó anteriormente, los estudios encontrados hasta la fecha en *Sapajus nigritus cucullatus* provienen en Argentina únicamente de una población del área protegida Parque Nacional Iguazú (Agostini et al. 2017, 2018, 2023; Vanderhoeven et al. 2017; Tiddi et al. 2019; Lamattina et al. 2024). En Brasil

la mayoría de los estudios provienen de individuos en cautiverio o en áreas protegidas de los Estados de Mato Grosso, São Pablo, Santa Catalina y Rio de Janeiro (Machado et al. 2012; Silva et al. 2013; Svoboda et al. 2014; Pereira et al. 2020; Girio et al. 2021; da Silva et al. 2023). En particular, el trabajo realizado por Pereira et al. (2020) describe la presencia de taxones parasitarios a partir de primates hallados muertos en fragmentos de bosques y áreas urbanizadas del Estado de Rio de Janeiro, Brasil. En este trabajo, a partir de 19 individuos muertos de *S. nigritus* encontraron los taxones parasitarios: *Prostenorchis* sp., *Playnosomum* sp., *Physaloptera* sp., y un Cestode indeterminado. Si bien, el reporte de Pereira et al. (2020) se trata de la descripción de los parásitos en la especie a partir de colectas ocasionales de individuos muertos, se destaca debido a ser el único trabajo parasitológico encontrado hasta el momento en áreas fragmentadas y no protegidas.

Diversas actividades humanas (ver Capítulo 1, Sección 1.2), como los mercados vivos, el mascotismo, el consumo de carne de animales silvestres, el ecoturismo mal gestionado y la deforestación, generan contactos entre humanos y animales silvestres, favoreciendo el intercambio de agentes patógenos (Chapman et al. 2005; Magouras et al. 2020). Esta interacción expone a humanos y animales domésticos a ciclos de enfermedades silvestres y al riesgo de infección por agentes patógenos potenciales. La probabilidad de que ocurra transmisión interespecífica de parásitos, depende de diversos factores como la distribución y densidad de hospedadores y parásitos, así como de las respuestas fisiológicas e inmunitarias, y la capacidad de replicación y transmisión del parásito (Plowright et al. 2017; Waters et al. 2023).

La superposición de ambientes en áreas de interfaz doméstico-silvestre crea una oportunidad para la transmisión de parásitos entre distintas especies, incluyendo fauna silvestre, humanos y animales domésticos (Lloyd-Smith et al. 2009; Natalini et al. 2020). El incremento de ingresos de personas y animales domésticos en áreas silvestres, junto con la consecuente interacción y exposición a patógenos en el ambiente, puede tener importantes consecuencias epidemiológicas, especialmente para las enfermedades infecciosas emergentes, la transmisión cruzada entre especies y la evolución de los agentes patógenos (Cleaveland et al. 2001; Jones et al. 2008; Cole & Viney 2018; Obanda et al. 2019).

En este contexto, la aparición de enfermedades zoonóticas en las áreas de interfaz doméstico-silvestre está asociada con cambios como la fragmentación del hábitat, reducción de la biodiversidad y aumento de la densidad humana en ecosistemas naturales (Jones et al. 2013). Un estudio encontró que el 26% de los patógenos humanos también pueden infectar tanto a animales domésticos como

silvestres (Cleaveland et al. 2001). Como se mencionó previamente, los animales domésticos participan de la interfaz entre la fauna silvestre y las personas y, por lo tanto, tienen un rol importante en los eventos de *spillover* (Kreuder Johnson et al. 2015). El perro doméstico, *Canis lupus familiaris*, es una especie ubicua (Young et al. 2011) con casi mil millones de perros en todo el mundo. Se estima que más de la mitad de éstos son perros rurales, es decir, perros en libertad que viven en granjas y pequeños asentamientos humanos (Curi et al. 2016). Estos perros suelen recibir alimento y refugio de los humanos, pero con frecuencia ingresan a áreas naturales donde interactúan con la fauna silvestre, produciendo impactos negativos en la fauna silvestre (Gompper 2014) como depredación y hostigamiento sobre poblaciones de distintas especies silvestres. En Brasil se han reportado casos de depredación de monos caí por perros domésticos cuando bajan al suelo para desplazarse entre fragmentos o consumir alimentos de cultivos (Galetti & Sazima 2006; Oliveira et al. 2008). Así, el riesgo de *spillover* entre perros y monos caí aumenta y los perros podrían facilitar la transmisión de parásitos entre humanos y animales silvestres (Knobel et al. 2014; Natalini et al. 2020; Waters et al. 2023).

La intensificación de la producción ganadera también facilita la transmisión de enfermedades al aumentar el número y la densidad de la población (Graham et al. 2008; Jones et al. 2013). En este tipo de producción ganadera, se requiere una mayor frecuencia de movimiento de personas y vehículos que entran y salen de las granjas, aumentando aún más el riesgo de transmisión de patógenos (Leibler et al. 2010; Jones et al. 2013). La ganadería puede promover la transmisión de enfermedades a través de vías ambientales por el volumen de desechos que genera (Graham et al. 2008). Estos desechos pueden contener patógenos que tienen la capacidad de sobrevivir en el ambiente (tierra o agua) por varios meses si no se tratan adecuadamente, como la bacteria *Campylobacter* sp. (Jones et al. 2013). De esta manera, la fauna silvestre podría entrar en contacto, ya sea por tierra o agua contaminada, con patógenos provenientes de la producción ganadera. Por otro lado, existe un tipo de producción a pequeña escala llamada ganadería de subsistencia (también llamada agricultura familiar o en inglés, "Backyard farming"). Este tipo de producción se caracteriza por ser un sistema de bajos insumos y baja producción, y prevalece principalmente en países en desarrollo (Espinosa et al. 2020; FAO 2024). En este tipo de producción, los riesgos de brotes son menores que en la ganadería intensiva, sin embargo, el ganado suele tener mayor contacto con otros animales domésticos y silvestres (Otte et al. 2007; La Sala et al. 2019; Espinosa et al. 2020). Además, el monitoreo sanitario o el uso de medicamentos preventivos como vacunas y antiparasitarios es menos frecuente que en una producción a mayor escala,

produciendo que las tasas de detección de enfermedades sean más bajas y mayor probabilidad de infección (Whitehead & Roberts 2014; Espinosa et al. 2020).

Diversos trabajos han demostrado los ciclos de transmisión de parásitos entre primates no humanos, humanos y animales domésticos (Altizer et al. 2003; Chapman et al. 2005; Gillespie et al. 2005a; b; Estrada et al. 2012). En África, se ha observado la transmisión de los protozoos *Cryptosporidium parvum* y *Giardia duodenalis* entre el ganado vacuno y gorilas de las montañas en los alrededores al Parque Nacional Impenetrable Bwindi (Uganda) (Nizeyi et al. 2002). Resultados similares, ocurren en el Parque Nacional Kibale (Uganda), en el cual se observa que los géneros *Ascaris* y *Giardia* tienen alta prevalencia en las poblaciones humanas y en poblaciones de Colobo rojo del Río Tana (*Piliocolobus rufomitratus*) que están en fragmentos de bosque en contacto con humanos, y en menor prevalencia en aquellas poblaciones que se encuentran en bosques continuos (Gillespie et al. 2005b). Por otro lado, se ha observado que gorilas (*Gorilla beringei)* y chimpancés (*Pan troglodytes)*, que viven en ambientes fragmentados y comparten el ambiente con agroecosistemas, se infectan de parásitos de los seres humanos y su ganado (Butynski 2001; Woodford et al. 2002; Palacios et al. 2011; Estrada et al. 2012). Asimismo, en los grupos de monos de Colobo Rojo (*Pilicolobus tephrosceles*) y el Colobo Oriental negro y blanco (*Colobus guereza*) que habitan en los bordes de bosques del Parque Nacional Kibale, presentaron mayores prevalencias e infecciones múltiples de parásitos gastrointestinales en los grupos que habitan en los límites de los fragmentos de bosques, comparado a aquellos que habitan en las áreas centrales (Chapman et al. 2006b). En particular, *P. tephrosceles* fueron positivos para *Giardia duodenalis* de los genotipos BIV y E, los cuales se caracterizan por infectar humanos y al ganado (Johnston et al. 2010). Un patrón similar se ha observado en Madagascar, al analizar la presencia de parásitos gastrointestinales en lémures silvestres y en cautiverio, y en carnívoros domésticos (gatos y perros), se encontraron los mismos taxones parasitarios entre los diferentes hospedadores (Alexander et al. 2016). Además, las poblaciones silvestres de lémures habitan cerca de áreas con actividad humana y presencia de animales domésticos tienen mayor prevalencia de parásitos, en comparación con aquellos que viven en áreas protegidas. En América, en monos capuchinos *Cebus apella,* provenientes del mascotismo, se han hallado los parásitos *Strongyloides stercolaris, Ancylostoma* sp., *Toxocara leonine* y *Blastocystis hominis*, los cuales pudieron haber sido infectados por contacto con heces de humanos o animales domésticos (Ceballos-Mago et al. 2010). Los monos aulladores de la especie *Alouatta palliata,* que habitan en áreas de plantaciones de cacao de México, han presentado alta prevalencia de coccidios que se encuentran comúnmente en aves de

corral y ganado (Estrada et al. 2012) y en particular en Argentina, un estudio realizado con monos aulladores negros y dorados (*Alouatta caraya*) en áreas rurales de la provincia de Corrientes detectó la presencia de varios ensambles diferentes de *G. duodenalis* tanto en los aulladores, pobladores locales, perros y ganado vacuno. Los resultados de este trabajo sugieren la posible transmisión interespecífica de *G. duodenalis* en áreas de interfaz doméstico-silvestre (Kuthyar et al. 2022).

De esta manera, conocer los parásitos que presenta la fauna silvestre y comprender la dinámica de los parásitos en áreas de interfaz resulta imprescindible para la conservación de las especies silvestres, la salud humana y de los animales domésticos. En este capítulo se analiza la frecuencia y riqueza de parásitos gastrointestinales en monos caí y animales domésticos (perros y ganado vacuno) que habitan en áreas de interfaz doméstico-silvestre para explorar la potencial transmisión interespecífica de parásitos. Además, se describen las prácticas que realizan los pobladores locales y los planes sanitarios que utilizan con sus animales domésticos.

3.2 Objetivos específicos

- Caracterizar la comunidad parasitaria gastrointestinal de *Sapajus nigritus cucullatus* en áreas de interfaz doméstico-silvestre del noreste de la provincia de Misiones, Argentina.
- Explorar la potencial transmisión cruzada de parásitos gastrointestinales entre monos caí y animales domésticos en áreas de interfaz doméstico-silvestre.

3.3 Hipótesis y predicciones

Hipótesis 1. El solapamiento espacial entre los ambientes utilizados por *Sapajus nigritus cucullatus* y aquellos frecuentados por humanos y animales domésticos influye en su comunidad parasitaria.

Predicción 1. Los monos caí que habitan en áreas con mayor grado de solapamiento con ambientes antropizados compartirán taxones parasitarios con animales domésticos.

3.4 Métodos

Para cumplir con los objetivos propuestos, se utilizaron todas las muestras de materia fecal colectadas en los seis sitios de muestreo durante el 2019-2021 (Capítulo 2, Sección 2.4) y se realizaron visitas a los pobladores locales en los seis sitios de muestreo. En dichas visitas se realizó la entrevista semiestructurada con un consentimiento previo informado, se colectó materia fecal de perros y/o ganado vacuno y se solicitó permiso para ingresar en las áreas de bosque nativo que tuviesen sus propiedades. La información obtenida de las entrevistas fue registrada utilizando el software libre para dispositivos móviles Epicollect5 (Aanensen et al. 2009; Gohil et al. 2020). Una vez finalizado el trabajo de campo, se realizó el acondicionamiento de la base de datos, agrupando en categorías respuestas abiertas o simplificando las respuestas. Con cada pregunta se calculó la media para cada una de las respuestas. La metodología de toma de datos, colecta de muestras y análisis de laboratorio se detalla en el Capítulo 2 de esta tesis.

3.4.1 Análisis descriptivo

A partir de las muestras de materia fecal de las tres especies hospedadoras (*S. n. cucullatus*, *Canis lupus familiaris* y *Bos taurus*) y su posterior análisis en el laboratorio, se estimaron los siguientes parámetros:

- **Frecuencia parasitaria**: Muestras parasitadas/número de muestras analizadas x 100
- **Riqueza parasitaria**: Número de taxones parasitarios para cada muestra analizada.

Se calculó la frecuencia parasitaria para cada uno de los hospedadores analizados y la específica para cada uno de los taxones parasitarios encontrados.

Teniendo en cuenta, los taxones parasitarios hallados, se comparó la presencia de taxones compartidos en las comunidades componentes de cada hospedador.

3.4.2 Definición de áreas utilizadas por los grupos de monos

Utilizando el software libre QGIS 3.32 (QGIS Development Team 2024) de sistemas de información geográfica, se analizó la distribución de los grupos de monos en cada uno de los sitios de estudio con las entrevistas realizadas y las muestras colectadas de animales domésticos. Para definir el área utilizada por cada grupo se utilizó la información geográfica de cada una de las materias fecales colectadas durante el 2019-2021 en todos los sitios de muestreos, junto con los avistajes y seguimientos (Tracks) en las etapas previas a las colectas de muestras (Figura 3.1). Con toda la información geográfica, se realizó el método de Polígono Convexo Mínimo (*Minimum Convex Polygon*, en inglés) el cual crea una geometría de tamaño mínimo que agrupa todos los objetos asociados a un mismo grupo de monos (Burgman & Fox 2003).

3.4.3 Análisis de comunidades componentes entre hospedadores y sitios

Para explorar si existe relación entre la presencia de los taxones parasitarios con respecto a la especie hospedadora y al sitio de pertenencia de las muestras, se realizó el análisis multivariado de redundancia (RDA). En el RDA se utilizó una matriz de datos de presencia/ausencia con todos los taxones parasitarios hallados en las tres especies hospedadoras analizadas. Se evaluó la significancia del modelo, se calculó el valor de Inercia (calcula la varianza explicada por el modelo) y el R^2. Debido a que las variables explicativas (Sitio y Especie) son variables categóricas, el modelo calcula un centroide para cada una de las categorías de cada variable y no puede calcular el índice de inflación de la varianza para analizar la colinealidad de las variables explicativas. Se excluyeron los taxones parasitarios considerados como raros, definidos como aquellos que aparecieron en menos de cinco muestras del total analizado. Este criterio de exclusión fue establecido como un umbral de frecuencia mínima y se aplicó para mejorar la robustez y la interpretabilidad del análisis, dado que la presencia de taxones con muy baja frecuencia puede generar estimaciones sesgadas.

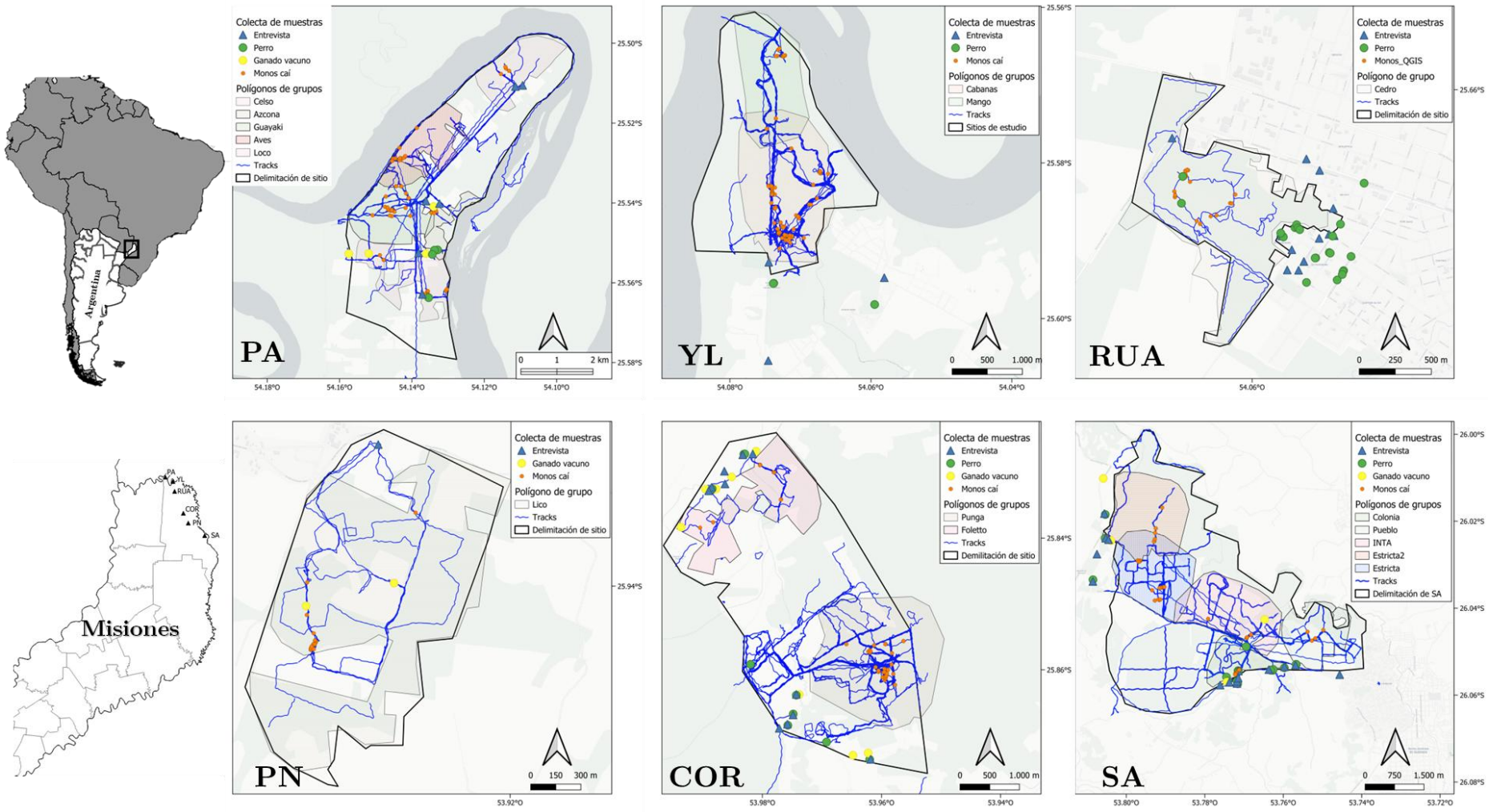


Figura 3.1. Mapa ilustrativo de los recorridos (tracks) de seguimiento y referencias geográficas de las muestras colectadas utilizados para la delimitación de los grupos en el sitio San Antonio. PA: Península de Andresito; YL: Yacutinga Lodge; RUA: Reserva Urbana Andresito; COR: Corredor Biológico Urugua-í-Foerster; PN: Piñalito Norte; SA: San Antonio.

3.5 Resultados

A partir del trabajo de campo realizado en los seis sitios de muestreo, se colectaron un total de 292 muestras de materia fecal de *Sapajus nigritus cucullatus* pertenecientes a 16 grupos (Tabla 3.1, Figura 3.2). El tamaño de los grupos de estudio y área ocupada estimada durante el período de estudio se describe en Anexo III. A diferencia de los demás, los grupos "Punga" (Sitio COR) y "Cabañas" (Sitio YL) fueron estudiados durante las Etapas I y II (Ver Capítulo 2), es por ello que el número muestral de dichos grupos es más alto comparado a los demás grupos de estudio.

Además, se realizaron 50 entrevistas semi estructuradas en los seis sitios de muestreo y se colectaron 71 muestras de materia fecal de perro doméstico y 29 de ganado vacuno (Tabla 3.1, Figura 3.2). La diferencia del número de entrevistas realizadas entre los sitios se debe a la cantidad de casas alrededor de los sitios y al consentimiento de las personas. En algunas casas, además, no había personas adultas presentes al momento de las visitas, por lo que no fueron muestreadas. En PN debido a que el sitio estaba caracterizado por ser un bosque fragmentado de un único propietario, sólo se realizó una entrevista y no se colectó materia fecal de perros ya que su propietario no poseía mascotas, y tampoco se observaron dentro del área durante el muestreo.

Tabla 3.1. Número de muestras colectadas por sitio para las tres especies hospedadoras analizadas: monos caí *(S. n. cucullatus)*, perros domésticos (*Canis lupus familiaris*) y ganado vacuno (*Bos taurus*). COR: Corredor biológico Uruguaí-Foerster, PA: Península de Andresito, PN: Piñalito Norte, SA: San Antonio, RUA: Reserva Urbana Andresito, YL: Yacutinga Lodge.

Sitios	**Mono Caí**			**Perro**	**Ganado vacuno**	**Entrevistas**
	Grupos	**Por grupo**	**Por sitio**			
COR	Punga	51	61	12	10	12
	Foletto	10				
PA	Aves	12	59	8	8	6
	Azcona	7				
	Celso	14				
	Loco	6				
	Guayaki	20				
PN	Lico	16	16	0	6	1
SA	Colonia	10	47	20	5	15
	Pueblo	4				
	INTA	8				
	Estricta	19				
	Estricta2	6				
RUA	Cedro	18	18	23	0	13
YL	Cabañas	80	91	8	0	3
	Mango	11				
TOTAL			**292**	**71**	**29**	**50**

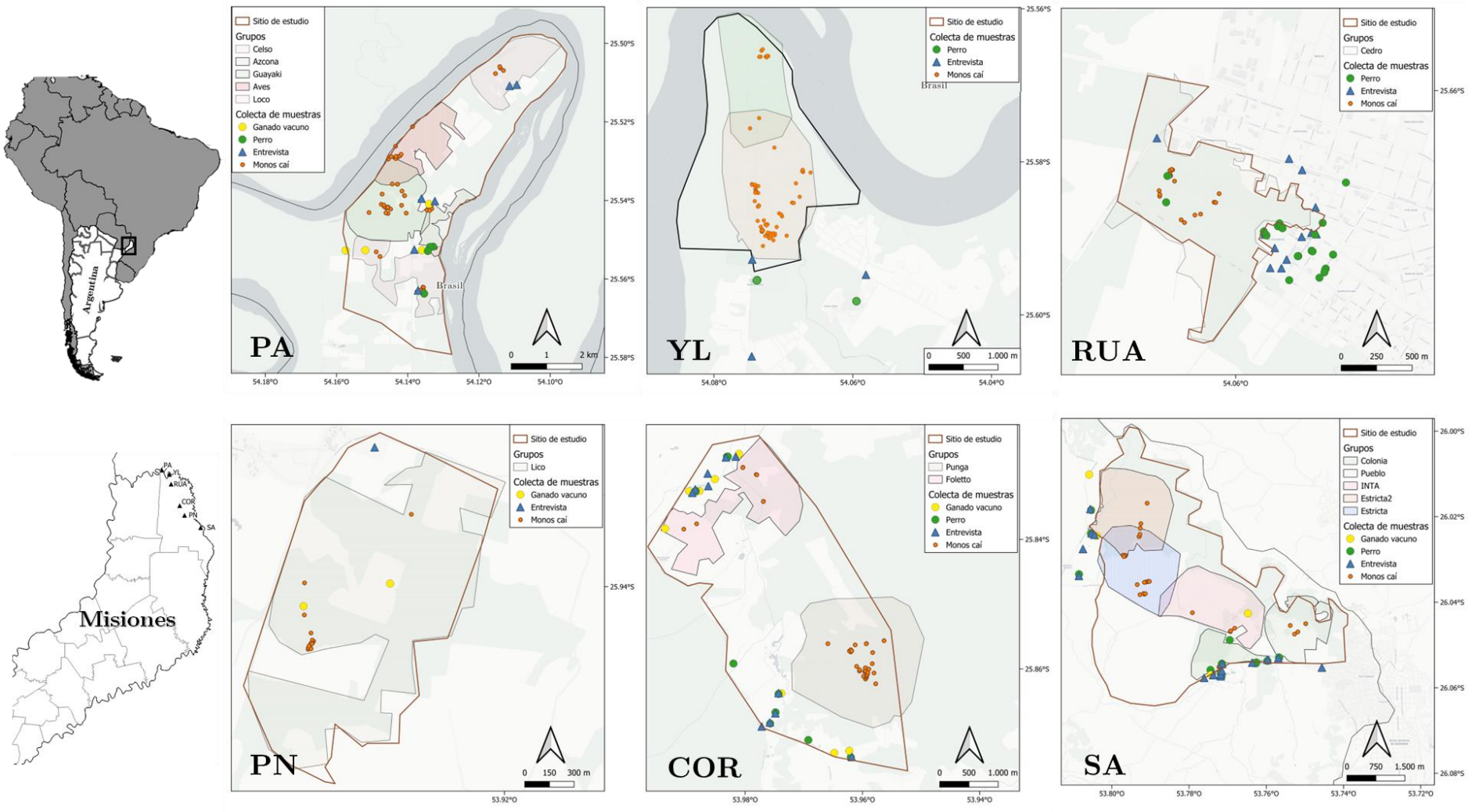


Figura 3.2. Ubicación geográfica de muestras de materia fecal de animales domésticos y monos caí, y entrevistas en los seis sitios de muestreo. PA: Península de Andresito; YL: Yacutinga Lodge; RUA: Reserva Urbana Uruguaí; PN: Piñalito Norte; COR: Corredor Biológico; y SA: San Antonio.

3.5.1 Descripción de las comunidades parasitológicas

A partir del análisis de muestras provenientes de monos caí, se detectaron formas parasitarias en el 52.7% (154/292) de las muestras. Se identificaron a 15 taxones diferentes pertenecientes a nematodes, cestodes, acantocéfalos y coccidios. Entre los huevos de helmintos se identificaron los nematodes: *Trichuris* sp. (Trichinellida, Trichuridae), *Capillaria* sp. (Trichinellida, Capillaridae), *Strongyloides* sp. (Rhabditida, Strongyloididae), *Molineus* sp. (Strongylida, Molineidae), Physalopteridae gen. et sp. indeterminado (Spirurida, Physalopteridae), Subuluridae gen. et sp. indeterminado (Ascaridida, Subuluridae), Ascarididae gen. et sp. indeterminado (Ascaridida, Ascarididae), Nematoda indeterminado; el acantocéfalo Acantocephala indeterminado y huevos del cestode Hymenolepididae gen. et sp. indeterminado (Cyclophyllidea, Hymenolepididae). Los quistes de protozoos se identificaron como pertenecientes a los géneros *Eimeria, Cystoisospora* (Apicomplexa, Eucoccidiorida), *Entamoeba* sp. (Apicomplexa, Eucoccidiorida) y *Buxtonella* (Trichostomatida, Pycnotrichidae). Por último, se identificaron larvas Rabditoides (Rhabditida, Strongyloididae) y *Filariopsis* sp. (Strongylida, Filaroididae) (Figura 3.3). A nivel infracomunidad (comunidad parasitaria en un individuo hospedador) la riqueza parasitaria fue entre 1 a 6 taxones. Los taxones con mayor frecuencia fueron Rabditoides (24%), *Strongyloides* sp. (16.4%), Hymenolepididae (15.7%), Coccidia (13%) y *Filariopsis* sp. (12.3%) (Tabla 3.2, Figura 3.4).

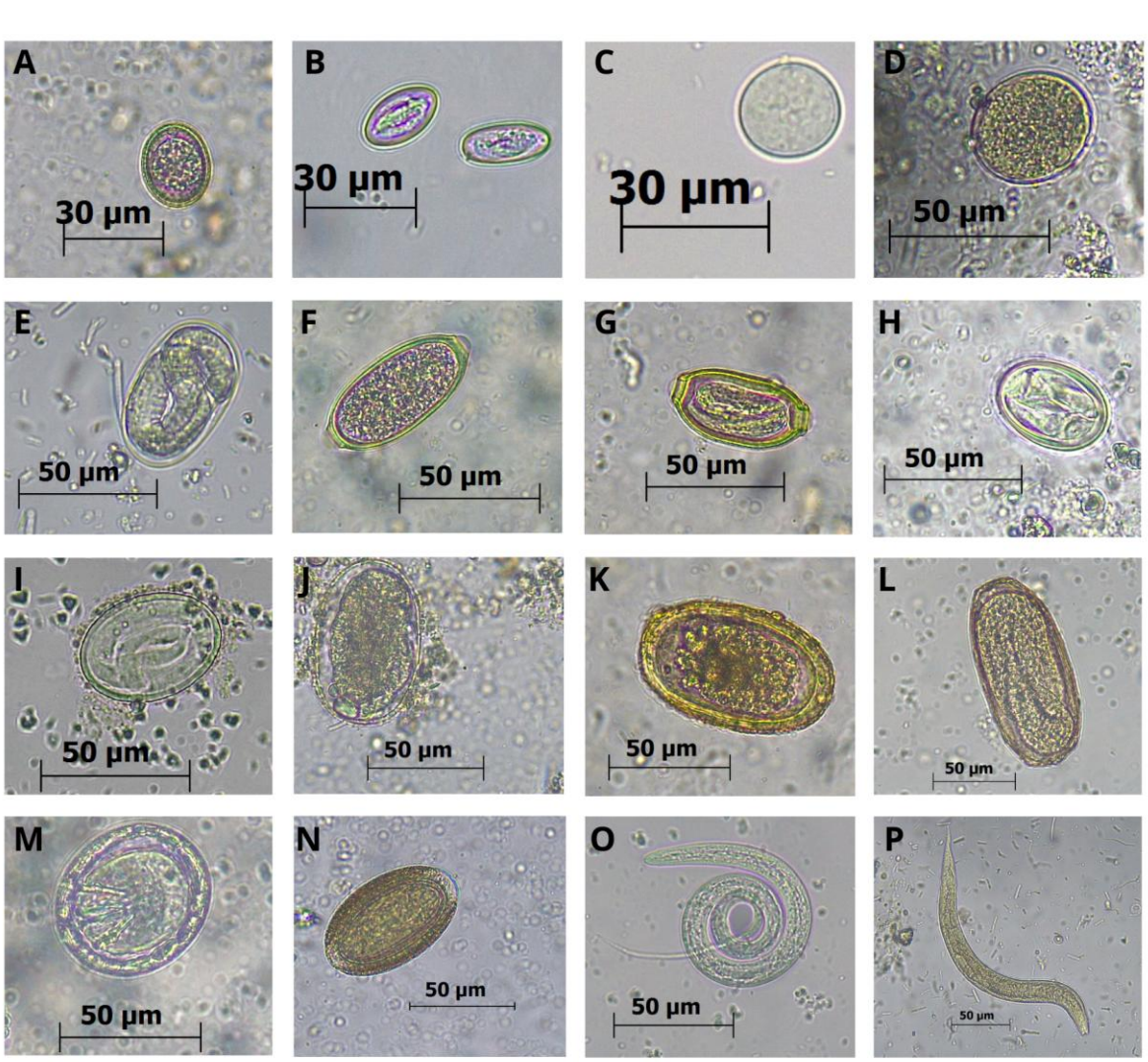


Figura 3.3. Parásitos detectados en materia fecal de los monos caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) en la provincia de Misiones, Argentina. A-B. Coccidia (*Eimeria* spp., *Cystoisospora* spp.), C. *Entamoeba* sp., D. *Buxtonella* sp., E. *Strongyloides* sp., F. *Trichuris* sp., G. *Capillaria* sp., H. Physalopteridae, I. Subuluridae, J. *Molineus* sp., K. Ascarididae, L. Nematoda indeterminado, M. Hymenolepididae, N. Acantocephala, O. *Filariopsis* sp, P. Rabditoides.

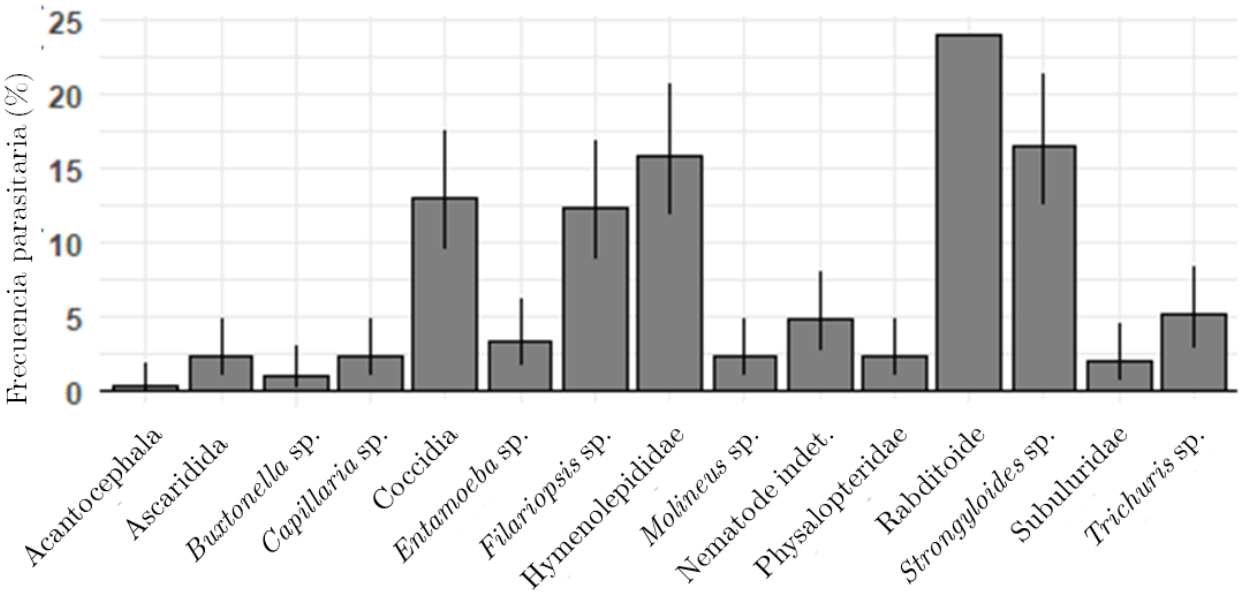


Figura 3.4. Frecuencia parasitaria de taxones en muestras de materia fecal de monos caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) en la provincia de Misiones.

En relación con las muestras de materia fecal pertenecientes a los perros, el 36.61% (26/71) presentó al menos una forma parasitaria. La riqueza parasitaria total en perros fue de nueve taxones parasitarios. Se observaron quistes de los protozoos: Coccidia y *Entamoeba* sp.; y huevos de los helmintos *Toxocara* sp. (Ascaridida, Ascarididae), *Strongyloides* sp., *Trichuris* sp., *Capillaria* sp., Subuluridae, *Ancylostoma* sp. (Strongylida, Ancylostomatidae) e Hymenolepididae (Tabla 3.3, Figura 3.5 A-I).

Por último, en las muestras analizadas pertenecientes al ganado vacuno, se observaron parásitos en el 72.41% (21/29). La riqueza parasitaria total fue de siete taxones: *Giardia* sp. (Sarcomastigophora, Giardiidae), Coccidia, *Buxtonella* sp., *Strongyloides* sp., Thychostrongylidae gen. et sp. indeterminado (Strongylida, Thychostrongylidae), *Moniezia* sp. (Cyclophyllidea, Anoplocephalidae), y *Cooperia* sp. (Strongylida, Cooperiidae) (Tabla 3.3, Figura 3.5 J-P). Los taxones con mayor frecuencia en perros fueron Coccidia (18.3%) y *Ancylostoma* sp. (12.7%) (Figura 3.6 A), mientras que en el ganado vacuno fueron *Strongyloides* sp. (48.3%) y Coccidia (37.9%) (Tabla 3.3, Figura 3.6 B).

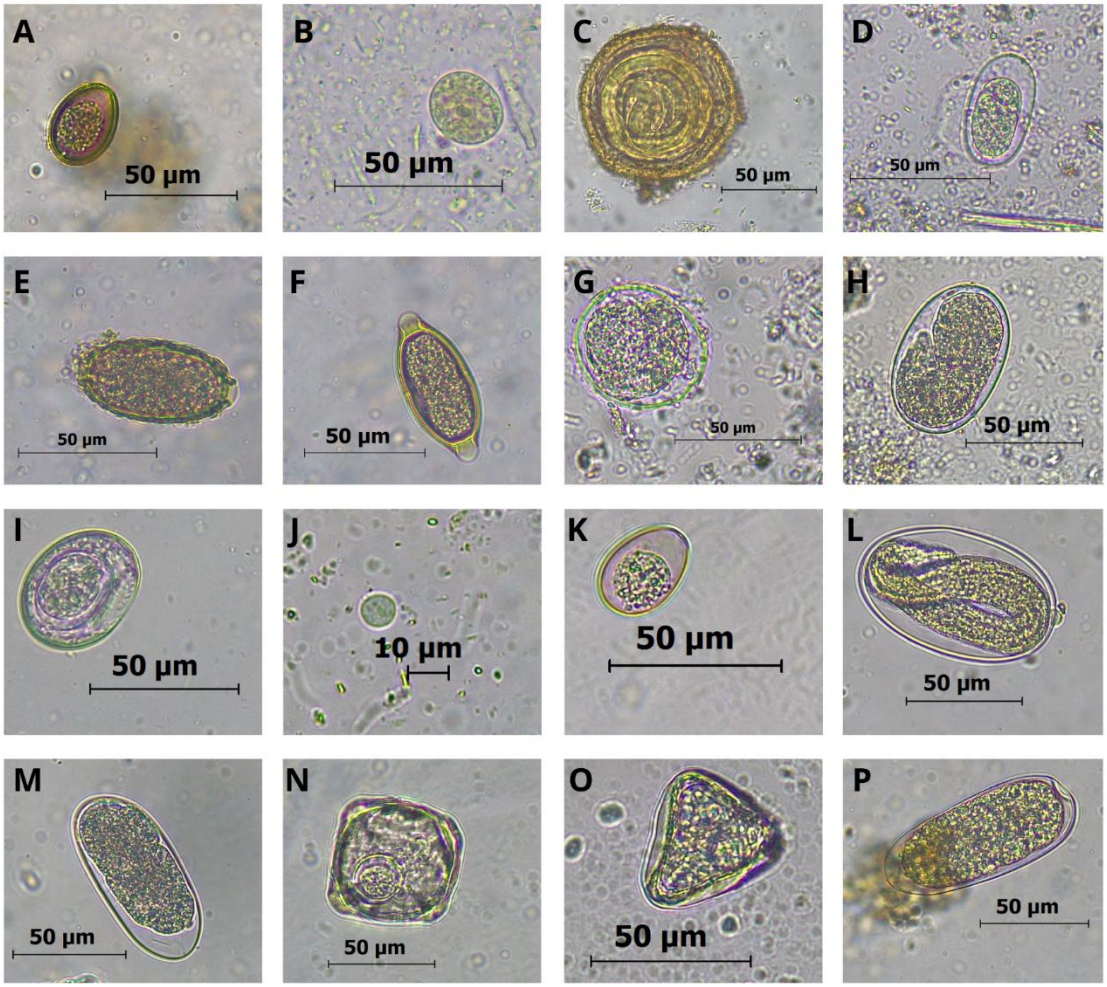


Figura 3.5. Parásitos detectados en materia fecal de perros domésticos (A-I) y ganado vacuno (J-P) en la provincia de Misiones. A. Coccidia; B. *Entamoeba* sp.; C. *Toxocara* sp.; D. *Strongyloides* sp.; E. *Trichuris* sp.; F. *Capillaria* sp.; G. Subuluridae; H. *Ancylostoma* sp.; I. Hymenolepididae; J. *Giardia* sp.; K. Coccidia; L. *Strongyloides* sp.; M. Trychostrongylidae; N-O. *Moniezia* sp.; P. *Cooperia* sp.

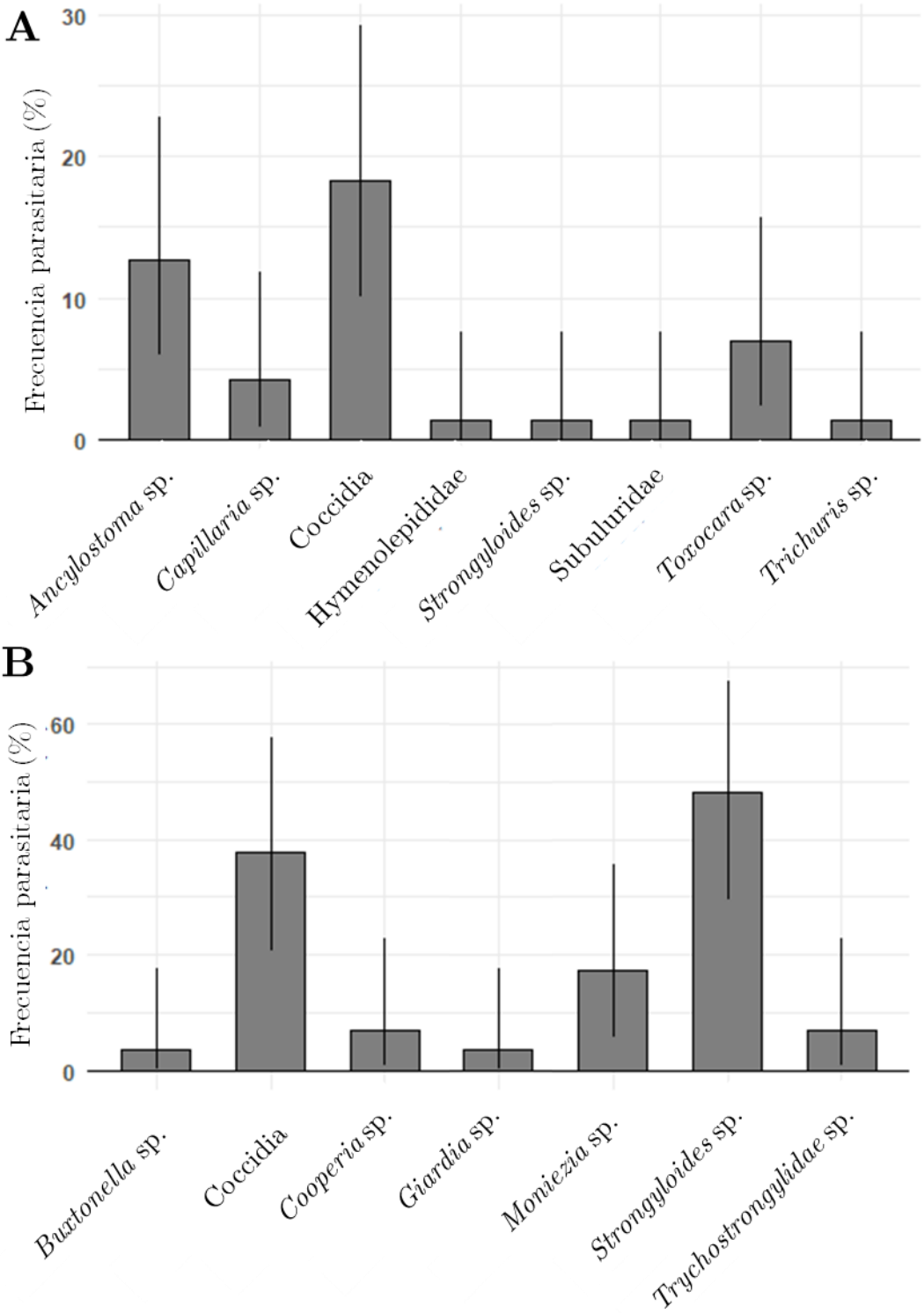


Figura 3.6. Frecuencia parasitaria de taxones en muestras de materia fecal de: A. perros domésticos (*Canis lupus familiaris*) y, B. ganado vacuno (*Bos taurus*) en la provincia de Misiones, Argentina.

Tabla 3.2. Parásitos grastrointestinales de caí (*Sapajus nigritus cucullatus*), perro doméstico *(Canis lupus familiaris) y ganado vacuno (Bos taurus)* de interfaz doméstico-silvestre del noreste de la provincia de Misiones, Argentina. Se presenta la frecuencia parasitaria porcentual y las medidas de largo x ancho (con rango en paréntesis, y el número de huevos o quistes medidos en corchetes) en micrómetros.

		Frecuencia parasitaria (%)			Tamaño LxA (µm)
		Mono Caí	Perro	Ganado vacuno	
Nematoda					
Trichinellida					
	Trichuris sp.	5.2 (15/292)	2.8 (2/71)	-	63x30 (53-78x22-38) [N= 93]
	Capillaria sp.	2.4 (7/292)	4.2 (3/71)	-	64x29 (57-71x25-36) [N= 21]
Rhabditida					
	Strongyloides sp.	16.4 (48/292)	2.8 (2/71)	48.3 (13/29)	55x32(34-74x23-40) [N= 62]
	Filariopsis sp.	12.3 (36/292)	-	-	300 (180-403) [N= 14]
	Rabditoide	24.0 (70/292)	-	-	381(159-1000) [N= 45]
Strongylida					
	Molineus sp.	2.4 (7/292)	-	-	68x47 (65-75x56-42) [N= 7]
	Ancylostoma sp.	-	12.7 (9/71)	-	61x39 (40-91x39-51) [N=19]
	Cooperia sp.	-	-	6.9 (2/29)	67x37 (93-79x39-57) [N=8]
	Trychostrongylidae	-	-	6.9 (2/29)	79x52 (73x88-39-57) [N=27]
Spirurida					
	Physalopteridae	2.4 (7/292)	-	-	49x29 (44-54x25-46) [N= 29]
Ascaridida					
	Subuluridae	2.1 (6/292)	1.4 (1/71)	-	47x40(42-49x37-46) [N= 3]
	Ascarididae	2.4 (7/292)	-		81x53(66-89x39-65) [N= 35]
	Toxocara sp.	-	7 (5/71)	-	91x80 (78-100x79-85) [N=12]
	Nematoda indeterminado	4.8 (14/292)	-	-	121x61(109-160x54-71) [N= 53]
Acantocephala					
	Acantocephala	0.3 (1/292)	-	-	72 x 42 [N=1]
Cestoda					
Cyclophyllidea					
	Hymenolepididae	15.7 (46/292)	1.4 (1/71)	-	58x50(37-81x24-69) [N= 132]
	Moniezia sp.	-	-	17.2 (5/29)	70x65 (69-85x75-74) [N=16]
Protozoa					
Apicomplexa, Eucoccidiorida	Coccidia	13.0 (38/292)	18.3 (13/71)	37.9 (11/29)	32x29 (25-48x20-49) [N= 59]
	Entamoeba sp.	3.44 (10/292)	1.4 (1/71)	-	23x21(20-27x16-25) [N= 10]
Sarcomastigophora, Diplomonadida	*Giardia* sp.	-	-	3.44 (1/29)	11 (9-13) [N=20]
Ciliophora, Pycnotrichidae	*Buxtonella* sp.	1.1 (3/292)	-	3.44 (1/29)	46x43(30-57x30-54) [N= 6]

3.5.2 Análisis de las comunidades componentes entre hospedadores y sitios

Cuando se compararon los taxones parasitarios de perros domésticos, ganado vacuno y los monos caí, se observó que Coccidia y *Strongyloides* sp. estuvieron presentes en las tres especies analizadas (Figura 3.7). Además, *Buxtonella* sp. estuvo presente tanto en monos caí y ganado vacuno; y los taxones *Entamoeba* sp., *Trichuris* sp., *Capillaria* sp., Subuluridae e Hymenolepididae, fueron hallados tanto en monos caí como perros domésticos. Del total de taxones parasitarios hallados en las comunidades (21 taxones), 8 de ellos aparecieron en más de una especie hospedadora (38%).

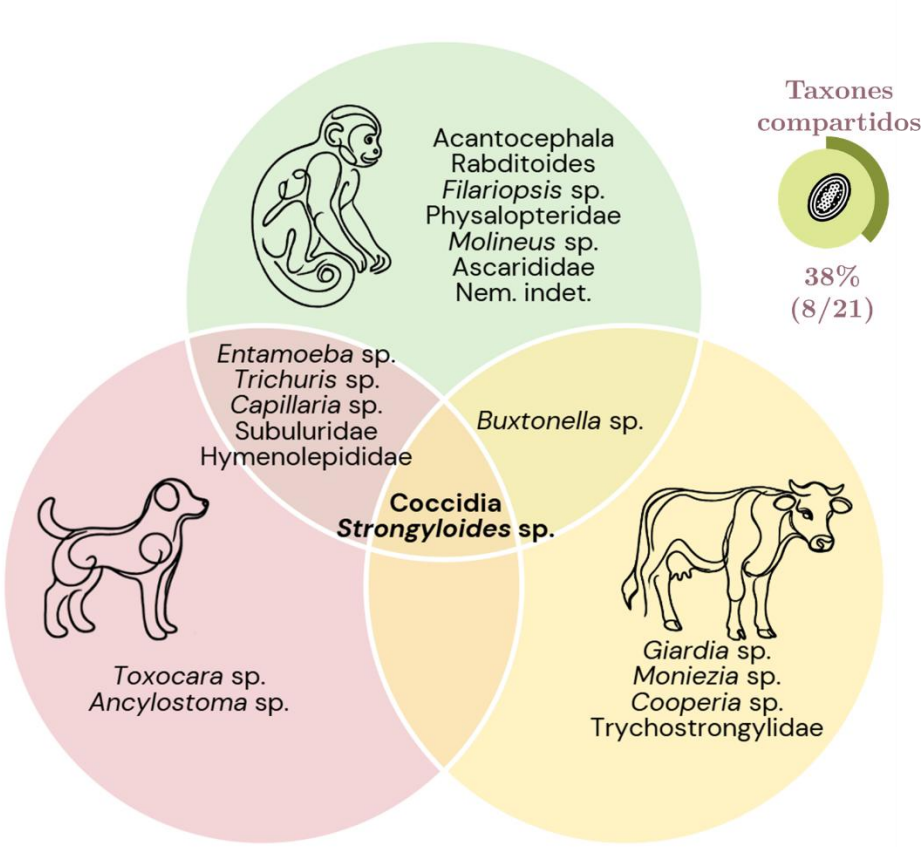


Figura 3.7. Comunidad componente de cada hospedador y los taxones parasitarios compartidos.

Strongyloides sp. y Coccidia, fueron detectados en muestras provenientes de todos los sitios de estudio en monos y ganado vacuno, pero en perros únicamente en San Antonio. En el caso de *Buxtonella* sp., el taxón fue hallado en monos caí de los sitios San Antonio y Piñalito Norte, en el ganado vacuno de Piñalito Norte.

Por otro lado, para evaluar el RDA primero se eliminaron los taxones parasitarios raros, por lo que se excluyeron para el análisis a *Cooperia* sp., *Giardia* sp. y Acantocephala. De esta manera, se utilizaron 18 taxones para la matriz de especie y dos variables independientes para la matriz ambiental (Sitio y Especie). El modelo RDA fue significativo ($p=0.01$, $R^2=7.6\%$) con ambas variables independientes. Al analizar la significancia de los ejes, se obtuvo que sólo los dos primeros ejes representan significativamente al modelo ($p<0.01$). Se observa que el eje 1 (RDA1) separa a los parásitos entre especies domésticas y silvestres (Figura 3.8). La posición y la dirección de las flechas de los hospedadores en relación con los parásitos proporcionan una idea de cuáles parásitos están más asociados con cada hospedador. De esta manera, los taxones que sólo fueron detectados en monos caí se ubican del lado izquierdo del gráfico. Por otro lado, si bien Coccidia y *Strongyloides* sp. fue hallado en las tres especies hospedadoras analizadas, el RDA los ubica más cerca del centroide del ganado vacuno. Esto podría indicar que la frecuencia parasitaria general de estos parásitos se ve mayormente influenciada por el ganado. *Ancylostoma* sp. y *Toxocara* sp. son taxones únicamente encontrados en muestras provenientes de perro, por ello se encuentran más cercanas al centroide de Perros.

Con respecto a los sitios, se observa que PA y SA, se encuentran más distantes del origen y alineados con el ganado vacuno. Esto sugiere que estos sitios podrían tener influencia de los parásitos asociados al ganado, pero en menor medida que PN. En YL, el modelo ubicó a los centroides más cerca del origen lo que sugiere que tienen menos variación en la comunidad parasitaria. Los sitios COR y RUA, se alinean con el perro doméstico, pero cerca del origen lo cual sugiere las comunidades parasitarias en estos sitios tienen una leve asociación con los perros.

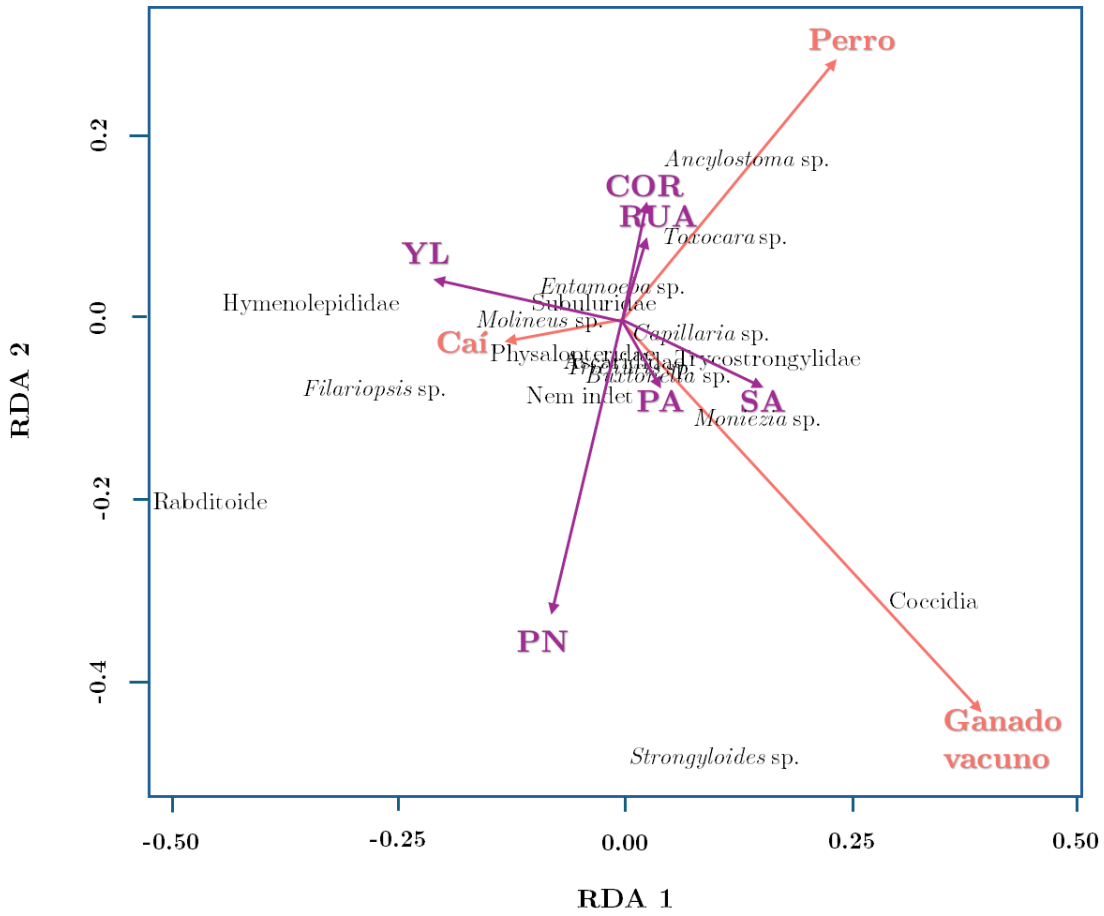


Figura 3.8. Análisis de Redundancia: Datos de presencia/ausencia de todos los taxones parasitarios en las tres especies hospedadoras vs. Especies hospedadoras y Sitio de estudio. Las categorías de las variables explicativas representan un centroide. En negro los taxones parasitarios, Naranja las categorías de Especies y Violeta los sitios de estudio. PA: Península de Andresito; YL: Yacutinga Lodge; RUA: Reserva Urbana Andresito; COR: Corredor Biológico; PN: Piñalito Norte; SA: San Antonio.

3.5.3 Entrevistas semiestructuradas

Entre los entrevistados, el 78% de las personas afirmaron avistar a los monos caí en sus terrenos (Tabla 3.3). Además, el 70% de las personas entrevistadas afirmó que trabaja en el campo ya sea para agricultura o ganadería y un alto porcentaje de los entrevistados (63%) afirmaron que ellos y/o alguno de los miembros de su familia ingresa a las áreas naturales para diferentes actividades (Tabla 3.3, Figura 3.9). Si bien no se consultó de manera explícita la razón por la cual ingresan en las áreas naturales, se registró que ingresaban para actividades recreativas, recolección de frutos silvestres, tala selectiva de árboles nativos, caza furtiva, colecta de agua de

fuentes naturales, entre otras. Por otro lado, el 42% de las personas afirmaron no presentar área boscosa en sus terrenos, esto se debe a que en los sitios SA y RUA varias entrevistas fueron realizadas, en casas urbanas lindantes con las áreas boscosas de las ciudades Comandante Andresito y San Antonio. Sin embargo, la frecuencia de avistajes de monos caí fue alta en cada uno de estos sitios (77 y 80%, respectivamente).

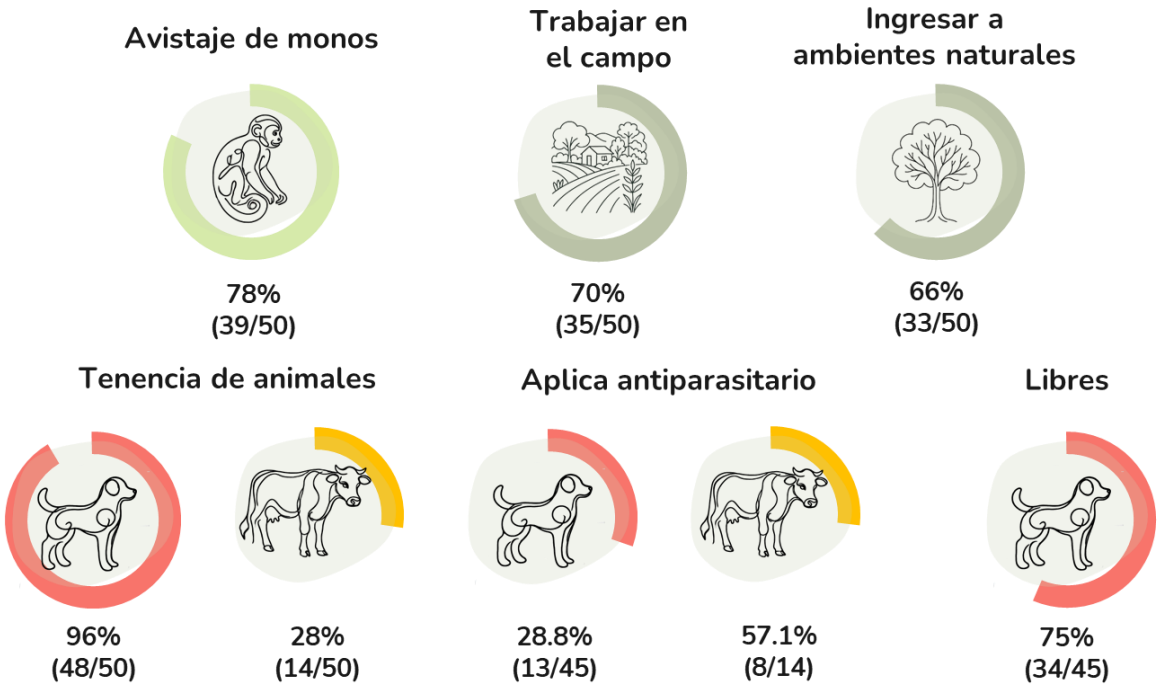


Figura 3.9. Representación gráfica de los principales resultados de las entrevistas semiestructuradas en los seis sitios de muestreo en el norte de la provincia de Misiones, Argentina.

Acerca de la tenencia de animales domésticos, el 90% de ellos tenía al menos un perro, siendo el promedio de cuatro perros por vivienda (1-15). De aquellas personas con perros, el 76% acostumbran a tenerlos libres, pudiendo ingresar en las áreas naturales, y el 68% afirmaron que sus perros han tenido contacto o interacción (ladrido debajo de los árboles, persecución o caza) de los monos (Figura 3.9, Tabla 3.3). Cuando se consultó acerca de si los animales presentaban algún tipo de plan antiparasitario, el 36% respondió no aplicar ningún tipo antiparasitario en sus mascotas. El resto, en caso de aplicar, lo realizaban en momentos donde los animales presentaban signos de decaimiento o apatía. Por otro lado, cuando se les consultó acerca de la tenencia de ganado vacuno, sólo el 28% de los entrevistados tenían vacas principalmente para consumo propio. Si bien el promedio de ganado vacuno fue de 12 (1–50) individuos por casa, sólo tres entrevistados tenían entre 30 a 50 vacas. Los

demás entrevistados, presentaban entre uno a siete individuos. Además, el 50% de los entrevistados tenían otros animales domésticos, siendo las gallinas y gatos domésticos los más comunes.

Tabla 3.3. Resumen de las entrevistas semiestructuradas en los seis sitios de muestreo en el norte de la provincia de Misiones, Argentina.

Descriptores	Categoría	
SOBRE LOS POBLADORES		
Área natural en su terreno	Si	58% (29/50)
	No	42% (21/50)
Origen del agua que beben	Perforación	40% (20/50)
	Cuerpo de agua natural	42% (21/50)
	Otro	8% (4/50)
	No responde	10% (5/50)
Área inundable	Si	8% (4/50)
	No	84% (42/50)
	No responde	8% (4/50)
Trabajar en el campo	Si	70% (35/50)
	No	24% (12/50)
	No responde	6% (3/50)
Ingresar en el bosque	Si	62% (31/50)
	No	32% (16/50)
	No responde	6% (3/50)
Avistaje de monos	Si	78% (39/50)
	No	22% (11/50)
Escala avistajes	Nada frecuente	13% (5/39)
	Poco frecuente	26% (10/39)
	Frecuente	13% (5/39)
	Bastante frecuente	23% (9/39)
	Muy frecuente	38% (15/39)
SOBRE LOS ANIMALES DOMÉSTICOS		
Tiene perros	Si	90% (45/50)
	No	10% (5/50)
Número de individuos		4 (1-15)
Uso de antiparasitario	No	36% (16/45)
	Interno	11% (5/45)
	Externo	7% (3/45)
	Interno+Externo	29% (13/45)
	No sabe	20% (9/45)
Dieta	Preparado	73% (33/45)
	Balanceado	27% (12/45)
Movimiento	Libres	76% (34/45)

	Restringidos	20% (9/45)
	No responde	4% (2/45)
Contacto/interacción con monos	Si	62% (28/45)
	No	29% (13/45)
Tiene ganado vacuno	Si	28% (14/50)
	No	72% (36/50)
Número de individuos		12 (1-50)
Uso de antiparasitario	No	21% (3/14)
	Interno	0% (0/14)
	Externo	14% (2/14)
	Interno+Externo	57% (8/14)
	No sabe	7% (1/14)

3.6 Discusión

3.6.1 Parásitos gastrointestinales en *Sapajus nigritus cucullatus*

Mediante técnicas coproparasitológicas fue posible caracterizar por primera vez las comunidades parasitarias de poblaciones silvestres de monos caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) que se encuentran en áreas de interfaz doméstico-silvestre de Misiones, Argentina. En total, se identificaron 15 taxones parasitarios. En comparación con el estudio realizado en el Parque Nacional Iguazú (PNI) por Agostini et al. (2018), que examinó dos grupos de monos durante tres inviernos y un verano (2012-2014), la riqueza parasitaria encontrada en nuestro trabajo fue mayor (8 taxones en PNI frente a 15 en este estudio), aunque la frecuencia de infección fue similar (42-85% en PNI y 52,5% en el presente trabajo). Es importante de mencionar, que las técnicas de laboratorio fueron similares en ambos estudios, por lo que la mayor riqueza parasitaria en esta tesis podría sugerir que las áreas de interfaz doméstico-silvestre de Misiones ofrecen condiciones diferentes que generan una mayor diversidad de taxones de parásitos gastrointestinales. Este fenómeno podría estar relacionado con la cercanía de los monos a poblaciones humanas y animales domésticos, lo que aumenta las oportunidades de contacto y, por ende, la exposición a una variedad más amplia de patógenos, y se discutirá más adelante. Respecto a los estudios previos realizados en la especie en Brasil y Argentina (Machado et al. 2012; Silva et al. 2013; Svoboda et al. 2014; Vanderhoeven et al. 2017; Agostini et al. 2018; Pereira et al. 2020; Girio et al. 2021; da Silva et al. 2023), en esta tesis es la primera vez que se describen los

taxones parasitarios: *Entamoeba* sp., *Buxtonella* sp., Coccidia, *Capillaria* sp., *Molineus* sp., Nematoda indeterminado, Acantocephala y las larvas rabditoides. De esta manera, los monos caí en áreas de interfaz de Misiones, Argentina presentan una alta riqueza de parásitos gastrointestinales.

A- Protozoos

Con respecto a los taxones parasitarios presentes en este estudio, los protozoos encontrados fueron: Coccidios, *Buxtonella* sp. y *Entamoeba* sp. Los coccidios son protozoos parásitos intracelulares obligados. Se caracterizan por infectar células epiteliales del intestino, aunque algunas especies pueden invadir otros tejidos. Entre los géneros más comunes, como *Eimeria* y *Cystoisospora*, se pueden diferenciar morfológicamente principalmente por la forma de sus ooquistes y el número de esporoquistes y esporozoítos que contienen (Duszynski et al., 1999). Los quistes se liberan al ambiente por la materia fecal en un estado llamado morulado, donde internamente no pueden identificarse características morfológicas, sin embargo, en condiciones de temperatura y humedad apropiadas, el quiste avanza con su desarrollo embrionario, siendo posible la identificación de las estructuras internas de los esporoquistes y esporozoítos (Duszynski & Wilber 1997). Por las características de los ooquistes hallados en este trabajo, podrían tratarse de los géneros *Eimeria* y *Cystoisospora* en la comunidad parasitaria de *S. n. cucullatus*, sin embargo, al no haber realizado una descripción morfológica de manera sistemática de los quistes en un estadio embrionario más avanzado (cuando es posible observar los esporoquistes y sus esporozoítos), la identificación se realizó hasta el nivel Coccidia. Estos protozoos presentan ciclos de vida generalmente directos (aunque existen excepciones), lo que implica que no requieren hospedadores intermediarios para completar su desarrollo, y su transmisión ocurre por la ingestión de ooquistes esporulados presentes en el ambiente (Duszynski 2021). Los coccidios suelen tener una alta especificidad en región de su distribución y en las especies hospedadoras que infectan (Duszynski & Wilber 1997). En animales domésticos se ha documentado que el efecto en los hospedadores varía desde infecciones subclínicas hasta graves cuadros clínicos, dependiendo de factores como la carga parasitaria, la edad, el estado inmunológico del hospedador y las condiciones ambientales (De Gussem 2007).

Por otro lado, este es el primer registro de *Buxtonella* sp. en *S. n. cucullatus*. *Buxtonella* sp. es un ciliado principalmente del ganado y primates (Yan et al. 2018). Entre los primates se han registrado *Buxtonella* en el babuino (*Papio hamadryas*),

macacos (*Macaca mulatta, M. nigra* y *M. silenus*) y Mangabeys (*Cercocebus toquatus* y *Cercocebus agilis*) en Asia y África (Pomajbíková et al. 2013; Pafčo et al. 2018; Yan et al. 2018). La especie tipo del género *Buxtonella* es *B. sulcata*. Esta especie es frecuentemente encontrada en el ciego y colon del ganado vacuno y puede llegar a generar diarrea en los individuos infectados (El-Ashram et al. 2019). En el área de estudio, existe un reporte realizado por Vanderhoeven (2019) en el cual se hallaron ciliados de características morfológicas similares a *Buxtonella* sp. en ganado vacuno, cerdos y caballos. En este trabajo, los monos caí que dieron positivo a *Buxtonella* sp., pertenecían a los grupos "Lico" y "Estricta", de los sitios Piñalito Norte y San Antonio, respectivamente (Figura 3.1 y Anexo III). En Piñalito Norte, los árboles utilizados por el grupo de monos pertenecen a una propiedad privada de un poblador que utiliza la totalidad de su terreno, incluidas las fuentes de agua natural, para la producción ganadera a pequeña escala. En el caso de estos monos, debido a la alta superposición del ambiente con el ganado, se decidió no colectar materia fecal de monos que se encuentran en el suelo o a menos de un metro de altura del suelo para evitar posible contaminación con materia fecal del ganado. Por otro lado, en el sitio San Antonio si bien se encontró *Buxtonella* sp. en monos caí, en el ganado vacuno analizado no se encontró al parásito.

Otro de los protozoos encontrados en los caí fue *Entamoeba* sp. Entre las especies de *Entamoeba* existen algunas con potencial zoonótico, sin embargo, su identificación no es posible a partir de análisis morfológicos (Elsheikha et al. 2018). Diversas especies de *Entamoeba* han sido registradas en primates (Elsheikha et al. 2018). En particular, en la familia Cebidae, se describe *Entamoeba* sp. en poblaciones silvestres de *Sapajus apella* de Perú (Phillips et al. 2004), *Saimiri oerstedi* en Costa Rica (Appleton & Boinski 1991) y en *Saimiri cassiquiarensis* en Colombia (Rondón Robayo 2023) y *Cebus albifrons* en individuos en cautiverio en Ecuador (Martin-Solano et al. 2017). Además, *Entamoeba* sp. ha sido registrada en Argentina en otras especies de primates como lo son *Aotus azarae* en la provincia de Formosa y en *Alouatta caraya* en la provincia de Corrientes (Perea-Rodriguez et al. 2010; Milozzi et al. 2012). Siendo que *A. caraya* es una especie simpátrica con *S. n. cucullatus*, resulta importante continuar con los estudios parasitológicos que permitan realizar la identificación específica de *Entaomeba* sp. para poder identificar por un lado si el taxón hallado en este trabajo se trata de una especie zoonótica, y por el otro, para determinar si se trata de una especie propia de *S. n. cucullatus* o es la misma especie encontrada en los otros primates.

B- Nematodes

Entre los taxones identificados en las poblaciones de monos caí estudiadas en esta tesis se registraron huevos de los siguientes nematodes: *Strongyloides* sp., *Molineus* sp., *Trichuris* sp., *Capillaria* sp., Ascarididae, Subuluridae, Physalopteridae y un Nematoda indeterminado; y larvas de *Filariopsis* sp. y rabditoides. Varios de los taxones nombrados entran en un grupo no taxonómico llamado geohelmintos. Los geohelmintos son helmintos parásitos cuya transmisión está asociada al contacto con suelo contaminado por huevos o larvas infectivas. Incluyen diversas especies de nematodos, como los géneros *Strongyloides*, *Molineus*, *Trichuris* y *Capillaria*, identificados en este estudio. Estos parásitos suelen completar una parte de su ciclo de vida en el ambiente terrestre antes de infectar a un hospedador, siendo sus huevos o larvas altamente resistentes a condiciones adversas, lo que facilita su persistencia y dispersión (Bethony et al. 2006).

El género *Strongyloides* incluye más de 50 especies, siendo uno de los más frecuentes entre humanos y primates, su transmisión se da forma directa y tiene la capacidad de persistir en ambiente en forma de larvas filariformes infectivas (Pampiglione & Ricciardi 1974; Hasegawa et al. 2016; Nosková et al. 2023). Entre las especies zoonóticas más importantes se encuentra *S. stercolaris* que tiene una distribución cosmopolita y puede infectar tanto a humanos como a animales domésticos y primates no humanos (Bradbury et al. 2021; Nosková et al. 2023). La estrongiloidiasis es considerada como una enfermedad desatendida y se estima una a nivel mundial hay entre 30 y 100 millones de personas infectadas principalmente en las regiones tropicales y subtropicales. Existen varios reportes de *Strongyloides* en primates y en particular, en la región Neotropical se encuentra descripta *Strongyloides cebus*. Esta especie ha sido registrada por primera vez en los capuchinos *Cebus capucinus* en cautiverio (Darling 1911) y luego, en otras especies de platirrinos como *Lagothrix lagothricha* (ex *L. cana*) en cautiverio (Mati et al. 2013), *Brachyteles arachnoides* silvestres (Stuart 1993), *Alouatta palliata y Ateles geoffroyi* silvestres (Stuart et al. 1998; Rodríguez-Ortíz et al. 2004). De acuerdo a estudios moleculares y filogenéticos, se sugiere que *S. cebus* es específica de primates no humanos (Dorris et al. 2002; Ko et al. 2023). De esta manera, el taxón hallado en *S. n. cucullatus* podría ser *Strongyloides cebus*, *Srongyloides stercolaris,* u otro no descripto previamente en capuchinos. Si bien su identificación a nivel específico no fue posible en este trabajo, resulta importante poder identificar si se trata de una especie de potencial zoonótico, una especie previamente descripta en primates platirrinos o una nueva especie. Para ello, sería recomendable realizar más estudios,

ya sea a partir de la descripción morfológica del helminto adulto a partir de la necropsia de individuos hallados muertos o por análisis moleculares, para la identificación específica del parásito hallado.

El género *Molineus*, perteneciente al Orden Strongylida, incluye nematodos parásitos que afectan tanto a carnívoros como a primates, generando lesiones gastrointestinales graves. Estos parásitos se localizan predominantemente en el intestino delgado y, en algunos casos, en el páncreas, donde forman nódulos y úlceras que pueden conducir a diarrea crónica, desnutrición y, en infecciones severas, la muerte del hospedador (Miguel et al. 2013). En esta tesis, las muestras de materia fecal que fueron positivas para *Molineus* sp. presentaron consistencia líquida y mucosidad, lo cual coincide con los signos clínicos típicos asociados a infecciones por este género, reforzando la asociación entre la presencia del parásito y la patología gastrointestinal. En la familia Cebidae, la especie más comúnmente registrada es *Molineus torulosus*, identificada además en varias especies de primates, como *Cebus capuchinus*, *C. olivaceus*, *Sapajus libidinosus*, *S. apella*, *S. flavius* y *Saimiri sciureus* (Vicente et al. 1997; Durette-Desset et al. 2001; Miguel et al. 2013; Bacalhao et al. 2016; Corrêa et al. 2016). Hasta ahora, estos registros se limitaban a Brasil y Guayana Francesa, siendo este el primer registro donde se informa la presencia de *Molineus* sp. en primates de Argentina, ampliando el rango geográfico conocido para este género.

Los géneros *Trichuris* y *Capillaria* son nematodos geohelmintos con amplia distribución cosmopolita y capacidad para infectar a una gran variedad de mamíferos, incluyendo primates, con un reconocido potencial zoonótico (Anderson 2000). Tanto *Trichuris* sp. como *Capillaria* sp. tienen ciclos de vida directo, que depende de la ingesta de huevos embrionados eliminados en el ambiente a través de las heces del hospedador. Estos huevos, son altamente resistentes a condiciones ambientales adversas, permanecen viables durante largos períodos en el suelo (Spratt & Singleton 1987; Mizgajska 1997). Se ha registrado previamente *Trichuris* sp. en *Sapajus nigritus cucullatus* de poblaciones silvestres de Argentina (Agostini et al. 2018), y *Capillaria* sp. en *C. albifrons* de Ecuador (Martin-Solano et al. 2017). Si bien se creía que la especie *Trichuris trichura*, hallada en humanos, era la misma que se encuentra en primates, estudios moleculares han identificado al menos tres linajes genéticos principales de *Trichuris*, pudiendo ser especie específicos o tener la capacidad para infectar múltiples especies de primates y humanos. De esta manera, los registros de *Trichuris* no deben considerarse como una sola especie (Ghai et al. 2014).

Por otro lado, se encontraron huevos identificados dentro del Orden Ascaridida que, si bien no pudieron ser identificados hasta el nivel específico, se los clasificó como pertenecientes a la familia Ascarididae y familia Subuluridae. Con respecto a la familia Ascarididae, en esta familia se encuentran géneros como *Ascaris* y *Toxocara*, los cuales han sido estudiados por su importancia en la salud pública tanto para el humano como animales domésticos. La familia Ascarididae es principalmente parásito de hospedadores terrestres con ciclo de vida heteroxeno. Se han identificado previamente huevos de *Ascaris* sp. en *S. n. cucullatus* en Argentina y en *S. apella* en Perú (Phillips et al. 2004). Por otro lado, la familia Subuluridae es un grupo de nematodos que pertenecen al orden Spirurida. Estos parásitos suelen habitar el tracto gastrointestinal de una amplia gama de hospedadores, incluyendo reptiles, aves y mamíferos, tanto domésticos como silvestres. Tienen ciclo de vida heteroxeno, siendo los insectos los hospedadores intermediarios (Cuckler & Alicata 1944; Anderson 2000). En monos capuchinos se hallaron parásitos de la Familia Subuluridae en *S. n. cucullatus* de Argentina (Agostini et al. 2018), *S. apella* y *S. libidinosus* de Brasil (Vicente et al. 1997), y en Costa Rica en *C. capicinus* (Parr et al. 2013c). Si bien Subuluridae no tiene potencial zoonótico conocido hasta el momento, algunas especies como *Subulura suctoria* o *S. brumpti* pueden afectar a aves de producción por lo que la familia tiene interés en la salud de animales de producción (Cuckler & Alicata 1944; Abdou & Selim 1957; Gorrín et al. 2018).

El último taxón de huevos de nematodes identificado en esta tesis fueron huevos pertenecientes a la Familia Physalopteridae. Esta familia pertenece al Orden Spirurida que incluye parásitos de aves, anfibios, reptiles y mamíferos (Anderson 2000). Tienen ciclo de vida heteroxeno y en el hospedador definitivo habitan en el estómago o intestinos de sus hospedadores. En particular, en capuchinos la familia fue previamente reportada para la *S. n. cucullatus* en Argentina (Agostini et al. 2018) y el género *Physaloptera* sp. fue hallado en *S. nigritus* y *S. libidinosus*, ambos registros pertenecientes de Brasil (Travassos 1922).

Con respecto a las larvas que fueron detectadas en monos caí en esta tesis, fueron identificadas como *Filariopsis* sp. y Rabditoides. Las larvas Rabditoides son un estadio larval temprano, característico de nematodos de diferentes familias del Orden Strongylida (e.g las familias Strongyloididae y Ancylostomatidae, presentan larvas rabditiformes) (Anderson 2000). Estas larvas suelen provenir de huevos que eclosionan en el intestino del hospedador, siendo así posible hallarlas en la materia fecal (Mercado et al. 2001). Por otro lado, las larvas de *Filariopsis* sp. ya habían sido reportadas para la especie en Argentina por Agostini et al. (2018). Dentro del género *Filariopsis* se han descripto en la familia Cebidae a *F. barretoi* y *F. libidinosus* en

capuchinos (Travassos 1922; Lee et al. 1996; Parr et al. 2013c) y a *F. gordius* en *Saimiri sciureus* (Corrêa et al. 2016). Estos parásitos suelen encontrarse en estadio adulto en los pulmones del hospedador y se sospecha que son de transmisión directa (Parr et al. 2013). Existen diferentes técnicas de diagnóstico que consisten en el cultivos y concentración de larvas a partir de materia fecal fresca como lo son los métodos de Baermann o cultivo de agar-agar (Arakaki et al. 1990; Hirata et al. 2007; Inês et al. 2011), estas técnicas suelen ser utilizadas para la identificación de larvas rabditoides, pero existen análisis moleculares que podrían ayudar a diferenciar genéticamente las diferentes larvas. Para asegurar el diagnóstico correcto de las larvas de este trabajo y distinguir entre diferentes especies que pueden compartir fases larvales será necesario realizar alguna de las técnicas de diagnóstico complementarias y determinar si presentan o no potencial zoonótico.

C- Cestodes y acantocéfalos

Por otro lado, se encontraron huevos de acantocéfalos, que, si bien no pudo ser posible su identificación a un nivel taxonómico menor al del Super Clase Achanthocephala, entre los monos capuchinos se han identificado diferentes especies. Por ejemplo, se registra *Prosthenorchis elegans en Cebus albifrons* (Martin-Solano et al. 2017), *Prosthenorchis* sp. en *C. capucinus* (Parr et al. 2013) y *Sapajus nigritus* de Brasil (Pereira et al. 2020) y *Oncicola spirula* en *S. apella* (Corrêa et al. 2016). En particular, *Prosthenorchis elegans* se encuentra registrado en otras especies de la familia Cebidae como *Saimiri boliviensis, Saimiri oerstedii, Saimiri sciureus* (Dunn 1963; Michaud et al. 2003; Phillips et al. 2004). En todos los registros de poblaciones silvestres de capuchinos, las frecuencias siempre fueron menores al 20%. En este trabajo, los huevos de acantocéfalo fueron hallados con una frecuencia de 0.3% siendo encontrados en una única muestra de todas las analizadas. Aunque la frecuencia registrada en este estudio es la más baja en comparación con otros trabajos, al analizar el tamaño de la muestra, se observó que en los estudios previos también se identificaron acantocéfalos en un número limitado de muestras (entre 1 y 7 muestras de total analizadas). Por ello, se decidió incluir este hallazgo como un parásito de *S. n. cucullatus*. Además, por las características morfológicas de los huevos de *Prosthenorchis* sp., el huevo hallado en esta tesis, probablemente se trate de este género (Machado Filho 1950). Sin embargo, es necesario realizar más mediciones tomadas en nuevas muestras fecales para poder tener una mejor descripción morfológica de los huevos.

Por último, en este trabajo se encontraron huevos del cestode identificado como perteneciente a la familia Hymenolepididae. Dentro de esta familia, se encuentran especies de interés zoonótico como *Hymenolepis nana* e *H. diminuta*, parásitos cosmopolitas que pueden infectar tanto a humanos como fauna silvestre y doméstica (Thompson 2015; Sharma et al. 2016). En cuanto a los monos capuchinos, la Familia Hymenolepididae fue reportada previamente en las poblaciones de *S. n. cucullatus* de Argentina (Agostini et al. 2018) y en Colombia en poblaciones de *C. albifrons* de Ecuador (Martin-Solano et al. 2017). No se encontraron registros en otras especies dentro de la familia Cebidae.

En esta tesis los taxones parasitarios con mayor frecuencia fueron las larvas Rabditoides, *Strongyloides* sp., *Filariopsis* sp., Coccidia e Hymenolepididae. En comparación con el trabajo previo realizado por Agostini et al. (2018), los resultados coinciden parcialmente ya que los autores detectaron que los taxones más frecuentes fueron *Strongyloides* sp. y *Filariopsis* sp. e Hymenolepididae. También con otras especies de capuchinos como *Cebus capicinus* donde *Strongyloides* sp. y *Filariopsis* sp., son los taxones de mayor prevalencia (Lee et al. 1996; Parr et al. 2013c; a). De esta manera, *Strongyloides* y *Filariopsis* sp. podrían tratarse de taxones parasitarios que acompañan a *S. n. cucullatus* y otros monos capuchinos a lo largo de sus distribuciones geográficas.

3.6.2 Parásitos gastrointestinales en animales domésticos y su relevancia zoonótica

Cuando se analizó la comunidad parasitaria de animales domésticos, se identificaron también varios taxones con potencial zoonótico o de interés sanitario, los cuales son: *Trichuris* sp., *Capillaria* sp., *Entamoeba* sp., *Strongyloides* sp., *Toxocara* sp., *Ancylostoma* sp., *Giardia* sp., Trychostrongylidae, e Hymenolepididae (Petri et al. 2000; Appelbee et al. 2005; Thompson 2015; Elsheikha et al. 2018; Bhat et al. 2023; Marcelino et al. 2023); varios de éstos también encontrados en monos caí. Los registros de parásitos con potencial zoonótico tanto en animales domésticos como en silvestres toma relevancia en la región ya que diversos estudios en poblaciones humanas de Misiones han detectado prevalencias altas de parásitos gastrointestinales tales como *Trichuris trichura, Trichuris vulpis, Ascaris lumbricoides, Strongyloides stercolaris, Hymenolepis nana, Giardia intestinalis, Entamoeba histolytica*, entre otros (Navone et al. 2006; Gamboa et al. 2009; Juárez & Rajala 2013; Candela et al.

2021; Zonta et al. 2022). Además, en particular en el área de estudio, un trabajo realizado en la localidad de Andresito (localidad en la cual se ubican los sitios PA, YL, RUA y COR), el 40% de las consultas médicas se deben a afecciones intestinales, producidas principalmente por parásitos gastrointestinales (Moreau 2009; Arrabal 2021).

Existe un número considerable de especies parásitas compartidas entre humanos y perros domésticos (Morand et al. 2014). En esta tesis, de los nueve taxones parasitarios encontrados en perros, ocho tienen potencial zoonótico. Un alto porcentaje de perros (73%) consumen alimento preparado por sus dueños. En esas preparaciones pueden llegar a incluir restos de carne de faena, que en algunos casos se trata de carne de animales silvestres. Asimismo, entre los entrevistados el 76% acostumbra a tener a sus perros libres con la posibilidad de ingresar en las áreas de bosque nativo y afirman que sus perros han tenido contacto con los monos. Estos factores aumentan el potencial intercambio de parásitos entre monos y perros y podrían explicar el alto número de taxones parasitarios compartidos entre estas especies. Por otro lado, cuatro de los cinco taxones parasitarios compartidos entre monos caí y perros tienen potencial zoonótico. Si bien *Ancylostoma* sp, y *Toxocara* sp. se encontraron únicamente en perros, junto con aquellos taxones compartidos con monos caí, podrían indicar un riesgo de transmisión cruzada.

Los taxones *Strongyloides* y Coccidia no solo están presentes en los tres hospedadores analizados, sino que además se los registró en todos los sitios de estudio. *Strongyloides* sp. fue el taxón con mayor frecuencia parasitaria tanto en monos caí como en ganado vacuno (16.5 y 48.3%, respectivamente), seguido por Coccidia el cual fue el segundo taxon más frecuente en las tres especies hospedadoras. En el caso de *Strongyloides* sp. fue detectado en ganado vacuno, cerdos y caballos (Vanderhoeven 2020), perros y carnívoros silvestres (*Leopardus guttulus*, *L. pardalis* y *Herpailurus yagouaroundi*) en el norte de la provincia de Misiones (Vanderhoeven 2020; Arrabal 2021). Además, este taxón ha sido reportado tanto en *Macaca fascicularis* y animales domésticos (perros y ganado vacuno) en los alrededores del Parque Kosamphi en Tailandia (Pumipuntu 2018), siendo el parásito de mayor prevalencia tanto en primates como en ganado. Como se mencionó previamente, es necesario avanzar con la identificación específica del parásito hallado en este trabajo para poder determinar si se trata de la misma especie de *Strongyloides* entre ganado, perros y monos caí. Sin embargo, el hecho de haberlo encontrado en los tres hospedadores y en todos los sitios, destaca la relevancia del parásito en el ecosistema y, su posible intercambio de infecciones entre domésticos y silvestres. Además, se han reportado casos en primates en cautiverio que tanto *S. stercolaris* como *S. cebus*

pueden llegar a ocasionar la muerte de los individuos (Mati et al. 2013; Nosková et al. 2023). Por lo que estudiar en particular a ese taxón no solo toma relevancia para la salud pública sino también para la conservación de los monos caí. Por otro lado, si bien los coccidios se registraron en los tres hospedadores analizados, éste es un taxón diverso. Los coccidios usualmente son especie específico y específicas para una región (Lindsay & Kenneth 1993; Duszynski et al. 1999). Por lo que, aunque haya sido un taxón descripto en las tres especies hospedadoras, es probable que se traten de especies diferentes. Como se mencionó previamente, para su correcta identificación es necesario observar estructuras internas del quiste que no fueron posibles en este trabajo.

Cuando se analizó la composición de las comunidades parasitarias de las tres especies hospedadoras y los sitios de estudio, el análisis de redundancia mostró que la presencia de los taxones Coccidia y *Strongyloides* sp. tienen una mayor influencia por la presencia del ganado vacuno, en especial en el sitio PN, y en menor medida SA y PA. Es importante mencionar que, a pesar del alto número de taxones parasitarios compartidos entre los hospedadores, el RDA mostró una diferenciación entre las comunidades parasitarias provenientes de animales domésticos y los monos caí. Sin embargo, también resulta importante de tener en cuenta que, en la diferenciación entre hospedadores, taxones parasitarios tales como *Buxtonella* sp., *Capillaria* sp., *Entamoeba* sp., entre otros, muestran una posible superposición entre los hospedadores. Este patrón resalta la importancia de considerar los efectos de la fragmentación del hábitat y la antropización en la dinámica de los parásitos.

3.6.3 Prácticas antrópicas y manejo sanitario de animales domésticos: implicancias para la salud del mono caí

Un alto porcentaje (62%) de los entrevistados ingresan en las áreas naturales para actividades recreativas, caza de animales silvestres, colecta de frutos nativos o tala selectiva de árboles nativos. En muchos casos, acompañados por sus perros (observación personal). Estas prácticas, en su mayoría culturales, generan que el contacto entre monos y humanos sea mayor y, por lo tanto, exista mayor riesgo de que ocurran eventos de *spillover*. En áreas antropizadas, los monos capuchinos deben bajar a suelo para moverse entre fragmentos de bosque o cruzar caminos (Waga et al. 2006; Flesher 2015; Porfirio et al. 2017). Estos movimientos los expone al contacto con la materia fecal de animales domésticos que se mueven por las pasturas, o incluso, a materia fecal de humanos que trabajan en el campo (Chaves et al. 2020a;

b, 2024). Además, los monos caí suelen consumir alimentos de los cultivos de maíz, frutales, entre otros (Ludwig et al. 2006; Rímoli et al. 2008a). Y para obtener estos alimentos, los monos a menudo cruzan cultivos y pasturas exponiéndose a perros (observación personal). De esta manera, los monos caí podrían infectarse con parásitos de humanos, animales domésticos u otras especies silvestres. El *spillover* es una amenaza para las especies silvestres vulnerables, porque la presencia constante de reservorios infectados (animales domésticos) mantiene al patógeno en el ambiente (Chaves et al. 2024).

El control sanitario de los animales domésticos cercanos a las áreas silvestres y la concientización de los pobladores son fundamentales para la conservación de animales silvestres. Cuando se consultó acerca del control sanitario de sus animales solo el 29% de los entrevistados con perros reportó haber administrado antiparasitario internos y externos en algún momento, mientras que en el ganado vacuno este porcentaje ascendió al 57%. Sin embargo, se observó que el uso de antiparasitarios en ambas especies no se realiza de manera preventiva, sino reactiva, aplicándose únicamente cuando los animales muestran signos clínicos evidentes, como debilidad, apatía o diarrea. Esta falta de un manejo sanitario con control profesional podría estar relacionada con el elevado porcentaje de ganado vacuno infectado por parásitos gastrointestinales (72.4%). En cuanto a los perros, un 36% presentaba al menos un taxón parasitario. Además, la mayoría de los animales de las casas entrevistadas (76%) acostumbran a tenerlos libres y un alto porcentaje de ellos han tenido contacto con los caí. Nuevamente, esta interacción directa aumenta el riesgo de transmisión de patógenos entre animales domésticos y silvestres (Chaves et al. 2024).

Por lo tanto, la falta de prácticas de manejo sanitario en animales domésticos, sumada a la alta incidencia de parásitos gastrointestinales en estas especies, evidencia un escenario propicio para la persistencia y transmisión de patógenos en el ambiente. Además, el contacto directo entre perros domésticos y monos, motivado por la libre circulación de los primeros, agrava este riesgo. Resulta fundamental implementar estrategias de concientización y control sanitario dirigidas a los pobladores locales, con especial énfasis en la prevención de enfermedades en animales domésticos y la gestión responsable de sus movimientos en áreas cercanas a ambientes naturales. Estas acciones no solo contribuirían a reducir la incidencia de eventos de *spillover*, sino que también reforzarían los esfuerzos de conservación de especies silvestres vulnerables, como los monos caí, y protegerían la salud del ecosistema en general.

3.7 Conclusiones

- Se identificaron 15 taxones parasitarios en *Sapajus nigritus cucullatus* en áreas de interfaz doméstico-silvestre.
- Se reporta por primera vez a los taxones *Entamoeba sp.*, *Buxtonella sp.*, Coccidia, *Capillaria sp.*, *Molineus sp.*, larvas rabditoides y Acantocephala, en *S. n. cucullatus* en Argentina.
- Se encontraron los taxones con potencial zoonótico: *Strongyloides sp.*, *Entamoeba sp.*, *Capillaria* sp., *Trichuris* sp. lo que destaca la necesidad de un monitoreo poblacional en zonas de interfaz doméstico-silvestre a largo plazo.
- La superposición de ambientes utilizados por los monos caí con ganado vacuno y perros, junto con la alta interacción de humanos y sus animales, aumenta el riesgo de transmisión de parásitos entre monos, animales domésticos y humanos.
- El hallazgo de taxones potencialmente compartidos entre monos caí y animales domésticos, como *Strongyloides* sp. y Coccidia, acentúan la importancia de estudiar el potencial *spillover* en ambientes antropizados.
- La baja frecuencia de control sanitario en animales domésticos podría contribuir a la transmisión de parásitos hacia la fauna silvestre. Es fundamental la aplicación de un plan sanitario de educación de los pobladores locales para la conservación de los monos caí y la reducción de riesgos a infección de enfermedades zoonóticas.
- Para la identificación específica y el análisis de potencial zoonótico de parásitos encontrados, se recomienda realizar a futuro estudios moleculares, especialmente para *Strongyloides* sp., *Entamoeba* sp., *Trichuris* sp., *Capillaria* sp., y otros taxones identificados en múltiples especies hospedadoras.

Capítulo 4. Análisis de la relación entre la parásito-hospedador-ambiente en el contexto de antropización

4.1 Introducción

Las asociaciones parásito-hospedador actuales son el resultado de interacciones antagónicas, cuya coevolución ha dado lugar a adaptaciones recíprocas que permiten a los parásitos explotar características biológicas específicas de sus hospedadores para asegurar su transmisión, supervivencia y el mantenimiento de las poblaciones (Timi & Poulin 2020). Como consecuencia, los parásitos pueden influir en la biología de sus hospedadores de diversas maneras y en diferentes niveles (Scott 1988; Hudson et al. 1995). Imponen demandas energéticas a los hospedadores individuales y pueden afectar su morfología, fecundidad, reproducción, comportamiento y supervivencia (Daszak et al. 2000; Harvell 2004; Marcogliese 2004), lo cual puede llevar incluso a declives en las poblaciones de hospedadores (Daszak et al. 2000; Harvell 2004). La estructura y composición de las comunidades parasitarias pueden ser modeladas por diversos factores bióticos y abióticos, como las actividades humanas, la translocación de especies hospedadoras, contaminantes, y otras variables ecológicas relacionadas con el hábitat y las condiciones ambientales (Sapp & Esch 1994; Thieltges et al. 2008; Ibrahim 2012; Muñoz & Castro 2012; Canova et al. 2024).

La ecología de la interacción parásito-hospedador constituye un área de estudio fundamental para la comprensión de las dinámicas de poblaciones animales y salud de los ecosistemas (Marcogliese 2004; Timi & Poulin 2020). De esta manera, resulta importante estudiar los factores que regulan la probabilidad de encuentro entre parásitos y hospedadores, y la transmisión (Nunn & Altizer 2006). La prevalencia y riqueza de parásitos gastrointestinales pueden ser moduladas por una variedad de factores biológicos y del ambiente en el que habitan los hospedadores y parásitos (Gregory et al. 1996; Morand & Poulin 1998; Arneberg 2001; Poulin & Morand 2004; Ezenwa et al. 2006). Entre los índices parasitológicos, la riqueza y la frecuencia parasitaria son buenas métricas para entender cómo los factores ambientales y biológicos influyen en la estructura y dinámica de las comunidades de parásitos (Bush et al. 1997; Poulin 1998).

Como se mencionó en el capítulo 1, los factores biológicos, como el sexo y la edad de los individuos hospedadores, han demostrado tener resultados variados en la dinámica de las infecciones parasitarias (Wilson et al. 2002; Nunn & Altizer 2006). En general se ha observado que los machos de muchas especies de vertebrados suelen presentar una mayor tasa de infección y riqueza parasitaria que las hembras (Poulin 1996), probablemente debido a diferencias en el comportamiento, mayor consumo de ítems alimenticios (aumentando así la probabilidad de encuentro con estadios infectivos parasitarios) y diferencias en la fisiología inmunológica relacionado a la inmunosupresión vinculada a la testosterona (Zuk & McKean 1996; Roberts et al. 2004; Nunn & Altizer 2006; Benavides et al. 2012). Además, los machos suelen participar en comportamientos de mayor riesgo, como interacciones agresivas o territoriales, que pueden aumentar su exposición a patógenos (Zuk & McKean 1996). Por ejemplo, en chimpancés silvestres (*Pan troglodytes*), se ha observado que los machos con mayor rango de dominancia presentan niveles más altos de testosterona y una mayor riqueza de helmintos intestinales, lo que sugiere un costo fisiológico asociado a la jerarquía social (Muehlenbein & Watts 2010). De manera similar, se ha visto en babuinos (*Papio ursinus*) que los machos presentaban una mayor prevalencia de infecciones del nematode *Physaloptera caucasica*, que podría deberse principalmente a diferencias en el consumo de hospederos intermedio con respecto a las hembras (Pettifer 1984; Habig et al. 2019). En otra especie de babuinos (*Papio cynocephalus*), se ha encontrado que los machos presentan mayores prevalencias de infecciones por nematodos gastrointestinales en comparación con las hembras debido al efecto inmunosupresor de la testosterona (Hausfater & Watson 1976). En lémures de frente roja (*Eulemur fulvus rufus*) encontraron resultados similares, donde los machos presentaron mayor prevalencia del nematode *Lemuricola vauceli* que las hembras (Clough 2009). En primates platirrinos, si bien no se encontraron muchos trabajos que analicen la dinámica parasitaria en relación al sexo del hospedador, los resultados de aquellos que sí lo analizan, son heterogéneos. Por ejemplo, un trabajo realizado en Colombia con *Sapajus apella*, encontraron que, en general, las hembras presentan mayor prevalencia parasitaria que los machos, sin embargo, parásitos como Strongyloididae tienen mayor prevalencia en machos que en hembras (Zúñiga Rosales 2017). Por otro lado, trabajos realizados en monos aulladores (*Alouatta caraya*) de Argentina (Alegre et al. 2021), tamarinos calvos (*Sanguinus bicolor*) de Brasil (Gomes 2019) y monos capuchinos (*Cebus capucinus* y *Cebus imitator),* aullador negro *(Alouatta palliata),* araña de Geoffroy *(Ateles geoffroyi)* y ardilla centroamericana *(Saimiri oerstedii)* de Costa Rica (Parr et al. 2013b; Niehaus et al. 2020), no encontraron diferencias entre los grupos parasitarios analizados y el sexo del hospedador. Sin embargo, en *Sapajus nigritus cucullatus*, los machos suelen

dispersar de sus grupos natales, mientras que las hembras son generalmente filopátricas (es decir, suelen permanecer en sus grupos natales). Aunque las hembras pueden cambiar de grupo, especialmente cuando hay una división de grupos o un cambio en el macho dominante (Di Bitetti & Janson 2001). Este patrón de dispersión podría influir en la estructura de la comunidad parasitaria, ya que los machos, al tener que dispersar a nuevas áreas fuera del rango de acción de su grupo natal, podrían tener mayor exposición a parásitos, lo que afectaría la prevalencia y composición de los parásitos en la población.

La edad del hospedador es otro factor importante que puede influir en la estructura de la comunidad parasitaria. Los individuos adultos, debido a su mayor exposición acumulada a lo largo de la vida y a cambios en la inmunocompetencia, tienden a tener una mayor prevalencia y diversidad de parásitos en comparación con los individuos juveniles (Phillips et al. 2004; Pedersen et al. 2007; Parr et al. 2013c; Akinyi et al. 2019; Petrželková et al. 2021). Por ejemplo, en monos capuchinos cara blanca (*Cebus capucinus*), se encontró que los individuos más longevos tienen mayor probabilidad de estar infectados con *Filariopsis barretoi* y presentan mayor riqueza de especies parasitarias (Parr et al. 2013a). Esto podría deberse a diferencias en el comportamiento y fisiológicas de los monos según su edad y diferencias en exposición prolongada a numerosas especies de parásitos en los adultos con respecto a los juveniles (Parr et al. 2013a). Resultados similares se han observado en otras especies de primates platirrinos como *Leontocebus weddelli*, *Sanguinus imperator* y *Sapajus apella*, donde los individuos adultos presentaron mayores prevalencias de parásitos gastrointestinales que los individuos juveniles (Phillips et al. 2004; Erkenswick et al. 2017; Zúñiga Rosales 2017).

Por otro lado, aunque muchos de los parásitos gastrointestinales son endoparásitos obligados, dependen del ambiente externo para completar su ciclo de vida y transmisión (Stromberg 1997; Bush 2001; Brooker & Clements 2009; Poulin 2011). Los cambios en las condiciones climáticas a lo largo del año, como la temperatura y la humedad, pueden afectar tanto la supervivencia de los parásitos en el ambiente como el comportamiento de los hospedadores que modulan la transmisión de los parásitos (Altizer et al. 2003). Generalmente, se observa una mayor prevalencia y riqueza de parásitos durante las estaciones más cálidas, cuando las condiciones favorecen la supervivencia de los estadios infecciosos de los parásitos en el ambiente y los hospedadores exhiben comportamientos que aumentan el riesgo de transmisión (Stromberg 1997; Bush 2001; Bates et al. 2010; Martinez & Merino 2011). Por ejemplo, en poblaciones silvestres de muriquis (*Brachyteles arachnoides*), y aulladores (*Alouatta fusca*) de Brasil, encontraron que los primates en ambientes

con mayor humedad y precipitación anual presentaban mayor prevalencia y riqueza parasitaria (Stuart 1993). Adicionalmente, un trabajo realizado en *Alouatta pigra* encontraron que durante la estación de lluvias en Brasil, los individuos presentaron un incremento en la riqueza y prevalencia parasitaria en los meses cercanos al fin del a estación de lluvias (Martínez-Mota et al. 2017); y en México un trabajo realizado con *Alouatta palliata* encontró resultados similares, en los cuales, los individuos presentaron mayor prevalencia parasitaria durante las estaciones húmedas (Valdespino et al. 2010). Por lo tanto, para entender las interacciones entre hospedadores y parásitos, es esencial considerar tanto los factores intrínsecos del hospedador como los extrínsecos del ambiente.

Adicionalmente, los ecosistemas actuales se enfrentan a cambios rápidos y significativos debido a la influencia humana, particularmente a través de la fragmentación del hábitat, modificación y degradación de los ambientes naturales. La fragmentación del hábitat altera los patrones de movimiento y las interacciones entre los hospedadores y sus parásitos. En los ambientes fragmentados por acción antrópica los individuos hospedadores tienden a aumentar el estrés fisiológico y comportamental y modificar la disponibilidad de recursos, lo que puede contribuir a un aumento de la prevalencia y riqueza parasitaria (Chapman et al. 2005; Gillespie & Chapman 2008; Brearley et al. 2013). En los capuchinos (*Sapajus* y *Cebus*), se han realizado algunos estudios parasitológicos que analizan la relación parásito-hospedador y el efecto de la fragmentación del hábitat (Chinchilla et al. 2010; Pires et al. 2012; Silva et al. 2013; Bueno et al. 2017; Martin-Solano et al. 2017; Niehaus et al. 2020). Por ejemplo, Martin-Solano et al. (2017) analizaron la comunidad parasitaria de *Cebus albifrons* en Ecuador, estudiando un total de 26 individuos pertenecientes a dos grupos (uno silvestre y uno en cautiverio) durante 22 meses, según su sexo y edad. Si bien no hallaron diferencias significativas en ninguna de las poblaciones estudiadas, los autores reportan una alta prevalencia del nematode *Strongyloides sp.* (93%) en la población silvestre, la cual atribuyen a las condiciones de alta humedad ambiental. Por otro lado, Niehaus et al. (2020) analizaron la exposición de diferentes especies de primates de Costa Rica (*Cebus imitator*, *Alouatta palliata*, *Ateles geoffroyi* y *Saimiri oerstedii*) a *Toxoplasma gondii*. El estudio incluye un total de 245 muestras de suero recolectadas entre 2000 y 2015, de las cuales 198 provienen de individuos silvestres y 47 de cautiverio. La prevalencia general encontrada fue del 11.6% en los individuos silvestres y del 59.6% en cautiverio. Los resultados mostraron que en *A. palliata*, la prevalencia se asoció positivamente con la cobertura forestal y negativamente con la precipitación anual, mientras que en *C. imitator* los autores encontraron una asociación negativa entre la prevalencia y la

precipitación anual. En *A. palliata*, el incremento en la cobertura forestal aumentó significativamente la prevalencia, mientras que precipitaciones mayores se relacionaron con una menor exposición al parásito, y en *C. imitator*, el efecto de la precipitación fue incluso más marcado, destacando que esta especie parásita parece ser más vulnerable en áreas con menor disponibilidad de agua. Estas diferencias entre especies hospedadoras podrían ser explicadas por sus características de comportamiento y dieta. Mientras los monos aulladores (*A. palliata*) son principalmente folívoros y rara vez descienden al suelo, los capuchinos (*C. imitator*) tienen una dieta más omnívora y frecuentemente buscan alimento en el suelo, donde están expuestos al consumo de ooquistes de *T. gondii* por medio de la depredación de invertebrados y a quistes en tejidos de vertebrados infectados. Esto explicaría la mayor exposición de los capuchinos al parásito en comparación con los aulladores, destacando cómo las diferencias ecológicas entre las especies influyen en su riesgo de infección.

Comprender cómo las interacciones entre los factores biológicos del hospedador y las características del ambiente afectan la dinámica parasitaria es crucial para la conservación y monitoreo de poblaciones silvestres de *Sapajus nigritus cucullatus*. Este conocimiento puede servir de base para diseñar estrategias para mitigar los impactos negativos de la fragmentación del hábitat y contribuyan a una gestión más efectiva de la biodiversidad en paisajes fragmentados y antropizados (Bradley & Altizer 2007; Estrada et al. 2012; Brearley et al. 2013). Además, puede proporcionar información tanto sobre la ecología y evolución de las interacciones hospedador-parásito, como sobre la manera en que las especies silvestres responden a los cambios de un ambiente antropizado.

4.2 Objetivos específicos

- Analizar el efecto del sexo y categoría etaria del hospedador y estaciones del año en la frecuencia y riqueza de parásitos gastrointestinales.
- Determinar mediante índices parasitológicos en forma indirecta el estado de salud de grupos de monos residentes en ambientes de interfaz doméstico-silvestre con diferentes grados de antropización.

4.3 Hipótesis y predicciones

Hipótesis 2. Existen variaciones en la riqueza y frecuencia de parásitos gastrointestinales de *Sapajus nigritus cucullatus* a través de ciclos estacionales.

Predicción 2. Durante las estaciones del año más cálidas y húmedas, los monos caí tendrán mayor frecuencia y riqueza parasitaria.

Hipótesis 3. El comportamiento diferencial entre individuos de diferentes sexos determina diferencias en la estructura y composición de la comunidad parasitaria de *Sapajus nigritus cucullatus*.

Predicción 3. Los individuos machos tendrán mayor frecuencia y riqueza de parásitos que las hembras de *S. n. cucullatus*.

Hipótesis 4. La edad de los individuos influye en la estructura y composición de la comunidad parasitaria asociada.

Predicción 4. Los individuos adultos tendrán mayor frecuencia y riqueza parasitaria que los juveniles.

Hipótesis 5. Existen variaciones en la frecuencia y riqueza de parásitos gastrointestinales con relación al grado de fragmentación y antropización del hábitat.

Predicción 5. La prevalencia y la riqueza de parásitos gastrointestinales será mayor en el ambiente con mayor fragmentación antrópica, y menor en ambientes continuos y conservados.

4.4 Métodos

Los análisis estadísticos para evaluar la influencia del ambiente y características del hospedador en la dinámica de la comunidad parasitaria gastrointestinal de *Sapajus nigritus cucullatus* se utilizaron únicamente los datos de los grupos Punga y Cabañas (ver Anexo III para características de los grupos), ya que la información del hospedador y del ambiente fue tomada para los sitios Corredor Biológico (COR) y Yacutinga Lodge (YL). La toma de muestras se realizó desde el mayo del 2019 hasta octubre del 2021 (Figura 4.1).

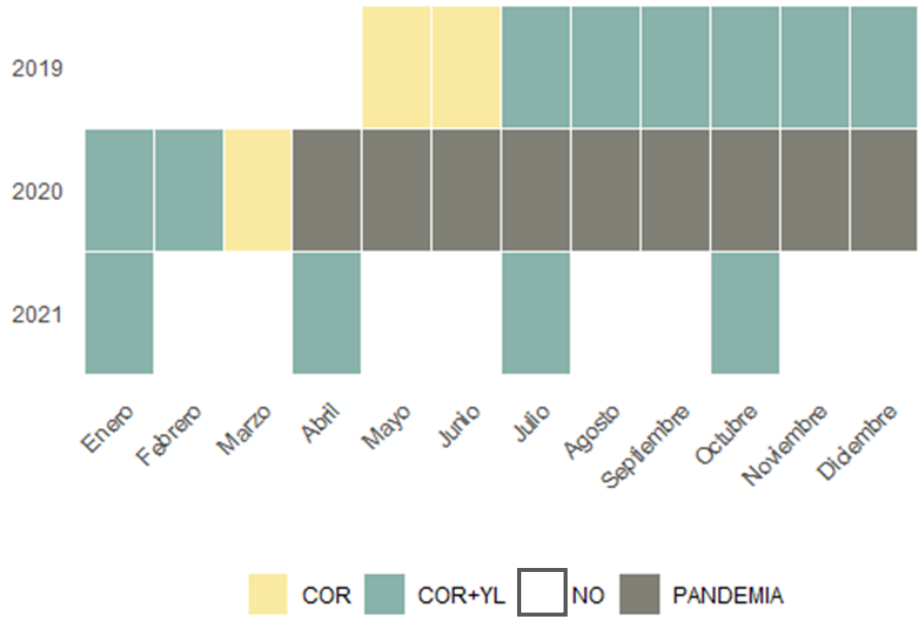


Figura 4.1. Cronograma de muestreos en los sitios Corredor Biológico Uruguaí-Foerster (COR) y Yacutinga Lodge (YL).

Además, debido a la presencia de muestras colectadas sin información (NAs) correspondiente a las variables de Sexo (Hembra/Macho) y Categoría etaria (Edad: Juvenil/Adulto) del hospedador, se realizaron dos tipos de modelos. Por un lado, para el análisis de sexo y edad se calculó el porcentaje de NAs y se usó la base de datos sin imputar, teniendo en cuenta que todas aquellas muestras con NAs, se eliminarían del análisis. Esta decisión de no imputación se tomó en base a si el porcentaje de NAs superaba el 25%, la imputación podría ser inexacta y afectar la

validez del análisis (Lodder 2013). Es importante de mencionar, que la cantidad de muestras sin datos completos de características del hospedador se debió a la dificultad de asociar una materia fecal a un determinado individuo en grupos que estaban en proceso de acostumbramiento (Etapa I) o porque fueron colectadas con la ayuda de la perra (Etapa II). Por otro lado, debido a que las variables ambientales no presentaban NAs, fueron analizadas en modelos separados a Sexo y Edad, con la base de datos completa.

Se realizaron Modelos Lineales Generalizados Mixtos (GLMMs) en los cuales se utilizó la Frecuencia (FP) y Riqueza (RP) parasitarias como variables respuestas (VR). Todos los modelos se compararon con el modelo nulo (la variable no explica la frecuencia o riqueza parasitaria) mediane la prueba de cociente de verosimilitud que sigue una distribución $\chi 2$ (LRT: Likelihood ratio test; Zuur et al., 2009). Se calculó la devianza y los Criterios de Información de Akaike (AIC, por sus siglas en inglés). El AIC es un índice que evalúa tanto el ajuste del modelo a los datos como la complejidad del modelo. Cuanto más pequeño es el AIC mejor es el ajuste (Zuur et al. 2009). Cuando más de un modelo fue significativo para la misma variable respuesta, se seleccionó el modelo de menor AIC. Para los modelos seleccionados y estadísticamente significativos ($p<0.05$) se realizaron las pruebas a posteriori de Tukey.

4.4.1 Análisis de la relación entre la comunidad parasitaria y características del hospedador

Para el análisis de la relación entre la comunidad parasitaria y características del hospedador se realizaron GLMMs con las variables independientes Sexo y Edad en interacción. Debido a que se tomaron múltiples muestras de un mismo grupo de monos caí, se utilizó como variable de efecto aleatorio la variable Grupo (variable categórica de dos niveles: Punga y Cabañas). Ya que las muestras fueron tomadas en diferentes meses durante todo el período de muestreo, se adicionó como variable aleatoria anidada Mes (variable categórica de 12 niveles) y Año (variable categórica de tres niveles).

Además, se realizaron GLMMs para cada uno de los taxones parasitarios hallados en los monos caí, utilizando como VR la información de presencia o ausencia de dicho taxón en cada una de las muestras. Se excluyó del análisis a aquellos taxones considerados como "raros", que aparecieron en menos de cinco muestras del

total analizado. Esto se realizó para evitar pérdida de robustez de los modelos por la baja frecuencia de aparición de los taxones y generar resultados sesgados. De esa manera, se excluyeron los taxones: *Trichuris* sp., *Capillaria* sp., Ascaridida, Nematode Indeterminado, Physalopteridae, *Entamoeba* sp., *Buxtonella* sp., *Molineus* sp., Subuluridae y Acantocephala.

Denominación de los modelos:

VR ~ Sexo * Edad + (1| Grupo) + (1| Año/Mes)
VR ~ Sexo + Edad + (1| Grupo) + (1| Año/Mes)
VR ~ Sexo + (1| Grupo) + (1| Año/Mes)
VR ~ Edad + (1| Grupo) + (1| Año/Mes)
VR ~ 1 + (1| Grupo) + (1| Año/Mes)

4.4.2 Análisis de la relación entre la comunidad parasitaria y el ambiente

Para el análisis de la relación entre la comunidad parasitaria y características del ambiente se realizaron GLMM con las siguientes variables independientes:

- **Temporada**: Cuatro categorías correspondientes a cada estación del año (Cuatro estaciones: Verano: Enero-Marzo; Otoño: Abril-Junio; Invierno: Julio-Septiembre; Primavera: Octubre-Diciembre).
- **Humedad** (%): Humedad relativa a 2 metros de altura del suelo (hmed).
- **Temperatura media** (°C): Temperatura media a 2 metros de altura del suelo (tmed).
- **Precipitación** (mm): Precipitación en milímetros por día. (precip)
- **SPEI**: El Índice de Precipitación Estandarizado Evaporativo (SPEI) es un índice que combina información sobre la precipitación y la demanda de evapotranspiración. Este índice tiene en cuenta no solo la cantidad de agua disponible debido a la lluvia, sino también las pérdidas por evaporación, lo que lo hace más sensible a los cambios en el balance hídrico. El SPEI con una escala temporal a 3 meses permite identificar cambios en la disponibilidad de agua en el corto a mediano plazo, permitiendo que el índice sea útil para evaluar períodos húmedos o secos de manera estacional. El SPEI tiene un rango de valores desde (-3) a (+3). Si en un período temporal, la precipitación acumulada es menor que la evapotranspiración, el SPEI será negativo, indicando condiciones de sequía. Si la precipitación supera la evapotranspiración, el SPEI será positivo, indicando condiciones húmedas (Vicente-Serrano et al. 2010; Beguería et al. 2014; Hartig & Lohse 2022).

Los datos de humedad, precipitación y temperatura fueron obtenidos a partir del sistema MERRA-2 de la NASA (Global Modeling And Assimilation Office & Pawson 2015). El SPEI se calculó utilizando el paquete SPEI en R software (Beguería & Vicente-Serrano 2023).

Al igual que en los modelos con características intrínsecas del hospedador, para estos modelos se incluyó las variables Grupo y Mes/Año como variables aleatorias. Como primer paso se realizó un GLMM completo con todas las variables de análisis:

> VR ~ Temporada + SPEI + tmed + hmed + precip + (1| Grupo) + (1| Año/Mes)

Se calculó el valor de inflación de la varianza (VIF) para verificar colinealidad entre variables predictoras (Anexo V). De esa manera, se ajustó el modelo sin la precipitación y temperatura media.

Denominación de los modelos:

> VR ~ Temporada + SPEI + hmed + (1 | Grupo) + (1 | Año/Mes)
> VR ~ Temporada + SPEI + (1 | Grupo) + (1 | Año/Mes)
> VR ~ Temporada + hmed + (1 | Grupo) + (1 | Año/Mes)
> VR ~ SPEI + hmed + (1 | Grupo) + (1 | Año/Mes)
> VR ~ Temporada + (1 | Grupo) + (1 | Año/Mes)
> VR ~ SPEI + (1 | Grupo) + (1 | Año/Mes)
> VR ~ hmed + (1 | Grupo) + (1 | Año/Mes)
> VR ~ 1 + (1| Grupo) + (1| Año/Mes)

Se realizaron GLMMs para cada uno de los taxones parasitarios hallados en los caí, utilizando como VR la información de presencia o ausencia de dicho taxón en cada una de las muestras. Con la exclusión de aquellos taxones que estuvieran presentes en menos de cinco muestras del total analizado.

4.4.3 Caracterización de los sitios en base a la fragmentación y antropización

Para analizar el estado de salud de las poblaciones silvestres en relación al grado de antropización sobre los sitios de estudio, se realizó una caracterización de los sitios en base a métricas e índices de paisaje. Para esto se trabajó con la capa ráster de MapBiomas 2021 de uso del suelo del Bosque Atlántico (Eljall et al. 2022) en el software libre QGIS 3.32 (QGIS Development Team 2024) con el complemento *Landscape ecology Statistics* (por sus siglas en ingles LecoS, en español Estadísticas de ecología del paisaje). LecoS proporciona varias herramientas para el análisis de la ecología del paisaje, incluyendo métricas de fragmentación (Jung 2016).

Para cada sitio se calculó y/o utilizaron las siguientes métricas e índices de paisaje:

- **Proporción del uso de suelo (%)**: Proporción del área total del sitio que está ocupada por una determinada clase de cobertura de suelo (Bosque, Agropecuario, Urbano y Agua). Se calculó como el porcentaje del área que una clase específica en relación con el área total del paisaje (Cardille & Turner 2017).

$$\frac{\textit{Área ocupada por la categoría}}{\textit{Área total del sitio de muestreo}} * 100$$

- **Área total del sitio (ha)**.
- **Longitud de borde de bosque (m)**: Es la longitud total del borde del bosque entre parches o usos de suelo. Esta métrica fue calculada únicamente para estimar la densidad de borde.
- **Densidad de borde de bosque (m/ha)**: La densidad de borde de bosque es la relación entre la longitud de borde y el área total del sitio. Un sitio con alta densidad de borde indicaría una mayor fragmentación y/o heterogeneidad del paisaje (McGarigal & McComb 1995; Hargis et al. 1998).
- **Densidad de Parches (número de parches/100 ha)**: La densidad de Parches es el número de parches de bosque por cada 100 hectáreas (Cardille & Turner 2017). Un área media de parche mayor sugiere menos fragmentación.
- **Índice de Dimensión Fractal**: El índice describe la complejidad de las formas de los parches de cada sitio. Se calculó el índice únicamente para el bosque. Su cálculo es la relación entre el perímetro y el área del parche. Valores cercanos a 1 indican formas simples (circulares), mientras que valores más altos indicarían formas más complejas y con mayores bordes (Milne 1988; Feng & Liu 2015).

- **Área total central o núcleo** (Core Area, ha): El área total central se refiere a la región interna de un parche que se encuentra alejado de los bordes (Gustafson 1998).
- **Índice de cohesión de parches**: Este índice mide la conectividad entre parches de bosque. Valores altos indican que los parches se encuentran conectados y menos fragmentados o aislados (Gustafson 1998).
- **Relación de la forma del parche**: Esta métrica mide la relación entre el perímetro y el área de los parches, para reflejar la complejidad de su forma (Gustafson 1998). Un valor cercano a 1 indica parches con formas compactas y simples, valores altos indican formas irregulares y complejas. Esta métrica se utilizó como complemento del índice de dimensión fractal.
- **Huella humana**: La huella humana se analizó a partir de una capa ráster elaborado por Agostini et al. (2024) que incluye información de diferentes actividades humanas que pueden tener efecto sobre las poblaciones silvestres de primates de Argentina (Figura 4.10). Esta capa fue elaborada a partir de la suma ponderada de las siguientes variables:
  → Densidad de la población humana distribuida por píxel a partir de datos del Censo Nacional de Población y Viviendas 2010 – INDEC (Figura 4.7).
  → Cobertura de bosque, plantaciones forestales, agricultura y pastizales (Figura 4.8).
  → Red vial: Obtenida a partir de datos de *Open Street Maps* (Figura 4.9, *OpenStreetMap contributors* 2017)

  Esta capa toma valores desde 1.7 a 923 y para cada uno de los sitios de calculó el valor medio de huella humana y sus rangos de valores mínimos y máximos. La huella humana se utilizó como variable de efecto de antropización para cada uno de los sitios.

- **Presencia o Ausencia de ganado vacuno.**
- **Presencia o Ausencia de perros domésticos.**

Una vez calculadas las métricas se realizó un Análisis de Componentes Principales (PCA) y un análisis de clúster por K-means para agrupar los sitios de acuerdo con sus características de fragmentación y/o antropización. Todas las variables se normalizaron para garantizar que estuvieran en una escala comparable antes de realizar el PCA y el análisis de agrupamiento. El objetivo del PCA fue reducir la dimensionalidad del conjunto de datos, para facilitar la identificación de patrones en la estructura de las variables. Luego, se realizó un análisis de clúster utilizando el algoritmo K-means con un valor de k = 4. Los clústeres resultantes se

añadieron al conjunto de datos, y los resultados se visualizaron superponiendo los clústeres al gráfico del PCA, asignando colores diferentes a cada clúster.

4.4.4 Relación entre la comunidad parasitaria y el grado de antropización y fragmentación

Se realizaron GLMMs para la FP, RP y la presencia o ausencia de cada uno de los taxones parasitarios como variable respuesta en relación con el grupo perteneciente según el grado de antropización y se incluyó las variables Grupo y Mes/Año como variables aleatorias. Al igual que con los otros modelos, se excluyeron los taxones parasitarios raros. De esta manera, se realizaron modelos para: Coccidia, *Filariopsis* sp., Hymenolepididae, larva Rabditoide, *Strongyloides* sp., *Molineus* sp., *Trichuris* sp., *Capillaria* sp., Ascaridida, Physalopteridae, Subuluridae, Nem indet y *Entamoeba* sp.

Denominación del modelo:

$$\text{VR} \sim \text{Grado de antropización} + (1 \mid \text{Grupo}) + (1 \mid \text{Año/Mes})$$

Todos los análisis estadísticos fueron realizados con el programa RStudio 4.2.2 (R Core Team 2022) con los paquetes *readxd* (Wickham et al. 2023), *ggplot2* (Wickham 2016), *lme4* (Bates et al. 2015), *lmtest* (Hothorn et al. 2022), *GenBinomApps* (Lewitschnig & Lenzi 2024), *ggeffects* (Lüdecke 2018), *DHARMa* (Hartig & Lohse 2022), *devtools* (Wickham et al. 2022), *doBy* (Halekoh 2024), *vegan* (Oksanen et al. 2022), *lubridate* (Grolemund & Wickham 2011), *gridExtra* (Auguie & Antonov 2017), *corrplot* (Taiyun & Viliam 2017), *tidyr* (Wickham et al. 2024), *spei* (Beguería & Vicente-Serrano 2023), y *nasapower* (Sparks 2018).

4.5 Resultados

Se colectaron 131 muestras fecales pertenecientes a los grupos de caí Punga (N=51) y Cabañas (N=80), pertenecientes a los sitios Corredor biológico Uruguaí-Foerster y Yacutinga Lodge, respectivamente (Figura 2.4, Tabla 3.1).

Durante el período de muestreo, la temperatura media ambiental osciló entre 15.1 °C a 30.9 °C, con mínimas desde -1 °C y máximas hasta 39.7 °C. La humedad relativa media fue de 47 a 89% y la precipitación desde 5.3 a 305.9 mm diarios (Figura 4.2). Debido a la cercanía geográfica entre los sitios de muestreo (menos de 30 kms lineales), la información de condiciones ambientales fue la misma en ambos. El índice del SPEI muestra que durante el periodo analizado (2019-2021) ocurrieron varios episodios de sequía, especialmente en 2019 y en los últimos meses de 2021, con algunos episodios húmedos en 2020 y principios de 2021 (Figura 4.3).

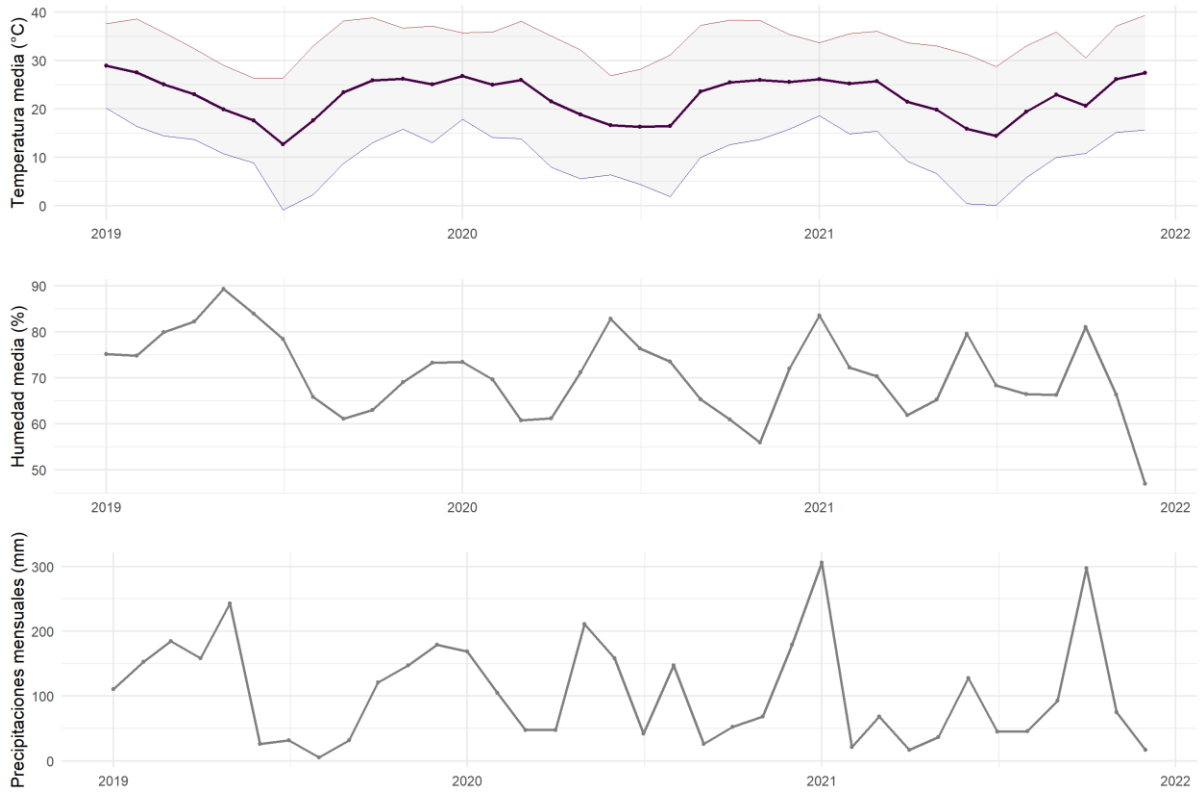


Figura 4.2. Registros mensuales de Temperatura (°C), humedad media (%) y precipitaciones (mm) (de arriba hacia abajo) ocurridas desde enero del 2019 a diciembre 2021.

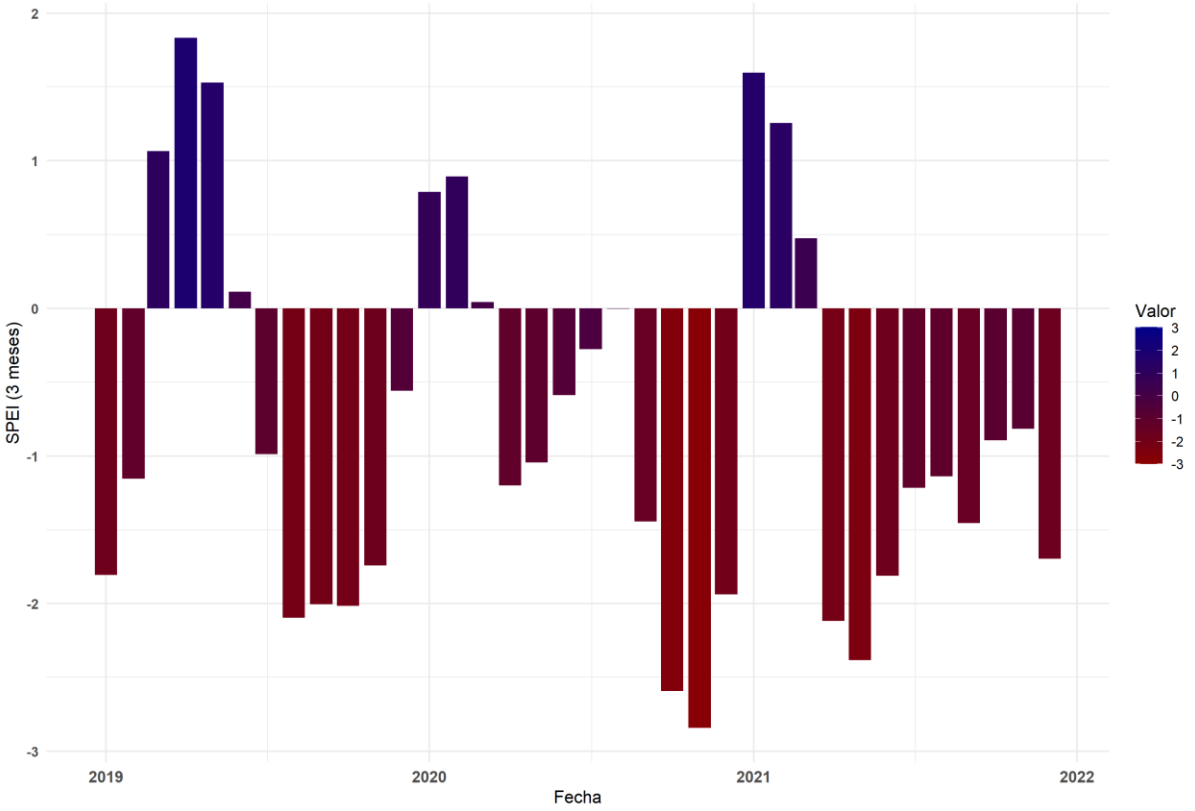


Figura 4.3. Índice de Índice Estandarizado de Precipitación-Evapotranspiración con escala temporal de 3 meses, ocurridas desde enero del 2019 a diciembre 2021. En Azul se presentan los períodos húmedos y en rojo períodos secos. Cada barra representa un mes del año.

4.5.1 Análisis de la relación entre la comunidad parasitaria y características del hospedador

De las 131 muestras colectadas en los grupos Punga (del sitio COR) y Cabañas (del sitio YL), el 73.3% no dispone de información completa sobre el hospedador. Debido al alto porcentaje de datos faltantes, no se imputaron datos y se decidió trabajar únicamente con aquellas muestras de información completa. De esta manera, para evaluar la relación entre la frecuencia y riqueza parasitaria con el sexo y las categorías etarias del hospedador, se trabajó con 52 muestras en total (Tabla 4.1).

Tabla 4.4. Distribución de las muestras de materia fecal de *Sapajus nigritus cucullatus* con información completa del hospedador

	Adulto	**Juvenil**
Hembra	19	12
Macho	14	7

Los modelos realizados mostraron que los individuos no presentaron diferencias significativas tanto en frecuencia como riqueza parasitaria con el Sexo y la Edad del hospedador. Sin embargo, cuando se analizó la frecuencia parasitaria de cada uno de los taxones parasitarios de monos caí, se encontró que la edad del hospedador influye en la frecuencia de *Filariopsis* sp. (p=0.01, AIC: 35.9, AIC_{nulo}: 39.9) e Hymenolepididae (p=0.05, AIC: 50.3, AIC_{nulo}: 51.9). Ambos parásitos presentaron mayor frecuencia parasitaria en los individuos adultos que en los juveniles (Figura 4.4). El sexo no fue significativo para ninguno de los taxones parasitarios analizados.

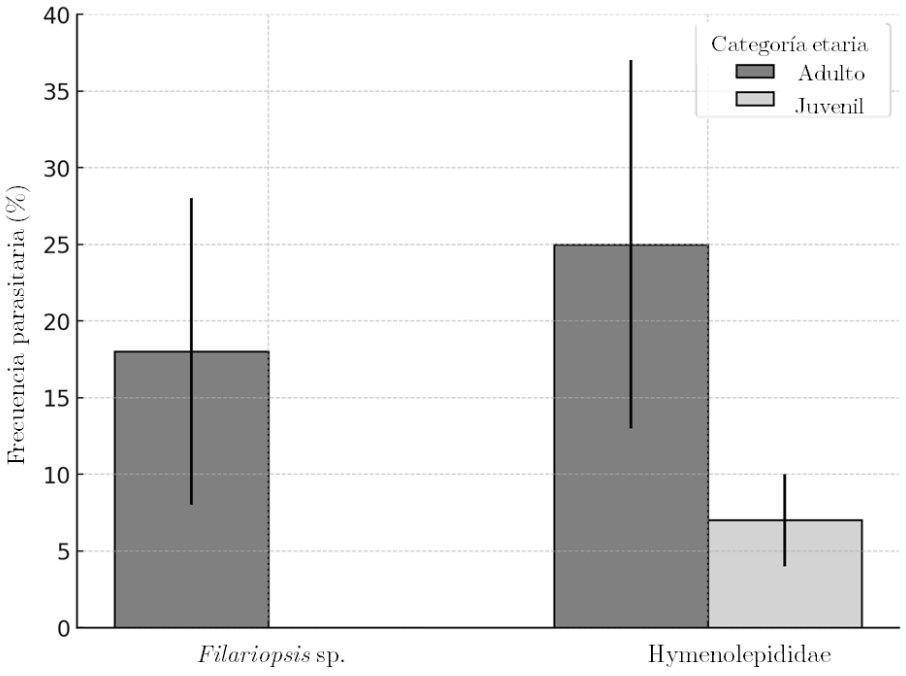


Figura 4.4. Modelos lineales generalizados mixtos estadísticamente significativos: Frecuencia parasitaria de *Filariopsis* sp. e Hymenolepididae en relación a la categoría etaria del hospedador.

4.5.2 Análisis de la relación entre la comunidad parasitaria y características del ambiente

Para analizar la relación entre las características ambientales y la comunidad parasitaria, se realizaron GLMMs con la base de datos completa ($N_{muestral}$=131, correspondientes a los grupos "Punga" y "Cabañas", Tabla 3.1) para cada una de las variables respuesta (FP, RP, y cada uno de los taxones parasitarios hallados). Tanto la frecuencia (p=0.02, AIC: 183.56, AICnulo: 186.68) como la riqueza parasitaria (p=0.04, AIC: 234.62, AIC_{nulo}: 326.07) aumentaron con el incremento del SPEI (Figura 4.5). Además, se observó un aumento de la probabilidad de ocurrencia de *Strongyloides* sp. (p= 0.03, AIC: 121.98, AIC_{nulo}: 124.43) con el incremento del SPEI (Figura 4.6 C). Por otro lado, Rabditoide (p= 0.01, AIC: 114.86, AIC_{nulo}: 125.72) e Hymenolepididae (p=0.04, AIC: 139.7, AIC_{nulo}: 141.9) mostraron relaciones significativas y opuestas en la probabilidad de ocurrencia de dichos taxones con respecto a la humedad relativa media (Figura 4.6 A-B).

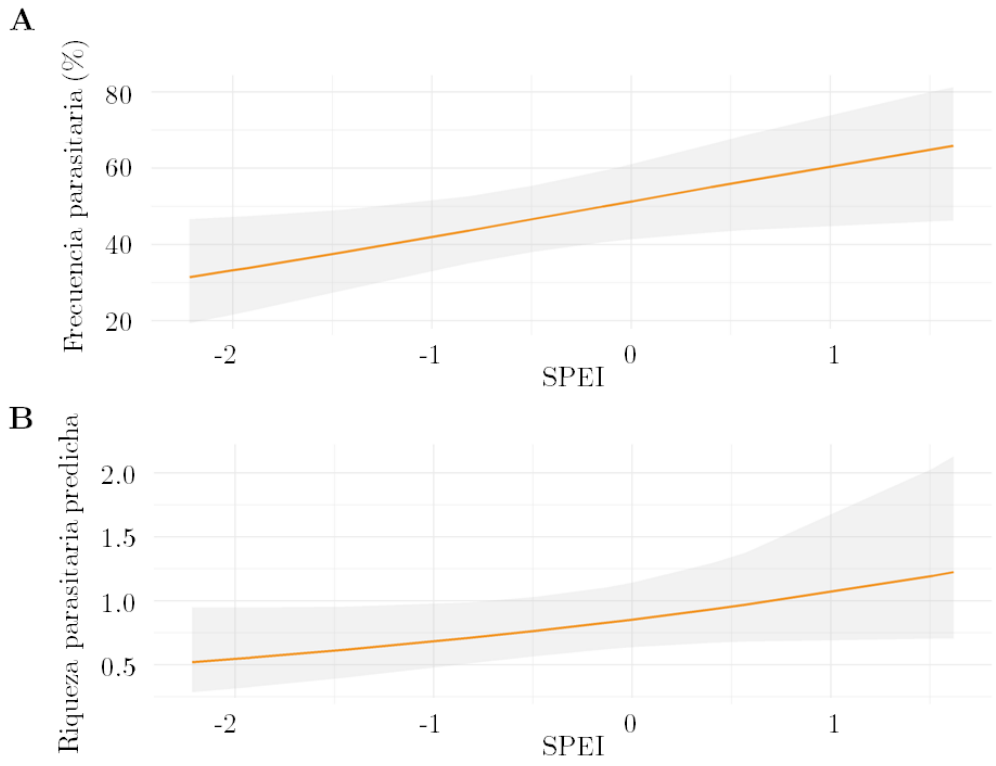


Figura 4.5. Modelos lineales generalizados mixtos estadísticamente significativos: Frecuencia parasitaria (%) y Riqueza parasitaria total en relación con el SPEI.

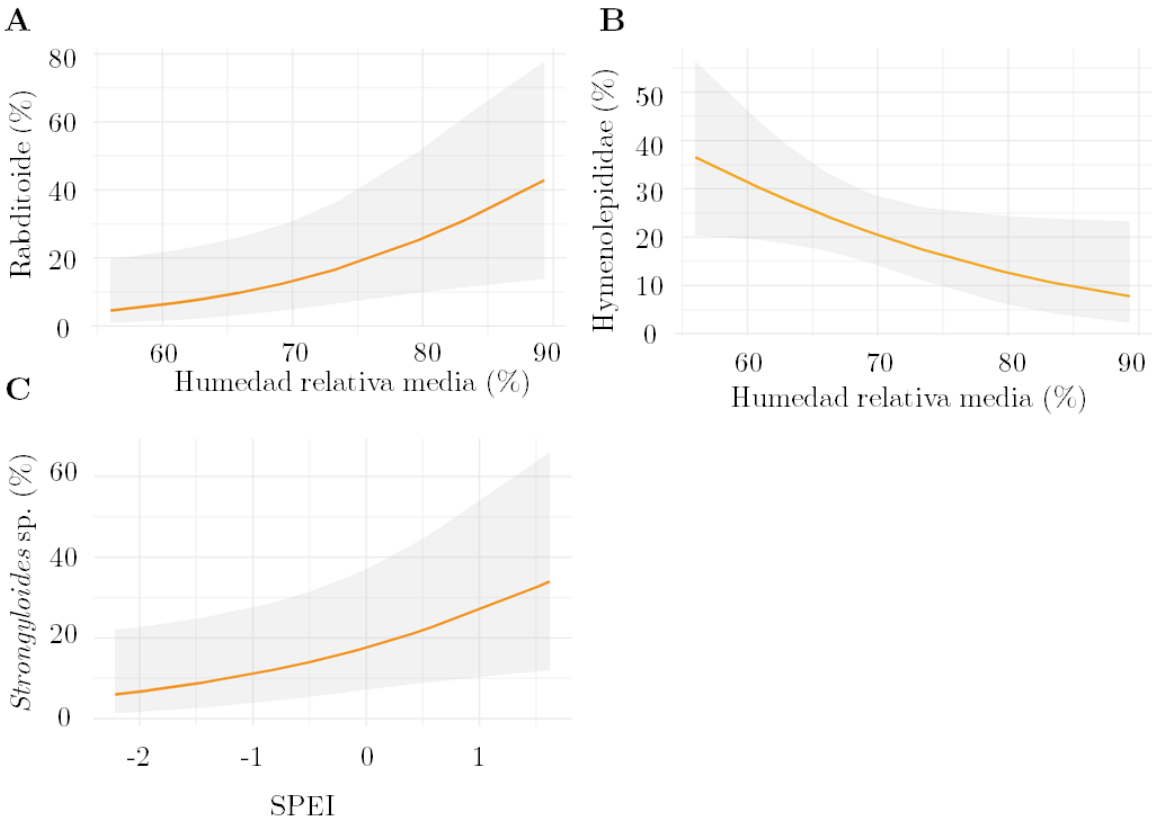


Figura 4.6. Modelos lineales generalizados mixtos estadísticamente significativos. A-B: Frecuencia parasitaria (%) de larvas Rabditoide e Hymenolepididae en relación con la humedad relativa media (%). C: Frecuencia parasitaria de *Strongyloides* sp. en relación con el SPEI.

4.5.3 Caracterización de los sitios en base a índices y métricas de fragmentación y antropización

Los sitios de estudio presentan variaciones en cuanto a la proporción de cobertura de suelo (bosque nativo, usos agropecuarios, urbanos y forestales), así como en sus características utilizadas para analizar la fragmentación del ambiente (Tabla 4.2). Los sitios PA, YL, y SA presentan una mayor proporción de bosque nativo (≥ 70%), en contraste con RUA, COR y PN, que registraron menores proporciones debido a su uso para la urbanización o actividades agropecuarias. RUA fue el único sitio con una proporción alta (≥ 25%) de urbanización (Figura 4.8). Si bien la densidad de parches fue mayor en RUA y COR (1.43E-06 y 1.77E-06 parches/100 ha, respectivamente), en general fue baja en todos los sitios, pero SA y PA presentan tamaños medios de parches mayores con respecto a los demás sitios.

Por otro lado, el índice de cohesión de parches fue similar entre todos los sitios, con valores inferior en PN y RUA, lo que indica una menor conectividad del bosque. Además, el índice de dimensión fractal mostró una mayor complejidad de formas en PN, alcanzando un valor de 1.18, lo que muestra una mayor fragmentación de los parches del bosque.

La huella humana (Figura 4.10) promedio varió entre los sitios de estudio, con valores más bajos en PA (111) y más altos en RUA (379), indicando la mayor influencia de actividades humanas intensivas en este último. Los sitios con huellas humanas más altas suelen estar caracterizados por actividades de urbanización o agrícola intensiva. Además, se observó la presencia de ganado vacuno en cuatro de los seis sitios, mientras que la presencia de perros domésticos fue común en la mayoría de los sitios, con excepción de PN.

A partir del análisis de componentes principales, en el *biplot* (Figura 4.11) se visualiza la dirección y magnitud de la influencia de cada variable sobre los componentes principales. Los componentes 1 y 2 capturan el 74.75% de la variabilidad total en los datos, que explicaron el 45.48% y el 29.27% de la variabilidad total, respectivamente. Se observa que el Componente principal 1 (PC1) separa a los sitios principalmente por las variables la Cohesión de parches, el Área núcleo, el Tamaño de los sitios, el área media de los parches y la cobertura de bosque. Por otro lado, el Componente principal 2 (PC2) separa a los sitios por las variables como la dimensión fractal, la presencia de perros, la forma del parche, la densidad de bordes, el porcentaje de urbanización y la huella urbana. De esta manera, la mayor variabilidad de los sitios se da principalmente por la estructura, la cohesión y tamaño del paisaje, pero también por la influencia de variables asociadas a la fragmentación y a la presión de actividades antrópicas.

Por otro lado, del análisis de agrupación el clúster 1 agrupó únicamente a PN. Este sitio, que muestra una separación respecto a otros grupos por tener mayores valores de del índice de dimensión fractal, es decir, que el bosque de PN presenta una forma más compleja que el resto de los sitios, así como una mayor densidad de borde, lo que indica un nivel de fragmentación elevado, aunque mantiene una baja presencia de áreas urbanas y huella humana. El sitio RUA se agrupó de manera aislada en el clúster 2, ubicado hacia el extremo positivo del CP1 y negativo del CP2, lo cual sugiere una configuración espacial y de uso de suelo distinta al clúster 1, caracterizada principalmente por su alta proporción de áreas urbanas y una mayor intensidad de la huella humana.

Según la distribución en el espacio PCA, es posible inferir que los sitios en el clúster 3 presentan una combinación de factores moderados de presión humana y complejidad espacial que la diferencia de los sitios en los clústeres 2 y 4. En el *biplot* (Figura 4.12), estos sitios están alineados con variables que no ejercen un peso alto en ninguna dimensión. Esto podría interpretarse como una configuración de paisaje natural, donde la influencia humana es menos marcada en comparación con clústeres como el 1 o el 2, pero donde aún se observa cierto grado de intervención, posiblemente reflejado en variables como el área urbana o la cohesión de parches. En contraste, los sitios SA y PA pertenecen al clúster 4, que agrupa paisajes caracterizados por una mayor cohesión de parches, mayor área núcleo, parches más grandes y alto porcentaje de bosque, atributos que denotan una configuración más natural y menos impactada por el desarrollo antrópico. De esta manera, se asignó a los clústeres 1 (PN) y 2 (RUA) como aquellos con mayor grado de antropización. Por un lado, el clúster 1 por fragmentación y actividad ganadera, y el clúster 2 por presentar mayor huella humana y urbanización que el resto de los sitios.

El clúster 3, se lo consideró como un grado intermedio de fragmentación y antropización, ya que presenta valores intermedios de diferentes métricas tanto para antropización como fragmentación del ambiente, manteniendo además algunas características de bosques naturales continuos. Por último, el clúster 4, representa el extremo menos fragmentado, caracterizado por grandes parches de bosque y baja intervención humana.

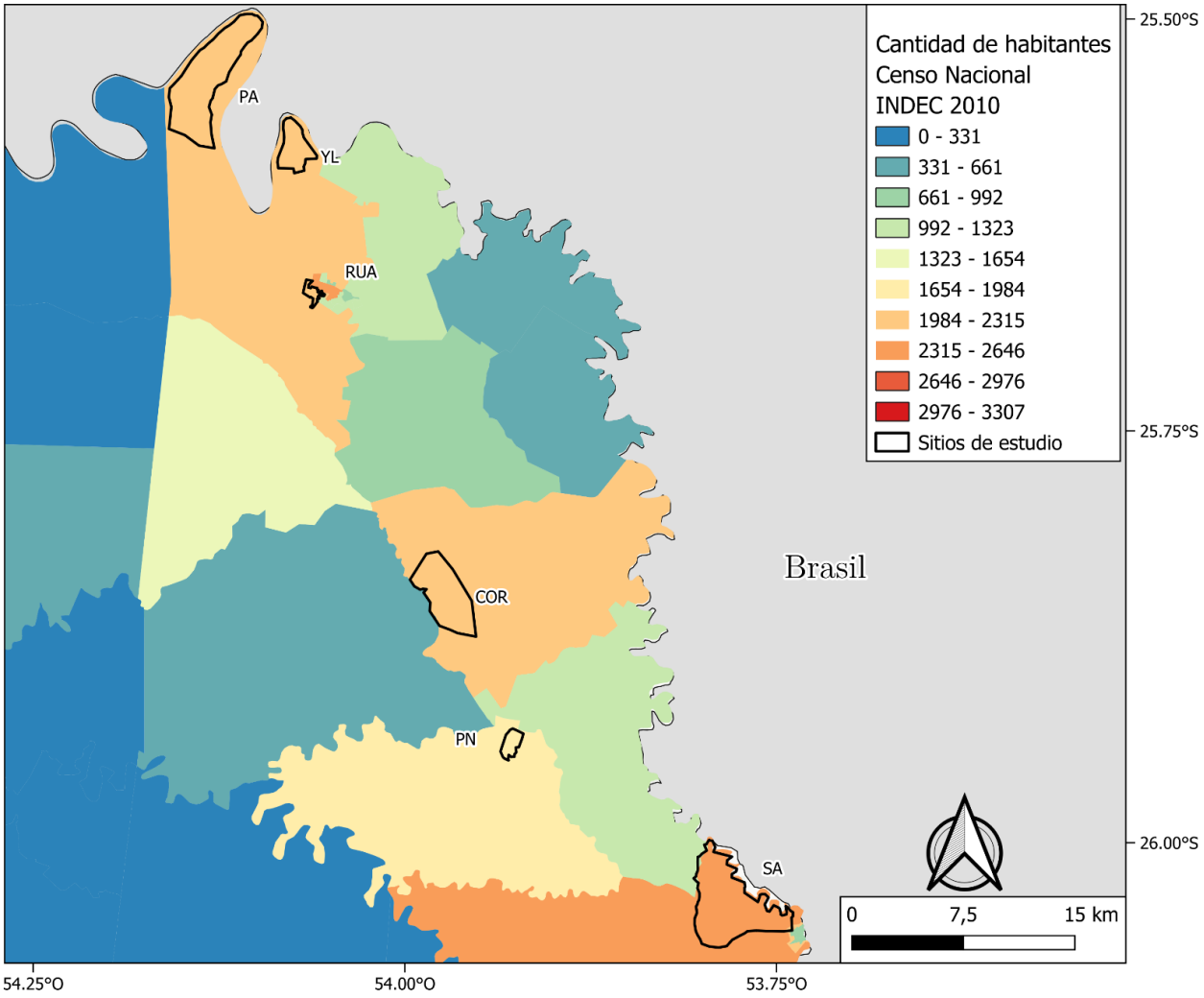


Figura 4.7. Influencia antrópica en los sitios de muestreo: Número de habitantes totales por localidad (Censo Nacional INDEC 2010). PA: Península de Andresito; YL: Yacutinga Lodge; RUA: Reserva Urbana Andresito; COR: Corredor Biológico Uruguaí-Foerster; PN: Piñalito Norte; SA: San Antonio.

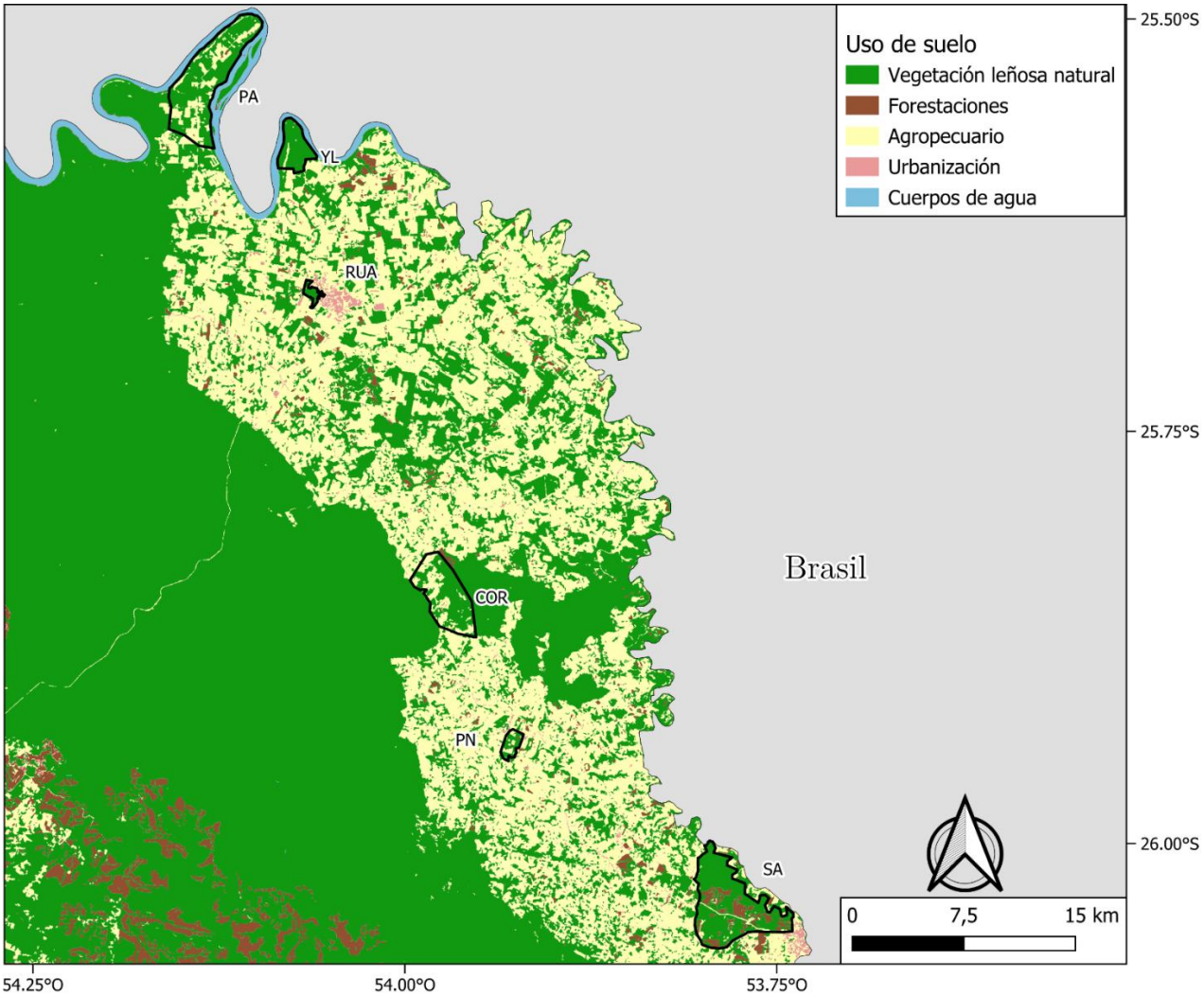


Figura 4.8. Influencia antrópica en los sitios de muestreo: Uso de Suelo (Eljall et al. 2022). PA: Península de Andresito; YL: Yacutinga Lodge; RUA: Reserva Urbana Andresito; COR: Corredor Biológico Uruguaí-Foerster; PN: Piñalito Norte; SA: San Antonio.

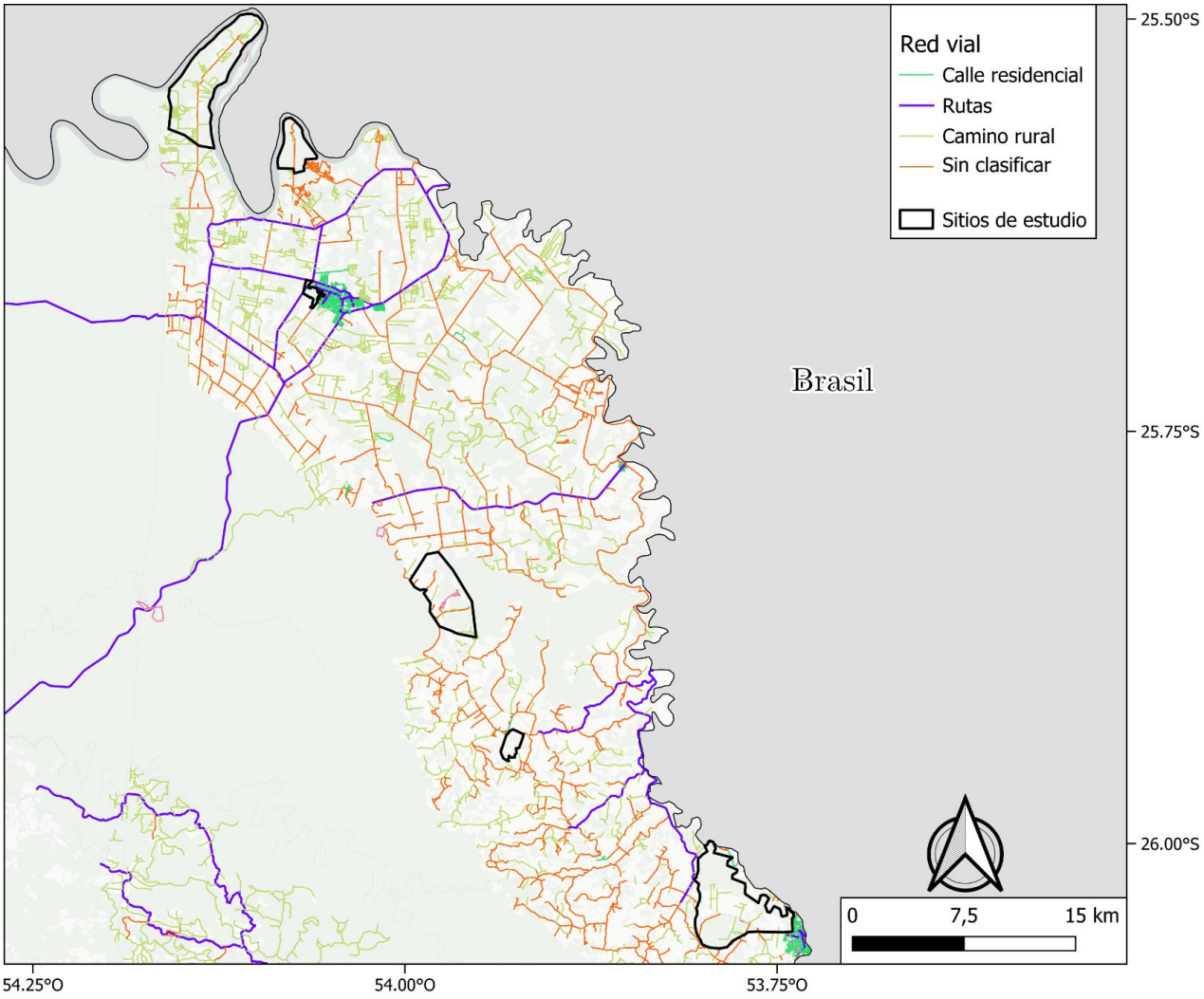


Figura 4.9. Influencia antrópica en los sitios de muestreo: Red vial (Open Street Maps). PA: Península de Andresito; YL: Yacutinga Lodge; RUA: Reserva Urbana Andresito; COR: Corredor Biológico Uruguaí-Foerster; PN: Piñalito Norte; SA: San Antonio.

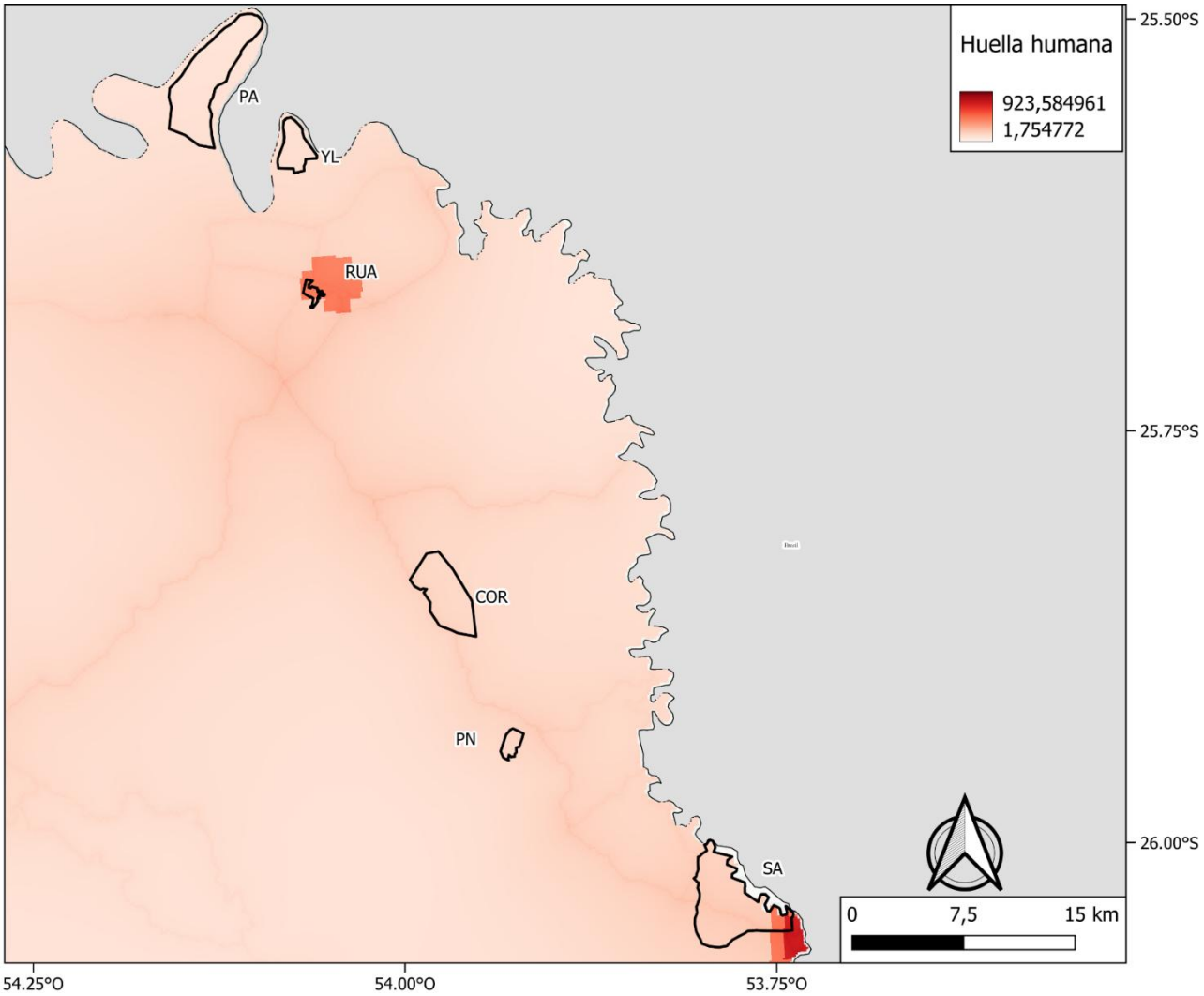


Figura 4.10. Influencia antrópica en los sitios de muestreo: Mapa definitivo de la huella humana (Agostini et al. 2024). PA: Península de Andresito; YL: Yacutinga Lodge; RUA: Reserva Urbana Andresito; COR: Corredor Biológico Uruguaí-Foerster; PN: Piñalito Norte; SA: San Antonio.

Tabla 4.5. Resumen de métricas e índices de paisaje calculados para cada sitio de muestreo. PA: Península de Andresito; YL: Yacutinga Lodge; RUA: Reserva Urbana Andresito; COR: Corredor Biológico Uruguaí-Foerster; PN: Piñalito Norte; SA: San Antonio.

	PA	**YL**	**RUA**	**COR**	**PN**	**SA**
Tamaño (ha)	2314.44	1054.21	154.61	1314.17	190.54	2665.24
Bosque nativo (%)	70.32	71.00	60.42	64.37	65.81	71.05
Agropecuario (%)	28.48	27.09	2.75	35.30	31.99	9.26
Urbano (%)	0.00	0.05	36.40	0.05	0.00	3.03
Forestal (%)	0.78	0.98	0.43	0.28	2.20	16.66
Borde bosque (%)	40.56	37.46	27.36	28.82	39.81	42.76
Longitud de bordes (m)	123552	43416	9666	66798	15336	157194
Densidad de bordes (m/ha)	0.01	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01
Densidad de parches (N parches/100 ha)	4.78E-07	9.48E-07	1.43E-06	1.77E-06	5.80E-07	1.66E-06
Área media de parches (ha)	147.06	74.89	42.14	36.31	42.90	116.86
Índice de Dimensión Fractal	1.08	1.07	1.08	1.05	1.18	1.07
Área total Núcleo (ha)	1142.63	561.04	59.85	628.47	76.03	1340.85
Índice de cohesión de parches	9.89	9.82	9.55	9.84	9.60	9.87
Relación de Forma del Parche	0.55	0.68	0.55	0.67	0.12	0.80
Población humana (núm. totales)	2243	2243	2328	2005	1767	2456
Huella humana (1-923)	111 (90-124)	125 (119-131)	379 (172-438)	159 (142-187)	151 (140-163)	216 (157-739)
Ganado vacuno	Presente	Ausente	Ausente	Presente	Presente	Presente
Perros domésticos	Presente	Presente	Presente	Presente	Ausente	Presente
Principales actividades antrópicas	Agricultura, Ganadería, Conservación	Ecoturismo, Agricultura, Comunidades originarias	Urbanización	Ecoturismo, Agricultura, Ganadería, Conservación	Ganadería, Forestal	Agricultura, Ganadería, Forestal, Conservación, Urbanización

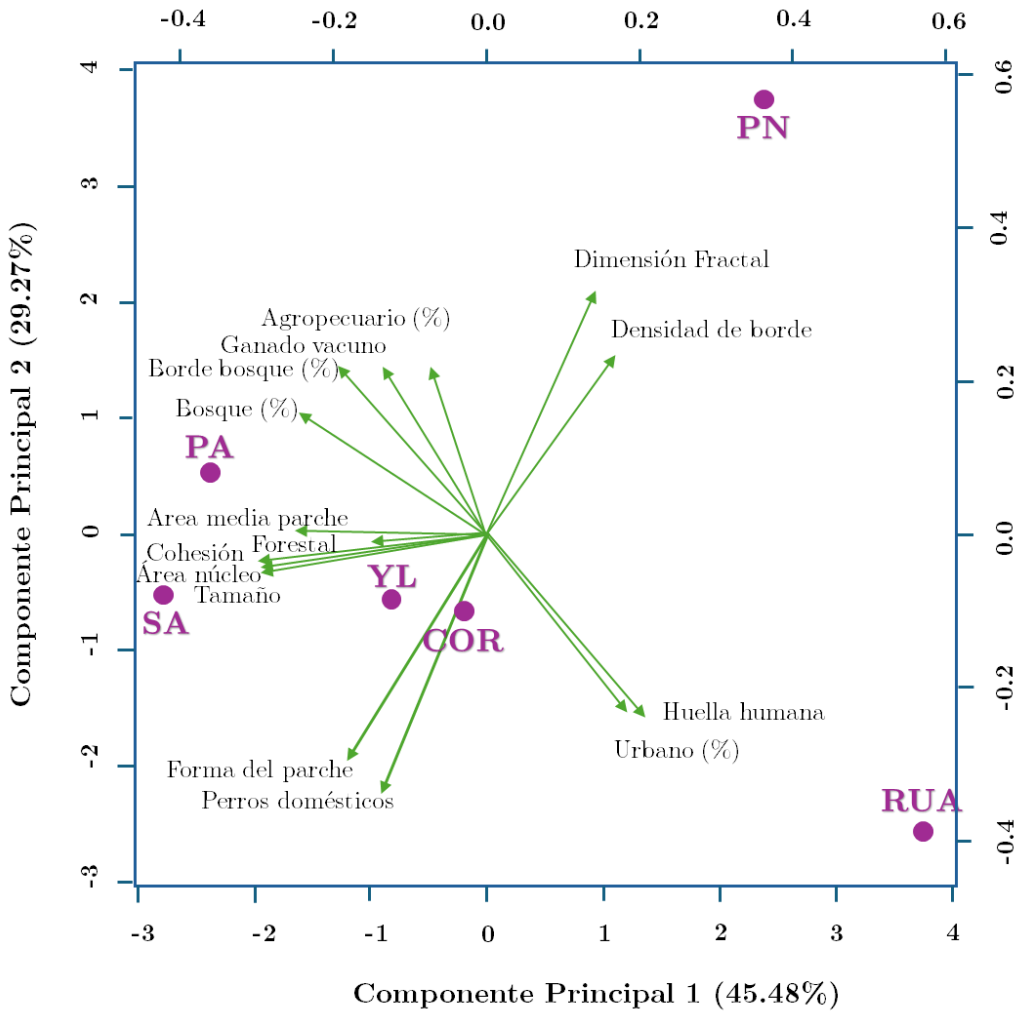


Figura 4.11. Análisis de componentes principales (PCA) de la relación entre las variables ambientales en los sitios de estudio. Las flechas representan la dirección y magnitud de cada variable en el espacio de los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2), que explican el 45.48% y 29.27% de la varianza, respectivamente. PA: Península de Andresito; YL: Yacutinga Lodge; RUA: Reserva Urbana Andresito; COR: Corredor Biológico Uruguaí-Foerster; PN: Piñalito Norte; SA: San Antonio.

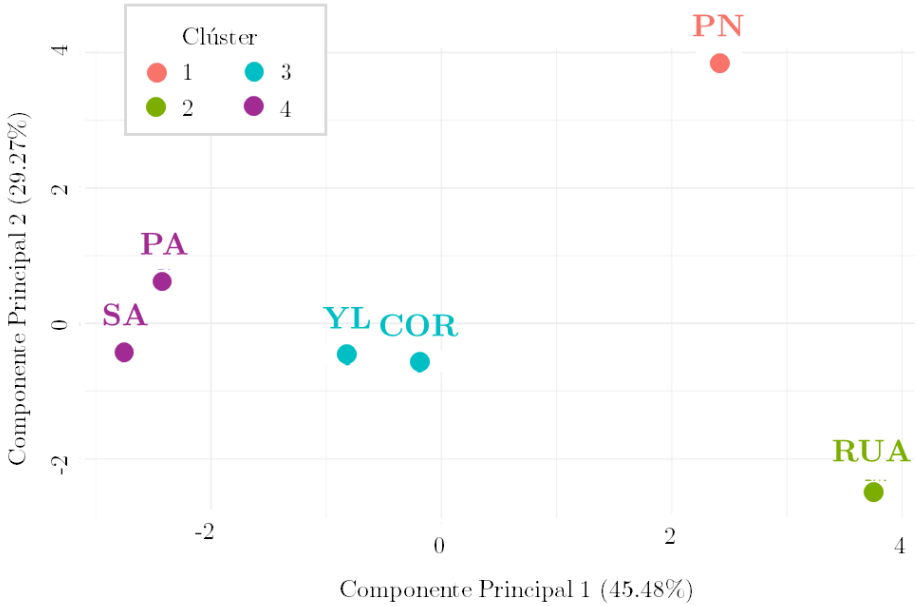


Figura 4.12. Representación de los sitios mediante un análisis de componentes principales (PCA) con agrupamiento. Los colores indican los clústeres formados por el análisis de agrupamiento. PA: Península de Andresito; YL: Yacutinga Lodge; RUA: Reserva Urbana Andresito; COR: Corredor Biológico Uruguaí-Foerster; PN: Piñalito Norte; SA: San Antonio.

4.5.4 Relación entre la comunidad parasitaria y el grado de antropización

Entre los modelos realizados, únicamente aquellos correspondientes a la riqueza parasitaria y la presencia de *Trichuris* sp. (p=0.04, AIC: 110.00, AICnulo: 111.2) y Coccidia (p<0.01, AIC: 194.5, AICnulo: 205.50) fueron significativamente diferentes con respecto al modelo nulo.

La riqueza parasitaria mostró una diferencia significativa en función del grado de antropización (p=0.02, AIC: 837.71, AICnulo: 841.83; Figura 4.13 A). El clúster 1, caracterizado por alta fragmentación y una significativa intervención humana, presentó una mayor riqueza parasitaria promedio. A diferencia de esto, el clúster 2, también asociado a niveles altos de fragmentación y urbanización, mostró valores de riqueza significativamente más bajos. Los clústeres 3 y 4, con valores intermedios y bajos fragmentación y antropización, respectivamente, mostraron valores de riqueza intermedios. En relación con la frecuencia predicha de *Trichuris* sp., el modelo indicó una mayor presencia de este parásito en el clúster 4, caracterizado por tener menor

fragmentación (Figura 4.13 B). Los clústeres 1, 2 y 3 presentaron una baja o nula presencia de *Trichuris* sp. La ocurrencia de Coccidia mostró un patrón similar a la riqueza parasitaria, siendo significativamente menor en el clúster 3 (Figura 4.11 C).

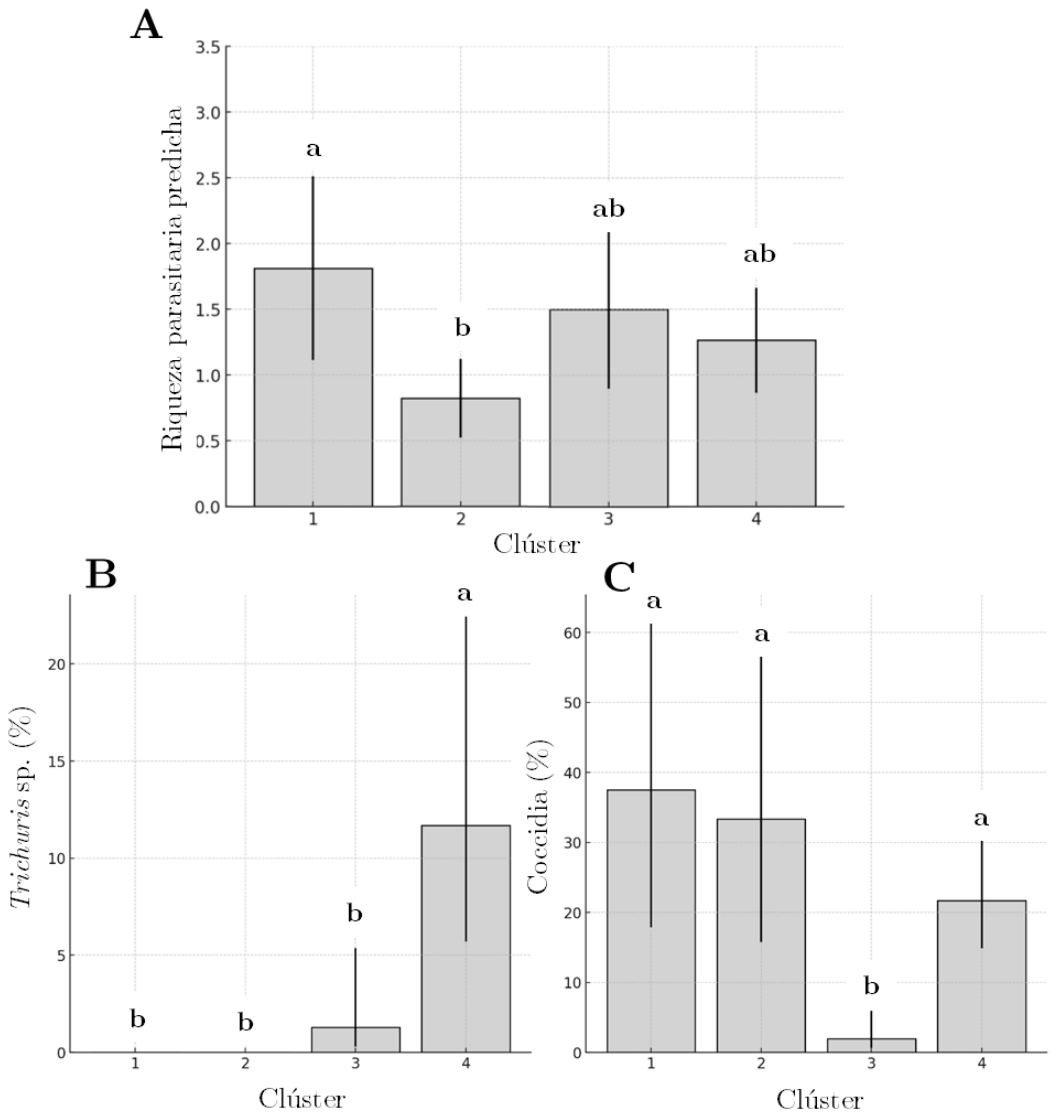


Figura 4.13. Modelo lineal generalizado mixto de: A. Riqueza parasitaria predicha, B. frecuencia parasitaria de *Trichuris* sp., y C. Coccidia en relación con los diferentes clústeres de fragmentación antrópica. Las letras minúsculas sobre las barras de error indican diferencias significativas entre clústeres según la prueba post hoc ($p < 0.05$); los grupos que comparten la misma letra no difieren significativamente.

4.6 Discusión

4.6.1 Influencia de características del hospedador en la comunidad parasitaria de *S. n. cucullatus*

La edad del hospedador influye significativamente en la frecuencia de los parásitos *Filariopsis* sp. e Hymenolepididae, presentando mayor frecuencia parasitaria en los individuos adultos. Esto concuerda con estudios previos que destacan cómo la mayor exposición acumulativa y cambios en la inmunocompetencia de los hospedadores adultos incrementan la probabilidad de infecciones parasitarias (Parr et al., 2013a; Petrželková et al., 2021). En Costa Rica, en un estudio realizado con cuatro grupos silvestres de *Cebus capucinus*, a partir del análisis de 186 muestras de materia fecal, encontraron que la presencia *Filariopsis barretoi* fue dependiente de la edad de los individuos, siendo mayor la presencia con el aumento de edad del hospedador (Parr et al. 2013b). Los autores de este trabajo consideran que podría deberse a que los capuchinos no presentan inmunidad innata para combatir las infecciones de *Filariopsis* y que rara vez la adquieren a lo largo de su vida (Parr et al. 2013b). Así, la mayor frecuencia predicha de *Filariopsis* sp. en esta tesis podría entonces deberse a un efecto acumulativo a lo largo de la vida del individuo.

De manera similar, se halló mayor frecuencia de infección de Hymenolepididae en individuos adultos que en juveniles. Este patrón podría atribuirse a factores relacionados con el hábito alimenticio y las interacciones sociales de los adultos. Es importante tener en cuenta que la familia Hymenolepididae, es un cestode con ciclo de vida indirecto en el cual, algunas especies pertenecientes a la familia tienen como hospedador intermediario a artrópodos como insectos y pulgas. Los monos caí, suelen tener un hábito alimenticio omnívoro, en el cual los invertebrados representan hasta el 40% de su dieta (Brown & Zunino 1990; Di Bitetti 2003). En el trabajo realizado por Agostini et al. (2018) los autores discuten la posibilidad de que, durante el acicalamiento entre individuos del mismo grupo, se produzca el consumo de pulgas infectadas con el parásito. Se ha visto en varias especies de *Sapajus* que el autoacicalamiento aumenta a medida que aumenta la edad de los individuos (Schino & Pinzaglia 2018). De esta manera, los individuos adultos podrían autoinfectarse de Hymenolepididae por medio del consumo de las pulgas durante el autoacicalamiento. Por otro lado, entre las diferentes especies de monos capuchinos se ha encontrado que los individuos más jóvenes pasan menos tiempo en el suelo (Chalk et al. 2016; Williamson et al. 2021), lo que podría generar una menor probabilidad de consumo de artrópodos infectados que se encuentren en el suelo. Sin embargo, estas posibles

explicaciones son difíciles de comprobar sin identificar qué especie de Hymenolepididae albergan las poblaciones de *S. n. cucullatus* estudiadas y conocer su ciclo de vida, pudiendo llegar a una conclusión incorrecta. Es fundamental entonces, continuar con los análisis priorizando la identificación del taxón parasitario para poder comprender correctamente la ecología de la relación Hymenolepididae-*S. nigritus cucullatus*.

Respecto al sexo de los individuos, se encontró que no hubo diferencias significativas para ninguna de las variables estudiadas de la comunidad parasitaria. Estos resultados coinciden con lo observado en otras especies de *Cebus* y *Sapajus* (Parr et al. 2013a; Henriquez et al. 2024). Si bien la ausencia de este patrón en los monos caí podría deberse a la similitud en las dietas y comportamientos de exposición a estadios infectivos de parásitos entre machos y hembras en los grupos estudiados, o a las limitaciones de tamaño muestral al trabajar (52 muestras con datos completos), es importante de tener en cuenta que muchos estudios en primates tienen resultados similares al de esta tesis (Eckert et al. 2006; Setchell et al. 2007; Parr et al. 2013a; Poirotte et al. 2016; Martin-Solano et al. 2017; Henriquez et al. 2024). Previamente se mencionó que los machos de *S. n. cucullatus* suelen dispersar de sus grupos natales, lo que podría exponerlos a una mayor diversidad de parásitos en comparación con las hembras filopátricas. Sin embargo, la falta de diferencias significativas en la comunidad parasitaria sugiere que otros factores podrían modular estas dinámicas, como la estructura social y los patrones de cohesión grupal. En *S. n. cucullatus*, la cohesión del grupo es flexible y puede variar a lo largo del día dependiendo de la actividad que los individuos realizan. Durante el forrajeo, los individuos tienden a dispersarse, pero en momentos de descanso y pernocta se congregan nuevamente, favoreciendo el contacto entre individuos (Luccas & Izar 2021). Durante el descanso, los grupos tienen alta cohesión y utilizan de manera recurrente sitios específicos para dormir. En el caso particular de los monos caí, en el Parque Nacional Iguazú, los individuos utilizan de manera repetida árboles con gran altura y no presentan un comportamiento de evasión de parásitos en la selección de sitios de descanso (Di Bitetti et al., 2000). Otro factor que podría tener importancia es el acicalamiento. Comparado a otras especies de capuchinos, el acicalamiento en *Sapajus nigritus* ocurre con menor frecuencia y dentro del grupo no hay una diferencia clara entre sexos (Izar et al., 2012). Así, la combinación de estos factores sociales y ecológicos podría explicar la homogeneidad en la comunidad parasitaria entre machos y hembras en esta población de monos caí. Si bien ya existe un estudio sobre la especie que evalúa la relación entre dinámicas sociales y parasitismo, en el cual se concluye que los parásitos no tienen un efecto significativo sobre las

interacciones sociales, este trabajo se realizó en un contexto experimental, donde algunos individuos fueron desparasitados y recibieron aprovisionamiento de alimento por parte de los investigadores (Tiddi et al. 2019). Resulta relevante entonces, evaluar cómo se manifiestan las dinámicas sociales sin intervención experimental y considerando los efectos de la alteración de los ambientes naturales por actividades antrópicas.

4.6.2 Relación entre las características ambientales y la dinámica de la comunidad parasitaria de *S. n. cucullatus*

Las variables ambientales mostraron una alta colinealidad entre la humedad media, la precipitación y la temperatura media (Anexo V). Sin embargo, el uso del SPEI (Índice Estandarizado de Precipitación-Evapotranspiración) como un indicador de períodos de sequía o precipitaciones, demostró ser útil para resolver la redundancia entre variables colineales. Este índice ha sido utilizado en estudios parasitológicos como predictor ambiental de fenómenos relevantes, tales como posibles rebrotes del virus de la fiebre amarilla en Brasil (Rosser et al. 2022), infecciones por helmintos en canguros en Australia (Juillard & Ramp 2022) e incluso casos de enfermedades diarreicas humanas (Wang et al. 2022). Durante este estudio (2019-2021), se identificaron solo tres períodos húmedos, intercalados con prolongadas sequías (SPEI con valores negativos), alcanzando picos de extrema sequía (SPEI $<$ -2.0) especialmente durante 2020 y 2021. Estos eventos coincidieron con bajos niveles de humedad ambiental y precipitaciones, patrones típicos del evento meteorológico conocido como "La Niña", que comenzó a mediados de 2019 (Besnier et al. 2024). Estos eventos de sequía prolongada pueden modificar la dinámica parásito-hospedador, generando cambios tanto en la comunidad parasitaria como en los comportamientos del hospedador. Por ejemplo, en el sitio YL, Martínez de Zorzi et al. (2024) encontraron que los monos caí durante el verano 2021-2022, utilizaron diferentes especies de bambú nativo (*Chusquea ramosissima, Guadua chacoensis, G. trinii* y *Merostachys clausenii*) como refugio, fuente de agua y alimentos (incluyendo hojas, brotes y el cariópside), como mecanismo para contrarrestar la prolongada sequía y escasez de alimentos disponibles en el ambiente. La relación entre las condiciones climáticas y las infecciones parasitarias puede explicarse parcialmente por los efectos de estrés generado por la disminución en la disponibilidad de recursos estacional, lo que aumenta la susceptibilidad a enfermedades (Lloyd 1995; Nelson et al. 2002; Nelson 2004; Nunn & Altizer 2006; Katona & Katona-Apte 2008).

Los parásitos pueden responder de manera dinámica a las variaciones climáticas y ambientales, reflejando los cambios en la disponibilidad de recursos y las condiciones que favorecen su ciclo de vida. Estudios previos en primates arborícolas y terrestres han reportado una relación positiva entre ambientes húmedos e infecciones por parásitos gastrointestinales. Por ejemplo, Stoner (1996) estudió dos grupos de monos aulladores (*Alouatta palliata*) que se encontraban en zonas ribereñas y zonas más secas en Costa Rica, y encontró que los monos de áreas ribereñas presentaban mayor riqueza parasitaria que aquellos de zonas más secas. De manera general, tanto la frecuencia parasitaria como la riqueza fueron mayores cuando los valores de SPEI aumentaban. Debido a que, durante el período de estudio, en los eventos húmedos el SPEI nunca superó valores por encima del +2.0 (es decir, no ocurrieron eventos de inundación), los modelos no predicen qué podría pasar con la comunidad parasitaria en estas condiciones. Sin embargo, el aumento de frecuencia y riqueza parasitaria cuando las condiciones ambientales son húmedas (SPEI>0) concuerda con estudios que evidencian cómo los ambientes cálidos y húmedos favorecen la persistencia de estadios infectivos en el ambiente, aumentando la probabilidad de transmisión (Stuart 1993; Bush 2001; Nunn & Altizer 2006). Este mismo patrón se vio específicamente para *Strongyloides* sp., lo que sugiere que esta especie podría beneficiarse de las condiciones asociadas a la mayor disponibilidad de agua, como suelos húmedos que favorecen la supervivencia de sus estadios infectivos. Esto coincide con lo observado en el trabajo realizado por Martin-Solano et al. (2017) en el cual encuentran que una mayor prevalencia de huevos de *Strongyloides* sp. en *Cebus albifrons* de Ecuador. En dicho trabajo, los autores resaltan que, si bien no hicieron un análisis estacional, la alta humedad ambiental característica del área de estudio contribuye al desarrollo de las larvas de *Strongyloides* sp. Las larvas rabditoides fueron significativamente más frecuentes cuando la humedad media aumentó, esto tiene sentido considerando que la humedad previene la disecación y muerte de las larvas (Stromberg 1997; Armon & Cheruti 2012). En sentido opuesto a lo esperado, la presencia de huevos de Hymenolepididae disminuyó significativamente con el aumento de la humedad. En el trabajo realizado por Agostini et al. (2018), ellos encuentran que la frecuencia de Hymenolepididae fue mayor en invierno (35-50%) que en verano (25%). Si bien en esta tesis las estaciones del año no fueron estadísticamente significativas, se puede observar que los meses más templados presentaron menor humedad ambiental, lo que podría haber influido en la menor prevalencia de Hymenolepididae en condiciones de mayor humedad. Como se mencionó previamente, la familia Hymenolepididae tiene como hospedadores intermediarios a los artrópodos. Los invertebrados representan el item alimenticio más consumido durante invierno para *S. n. cucullatus* (Brown & Zunino 1990) y en

otras especies de monos capuchinos, como *Cebus capucinus* y *Sapajus* sp., se ha observado que durante las estaciones de menor disponibilidad de frutas (estaciones secas), los invertebrados son el ítem más consumido (Bergstrom et al. 2019; Gonçalves et al. 2022). Por lo tanto, el aumento de la frecuencia de huevos Hymenolepididae cuando la humedad ambiental es más baja, podría deberse indirectamente a una diferencia comportamental en la tasa de consumo del hospedador intermediario de los caí.

4.6.3 Impacto de las actividades antrópicas y fragmentación en las comunidades parasitarias

Si bien las poblaciones de *Sapajus nigritus cucullatus* suelen ser observadas en áreas de interfaz doméstico-silvestre donde se encuentran bajo diferentes presiones antrópicas, se sabe que estas presiones pueden afectar tanto al corto plazo produciendo cambios en su ecología (Mikich & Liebsch 2014; Gonçalves et al. 2022; Martinez De Zorzi et al. 2024; Martínez De Zorzi et al. 2024), como al largo plazo produciendo el declive y desaparición de las poblaciones silvestres (Tujague et al. 2019; Agostini et al. 2024). Sin embargo, poco se sabe acerca de cómo estas presiones antrópicas pueden modificar los patrones en la dinámica de las comunidades parasitarias que estas poblaciones hospedadoras albergan. Por ello, se analizó el efecto de la frecuencia y riqueza parasitaria partir de la caracterización de los ambientes en un gradiente de antropización y fragmentación. Los resultados de la caracterización de los sitios mostraron cómo la variabilidad en la cobertura de bosque, la conectividad del paisaje y las actividades humanas determinan las diferencias entre los clústeres identificados. En particular, los sitios de mayor fragmentación, como RUA y PN, se caracterizaron por tener mayor densidad de bordes con formas más complejas en el bosque, factores que suelen estar asociados a una mayor alteración del hábitat (McGarigal & McComb 1995). Por otro lado, los sitios menos fragmentados, como PA y SA, presentaron una mayor cohesión de parches, áreas núcleo más extensas y menor intervención humana, características que pueden favorecer la estabilidad de las poblaciones silvestres. La relación entre la fragmentación y las métricas del paisaje destaca la complejidad de los efectos antropogénicos. Por ejemplo, la alta huella humana en RUA refleja una intensa urbanización, mientras que PN, a pesar de su menor urbanización, muestra altos niveles de fragmentación debido a la actividad ganadera y forma compleja del parque boscoso. De esta manera, diferentes tipos de actividades humanas pueden generar impactos similares en términos de pérdida de conectividad del hábitat, pero con mecanismos subyacentes distintos.

Cuando se analizó el efecto de cada uno de los clústeres con la frecuencia y riqueza parasitaria, a diferencia de lo esperado la frecuencia general no fue significativa, sin embargo, la riqueza sí presentó significancia entre los diferentes clústeres. Esto sugiere que la fragmentación y antropización puede tener un efecto directo en la diversidad de parásitos que albergan los individuos, pero no en el número total de individuos hospedadores infectados. Esta diferencia podría explicarse por varios factores. Por un lado, la fragmentación y alteración del uso del suelo desde un ambiente natural a uno antropizado puede provocar la eliminación de hospedadores intermediarios necesarios para parásitos con ciclos indirectos, lo que a su vez podría limitar su permanencia en estos ambientes. Por otro lado, la pérdida de la heterogeneidad estructural y funcional de los ambientes naturales puede reducir los nichos ecológicos disponibles para ciertos parásitos, favoreciendo un empobrecimiento de la riqueza parasitaria (King et al. 2007; Marcogliese 2023). En ambientes completamente antropizados, las interacciones de los animales silvestres con animales domésticos como perros y ganado pueden mantener ciertos parásitos zoonóticos (Riley et al. 2004; Marcogliese 2023). Esto no solo compensa parcialmente la pérdida de algunos parásitos típicos de ambientes naturales, sino que también genera un reemplazo en la composición de la comunidad parasitaria.

El análisis de la riqueza parasitaria en relación con los clústeres de antropización y fragmentación mostró que el clúster 1 presentó mayor riqueza predicha a nivel infracomunitario. Este hallazgo es consistente con la hipótesis de que la fragmentación en los hospedadores facilita la propagación y diversidad de parásitos (Chapman et al. 2006b; a; Gillespie & Chapman 2008; Kowalewski & Gillespie 2009; Wright et al. 2009; Martínez-Mota et al. 2015). Sin embargo, el clúster 2 presentó la menor riqueza parasitaria. Una posible explicación en estas diferencias de riqueza entre los clústeres 1 y 2 (ambos altamente antropizados), podría deberse indirectamente a la densidad de individuos en cada uno de los sitios. Las condiciones de fragmentación pueden incrementar la densidad de hospedadores en áreas reducidas, favoreciendo así la transmisión de parásitos (Nunn & Altizer 2006). Ambos clústeres presentan alta fragmentación y antropización, con tamaños de parche similares. Sin embargo, el tamaño de grupo difiere: en el clúster 1 (sitio PN), el único grupo tiene entre 25 y 26 individuos, mientras que en el clúster 2 (sitio RUA) tiene entre 9 y 10 individuos. Un mayor número de individuos genera mayor contacto entre ellos, lo que puede aumentar el riesgo de infección por parásitos, principalmente aquellos de transmisión directa (Arneberg 2002; Nunn et al. 2003; Mbora & McPeek 2009). Esta hipótesis podría explicar la diferencia si hubiese habido además diferencias en la frecuencia parasitaria, ya que un mayor número de

individuos por área facilitaría más un aumento en la tasa de infección que en la riqueza de taxones parasitarios. De esta manera, las diferencias en la riqueza entre los clústeres podrían deberse a otro factor y no necesariamente a la densidad de individuos o tamaño de grupos. El clúster 1, se encuentra caracterizado por presentar un paisaje altamente fragmentado con predominancia de la actividad ganadera, a diferencia del clúster 2, que, si bien también es un paisaje fragmentado, se caracteriza por su urbanización. Así, la actividad ganadera y la alta superposición entre monos caí y animales domésticos podría estar facilitando la exposición de los individuos a diferentes parásitos asociados a sistemas productivos, como a suelos contaminados por materia fecal animal. Esto se ha visto en otras especies de primates, por ejemplo, en macacos rhesus (*Macaca mulatta*) en Bangladesh, donde la prevalencia y riqueza de parásitos gastrointestinales fue mayor en áreas rurales con alta interacción entre primates, ganado y suelos contaminados, en comparación con áreas urbanas o de menor impacto humano (Islam et al. 2022). En estos ambientes rurales, los autores identificaron hasta 14 taxones parasitarios, asociados a condiciones ambientales y prácticas productivas que favorecen la transmisión de estos parásitos zoonóticos. Asimismo, factores como la falta de saneamiento, la ausencia de servicios básicos y los niveles socioeconómicos bajos, como se observa frecuentemente en áreas rurales, facilitan la transmisión antropozoonótica de protozoos y helmintos (Devera et al. 1999; Nizeyi et al. 1999, 2001, 2002). Este patrón no es exclusivo de los macacos, ya que la alteración de los hábitats naturales por comunidades humanas y la intensificación de los contactos entre humanos y primates pueden generar cambios sustanciales en la estructura de las comunidades de helmintos intestinales en varias especies de primates (Wenz-Mücke et al. 2013). En Madagascar, estudios realizados con el Indri (*Indri indri*) y lémures (*Microcebus murinus*) han encontrado que en los ambientes degradados los individuos presentan mayor riqueza y prevalencia parasitaria (Raharivololona & Ganzhorn 2009; Junge et al. 2011). De manera similar, en los titíes de pies blancos (*Saguinus leucopus*) en Colombia, se encontró que los individuos que habitan en ambientes rurales presentaron una mayor riqueza y diversidad de parásitos gastrointestinales en comparación con aquellos que viven en áreas urbanas. Este estudio destacó que, en los ambientes rurales, los individuos se encuentran expuestos a suelos contaminados por materia fecal de humanos y animales domésticos, junto con la fragmentación de los hábitats naturales, lo cual facilita la transmisión de parásitos. Por el contrario, en áreas urbanas, los tamarinos estuvieron más expuestos a parásitos asociados con humanos, pero con menor riqueza general, probablemente debido a cambios en la dieta y a la disminución de contacto con fuentes de infección naturales (Soto-Calderón et al. 2016). La urbanización reduce los hábitats disponibles para vectores y hospedadores

intermediarios, y altera los ciclos de vida más complejos de los parásitos, lo que favorece la presencia de un número reducido de taxones que sean resistentes a estas condiciones, como aquellas con transmisión directa, generalistas o que se adapten mejor a ambientes homogéneos y altamente antropizados (Calegaro-Marques & Amato 2014; Werner & Nunn 2020). Este patrón refuerza la idea de que el tipo de uso del suelo y el grado de modificación del hábitat desempeñan un papel crucial en la estructura y composición de las comunidades parasitarias, promoviendo dinámicas distintas entre ambientes rurales, urbanos y aquellos con menor grado de intervención humana.

Entre los taxones parasitarios descriptos en esta tesis para *Sapajus nigritus cucullatus*, sólo la frecuencia parasitaria de *Trichuris* sp. y Coccidia fue significativamente diferente entre los clústeres. El helminto *Trichuris* sp. estuvo ausente en los clústeres 1 y 2, y fue significativamente más frecuente en el clúster 4. *Trichuris* sp., es un geohelminto de transmisión directa. No se encontraron estudios ni en primates ni otros mamíferos que analicen la tolerancia y/o supervivencia de este parásito a diferentes disturbios antrópicos. Sin embargo, su mayor frecuencia en los ambientes más conservados con respecto a su ausencia en los ambientes más antropizados puede estar relacionada con diferencias en la composición del suelo y las condiciones del hábitat. Por otro lado, Coccidia son parásitos intracelulares también con ciclos de vida directo. La transmisión de estos parásitos se da a través de la liberación de ooquistes al ambiente con alta resistencia al estrés ambiental (Lindsay & Kenneth 1993). La frecuencia de coccidios presentó valores significativamente menores en los ambientes de intermedia fragmentación y antropización. En general, la frecuencia de infección de coccidios va a depender de la probabilidad de contacto de un individuo con fuentes de alimento o superficies contaminadas con ooquistes. En el contexto de un ambiente fragmentado, los contactos entre individuos hospedadores serán mayor, y la probabilidad de que exista la infección por lo tanto es mayor que en un ambiente continuo o menos fragmentado. Por ejemplo, en monos aulladores (*Alouatta pigra*) en México, solo encontraron coccidios en las muestras provenientes de poblaciones silvestres de ambientes fragmentados, con respecto a las provenientes de ambiente continuo (Trejo-Macías et al. 2007). Sin embargo, en este trabajo, la presencia de coccidiosis fue alta tanto en los ambientes más antropizados como en los ambientes más conservados. Teniendo en cuenta que los coccidios no presentaron significancia con ninguna de las variables ambientales o características del hospedador analizadas, los resultados podrían estar reflejando una dinámica de transmisión y persistencia que no está directamente influenciada por las características tenidas en cuenta en esta tesis.

4.6.4 Desafíos, síntesis y revisión de hipótesis

Los resultados obtenidos en este capítulo aportan un análisis sobre la interacción entre los factores biológicos intrínsecos del hospedador, las características ambientales y el grado de antropización del ambiente en la dinámica de las comunidades parasitarias de *Sapajus nigritus cucullatus*. Sin embargo, es necesario de tener en consideración las limitaciones de este trabajo relacionadas al estudio de ecología parasitológica utilizando métodos no invasivos. Durante el desarrollo de los objetivos, existieron limitaciones principalmente en los desafíos de recolectar muestras fecales en condiciones de campo, garantizar la independencia de las muestras y su asociación a individuos específicos. A pesar de localizar a los grupos de monos, frecuentemente la materia fecal no llegaba a los estratos arbóreos bajos en cantidad suficiente o eran indetectables. Aunque la incorporación de una perra entrenada facilitó la recolección de muestras frescas durante las observaciones, persistieron las dificultades para identificar con precisión de qué individuo provenía cada muestra. Esta falta de individualización generó un alto número de muestras sin información sobre las características del hospedador, lo que limitó la posibilidad de analizar factores intrínsecos específicos, como el sexo o la edad del individuo. Debido a esta restricción, las muestras no pudieron ser consideradas independientes a nivel individual, lo que obligó a que los análisis sean con independencia a nivel grupal. Si bien este enfoque permite identificar tendencias generales en las comunidades parasitarias, las interpretaciones sobre características intrínsecas del hospedador deben ser abordadas con cautela.

Así, en este capítulo fue posible evaluar cómo los factores ambientales, biológicos intrínsecos y antropogénicos inciden en la dinámica parasitaria de *Sapajus nigritus cucullatus*, poniendo a prueba las hipótesis y predicciones planteadas. Los resultados sugieren que, si bien la riqueza y frecuencia parasitaria tienden a incrementarse en condiciones cálidas y húmedas, estas variaciones no pueden ser atribuidas exclusivamente a ciclos estacionales definidos, evidenciando una interacción compleja entre las variables climáticas y el parasitismo. Se refuta entonces la hipótesis 2 demostrando que posiblemente hay más variables ambientales que están moldeando a las comunidades parasitarias de *S. n. cucullatus* y no necesariamente la estacionalidad. En relación con la hipótesis 3, la ausencia de un patrón observado con respecto al sexo, que podría explicarse por la similitud de exposiciones entre machos y hembras a estadios infectivos parasitarios, lleva a que

esta hipótesis tenga que ser refutada. Por otro lado, la edad del hospedador (hipótesis 4) demostró ser una variable significativa para la frecuencia de algunos parásitos como *Filariopsis sp.* e Hymenolepididae, siendo mayor en individuos adultos. Ya que en algunos taxones parasitarios la edad tuvo influencia sobre la frecuencia parasitaria, la hipótesis 4 es parcialmente refutada. Finalmente, el grado de fragmentación y antropización del hábitat mostró una influencia directa en la riqueza parasitaria, siendo mayor en ambientes fragmentados y antropizados, mientras que la frecuencia general no presentó diferencias significativas. Estos hallazgos sugieren que la fragmentación y la alteración del hábitat por actividades humanas, principalmente las rurales, no solo modifican la estructura del paisaje, sino también las dinámicas ecológicas que determinan la estructura y composición de las comunidades parasitarias (hipótesis 5).

4.7 Conclusiones

- La edad del hospedador influye significativamente en la frecuencia de ciertos parásitos, como *Filariopsis sp.* e Hymenolepididae, con mayor frecuencia en individuos adultos debido a la acumulación de exposiciones y cambios inmunológicos asociados a la edad.
- El índice estandarizado de precipitación-evapotranspiración (SPEI) mostró ser un buen indicador en la dinámica parasitaria, asociando valores positivos con mayor frecuencia y riqueza de parásitos, especialmente en taxones como *Strongyloides* sp.
- En ambientes antropizados y fragmentados, la riqueza parasitaria fue mayor en clústeres con alta antropización, destacando la actividad ganadera como un factor importante en la transmisión de parásitos entre fauna silvestre y animales domésticos.
- En el clúster caracterizado por presentar mayor urbanización y fragmentación los monos caí presentaron menor diversidad parasitaria, reflejando cambios en la estructura y composición de las comunidades parasitarias.
- Este estudio destaca la importancia de entender cómo las actividades humanas y los cambios ambientales afectan la ecología parasitaria, aportando información clave para la conservación de *Sapajus nigritus cucullatus*.

Capítulo 5. Detección de Bacterias zoonóticas de importancia sanitaria en áreas de interfaz doméstico-silvestre

5.1 Introducción

A nivel mundial, las infecciones gastrointestinales son las enfermedades infecciosas más comunes en los humanos, sólo siendo superadas por las enfermedades respiratorias (Zboromyrska & Vila 2016; Amjad 2020). Son causadas principalmente por infecciones virales (Rotavirus, Norovirus, Astrovirus y Adenovirus entéricos), bacteriales (*Shigella* spp., *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Vibrio* spp., *Escherichia coli*, *Aeromonas* spp., *Yersinia enterocolitica*, entre otros) y parasitarias (C*ryptosporidium* spp., *Giardia* spp., *Cyclospora* spp., *Microsporidium* spp., *Entamoeba histolytica*, *Balantidium coli,* entre otros) (Sell & Dolan 2018). El patrón de transmisión general de estas enfermedades es por vía fecal-oral, a partir del consumo de alimentos o agua contaminados con los patógenos, o por contacto directo con superficies contaminadas, y son una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en humanos en todo el mundo, especialmente en países en desarrollo (Amjad 2020). En América Latina se estima que entre el 60 y 80% de las consultas pediátricas en los servicios de salud son debido a las enfermedades gastrointestinales (MSAL 2012; Vázquez et al. 2017) y en Argentina se notifican alrededor de un millón de casos de diarrea por año (Molina et al. 2019). De acuerdo al informe epidemiológico del 2023 elaborado por la Dirección de Epidemiología del Ministerio de Salud de la Nación Argentina, el número de casos de diarrea al año a nivel nacional fueron de 957 mil casos en 2019, 493 mil en 2020 y 527 mil en 2021, pero no se dispone de información específica para la provincia de Misiones (MSAL 2023).

Entre las enfermedades infecciosas, aquellas que son causadas por bacterias son las más reportadas en poblaciones silvestres de primates platirrinos (da Silva et al. 2020; Ehlers et al. 2022; Oliveira & Santos 2023). Estos microorganismos forman parte del microbiota normal de la mayoría de los animales, incluidos los humanos (Zaniolo et al. 2018). Bacterias tales como *Shigella* spp., *Campylobacter* spp., *Escherichia coli* y *Salmonella enterica* son importantes agentes patógenos de infecciones gastrointestinales en humanos y animales, tanto silvestres como domésticos (Abebe et al. 2020). Pueden resistir la deshidratación durante un tiempo

muy prolongado tanto en las heces como en alimentos para consumo humano o animal, por lo que la infección puede ser producida principalmente al ingerir alimentos contaminados con heces de animales que contienen la bacteria o por contacto directo o indirecto con estas heces (Acha & Szyfres 2001; Abebe et al. 2020). Los factores más comunes para que se produzca la infección en el hombre son por medio del consumo de carnes de aves, cerdos y bovinos contaminados, huevos, leche y los subproductos de ambos (Abebe et al. 2020). El humano también puede contraer la infección en forma directa a partir del contacto con animales domésticos o mascotas, tales como perros y ganado vacuno (Morse et al. 1976; Lambertini et al. 2016; Köck et al. 2021).

Hasta el momento, estas bacterias (*Salmonella enteria, Escherichia coli, Shigella flexneri* y *Campylobacteri jejuni*) no han sido estudiadas en poblaciones de primates de Argentina y en *Sapajus nigritus cucullatus*, el único estudio realizado en poblaciones silvestres fue el realizado por Zaniolo et al. (2018) mencionado previamente. De esta manera, en este capítulo se analiza la presencia de estas bacterias de importancia sanitaria en las poblaciones silvestres de *S. n. cucullatus* y animales domésticos.

5.1.1 *Salmonella enterica*

Las bacterias del género *Salmonella* pertenecen a la familia Enterobacteriaceae y son las causantes de la enfermedad zoonótica conocida como salmonelosis. Existen más de 2300 serotipos de *Salmonella* sp. descriptos (Acha & Szyfres 2001). Las salmonelas producen en el hombre una infección intestinal que provoca generalmente síntomas similares a la gastroenteritis (dolores abdominales, náuseas, vómitos y diarrea) además de fiebre, mialgias, cefalalgia y malestar (Acha & Szyfres 2001). Estas bacterias poseen una gran variedad de hospedadores animales, y pueden causar enfermedad en distintos animales domésticos provocando grandes pérdidas económicas, como por ejemplo, en las producciones avícolas (Hoop 1997). En la forma subclínica, el animal puede tener una infección latente o puede ser portador y eliminar la bacteria en las heces, en forma transitoria, intermitente o persistente (Morse & Duncan 1975; Morse et al. 1976). Entre los primates existen diversos estudios que reportan la presencia de *Salmonella* spp. en poblaciones silvestres, muchas veces en ambientes de interfaz con ambientes domésticos o antropizados. En Sri Lanka, un estudio sobre macacos (*Macaca sinica*) y langures (*Semnopithecus priam*) encontró *Salmonella enterica* junto con otras bacterias zoonóticas como

Campylobacter jejuni y *Campylobacter coli* en macacos, sugiriendo una posible transmisión interespecífica de bacterias en áreas donde los primates interactúan con asentamientos humanos (Tegner et al. 2019). De manera similar, en Bangladesh se detectó la presencia de *Salmonella* spp. en macacos rhesus (*Macaca mulatta*) que habitan en áreas de interfaz con humanos y ganado, lo que resalta el papel de estos primates en la ecología de la bacteria en entornos compartidos (Rahman et al. 2023). En grandes simios, como chimpancés y gorilas, *Salmonella* spp. ha sido identificada en individuos que habitan paisajes fragmentados en contacto con humanos y ganado (Nizeyi et al. 2001; McLennan et al. 2018). En primates platirrinos los reportes hallados se concentran en animales en cautiverio. Se han documentado infecciones en *Cebus* spp. en centros de rescate en Brasil, donde los animales, muchas veces procedentes del tráfico ilegal o de ambientes urbanos o periurbanos, y podrían haber adquirido *Salmonella* spp. por contacto con humanos (Ferreira et al. 2012). Además, un estudio en Costa Rica reportó *Salmonella enterica* en primates platirrinos en centros de vida silvestre, detectándola no solo en las heces de los animales (13.9% de positividad), sino también en el alimento ofrecido y en superficies ambientales dentro de los recintos, lo que sugiere múltiples rutas de transmisión en estos sistemas de interfaz silvestre-doméstico (Rojas-Sánchez et al. 2023). Asimismo, en individuos de *Alouatta guariba* mantenidos en cautiverio en Brasil, se ha reportado la presencia de *Salmonella* spp., lo que refuerza la necesidad de vigilancia en especies que pueden estar en contacto con humanos y ambientes antropizados (Ehlers et al. 2022).

5.1.2 *Escherichia coli*

Escherichia coli es un bacilo gram-negativo con forma de bacilo pertenecientes a la familia Enterobacteriaceae. Existen cientos de serotipos de *E. coli*, que actúan como comensales no patógenos naturales en el tracto gastrointestinal de primates que son responsables de la salud intestinal. *Escherichia coli* presenta los serotipos patógenos responsables de causar enfermedades gastrointestinales: *E. coli* enteropatógenico (EPEC), enterotoxigénico (ETEC), enterohemorrágico (EHEC), enteroinvasivo (EIEC) y de adherencia difusa (DAEC) (Mätz-Rensing & Lowenstine 2018). Estas variantes son una causa importante de diarreas endémicas y epidémicas a nivel mundial. Los animales, tanto silvestres como domésticos, pueden causar los serotipos patógenicos sin presentar síntomas clínicos. El EHEC, en particular el serotipo O157, es una de las bacterias más peligrosas, causando desde diarreas hasta el síndrome urémico hemolítico, especialmente en niños (Tarr et al. 2005). En

primates, se considera que *E. coli* tiene un papel importante como agente etiológico en casos de diarrea de primates no humanos (McClure et al. 1972; Brady et al. 1990; Potkay 1992; Kang et al. 2001; Kolappaswamy et al. 2014). En primates, existen numerosos estudios de cepas patogénicas de *E. coli* en especies silvestres de África y Asia, en cautiverio o silvestres (McClure et al. 1972; Mansfield et al. 2001; Carvalho et al. 2003, 2007; Martin et al. 2009; Bailey & Mansfield 2010; Clayton et al. 2014; Foster-Nyarko et al. 2020) y se han registrado posibles intercambios interespecíficos de la bacteria entre primates, animales domésticos y humanos (Goldberg et al. 2007, 2008; Rwego et al. 2008).

En primates platirrinos, se ha observado el rol de *E. coli* en infecciones severas como enterocolitis hemorrágica y septicemia (Vásquez-Aguilar et al. 2020; Ehlers et al. 2022). En titíes (*Callithrix jacchus*) y tamarinos (*Saguinus oedipus*) se asocia *E. coli* con diarreas que causan la muerte de los individuos (Thomson & Scheffler 1996; Mansfield et al. 2001; Hayashimoto et al. 2016; Mätz-Rensing & Lowenstine 2018; Oliveira & Santos 2023). En un estudio realizado por Ehlers et al. (2022), detectaron *E. coli* en individuos silvestres de aulladores (*Alouatta guariba clamitans*) hallados muertos en áreas urbanas de Rio grande do Sul, y se lo asoció con bronconeumonía supurativa. Además, *E. coli* fue registrado en el 28,6% (6/21) de individuos silvestres *Callithrix* spp. capturados en un área fragmentada de Río de Janeiro, Brasil (Albuquerque et al. 2020). Por otro lado, Vásquez-Aguilar et al. (2020) detectaron genes de resistencia antimicrobiana en aislamientos de *E. coli* provenientes de monos aulladores (*Alouatta pigra*) en estado silvestre y animales domésticos (ganado vacuno, ovejas y caballos) en un bosque fragmentado del sur de México, lo que confirma que los animales silvestres expuestos a ambientes antropizados también son susceptibles a bacterias resistentes, lo que agrava el impacto del uso indiscriminado de antibióticos (Oliveira & Santos 2023). En individuos de cautiverio de *Leontopithecus chrysopygus* también fue hallado *E. coli* en el 88% de los individuos analizados (Fatoretto 2019). Otras especies de primates platirrinos en los cuales se ha detectado *E. coli* son *Callithrix jacchus* (Thomson & Scheffler 1996; Carvalho et al. 2007), *Callithrix penicillata, Saguinus fuscicollis* (Carvalho et al. 2007). En particular, en *Sapajus nigritus*, Ehelers et al. (2022) analizó la presencia de *E. coli* y *Salmonella* sp. en individuos hallados muertos en áreas urbanas, pero los individuos dieron negativo para ambas bacterias. Por otro lado, un trabajo realizado también en un área urbana pero de Paraná (Brasil), en el cual a partir de la captura de 16 individuos, hallaron las bacterias comunes de la microbiota intestinal de humanos y el 42.9% (6/16) de los individuos presentaban *E. coli* (Zaniolo et al. 2018).

5.1.3 *Campylobacter jejuni*

El género *Campylobacter* está constituido por bacterias estrictamente gramnegativas que generalmente colonizan el tracto gastrointestinal de animales de sangre caliente (Vilardo et al. 2006). Entre las especies de *Campylobacter*, *C. coli* y *C. jejuni* son las principales bacterias asociadas con la campilobacteriosis humana. *Campylobacter jejuni* es la especie aislada con mayor frecuencia en primates, ya sean silvestres o en cautiverio. La presencia de reservorios de *Campylobacter* en la fauna silvestre representa un riesgo potencial para la salud animal y humana (Prince Milton et al. 2017) y las fuentes de infección incluyen aves silvestres y domésticas, mamíferos y agua contaminada (Clemmons et al. 2014; Fitzgerald 2015; Weis et al. 2016; Zang et al. 2023). En macacos, *Campylobacter* spp. se asocia con enterocolitis recurrente y es una de las principales causas de morbilidad, aunque también puede ser asintomático (Dassanayake et al. 2005). *Campylobacter jejuni* es comúnmente aislada en primates de África y Asia, con altas prevalencias que pueden ir entre 70 a 90% (Kalashnikova et al. 2002; Zang et al. 2023; Didier & Kondova-Perseng 2024). En primates platirrinos, como los tamarinos (*Sanginus oedipus*), *Campylobacter* spp. suele estar asociado a manifestaciones clínicas (Johnson et al. 2001). Los animales clínicamente afectados presentan diarrea acuosa, que en ocasiones contiene sangre o mucosidad. En cautiverio, es probable que la infección ocurra a partir de los cuidadores o fómites contaminados (Didier & Kondova-Perseng 2024).

5.1.4 *Shigella flexneri*

Las bacterias del género *Shigella* causa la shigelosis, una enfermedad zoonótica que afecta el intestino grueso, y puede provocar diarrea severa y mortalidad en humanos y primates (Mansfield & Fox 2019; Oliveira & Santos 2023). Se identifican cuatro especies: *Shigella flexneri*, *Shigella dysenteriae*, *Shigella boydii* y *Shigella sonnei* (Mätz-Rensing & Lowenstine 2018; Oliveira & Santos 2023). En Sudamérica, las especies más comunes son *Shigella flexneri* y *S. sonnei* (Suárez et al. 2000; Woodward & Rodgers 2000; Rolfo et al. 2012). Estudios realizados en Argentina muestran que la shigelliosis se encuentra principalmente entre los residentes de áreas rurales, semirrurales y asentamientos de bajos ingresos en las afueras de las ciudades (Basualdo et al. 1999; Rolfo et al. 2012). Aunque rara vez se describe en primates neotropicales (Mansfield & Fox 2019), los casos reportados de titíes (*Callithrix* spp.) infectados en cautiverio muestran ulceraciones y colitis necrótica (Mätz-Rensing &

Lowenstine 2018). En los primates de Asia y África, *S. flexneri* también está asociado con un síndrome gingival ulcerativo lineal (Mätz-Rensing & Lowenstine 2018), aunque no se han encontrado reportes de casos en platirrinos. El diagnóstico se confirma mediante cultivo bacteriano (Mätz-Rensing & Lowenstine 2018), pero generalmente es difícil distinguirlo de los aislamientos de *Escherichia coli*, por lo que el uso de PCR es esencial para la identificación de esta bacteria (Mansfield & Fox 2019). De acuerdo a Oliveira y Santos (2023), hasta el momento no se han reportado casos de infección por *Shigella* en poblaciones silvestres de primates platirrinos.

5.2 Objetivo específico

- Evaluar la presencia de bacterias enteropatógenas zoonóticas de importancia sanitaria (*Salmonella enterica*, EHEC, *Shigella flexneri* y *Campylobacter jejuni*) en poblaciones silvestres de *Sapajus nigritus cucullatus* y animales domésticos en áreas de interfaz doméstico-silvestre en Argentina

5.3 Hipótesis y predicciones

Hipótesis 6. *Sapajus nigritus cucullatus* participa en la epidemiología de bacterias enteropatógenas zoonóticas en áreas de interfaz doméstico-silvestre.

Predicción 6.1. Se detectará la presencia de bacterias enteropatógenas zoonóticas en *Sapajus nigritus cucullatus* en áreas de interfaz doméstico-silvestre.

Predicción 6.2. Se identificarán bacterias enteropatogénicas zoonóticas en animales domésticos que coexisten con *S. n. cucullatus*.

5.4 Métodos

Todas las muestras colectadas y almacenadas en ARNlater (ver capítulo 2 sección 2.3 para metodología de colecta) de *S. n. cucullatus*, perros domésticos (*Canis lupus familiaris*) y ganado vacuno (*Bos taurus*) fueron utilizadas para el análisis molecular de identificación de las bacterias zoonóticas: *Salmonella enterica, Escherichia coli enterohemorrágico, Campylobacter jejuni* y *Shigella flexneri*. El número de muestras por sitio y especie se presenta en resultados (Tabla 5.3). El análisis de las muestras fue realizado en el laboratorio del Dr. Thomas Gillespie en el Departamento de Ciencias ambientales de la Universidad de Emory en Georgia, Estados Unidos de América, durante una estadía de 3 meses de duración durante el 2023. El envío de muestras se realizó cumpliendo con toda la legislación para exportación de muestras biológicas siguiendo el protocolo de Nagoya (Ley 27.246) el cual regula el acceso a los recursos genéticos y la soberanía de cada nación a sus recursos. Para ello, además de los permisos de colecta (descriptos en Capítulo 2), se obtuvo el permiso de exportación de Fauna silvestre (o sus derivados) otorgado por la Dirección Nacional de Biodiversidad del Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible (Certificado N°: CE-2023-13026559-APN-DNBI#MAD), el Certificado de Exportación de Recursos Genéticos otorgado por la Secretaría de Política ambiental en Recursos Naturales del Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible (Certificado N°: CE-2023-12518121-APN-SPARN#MAD) y un registro como Operadora de fauna silvestre de la Dirección Nacional de Biodiversidad (Legajo N°: RL-2022-79519597-APN-DNBI#MAD). Además, se solicitó la certificación sanitaria de las muestras en el Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA, Certificado N° 16928609/2023). Por otro lado, para la importación en el territorio de Estados Unidos de América se obtuvo el permiso del Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC: Centers for Disease Control and Prevention; Permiso N° 20230504-1837[a]) y del Ministerio de Agricultura de Estados Unidos (USDA, Permiso N° 639-23-214-03818). Para el envío se siguió el protocolo de embalaje de muestras biológicas de la Organización Mundial de la Salud, el cual consiste en realizar un triple embalaje (OMS 2019): tubos eppendorf de 2ml en cajas plásticas con gradilla y caja térmica aislante. Dentro de la caja térmica se incluyeron geles refrigerantes para asegurar que las muestras no pierdan frio durante el transporte. El envío se realizó de manera Express y en 72 horas fueron recibidas en el laboratorio en Estados Unidos. Por solicitud de la USDA, las muestras pertenecientes

al ganado vacuno, antes de ser enviadas debieron ser sometidas a un proceso de desactivación del virus de fiebre aftosa el cual consistió en colocarlas en un baño de inmersión durante 30 minutos a 72 °C.

El proceso de análisis de las muestras consistió en realizar la extracción de ADN de cada una de las muestras, amplificación de marcadores indicadores mediante PCR para cada una de las cuatro bacterias de interés (*Salmonella enterica*, EHEC, *Shigella flexneri* y *Campylobacter jejuni*) y su resolución por medio de electroforesis en gel (Figura 5.1).

5.4.1 Extracción de ADN

Para la extracción se utilizó el Kit Quick-DNA Fecal/Soil Microbe Miniprep Kit (Zymo Research, Irvine, CA). Este kit es especialmente utilizado para la extracción de ADN de bacterias, hongos, algas, protozoos y virus a partir de muestras de suelo y materia fecal. La extracción se basa en la lisis mecánica mediante perlas de alta densidad (a partir de ahora llamadas BashingBeads), sin necesidad de desnaturalizantes orgánicos ni proteinasas. Luego, el ADN se purifica utilizando un proceso de columnas de filtración con una membrana de sílice llamadas Zymo-Spin, para eliminar contaminantes como ácidos húmicos y polifenoles, que pueden interferir en la amplificación.

El protocolo de extracción fue el recomendado por el kit y consistió en:

1. **Preparación de la muestra.**
   - 1.1. Homogeneizar cada una de las muestras de materia fecal almacenadas en ARNlater durante no más de 1 segundos en un agitador.
   - 1.2. Añadir 150 µl de materia fecal en un tubo de 2 ml con BashingBeads.
   - 1.3. Agregar al tubo 750 µl de BashingBead Buffer.
2. **Lisis de la muestra**
   - 2.1. Colocar el tubo en un agitador durante 40 minutos.
3. **Purificación del ADN**
   - 3.1. Centrifugar el tubo ≥ 10000 x g durante un minuto.

3.2. Transferir 400 µl del sobrenadante a un filtro Zymo-Spin III-F (se utiliza para eliminar partículas grandes e inhibidores) dentro de un tubo de recolección.

3.3. Centrifugar a 8000 x g por un minuto.

3.4. Descartar el filtro y agregar 1200 µl de Genomic Lysis Buffer (desnaturaliza proteínas, disuelve lípidos y estabiliza el ADN en la solución) al filtrado, mezclando bien.

3.5. Transferir 800 µl de la mezcla a una columna Zymo-Spin™ IC (retiene el ADN en la membrana y permite su purificación mediante lavados sucesivos) y centrifugar a 10000 x g por un minuto

3.6. Descartar el líquido filtrado, y repetir el paso anterior con el volumen restante.

3.7. Lavar la columna con 200 µl de DNA Pre-Wash Buffer (elimina contaminantes solubles como proteínas y compuestos inhibidores de la PCR) y centrifugar a 10000 x g por un minuto.

3.8. Lavar nuevamente con 500 µl de g-DNA Wash Buffer (realiza un lavado final para eliminar restos de sales y otras impurezas que puedan interferir en la PCR) y centrifugar a 10,000 x g por 1 minuto

3.9. Transferir la columna a un tubo de microcentrífuga limpio y filtrar el ADN con 20 µl de DNA Elution Buffer (desprende el ADN de la membrana de la columna y lo solubiliza), centrifugando a 10,000 x g por 30 segundos.

4. Eliminación de inhibidores

4.1. Colocar un filtro Zymo-Spin II-µHRC (filtra el ADN final para eliminar cualquier contaminante residual antes de su uso en PCR) en un tubo de recolección limpio y agregar 600 µl de Prep Solution (prepara la columna Zymo-Spin II-µHRC para la eliminación de inhibidores), centrifugando a 8000 x g por 3 minutos.

4.2. Transferir el ADN filtrado al Zymo-Spin II-µHRC preparado y centrifugar a 16,000 x g por 3 minutos.

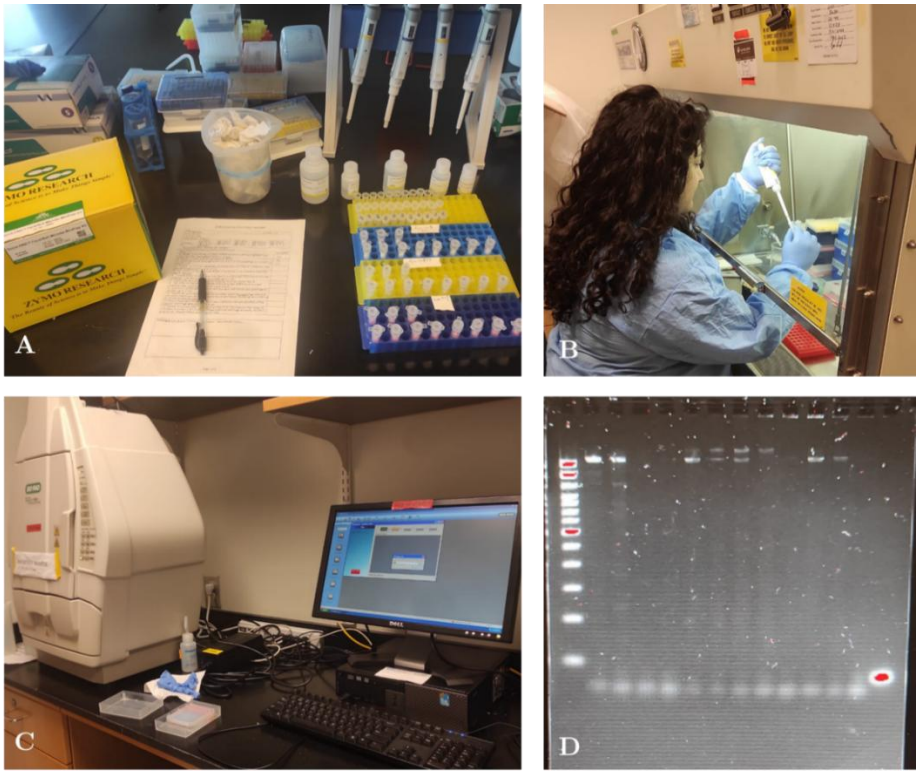


Figura 5.1. Análisis de laboratorio. A. Proceso de extracción de ADN; B. Preparación de PCR. C-D. Visualización de productos de PCR. Laboratorio Giilespie, Departamento de Ciencias Ambientales, Universidad de Emory (Georgia, Estados Unidos).

5.4.2 Amplificación de marcadores marcadores indicadores de las cuatro bacterias de interés (*Salmonella enterica*, EHEC, *Shigella flexneri* y *Campylobacter jejuni*) por medio de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)

Una vez el ADN fue extraído, se utilizaron alícuotas del mismo para amplificar marcadores específicos mediante una Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) . Las PCRs se realizaron para detectar la presencia de *Salmonella enterica*, Enterohemorragico *Escherichia coli* (EHEC), *Shigella flexneri* y *Campylobacter jejuni*. Cada reacción de PCR fue realizada en un volumen de final de 25 µl conteniendo: 2.5 µl de ADN, 5 µl de buffer de reacción 10x, 0.5 µl de desoxinucleótido trifosfatos premezclados 8nM (dNTPs), 0.125 µl ADN polimerasa OneTaq, 0.5 µl Primer Forward, 0.5 µl Primer Reverse, y 15.875 µl de agua ultrapura. Los marcadores o genes objetivo fueron: *ttr* para *Salmonella enterica* (Chirambo et al. 2021), stx1 para EHEC (Bai et al. 2010), 16S rRNA para

Campylobacter jejuni (Linton et al. 1997) y, *rfc* para *Shigella flexneri* (Ojha et al. 2013). Los primers utilizados se especifican en la tabla 5.1. El protocolo de amplificación varió entre los diferentes patógenos que se describen en la tabla 5.2. Se siguieron los protocolos utilizados por Kariuki et al. (2021) para *S. enterica*, Taillon et al. (2008) para EHEC, Linton et al. (1997) para *C. jejuni* y Ojha et al. (2013) para *Shigella flexneri*.

Tabla 5.1. Secuencia de los primers utilizados para la detección de *Salmonella enterica*, EHEC, *Campylobacter jejuni* y *Shigella flexneri*.

Patógeno	**Gen**	**Dirección**	**Primer**
Salmonella enterica	*ttr* (100pb)	Forward	CTC ACC AGG AGA TTA CAA CAT GG
		Reverse	AGC TCA GAC CAA AAG TGA CCA TC
Escherichia coli Enterohemorrágico	*stx1* (655 pb)	Forward	TGT CGC ATA GTG GAA CCT CA
		Reverse	TGC GCA CTG AGA AGA AGA GA
Campylobacter jejuni	*16S rRNA* (854 pb)	Forward	AAT CTA ATG GCT TAA CCA TTA
		Reverse	GTA ACT AGT TTA GTA TTC CGG
Shigella flexneri	*rfc* (537 pb)	Forward	TTT ATG GCT TCT TTG TCG GC
		Reverse	CTG CGT GAT CCG ACC ATG

Tabla 5.2. Protocolos de amplificación por PCR de genes específicos para la detección de *Salmonella enterica, Escherichia coli* enterohemorrágico, *Campylobacter jejuni* y *Shigella flexneri*.

Etapas PCR	**Núm. de ciclos**	**Temp. (°C)**	**Tiempo**
	Salmonella enterica		
Desnaturalización inicial	1	95	2 min
Desnaturalización	35	95	1 min
Alineamiento	35	51	45 seg
Extensión	35	72	1 min
Extensión final	1	72	10 min
Mantenimiento	-	4	-
	Escherichia coli Enterohemorrágico		
Desnaturalización inicial	1	94	5 min
Desnaturalización	30	94	30 seg
Alineamiento	30	55	30 seg
Extensión	30	72	30 seg
Extensión final	1	72	5 min
Mantenimiento	-	4	-
	Campylobacter jejuni		
Desnaturalización inicial	1	94	30 seg
Desnaturalización	25	94	1 min
Alineamiento	25	58	1 min
Extensión	25	72	1 min
Extensión final	1	68	5 min
Mantenimiento	-	4	-
	Shigella flexneri		
Desnaturalización inicial	1	94	3 min
Desnaturalización	30	94	30 seg
Alineamiento	30	60	30 seg
Extensión	30	72	30 seg
Extensión final	1	60	30 seg
Alineamiento extra	1	72	3 min
Mantenimiento	-	4	-

5.4.3 Visualización de productos de PCR

Todos los productos de PCR se resolvieron en electroforesis en gel de agarosa al 1.5% y visualizado bajo luz ultravioleta con la cámara ChemiDoc XRS+ con el software de visualización ImageLab. En los casos en los que la amplificación no era visualizada en los controles positivos, se repitió la reacción PCR. Se utilizaron controles negativos y positivos para cada PCR. Para control positivo se utilizó ADN obtenido de la empresa ATCC (https://www.atcc.org/) y como control negativo se utilizó agua ultrapura.

5.5 Resultados

Se analizaron un total de 143 muestras almacenadas en ARNlater, de las cuales 81 pertenecen a *S. nigritus cucullatus*, 43 a perros domésticos y 19 a ganado vacuno (Tabla 5.3).

Tabla 5.3. Muestras colectadas en ARNlater y analizadas para los tres hospedadores de estudio: *Sapajus nigritus cucullatus*, perros domésticos (*Canis lupus familiaris*) y ganado vacuno (*Bos taurus*) por sitio de estudio.

Sitios	*S. n. cucullatus*	Perro doméstico	Ganado vacuno
COR	14	12	8
SA	17	13	2
PA	17	2	3
PN	10	0	6
RUA	10	10	0
YL	13	6	0
Totales	**81**	**43**	**19**

Excepto *Campylobacter jejuni*, todas las bacterias zoonóticas fueron detectadas en al menos un hospedador (Tabla 5.4). Los monos caí resultaron positivos únicamente para *Salmonella enterica*, con una frecuencia del 14,8% (12/81). Además, de las muestras positivas a *S. enterica*, la consistencia de la materia fecal fue liquida en cuatro de ellas. En los perros domésticos, se observó una frecuencia del 18,6% (8/43) para *Salmonella enterica* y del 6,9% (3/43) para *Shigella flexneri*. Por otro lado, en el ganado vacuno se detectó únicamente la presencia de EHEC en el 15,8% de las muestras (3/19).

Tabla 5.4. Frecuencia de bacterias enteropatógenas zoonóticas en *S. n. cucullatus*, perros domésticos y ganado vacuno en áreas de interfaz de la provincia de Misiones, Argentina.

	Salmonella enterica	*Escherichia coli* Enterohemorrágico	*Campylobacter jejuni*	*Shigella flexneri*
S. n. cucullatus	14,8% (12/81)	- (0/81)	- (0/81)	- (0/81)
Perros domésticos	18,6% (8/43)	- (0/43)	- (0/43)	6,9% (3/43)
Ganado vacuno	- (0/19)	15,8% (3/19)	- (0/19)	- (0/19)

En cuanto a la distribución espacial de los patógenos (Figura 5.2), se observa que en los sitios PA y RUA únicamente se halló la bacteria *S. enterica* en perros. El ganado vacuno y monos caí, no dieron positivo para ninguna de las bacterias analizadas en estos sitios. Por otro lado, en el sitio PN sólo se encontró EHEC en ganado vacuno, los monos caí provenientes de este sitio no fueron positivos para ninguna de las bacterias analizadas. En Yacutinga Lodge y San Antonio se detectó la presencia de *Salmonella enterica* tanto en perros como en monos caí. Además, en estos sitios, las muestras positivas para *S. enterica* se encuentran ubicadas en áreas cercanas entre sí (200-900 metros de distancia). En YL los perros fueron positivos para *Salmonella enterica* y *Shigella flexneri*. Por último, en el Corredor Biológico, se encontraron las bacterias *S. enterica*, EHEC y *S. flexneri*, y además se observó una co-infección de *Salmonella enterica* y *Shigella flexneri* en perros.

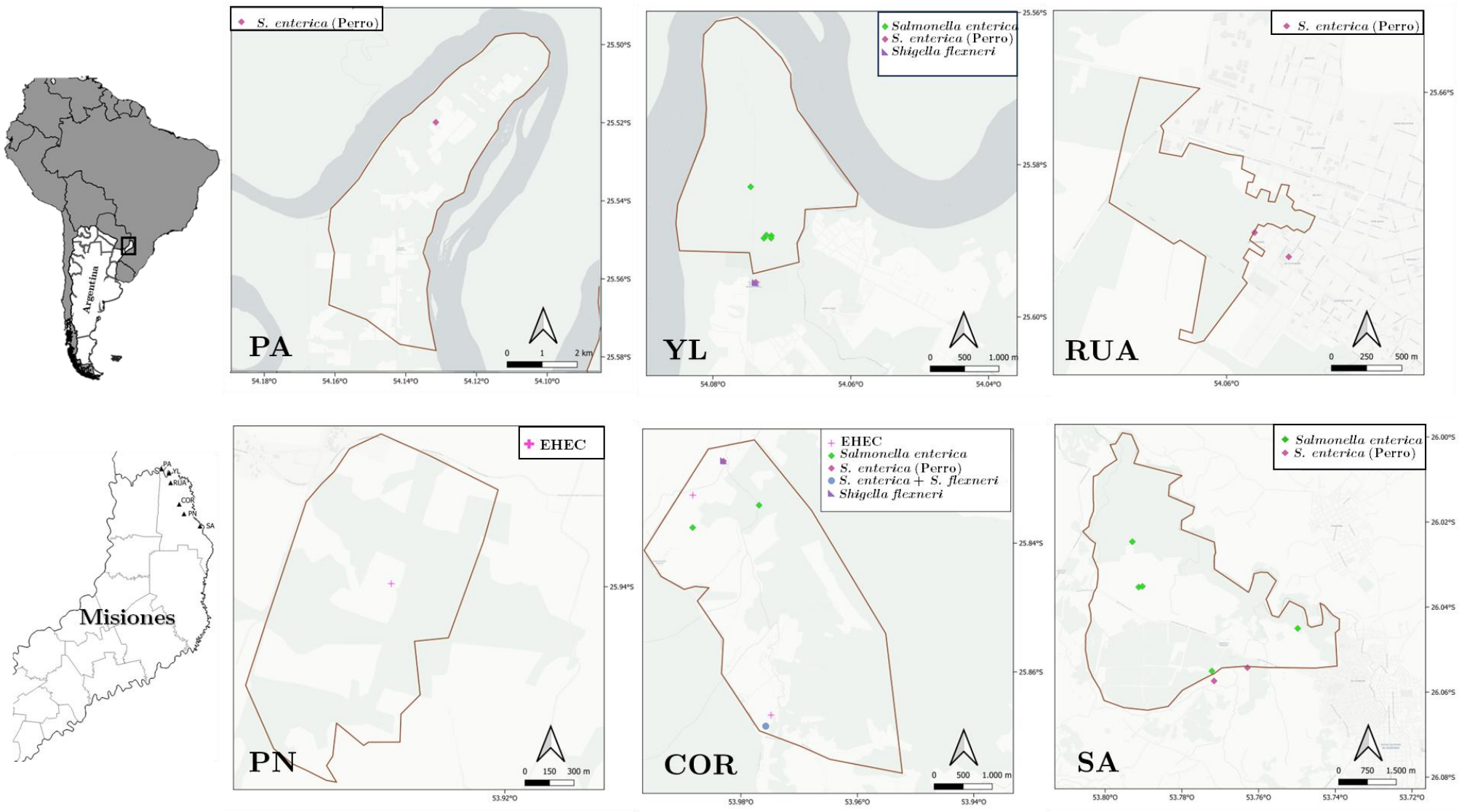


Figura 5.2. Ubicación geográfica de muestras positivas para *Salmonella enterica*, EHEC y *Shigella flexneri*. De Norte a Sur, PA: Península de Andresito; YL: Yacutinga Lodge; RUA: Reserva Urbana Uruguaí; PN: Piñalito Norte; COR: Corredor Biológico; y SA: San Antonio.

5.6 Discusión

En este capítulo se proporciona nueva información sobre la presencia de bacterias enteropatógenicas zoonóticas en poblaciones silvestres de *Sapajus nigritus cucullatus* y animales domésticos en áreas de interfaz doméstico-silvestre en Misiones, Argentina. De las cuatro bacterias analizadas se detectaron entre las diferentes especies hospedadoras (*S. n. cucullatus*, perro doméstico y ganado vacuno) a: *Salmonella enterica*, *Shigella flexneri* y *Escherichia coli* enterohemorrágica (EHEC).

5.6.1 *Salmonella enterica*

Los resultados muestran que *Salmonella enterica* estuvo presente tanto en monos caí como en perros domésticos. Los primates pueden ser portadores asintomáticos de la bacteria, pero en algunos casos puede resultar en la muerte de los individuos (Nizeyi et al. 2001; Didier & Kondova-Perseng 2024). Durante la colecta de muestras, se observó que algunas de las fecas colectadas de monos caí y, que dieron positivo a *S. enterica,* tenían consistencia líquida. Esta podría ser una manifestación clínica de la infección a *S. enterica* (Didier & Kondova-Perseng 2024). Sin embargo, el bajo número de registros de diarrea en los individuos positivos podría indicar que las infecciones por *Salmonella* en *S. n. cucullatus* son mayormente subclínicas (o presentar otro tipo de manifestaciones clínicas), lo que también se ha observado en otras especies de primates (Verona & Pissinatti 2014). Nizeyi et al. (2001) reportaron que la prevalencia de *Salmonella* spp. en gorilas de montaña (*Gorilla gorilla beringei*) de Uganda fue de 13%. En esta población también encontraron *Shigella* spp. y *Campylobacter* spp., y, sin embargo, los individuos infectados no presentaban signos clínicos de la infección. En esta tesis las muestras registradas con consistencia líquida, se encontró principalmente a otros parásitos gastrointestinales como *Strongyloides* sp., *Filariopsis* sp., larvas rabditoides y *Molineus* sp. Estos podrían ser los agentes causantes de la diarrea. Por ejemplo, en humanos la diarrea es un signo clínico normalmente reportado con la estrongiloidiasis (Genta 1993; Gendrel et al. 2003; Khieu et al. 2013).

Como se mencionó previamente, existen varios registros de *Salmonella* en primates de África y Asia, pero en primates platirrinos, la salmonelosis rara vez es descripta. Existe un informe de enterocolitis inducida por *Salmonella* spp. en un mono aullador (*Alouatta guariba*) (Ehlers et al. 2022) y en capuchinos (*Cebus* spp.)

provenientes del tráfico ilegal o mascotismo de individuos en Brasil (Ferreira et al. 2012). Además, en Costa Rica se reporta *Salmonella* enterica en monos araña (*Ateles geoffroyi*), ardillas (*Saimiri oerstedii*), aulladores (*Alouatta palliata*), capuchinos (*Cebus imitator*) que se encuentran en cautiverio en centros de rescate (Rojas-Sánchez et al. 2023). De esta manera, se observa que *Salmonella enterica* puede ser hallada en primates de diferentes familias de primates platirrinos (Cebidae y Atelidae), pero no se han hallado estudios que analicen la presencia de la bacteria en poblaciones silvestres. Por otro lado, en condiciones de cautiverio o contacto frecuente con humanos y animales domésticos los primates se encuentran en mayor riesgo de infección, lo que puede facilitar la transmisión interespecífica (Mansfield et al., 2022). Si bien la frecuencia de las bacterias en monos caí fue baja (14.8%), resulta importante tener en cuenta la presencia de *S. enterica* tanto en perros domésticos como en las poblaciones silvestres de primates que utilizan el mismo espacio podría deberse a una transmisión cruzada pudiendo poner en peligro la salud de las poblaciones silvestres de monos caí y a la salud pública (Hilbert et al. 2012). La infección cruzada de *Salmonella* spp. entre perros u otros animales domésticos y humanos se encuentra bien documentada (Wolff et al. 1948; Watt & DeCAPITO 1950; Neumann 1974; Morse et al. 1976, 1978; Sato et al. 2000; Imanishi et al. 2014; Jajere et al. 2014; Reimschuessel et al. 2017). De esta manera, el hallazgo de *Salmonella enterica* en dos de los tres hospedadores estudiados destacan la importancia de estos patógenos en zonas de interfaz donde la coexistencia entre animales domésticos y silvestres podría facilitar la transmisión de bacterias zoonóticas.

5.6.2 *Shigella flexneri*

Si bien *Shigella flexneri* es la bacteria más común en humanos en Argentina (MSAL 2012), y es reportada en poblaciones silvestres y en cautiverio de primates de África y Asia (Takeuchi et al. 1975; Armitage et al. 1983; Nizeyi et al. 2001; Islam et al. 2014; Bublitz et al. 2015; Didier & Kondova-Perseng 2024), en primates platirrinos solo ha sido registrada en individuos en cautiverio (Cooper & Needham 1976; Mätz-Rensing & Lowenstine 2018; Mansfield & Fox 2019). De acuerdo a Oliveira y Santos (2023), hasta el momento no se han reportado casos de infección por *Shigella* en poblaciones silvestres de primates platirrinos.

Es importante de destacar que su detección en perros domésticos (6,9%), por la estrecha asociación entre perros y humanos podría representar un riesgo para la

salud pública. En perros suelen ser reportadas las especies *Shigella flexneri* y *S. sonnei* (Floyd 1955; El-Gohary & Samaha 1992; Wiebe 2015; Zheng et al. 2018). Por otro lado, la infección de *Shigella* spp. en perros que se encuentran en ambientes rurales, tiene una gran importancia en la epidemiología de la bacteria. Por ejemplo, en un estudio realizado en Kenia, se evaluaron las heces de perros, pollos, patos, vacas y cabras para detectar patógenos entéricos, incluidos *Shigella* spp., *Escherichia coli,* y otros virus y protozoos. El estudio concluye que los perros actúan como importantes reservorios de *Shigella spp.*, encontrándose esta bacteria en el 85% de las muestras de heces caninas analizadas, teniendo los perros un importante rol en la transmisión de esta bacteria, especialmente en entornos donde conviven estrechamente con humanos (Daly et al. 2024). En esta tesis, la frecuencia de *Salmonella enterica* del 18.6% y de *Shigella flexneri* del 6.9% refuerza la idea de que los animales domésticos pueden actuar como reservorios de patógenos zoonóticos en las áreas de interfaz. Estos hallazgos son consistentes con estudios previos que han documentado la transmisión de *Salmonella* y *Shigella* entre animales domésticos y humanos, especialmente en ambientes rurales y poblaciones humanas de bajos ingresos económicos (Scallan et al. 2011; Karesh et al. 2012). Es importante, además, tener en cuenta que durante las entrevistas se reportó un alto porcentaje de perros que consumen alimento producida por sus dueños, en las cuales en algunos casos puede provenir carne de faena. Por esto, las estrategias de control con planes sanitarios deben de considerar factores culturales y socioeconómicos que pueden influir en la dinámica de interacción entre perros y humanos en estas áreas, destacando la necesidad de programas de educación comunitaria y manejo adecuado de los animales domésticos para minimizar los riesgos de transmisión.

5.6.3 *Escherichia coli* enterohemorrágico

Escherichia coli enterohemorrágico es una bacteria de gran importancia sanitaria debido a su capacidad para causar enfermedades graves en humanos, como el síndrome urémico hemolítico (SUH), que afecta especialmente a niños (Tarr et al. 2005; Welinder-Olsson & Kaijser 2005). El ganado vacuno es el mayor reservorio de EHEC pero a diferencia de los humanos, es asintomático (Sperandio & Nguyen 2012). En este trabajo, se encontró una frecuencia del 15.8% para *Escherichia coli* enterohemorrágica únicamente en el ganado vacuno lo cual es consistente con su rol como principal reservorio (Welinder-Olsson & Kaijser 2005). La transmisión de EHEC a humanos ocurre principalmente a través de la excreción del patógeno en las

heces del ganado, siendo este proceso más significativo en los llamados "*super shedders*" ("super diseminadores"). En los *super shedders* la bacteria coloniza de manera permanente la región recto-anal del individuo infectado, liberando al ambiente la bacteria constantemente. De esta forma, unos pocos individuos infectados pueden ser responsables de más del 95% de la excreción de EHEC al ambiente (Wagner et al. 2002; Omisakin et al. 2003; Chase-Topping et al. 2007; Cobbold et al. 2007). Una vez en el ambiente, la bacteria puede persistir durante más de siete semanas (Wang et al. 1996), lo que incrementa el riesgo de transmisión a través del consumo de productos contaminados de origen bovino, como carne, leche y lácteos, o alimentos como vegetales y agua no tratada (Armstrong et al. 1996; Cody et al. 1999). Muchas de las casas de pobladores visitados, producían carne y productos derivados de ganadería principalmente para consumo propio. En este contexto, la detección de EHEC en ganado en esta tesis sugiere que las áreas de interfaz entre poblaciones humanas, ganado y fauna silvestre podrían representar un riesgo importante para la transmisión zoonótica, especialmente cuando no se implementan adecuadamente medidas de control de patógenos en el ganado (LeJeune & Wetzel 2007; Ferens & Hovde 2011).

5.6.4 Distribución espacial e implicancia en la salud pública y conservación de animales silvestres

La distribución espacial de *Salmonella enterica* mostró que los caí y los perros positivos se encontraban en áreas cercanas entre sí en los sitios Yacutinga Lodge, San Antonio y el Corredor Biológico Uruguaí-Foerster. Esto podría deberse a un alto grado de interacción entre los monos caí y los perros domésticos en estas áreas. Por otro lado, resulta importante de mencionar, en el caso del Corredor Biológico, la detección de múltiples patógenos en perros y la co-infección de *Salmonella enterica* y *Shigella flexneri* sugiere una posible fuente común de exposición, que podría estar relacionada con la contaminación del agua, o incluso el contacto con otras especies de animales silvestres. La alta diversidad de patógenos detectados en esta área resalta la importancia de monitorear esta zona para prevenir la transmisión de enfermedades infecciosas (Oliveira & Santos, 2023), especialmente por la importancia del Corredor Biológico que une dos grandes áreas naturales protegidas, el Parque Provincial Uruguaí y el Parque Provincial Segismundo Welcz. Este patrón ha sido observado previamente en estudios que examinan la transmisión de enfermedades en zonas de interfaz doméstico-silvestre, donde el contacto directo o indirecto entre animales

silvestres y domésticos facilita el intercambio de patógenos (Thompson 2013; Plowright et al. 2017). Un trabajo realizado por Goldberg et al. (2008) en África con tres especies de primates (*Cercopithecus ascanius*, *Protocolobus tephrosceles* y *Colobus guereza)* encontró que la fragmentación ambiental y la agricultura incrementaron la transmisión de *E. coli* entre las especies de primates estudiadas, los humanos y el ganado vacuno debido al aumento de la superposición del uso de ambienes. Por otro lado, Bublitz et al. (2015) encontraron que en áreas modificadas de Madagascar los lémures pertenecientes a seis especies diferentes (*Avahi laniger, Eulemur reinvented, Hap lemur aurous, Microcopies Rufus, Propithecus edwardsi,* y *Prolemur simu*) presentaban bacterias como *Escherichia coli* enterotoxigénica, *Salmonella enterica*, *Vibrio cholerae*, *Yersinia* spp y *Shigella* spp., mientras que aquellos individuos de ambientes no modificados no estaban infectados con ninguna de las bacterias analizadas. En este mismo estudio, los autores analizaron la presencia de las bacterias zoonóticas en humanos, ganado vacuno y roedores y encontraron que todas las especies analizadas tenían al menos una bacteria zoonótica (Bublitz et al. 2015). Los lémures habitualmente realizan geofagia, y los autores de este estudio sugieren que la contaminación ambiental es una de las fuentes clave de transmisión interespecífica de bacterias para los lémures que habitan en áreas modificadas por actividades antrópicas.

Además, estudios recientes han mostrado que primates como los macacos rhesus (*Macaca mulatta*) en Bangladesh actúan como reservorios de bacterias resistentes a múltiples antimicrobianos, incluyendo *Salmonella* spp. y *Staphylococcus* spp. La resistencia antimicrobiana observada en primates en ambientes de alta interacción humano-animal sugiere que estas interfaces son puntos clave para la propagación de bacterias resistentes (Rahman et al., 2023). Esto demuestra la importancia de ampliar las investigaciones para incluir otras especies de primates que comparten hábitats similares, como los monos aulladores, analizar la presencia de estas bacterias en muestras ambientales de suelo y agua, y su resistencia a agentes antimicrobianos. La resistencia podría estar influenciada por factores como la mayor superposición histórica de hábitats con humanos, el acceso a fuentes contaminadas de agua o incluso por presiones selectivas debidas al uso de antimicrobianos en las áreas circundantes (Rahman et al. 2023). La inclusión de un enfoque longitudinal y multiespecífico permitiría entender mejor las dinámicas temporales y espaciales de estas bacterias en ambientes de interfaz. Esto no solo fortalecería las bases para estrategias de mitigación, sino que también contribuiría a la conservación de primates silvestres y a la salud pública global.

Los resultados obtenidos en este estudio tienen importantes implicancias para la conservación de *S. n. cucullatus* y para la salud pública en las áreas de interfaz. La presencia de bacterias zoonóticas en poblaciones silvestres de primates remarca la necesidad de generar un programa de monitoreo de la salud poblacional de monos caí en áreas de interfaz doméstico-silvestre. Por otro lado, la falta de información disponible sobre enterobacterias zoonóticas en las poblaciones silvestres de primates platirrinos, destaca la necesidad de incluir en el monitoreo a otros primates simpátricos como lo son *Alouatta caraya* en YL y a los humanos, y considerar el tomar muestras ambientales para poder analizar las posibles vías de transmisión. Es importante, además, tener en cuenta en los resultados de amplificación, que no se observe una banda en el gel en una muestra no implica necesariamente la ausencia del patógeno. Si bien la detección de patógenos mediante PCR es una herramienta altamente sensible y específica, es importante considerar que diversos factores, como la presencia de inhibidores o una baja concentración de ADN en la muestra, pueden afectar la amplificación de ciertos fragmentos genéticos. Por ello, sería recomendable acompañar estos análisis con técnicas complementarias como cultivos microbiológicos, agregar otros genes específicos, o incluso realizar PCR en tiempo real para tener información cuantitativa, entre otras. Además, el haber detectado *Salmonella enterica* y *Shigella flexneri* en perros domésticos muestra la importancia de desarrollar planes sanitarios de los animales domésticos en estas áreas, ya que podrían estar actuando como reservorios de patógenos zoonóticos hacia humanos y fauna silvestre. La presencia de EHEC en ganado vacuno, representa un importante riesgo zoonótico para los pobladores locales, especialmente en áreas donde las fuentes de agua son las mismas que los animales domésticos y silvestres, y el manejo sanitario de los animales domésticos no es el óptimo. Medidas como la mejora en el tratamiento del agua, la gestión adecuada de desechos y la desparasitación de animales domésticos, cuando sea necesaria, podrían reducir la frecuencia de estos patógenos y mitigar el riesgo de transmisión zoonótica (Cook & Karesh 2012; Meurens et al. 2021).

5.7 Conclusiones

- Se encontró *Salmonella enterica* en el 14,8% de las muestras analizadas provenientes de monos caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) y en un 18,6% provenientes de los perros domésticos.
- *Shigella flexneri* se detectó exclusivamente en perros domésticos con una frecuencia del 6,9%, mientras que *Escherichia coli* enterohemorrágica (EHEC) fue encontrada únicamente en ganado vacuno con una frecuencia del 15,8%.
- La distribución espacial de *Salmonella enterica* mostró proximidad geográfica entre monos caí y perros positivos, especialmente en Yacutinga Lodge y San Antonio, con distancias de 200 a 900 metros. Este patrón indica posibles rutas de transmisión cruzada en áreas de interfaz por superposición del uso del ambiente.
- En el Corredor Biológico Uruguaí-Foerste, se identificaron todos los patógenos analizados (con excepción de *Campylobacter jejuni*), incluyendo un caso de coinfección de *Salmonella enterica* y *Shigella flexneri* en perros domésticos, lo que sugiere una posible fuente común de exposición.
- La detección de EHEC exclusivamente en ganado vacuno resalta su rol como principal reservorio del patógeno y enfatiza el riesgo zoonótico.
- Este estudio destaca la importancia de implementar programas de monitoreo en monos caí y animales domésticos en áreas de interfaz, así como tomar muestras ambientales para evaluar vías de transmisión e incorporar otros hospedadores, como la inclusión del humano y otros primates.
- Se recomienda establecer planes sanitarios para el manejo de animales domésticos y mejorar la gestión de las fuentes de agua para mitigar el riesgo de transmisión zoonótica y proteger tanto la salud pública como la conservación de las poblaciones silvestres.

Capítulo 6. Conclusiones y consideraciones finales

En la presente tesis se ha explorado el impacto de la fragmentación del hábitat en la ecología de parásitos gastrointestinales en el mono caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) que habitan áreas de interfaz doméstico-silvestre en la provincia de Misiones (Argentina), teniendo en cuenta el enfoque de *Una Salud*, reconociendo que para estudiar la salud de un ecosistema se deben tener en cuenta la salud humana, animal y ambiental (Zinsstag et al. 2011; Destoumieux-Garzón et al. 2018).

El monitoreo de enfermedades infecciosas es importante desde el punto de vista de la salud pública, pero también es indispensable para proponer planes de manejo de las poblaciones de animales silvestres involucrados en el mantenimiento de las zoonosis en el ambiente, independientemente de que sean enfermedades consideradas emergentes o re-emergentes (Kuiken et al. 2005). Las enfermedades infecciosas pueden emerger o reemerger debido a cambios en los ecosistemas y la intensificación en el contacto entre especies domésticas y silvestres (Daszak et al. 2000). En este contexto, la identificación de nuevos patógenos en poblaciones de primates cercanas a zonas habitadas por humanos puede servir como estrategia preventiva para evitar futuros brotes epidémicos.

6.1 Comunidad de parásitos gastrointestinales en el mono caí *Sapajus nigritus cucullatus* y relación parásito-hospedador-ambiente

Como se ha mencionado a lo largo de esta tesis, las comunidades parasitarias son componentes importantes en los ecosistemas (Hudson et al. 2006; Tompkins et al. 2011). Los parásitos participan de numerosos procesos, modulando las relaciones intra e interespecíficas dentro de los ecosistemas que ocupan (Nunn & Altizer 2006; Pedersen & Fenton 2007). Sin embargo, la alteración del hábitat por actividades humanas y la superposición de ambientes entre fauna silvestre y doméstica pueden modificar la estructura de estas comunidades, facilitando la transmisión de patógenos (Nunn & Altizer, 2006).

En esta tesis se identificaron 15 taxones parasitarios en *S. n. cucullatus*, entre los cuales se reportan los taxones: *Entamoeba sp.*, *Buxtonella sp.*, *Coccidia*,

Capillaria sp., *Molineus sp.*, *Nematoda* indeterminado, acantocéfalos y larvas rabditoides, que no habían sido registrados en estudios parasitológicos previos de Argentina y Brasil (Machado et al. 2012; Silva et al. 2013; Svoboda et al. 2014; Vanderhoeven et al. 2017; Agostini et al. 2018; Pereira et al. 2020; Girio et al. 2021; da Silva et al. 2023). Entre los taxones más frecuentes hallados en las poblaciones de *S. n. cucullatus* estudiados en esta tesis se encuentran las larvas Rabditoides, *Strongyloides* sp., *Filariopsis* sp. y Coccidia, de los cuales *Strongyloides* sp. y *Filariopsis* sp. han sido taxones con alta frecuencia parasitaria también en otros estudios de *S. n. cucullatus* y otros capuchinos, por lo que podían tratarse de parásitos que acompañan a los capuchinos a lo largo de sus distribuciones geográficas (Lee et al. 1996; Parr et al. 2013c; a; Agostini et al. 2018). Por otro lado, varios de los taxones parasitarios hallados en *Sapajus nigritus cucullatus*, también se encuentran descriptos para otras especies de la familia Cebidae o en especies simpátricas de Argentina como *Alouatta caraya*. Estos resultados sugieren que algunos taxones parasitarios podrían haber acompañado a *S. n. cucullatus* a lo largo de su historia evolutiva. Estos hallazgos resaltan la importancia de considerar enfoques evolutivos y ecológicos en el estudio de la parasitología de primates neotropicales.

Cuando se analizó si condiciones ambientales (Hipótesis 2) y factores intrínsecos del hospedador (Hipótesis 3 y 4) influyen en la dinámica de las comunidades parasitarias, se encontró una asociación entre algunas de las características ambientales, la edad del hospedador y los parásitos. En particular, con respecto a la edad del hospedador se observó que los individuos adultos presentaron mayor frecuencia parasitaria de *Filariopsis sp.* e Hymenolepididae. Probablemente debido a diferencias comportamentales en los hábitos alimenticios, acicalamiento o como efecto acumulativo a la exposición de estadios infectivos a lo largo de la vida de los individuos (Brown & Zunino 1990; Di Bitetti 2003; Chalk et al. 2016; Williamson et al. 2021). Por otro lado, al analizar las condiciones climáticas también se halló que tienen efecto en la riqueza y frecuencia parasitaria. Originalmente, se consideró que la comunidad parasitaria tendría diferencias en frecuencia y riqueza a lo largo de ciclos estacionales, presentando diferencias en las estaciones del año (verano, otoño, invierno, primavera). Sin embargo, los resultados mostraron no solo que a lo largo del año no hay cambios directos relacionados a la estación, sino que existen otras variables ambientales que tienen influencia sobre las comunidades parasitarias de *S. n. cucullatus*. Se encontró que el SPEI (Índice Estandarizado de Precipitación-Evapotranspiración) resultó ser un buen predictor de las variaciones en las comunidades parasitarias en relación a características ambientales. El SPEI es un

índice que combina la información de las precipitaciones y la evapotranspiración (pérdida de humedad del suelo y transpiración de la vegetación), y explica con una escala temporal la disponibilidad de agua en el ambiente. De esta manera, se seleccionó la escala temporal de tres meses, para poder analizar si la comunidad parasitaria responde a períodos de sequía o períodos ambientales húmedos. El aumento de frecuencia y riqueza parasitaria cuando las condiciones ambientales son húmedas (SPEI en valores positivos) coincide con la bibliografía que evidencia cómo los ambientes cálidos y húmedos favorecen la persistencia de estadios infectivos en el ambiente, aumentando la probabilidad de transmisión de parásitos (Stuart 1993; Bush 2001; Nunn & Altizer 2006). Este mismo patrón se vio específicamente en la frecuencia de *Strongyloides* sp., lo que sugiere que este taxon podría beneficiarse de las condiciones asociadas a la mayor disponibilidad de agua, como suelos húmedos que favorecen la supervivencia de sus estadios infectivos.

6.2 Relación entre las comunidades parasitarias de monos caí y animales domésticos en áreas de interfaz doméstico-silvestre y su relevancia epidemiológica

La comparación con las comunidades parasitarias de *S. n. cucullatus*, perros domésticos (*Canis lupus familiaris*) y ganado vacuno (*Bos taurus*) que coexisten en los mismos ambientes mostró que el 38% de los taxones parasitarios fueron compartidos entre animales domésticos y monos caí. Este hallazgo sugiere que la alta riqueza parasitaria en *S. n. cucullatus* podría deberse a que las áreas de interfaz brindan oportunidades de contacto con especies domésticas y mantienen condiciones ambientales que favorecen la persistencia de los parásitos (Daszak et al. 2001). En particular, parásitos con potencial zoonótico como *Strongyloides sp.*, *Entamoeba sp.*, *Trichuris sp.* y *Capillaria sp.* fueron hallados tanto en monos como en animales domésticos, lo que resalta el riesgo de transmisión cruzada entre especies. Por otro lado, de las cuatro especies de bacterias analizadas (*Salmonella enterica*, *Escherichia coli* enterohemorrágica, *Campylobacter jejuni* y *Shigella flexneri*), se encontró a *S. enterica* tanto en monos caí como en perros domésticos, que además se encuentran geográficamente cercanos (muestras colectadas a distancias menores de un kilómetro entre sí). Por lo tanto, teniendo en cuenta la presencia de taxones compartidos de protozoos, helmintos y bacterias (Hipótesis 1 y 6) entre silvestres y domésticos, se sugiere la existencia de posibles rutas de transmisión entre especies, facilitadas por la proximidad, la superposición de hábitats y la falta de planes sanitarios en animales domésticos.

Asimismo, la presencia de *S. enterica y Shigella flexneri* en perros y la identificación de EHEC en ganado vacuno destacan la relevancia de la interfaz doméstico-silvestre en la epidemiología de bacterias zoonóticas. La falta de prácticas de manejo sanitario en animales domésticos, sumada a la alta incidencia de parásitos gastrointestinales en estas especies, evidencia un escenario propicio para la persistencia y transmisión de patógenos en el ambiente. El contacto directo entre animales domésticos y monos caí, motivado por la libre circulación de los primeros, aumenta el riesgo de transmisión a la fauna silvestre, los animales domésticos y humanos. Por ello, es fundamental implementar estrategias de concientización y control sanitario dirigidas a los pobladores locales, con especial énfasis en la prevención de enfermedades en animales domésticos y la gestión responsable de sus movimientos en áreas cercanas a ambientes naturales.

6.3 Impacto de la fragmentación y la antropización en las comunidades parasitarias de monos caí

El análisis a una escala de paisaje mostró que el grado de fragmentación y antropización del hábitat tiene una influencia directa en la riqueza parasitaria, siendo mayor en ambientes fragmentados y antropizados (Hipótesis 5). Estos hallazgos sugieren que la fragmentación y la alteración del hábitat por actividades humanas, principalmente las rurales, no solo modifican la estructura del paisaje, sino también las dinámicas ecológicas que determinan la estructura y composición de las comunidades parasitarias. Cuando se analizó la composición de las comunidades parasitarias en relación a los sitios de muestreo y hospedadores analizados, se encontró que algunos parásitos tenían una mayor relación al ganado vacuno y a los sitios donde la actividad ganadera es una de las principales actividades económicas. Por otro lado, cuando los sitios de estudio fueron agrupados a partir de características del paisaje y actividades antrópicas, se encontraron resultados similares. En el sitio Piñalito Norte, donde la única actividad humana es el uso del monte como potrero vacuno y que consta de un pequeño fragmento de bosque discontinuado, la riqueza parasitaria fue mayor que en los demás sitios. De esta manera, la riqueza de parásitos gastrointestinales de *S. n. cucullatus* aumenta significativamente en áreas con mayor grado de antropización asociado a las actividades ganaderas. Sin embargo, la riqueza parasitaria también mostró una disminución significativa en la Reserva Urbana Andresito, sitio altamente fragmentado pero que se encuentra inserto en una matriz urbana. De esta manera, el ambiente urbanizado refleja una pérdida de biodiversidad parasitaria probablemente debido a condiciones ambientales más homogéneas o desaparición de ambientes propicios para que los parásitos completen sus ciclos de vida, y la ruralidad un aumento de biodiversidad parasitaria, donde las interacciones con animales domésticos y humanos aumentan el riesgo de que ocurran eventos de *spillover* (Devera et al. 1999; Nizeyi et al. 1999, 2001, 2002). Por lo tanto, la antropización no solo modifica la estructura del paisaje, sino también las dinámicas ecológicas que determinan la estructura y composición de las comunidades parasitarias y el tipo de actividad podrían generar respuestas opuestas en las comunidades de parásitos gastrointestinales de *S. n. cucullatus*.

6.4 Síntesis de hipótesis planteadas y resultados obtenidos

Hipótesis 1. El solapamiento espacial entre los ambientes utilizados por *Sapajus nigritus cucullatus* y aquellos frecuentados por humanos y animales domésticos influye en su comunidad parasitaria. De los 15 taxones parasitarios encontrados en monos caí, ocho de ellos también fueron observados en animales domésticos. Por lo tanto, los hallazgos son consistentes con la hipótesis propuesta.

Hipótesis 2. Existen variaciones en la riqueza y frecuencia de parásitos gastrointestinales de *Sapajus nigritus cucullatus* a través de ciclos estacionales. No se observaron diferencias significativas en la comunidad parasitaria de los monos caí en relación a la estación del año, por lo que esta hipótesis es refutada. Sin embargo, la comunidad parasitaria responde a características ambientales como la humedad e índices relacionados a las precipitaciones y sequías, reflejando así una dinámica con el ambiente más compleja que la estacionalidad.

Hipótesis 3. El comportamiento diferencial entre individuos de diferentes sexos determina diferencias en la estructura y composición de la comunidad parasitaria de *Sapajus nigritus cucullatus*. Los resultados no son consistentes con la hipótesis planteada. Se sugiere que otros factores pueden estar influyendo.

Hipótesis 4. La edad de los individuos influye en la estructura y composición de la comunidad parasitaria asociada. Dos taxones parasitarios (*Filariopsis* sp. e Hymenolepididae) mostraron una relación acorde con la hipótesis planteada, mientras que los demás no. Por lo tanto, los resultados la respaldan parcialmente.

Hipótesis 5. Existen variaciones en la frecuencia y riqueza de parásitos gastrointestinales con relación al grado de fragmentación y antropización del hábitat. Los resultados muestran que la riqueza parasitaria es mayor en áreas con un alto grado de antropización asociada a actividades ganaderas, mientras que en ambientes altamente urbanizados se observa una disminución significativa. Por lo tanto, la hipótesis es respaldada, aunque con diferencias en la respuesta de la comunidad parasitaria según el tipo de actividad antrópica.

Hipótesis 6. *Sapajus nigritus cucullatus* participa en la epidemiología de bacterias enteropatógenas zoonóticas en áreas de interfaz doméstico-silvestre. El hallazgo de *Salmonella enterica* en monos caí y perros domésticos, respalda la hipótesis.

6.5 Implicancias para la conservación y la salud pública

A partir de los resultados de esta tesis, se destaca la importancia de realizar programas de monitoreo en los sitios de mayor fragmentación para evaluar a lo largo del tiempo la dinámica de las comunidades parasitarias en estos ambientes. Además, la coexistencia de monos caí con perros y ganado vacuno, combinada con la falta de manejo sanitario, representa un riesgo para la transmisión de parásitos y bacterias zoonóticas (Chaves et al. 2024). Es fundamental, entonces, promover programas de educación ambiental dirigidos a las comunidades locales para reducir la exposición de la fauna silvestre a agentes patógenos, minimizar el contacto entre especies y mejorar la gestión sanitaria de los animales domésticos (Berrian et al. 2018; Sokolow et al. 2019). Para ello, además resulta necesario articular con otras instituciones gubernamentales para desarrollar programas de concientización sobre el manejo apropiado de los animales domésticos en ambientes de interfaz y la importancia de los planes sanitarios en animales de compañía y producción.

6.6 Obstáculos y limitaciones del estudio

Durante el desarrollo de este trabajo surgieron varios desafíos relacionados con la colecta de muestras fecales de las poblaciones de caí. Al inicio del proyecto, los sitios de muestreo eran Yacutinca Lodge y Corredor Biológico Uruguaí-Foerster. Durante las campañas la colecta de muestras era poco efectiva en estos sitios. Se demoraban hasta una semana entera en encontrar a los grupos de monos caí, y encontrarlos no aseguraba la colecta de muestras, debido a que los avistajes eran por muy corto período de tiempo y no se observaban individuos defecar o la materia fecal no llegaba al suelo. Asimismo, la pandemia de COVID-19 representó otro obstáculo significativo, ya que interrumpió el acostumbramiento de los monos caí a la presencia de los investigadores, retrasando la obtención de datos en los sitios que venía realizándose el acostumbramiento. Esto pudo ser resuelto con la incorporación de una perra entrenada que facilitó no sólo la recolección de muestras frescas, sino que permitía encontrar a los grupos con mucha más velocidad que antes. Con esto, el

tiempo requerido para encontrar los grupos, seguirlos y colectar muestras disminuyó y por ello, fue posible incorporar nuevos sitios de muestreo (San Antonio, Península de Andresito, Reserva Urbana Andresito y Piñalito Norte) para enriquecer el análisis. Por ejemplo, en el sitio COR, durante la Etapa I, encontrar a los grupos de monos podía llegar a demorar hasta una semana, pero en la etapa dos encontrar a los grupos demoró entre uno a dos días. Sin embargo, una problemática que no pudo ser resuelta fue la independización total de las muestras. Con la perra, se pudo asegurar la colecta de muestras frescas, pero en muchos casos no era posible asociar a qué individuo pertenecía dicha materia fecal. Esto llevó a que no se pudiese obtener información específica de características de los individuos asociadas a sus materias fecales. De esta manera, para cumplir con los objetivos propuestos, el análisis estadístico y la interpretación de los resultados debió ser ajustada. Sin embargo, a pesar de las limitaciones y dificultades, todos los objetivos propuestos en esta tesis pudieron ser cumplimentados.

6.7 Interrogantes derivados de esta tesis

Algunas interrogantes que surgen de este trabajo de tesis son:

- ¿Los taxones parasitarios presentes en *S. n. cucullatus* y aquellos encontrados en los animales domésticos se tratan de las mismas especies parásitas?
- ¿Qué impacto tiene la antropización y fragmentación del hábitat en otras especies de primates simpátricas, como el mono aullador negro y dorado (*Alouatta caraya*)?
- ¿Cuál es el perfil de resistencia a antibióticos de *Salmonella enterica*, *Shigella flexneri* y EHEC detectadas en monos caí y animales domésticos?
- ¿Cuál es la vía de transmisión de parásitos y bacterias zoonóticas entre monos caí y animales domésticos?
- ¿Qué percepción tienen los pobladores locales sobre la coexistencia con monos caí y otros animales silvestres en la interfaz doméstico-silvestre?

6.8 Futuras líneas de investigación y toma de acciones

Es posible identificar varias líneas de investigación y acciones prioritarias a partir de los resultados de esta tesis. En primer lugar, resulta necesario continuar los estudios parasitológicos en la especie y otras especies silvestres simpátricas, no solo para identificar los taxones parasitarios hasta nivel específico, sino también para estudiar sus ciclos de vida y patrones de infección. Además, ampliar el espectro de patógenos, a otras bacterias y virus zoonóticos. Esto es crucial para comprender mejor las dinámicas parásito-hospedador-ambiente, en especial en ambientes antropizados. Sería valioso establecer programas de monitoreo a largo plazo en áreas de interfaz doméstico-silvestre para evaluar cómo evolucionan las comunidades parasitarias con el tiempo, y cómo los cambios en el paisaje y el clima influyen en estos ecosistemas. Asimismo, desarrollar sitios de monitoreo a largo plazo permitirá estudiar la permanencia de las poblaciones de monos caí amenazadas por la fragmentación y antropización del ambiente.

Una línea de investigación que debe derivar de esta tesis es la caracterización de la resistencia antimicrobiana en bacterias zoonóticas. La detección de *Salmonella enterica*, *Shigella flexneri* y *Escherichia coli* enterohemorrágica en áreas de interfaz resalta la necesidad de analizar su perfil de resistencia a antibióticos, especialmente en contextos donde el uso de antimicrobianos en la ganadería y la medicina veterinaria puede favorecer la aparición de cepas resistentes. Estudios futuros podrían enfocarse en evaluar la circulación de genes de resistencia en estos patógenos. Además, incluir muestras ambientales, como del agua y suelo, para identificar posibles fuentes de infección a los patógenos, y así tener una mejor comprensión de las vías de circulación de estas bacterias en el ambiente.

Por otro lado, una necesidad que surgió a partir del desarrollo de esta tesis fue el involucrar más a los pobladores locales, con énfasis en la conservación. Durante el trabajo de campo, en cada campaña se generó un diálogo fuera del proceso de las entrevistas con los pobladores. Muchos de ellos participaron activamente durante el proceso de colecta de muestras de monos caí, dando avisos cuando observaban a los grupos en sus terrenos, enviando fotos, realizando consultas relacionadas a los monos o a enfermedades o incluso ingresando a las áreas naturales para indicar en dónde eran usualmente observados los grupos. De esta manera, los pobladores de manera individual o grupal, mostraron interés en el proceso de investigación y la conservación de los ambientes naturales. Por lo que, para esta tesis, involucrar a la población local tuvo un impacto positivo, destacando así que la información local puede ser sumamente provechosa para mejorar los proyectos de investigación. Sin

embargo, también se destaca la necesidad de que exista un intercambio de saberes mutuo. Así, se plantea como acciones necesarias promover prácticas sostenibles entre los pobladores, como el manejo adecuado de sus animales domésticos y planes sanitarios bajo supervisión profesional. Una manera de promover esto además es a partir de la implementación de actividades de educación ambiental en escuelas rurales cercanas a los sitios de estudio con temáticas de la conservación de los primates y fauna silvestre, y la prevención de transmisión de enfermedades infecciosas.

Por último, resulta fundamental articular con organismos provinciales y locales para promover la implementación de planes sanitarios supervisados por profesionales que sean sostenidos en el tiempo e incluyan programas de desparasitación y vacunación para animales domésticos en la interfaz doméstico-silvestre, para así disminuir los riesgos de transmisión de enfermedades entre especies. Para ello, se propone realizar informes técnicos para los organismos gubernamentales tales como el Ministerio de Ecología de la Provincia de Misiones y la Administración de Parques Nacionales con los resultados de la tesis. Este tipo de iniciativas, en conjunto con estrategias de educación ambiental y monitoreo epidemiológico, permitiría mitigar el impacto de las enfermedades zoonóticas y contribuir a la conservación de *S. n. cucullatus*.

BIBLIOGRAFÍA

AANENSEN, D. M., D. M. HUNTLEY, E. J. FEIL, F. AL-OWN, & B. G. SPRATT. 2009. EpiCollect: Linking Smartphones to Web Applications for Epidemiology, Ecology and Community Data Collection. PLOS ONE 4:e6968.

ABDOU, A. H., & M. K. SELIM. 1957. On the life-cycle of subulura suctoria, a caecal nematode of poultry in egypt. Zeitschrift für Parasitenkunde 18:20–23.

ABEBE, E., G. GUGSA, & M. AHMED. 2020. Review on Major Food-Borne Zoonotic Bacterial Pathogens. Journal of Tropical Medicine 2020:4674235.

ABRAHÃO, J. S. ET AL. 2010. Vaccinia Virus Infection in Monkeys, Brazilian Amazon. Emerging Infectious Diseases 16:976–979.

ACHA, P. N., & B. SZYFRES. 2001. Zoonosis y enfermedades transmisibles comunes al hombre y a los animales. vol. 1 - Bacteriosis y micosis. Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo 43:338–338.

AGOSTINI, I. ET AL. 2024. Áreas de Importancia para la Conservación de los Primates de Argentina (AICPA): Una propuesta de priorización espacial. Documento de la Subsecretaria de Ambiente.

AGOSTINI, I., E. PIZZIO, C. DE ANGELO, & M. S. DI BITETTI. 2015. Population Status of Primates in the Atlantic Forest of Argentina. International Journal of Primatology 36:244–258.

AGOSTINI, I., E. VANDERHOEVEN, P. M. BELDOMENICO, R. PFOH, & J. NOTARNICOLA. 2018. First coprological survey of helminths in a wild population of black capuchin monkeys *(Sapajus nigritus)* in Northeastern Argentina. Mastozoología Neotropical 25:269–281.

AGOSTINI, I., E. VANDERHOEVEN, M. S. DI BITETTI, & P. M. BELDOMENICO. 2017. Experimental testing of reciprocal effects of nutrition and parasitism in wild black capuchin monkeys. Scientific Reports 7:12778.

AGOSTINI, I., E. VANDERHOEVEN, R. PFOH, B. TIDDI, & P. M. BELDOMENICO. 2023. Experimental evidence of parasite-induced behavioural alterations modulated by food availability in wild capuchin monkeys. Scientific Reports 13:3083.

AKINYI, M. Y., D. JANSEN, B. HABIG, L. R. GESQUIERE, S. C. ALBERTS, & E. A. ARCHIE. 2019. Costs and drivers of helminth parasite infection in wild female baboons. Journal of Animal Ecology 88:1029–1043.

ALBUQUERQUE, D. D. A. ET AL. 2020. Microbiota oral e retal de calitriquídeos (*Callithrix* sp.) em área antropizada de Mata Atlântica, Rio de Janeiro, Brasil. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia 72:1113–1121.

ALCÂNTARA, D. S., I. L. MENDONÇA, V. P. FERNANDES NETO, P. G. CARNIEL, & F. B. PESSOA. 2016. Estudo coproparasitológico da espécie *Cebus libidinosus* (macaco-prego). Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia 68:1609–1612.

ALEGRE, R. E. ET AL. 2021. Relationship between age-sex classes and prevalence of *Giardia* spp. and *Blastocistys* spp. in black and gold howler monkeys inhabiting fragmented forests. Therya 12:563–569.

ALEXANDER, A. B. ET AL. 2016. Gastrointestinal Parasites of Captive and Free-Living Lemurs and Domestic Carnivores in Eastern Madagascar. Journal of Zoo and Wildlife Medicine 47:141–149.

ALTIZER, S. ET AL. 2003. Social Organization and Parasite Risk in Mammals: Integrating Theory and Empirical Studies. Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics 34:517–547.

DE ALVARENGA, D. A. M. ET AL. 2015. Simian malaria in the Brazilian Atlantic forest: first description of natural infection of capuchin monkeys (Cebinae subfamily) by Plasmodium simium. Malaria Journal 14:81.

AMJAD, M. 2020. An Overview of the Molecular Methods in the Diagnosis of Gastrointestinal Infectious Diseases. International Journal of Microbiology 2020:8135724.

ANDERSON, R. 1978. The regulation of host population growth by parasitic species. Parasitology 76:119–157.

ANDERSON, R. C. 2000. Nematode parasites of vertebrates: their development and transmission. 2nd ed. CABI Pub, Wallingford, Oxon, UK ; New York, NY.

APN. 2019. Plan de gestión de la reserva natural estricta San Antonio. Administración de Parques Nacionales.

APPELBEE, A. J., R. C. A. THOMPSON, & M. E. OLSON. 2005. *Giardia* and *Cryptosporidium* in mammalian wildlife – current status and future needs. Trends in Parasitology 21:370–376.

APPLETON, C., & S. BOINSKI. 1991. A preliminary parasitological analysis of fecal samples from a wild population of Costa Rican squirrel monkeys (*Saimiri oerstedi*). Journal of medical primatology 20:402–403.

ARAKAKI, T., M. IWANAGA, F. KINJO, A. SAITO, R. ASATO, & T. IKESHIRO. 1990. Efficacy of Agar-Plate Culture in Detection of Strongyloides stercoralis Infection. The Journal of Parasitology 76:425–428.

ARAÚJO, M. S. ET AL. 2013. Natural Plasmodium infection in monkeys in the state of Rondônia (Brazilian Western Amazon). Malaria Journal 12:180.

ARMITAGE, G. C., T. A. BANKS, E. NEWBRUN, J. S. GREENSPAN, C. I. HOOVER, & J. H. ANDERSON. 1983. Immunologic observations in macaques with Shigella-associated periodontal disease. Journal of Periodontal Research 18:139–148.

ARMON, R., & U. CHERUTI. 2012. Environmental Aspects of Zoonotic Diseases. IWA Publishing.

ARMSTRONG, G. L., J. HOLLINGSWORTH, & J. G. MORRIS JR. 1996. Emerging Foodborne Pathogens: *Escherichia coli* O157:H7 as a Model of Entry of a New Pathogen into the Food Supply of the Developed World. Epidemiologic Reviews 18:29–51.

ARNEBERG, P. 2001. An ecological law and its macroecological consequences as revealed by studies of relationships between host densities and parasite prevalence. Ecography 24:352–358.

ARNEBERG, P. 2002. Host population density and body mass as determinants of species richness in parasite communities: comparative analyses of directly transmitted nematodes of mammals. Ecography 25:88–94.

ARRABAL, J. P. 2021. Estudio eco-epidemiológico de las equinococcosis del norte de Misiones, Argentina. Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe.

AUGUIE, B., & A. ANTONOV. 2017. gridExtra: miscellaneous functions for "grid" graphics. R package version 2.

BACALHAO, M. B. M. ET AL. 2016. Ulcerative and granulomatous enteritis associated with *Molineus torulosus* parasitism in neotropical primates. Pesquisa Veterinária Brasileira 36:1005–1008.

BAI, J., X. SHI, & T. G. NAGARAJA. 2010. A multiplex PCR procedure for the detection of six major virulence genes in *Escherichia coli* O157:H7. Journal of Microbiological Methods 82:85–89.

BAILEY, C., & K. MANSFIELD. 2010. Emerging and Reemerging Infectious Diseases of Nonhuman Primates in the Laboratory Setting. Veterinary Pathology 47:462–481.

BAKER, R. E. ET AL. 2022. Infectious disease in an era of global change. Nature Reviews Microbiology 20:193–205.

BARTH, S. R., M. A. PINAZO, P. A. GONZALEZ, R. A. DOHMAN, O. E. KNEBEL, & R. ALCARAZ. 2018. Preliminary floristic survey of arboreal native fruit species in Campo Anexo Manuel Belgrano, INTA San Antonio, Misiones. Revista forestal Yvyraretá 26:7–20.

BARZAN, F., JULIÁN BAIGORRIA, & R. FABIÁN BÓ. 2015. Bird Community Diversity in three Habitat Types in an Ecological Corridor in the Atlantic Forest of Misiones Province, Argentina. Tropical Conservation Science 88:955–974.

BASUALDO, W., I. ALLENDE, T. CABRERA, & A. ARBO SOSA. 1999. Estudio de brote de diarrea disentérica por *Shigella* sp. en una comunidad rural. Pediatr. (Asunción):10–7.

BATES, A. E., W. B. STICKLE, & C. D. G. HARLEY. 2010. Impact of temperature on an emerging parasitic association between a sperm-feeding scuticociliate and Northeast Pacific sea stars. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology 384:44–50.

BATES, D., M. MÄCHLER, B. BOLKER, & S. WALKER. 2015. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using **lme4**. Journal of Statistical Software 67.

BECERRIL FLORES, M. A., & R. ROMERO CABELLO. 2004. Parasitología médica: de las moléculas a la enfermedad.

BEGUERÍA, S., S. M. VICENTE SERRANO, F. REIG-GRACIA, & B. LATORRE GARCÉS. 2014. Standardized precipitation evapotranspiration index (SPEI) revisited: parameter fitting, evapotranspiration models, tools, datasets and drought monitoring.

BEGUERÍA, S., & S. M. VICENTE-SERRANO. 2023. SPEI: Calculation of the Standardized Precipitation-Evapotranspiration Index. <https://cran.r-project.org/web/packages/SPEI/index.html> (15 August 2024).

BENAVIDES, J. A. ET AL. 2012. From parasite encounter to infection: Multiple-scale drivers of parasite richness in a wild social primate population. American Journal of Physical Anthropology 147:52–63.

BERGSTROM, M. L., J. D. HOGAN, A. D. MELIN, & L. M. FEDIGAN. 2019. The nutritional importance of invertebrates to female *Cebus capucinus imitator* in a highly seasonal tropical dry forest. American Journal of Physical Anthropology 170:207–216.

BERRIAN, A. M. ET AL. 2018. A community-based One Health education program for disease risk mitigation at the human-animal interface. One Health 5:9–20.

BERTOLINO, S., L. A. WAUTERS, L. DE BRUYN, & G. CANESTRI-TROTTI. 2003. Prevalence of coccidia parasites (Protozoa) in red squirrels (*Sciurus vulgaris*): effects of host phenotype and environmental factors. Oecologia 137:286–295.

BESNIER, J., A. GETIRANA, H. BEAUDOING, & V. LAKSHMI. 2024. Characterizing the 2019-2021 drought in La Plata River Basin with GLDAS and SMAP. Journal of Hydrology: Regional Studies 52:101679.

BETHONY, J. ET AL. 2006. Soil-transmitted helminth infections: ascariasis, trichuriasis, and hookworm. The Lancet 367:1521–1532.

BHAT, A. H., H. TAK, I. M. MALIK, B. A. GANAI, & N. ZEHBI. 2023. Trichostrongylosis: a zoonotic disease of small ruminants. Journal of Helminthology 97:e26.

BLOOMFIELD, L. S. P., T. L. MCINTOSH, & E. F. LAMBIN. 2020. Habitat fragmentation, livelihood behaviors, and contact between people and nonhuman primates in Africa. Landscape Ecology 35:985–1000.

BONATO, L., M. A. P. FIGUEIREDO, L. R. GONÇALVES, R. Z. MACHADO, & M. R. ANDRÉ. 2015. Occurrence and molecular characterization of *Bartonella* spp. and hemoplasmas in neotropical primates from Brazilian Amazon. Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases 42:15–20.

BRADBURY, R. S., B. PAFČO, E. NOSKOVÁ, & H. HASEGAWA. 2021. *Strongyloides* genotyping: a review of methods and application in public health and population genetics. International Journal for Parasitology 51:1153–1166.

BRADLEY, C. A., & S. ALTIZER. 2007. Urbanization and the ecology of wildlife diseases. Trends in Ecology & Evolution 22:95–102.

BRADY, A. G., L. E. WILLIAMS, & C. R. ABEE. 1990. Hypoglycemia of squirrel monkey neonates: implications for infant survival. Laboratory animal science 40:262–265.

BREARLEY, G. ET AL. 2013. Wildlife disease prevalence in human-modified landscapes. Biological Reviews 88:427–442.

BREBAN, R., J. M. DRAKE, & P. ROHANI. 2010. A general multi-strain model with environmental transmission: invasion conditions for the disease-free and endemic states. Journal of theoretical biology 264:729–736.

BROOKER, S., & A. C. A. CLEMENTS. 2009. Spatial heterogeneity of parasite co-infection: Determinants and geostatistical prediction at regional scales. International Journal for Parasitology 39:591–597.

BROWN, A. D., & G. E. ZUNINO. 1990. Dietary variability in *Cebus apella* in extreme habitats: evidence for adaptability. Folia Primatologica; International Journal of Primatology 54:187–195.

BROWN, C. 2004. Emerging zoonoses and pathogens of public health significance--an overview. Revue Scientifique Et Technique (International Office of Epizootics) 23:435–442.

BUBLITZ, D. C., P. C. WRIGHT, F. T. RASAMBAINARIVO, S. J. ARRIGO-NELSON, J. R. BODAGER, & T. R. GILLESPIE. 2015. Pathogenic enterobacteria in lemurs associated with anthropogenic disturbance. American Journal of Primatology 77:330–337.

BUENO, M. G. ET AL. 2017. Infectious Diseases in Free-Ranging Blonde Capuchins, *Sapajus flavius*, in Brazil. International Journal of Primatology 38:1017–1031.

BUSH, A., K. LAFFERTY, J. LOTZ, & A. SHOSTAK. 1997. Parasitology meets ecology on its own terms: Margolis et al revisited. The Journal of parasitology 83:575–83.

BUSH, A. O. 2001. Parasitism: The Diversity and Ecology of Animal Parasites. Cambridge University Press.

BUSH, A. O., J. FERNÁNDEZ, G. ESCH, & J. SEED (EDS.). 2001. Parasitism: the diversity and ecology of animal parasites. Cambridge University Press, Cambridge, UK ; New York, NY.

BUSTOS, E. N. 2008. Las especies de *Sphingidae* de la Reserva Privada Yacutinga, provincia de Misiones, Argentina (Lepidoptera: Sphingidae). SHILAP Revista de lepidopterología 36:219–226.

BUTYNSKI, T. M. 2001. Affrica's Great Apes. P. 388 in Great Apes and Humans: The Ethics of Coexistence (B. B. Beck, T. S. Stoinski, M. Hutchins, T. L. Maple & B. Norton, eds.). Smithsonian Institution.

CALEGARO-MARQUES, C., & S. B. AMATO. 2014. Urbanization Breaks Up Host-Parasite Interactions: A Case Study on Parasite Community Ecology of Rufous-Bellied Thrushes (*Turdus rufiventris*) along a Rural-Urban Gradient. PLOS ONE 9:e103144.

CALVIGNAC-SPENCER, S., S. A. J. LEENDERTZ, T. R. GILLESPIE, & F. H. LEENDERTZ. 2012. Wild great apes as sentinels and sources of infectious disease. Clinical Microbiology and Infection 18:521–527.

CAMPANELLO, P. I. ET AL. 2019. ¿Es posible el uso sostenible del bosque en Misiones?: Necesidades de manejo a diferentes escalas, investigación, intervenciones de alto impacto y más recursos económicos. Ecología austral 29:122–137.

CANDELA, E., C. GOIZUETA, M. V. PERIAGO, & C. MUÑOZ-ANTOLI. 2021. Prevalence of intestinal parasites and molecular characterization of *Giardia intestinalis, Blastocystis* spp. and *Entamoeba histolytica* in the village of Fortín Mbororé (Puerto Iguazú, Misiones, Argentina). Parasites & Vectors 14:510.

CÂNDIDO, S. L. ET AL. 2021. Molecular detection of trypanosomatids in neotropical primates in the state of Mato Grosso, Midwest, Brazil. Revista Brasileira De Parasitologia Veterinaria = Brazilian Journal of Veterinary Parasitology: Orgao Oficial Do Colegio Brasileiro De Parasitologia Veterinaria 30:e001321.

CANOVA, V., M. DEL ROSARIO ROBLES, A. M. ABBA, G. MINARDI, G. PANISSE, & G. T. NAVONE. 2024. Description of the helminth community structure from two populations of Plains Viscacha

(Rodentia: Chinchillidae) in semi-captive and wild conditions. Revista Mexicana de Biodiversidad 95:e955212–e955212.

CARDILLE, J. A., & M. G. TURNER. 2017. Understanding Landscape Metrics. Pp. 45–63 in Learning Landscape Ecology: A Practical Guide to Concepts and Techniques (S. E. Gergel & M. G. Turner, eds.). Springer, New York, NY.

CARLSON, C. J. ET AL. 2020. A global parasite conservation plan. Biological Conservation 250:108596.

CARROLL, D., J. WANG, S. FANNING, & B. J. MCMAHON. 2015. Antimicrobial Resistance in Wildlife: Implications for Public Health. Zoonoses and Public Health 62:534–542.

CARVALHO, V. M. ET AL. 2003. Characterization of Monkey Enteropathogenic *Escherichia coli* (EPEC) and Human Typical and Atypical EPEC Serotype Isolates from Neotropical Nonhuman Primates. Journal of Clinical Microbiology 41:1225–1234.

CARVALHO, V. M., K. IRINO, D. ONUMA, & A. F. P. DE CASTRO. 2007. Random amplification of polymorphic DNA reveals clonal relationships among enteropathogenic *Escherichia coli* isolated from non-human primates and humans. Brazilian Journal of Medical and Biological Research 40:237–241.

CASAGRANDE, R. A., C. S. PANNUTI, C. KANAMURA, W. S. FREIRE, A. GRESPAN, & E. R. MATUSHIMA. 2014. Fatal Human herpesvirus 1 (HHV-1) infection in captive marmosets (*Callithrix jacchus* and *Callithrix penicillata*) in Brazil: clinical and pathological characterization. Pesquisa Veterinária Brasileira 34:1109–1114.

CEBALLOS-MAGO, N., C. E. GONZÁLEZ, & D. J. CHIVERS. 2010. Impact of the pet trade on the Margarita capuchin monkey Cebus apella margaritae. Endangered Species Research 12:57–68.

CERNO, L. 2019. Portugués, español, alemán y brasilero: Lenguas y variedades en contacto en el Alto Uruguay. Avá:131–153.

CHALK, J. ET AL. 2016. Age-related variation in the mechanical properties of foods processed by *Sapajus libidinosus*. American Journal of Physical Anthropology 159:199–209.

CHAPMAN, C. A. ET AL. 2006a. Do food availability, parasitism, and stress have synergistic effects on red colobus populations living in forest fragments? American Journal of Physical Anthropology 131:525–534.

CHAPMAN, C. A. ET AL. 2020. Primates Can Be a Rallying Symbol to Promote Tropical Forest Restoration. Folia Primatologica 91:669–687.

CHAPMAN, C. A., T. R. GILLESPIE, & T. L. GOLDBERG. 2005. Primates and the Ecology of their Infectious Diseases: How will Anthropogenic Change Affect Host-Parasite Interactions? Evolutionary Anthropology: Issues, News, and Reviews 14:134–144.

CHAPMAN, C. A., M. L. SPEIRS, T. R. GILLESPIE, T. HOLLAND, & K. M. AUSTAD. 2006b. Life on the edge: gastrointestinal parasites from the forest edge and interior primate groups. American Journal of Primatology 68:397–409.

CHASE-TOPPING, M. E. ET AL. 2007. Risk Factors for the Presence of High-Level Shedders of *Escherichia coli* O157 on Scottish Farms. Journal of Clinical Microbiology 45:1594–1603.

CHATTERJEE, P. ET AL. 2021. One Health, "Disease X" & the challenge of "Unknown" Unknowns. Indian Journal of Medical Research 153:264.

CHAVES, A. ET AL. 2020a. Bocaparvovirus, Erythroparvovirus and Tetraparvovirus in New World Primates from Central America. Transboundary and Emerging Diseases 67:377–387.

CHAVES, A. ET AL. 2022. Presence and potential distribution of malaria-infected New World primates of Costa Rica. Malaria Journal 21:17.

CHAVES, A. ET AL. 2024. Neotropical Primates and Humans: Risk of Bidirectional Parasite Transmission and Disease Sharing in Fragmented and Pristine Landscapes. Pp. 213–253 in Ecology of Wildlife Diseases in the Neotropics (G. Acosta-Jamett & A. Chaves, eds.). Springer International Publishing, Cham.

CHAVES, A., M. PICHE-OVARES, E. CORRALES, G. SUZÁN, A. MOREIRA-SOTO, & G. A. GUTIÉRREZ-ESPELETA. 2020b. Flaviviruses Infections in Neotropical Primates Suggest Long-Term Circulation of Saint Louis Encephalitis and Dengue Virus Spillback in Socioeconomic Regions With High Numbers of Dengue Human Cases in Costa Rica. Preprints. <https://www.preprints.org/manuscript/202011.0222/v1> (23 September 2024).

CHEN, Z. ET AL. 1997. Human immunodeficiency virus type 2 (HIV-2) seroprevalence and characterization of a distinct HIV-2 genetic subtype from the natural range of simian immunodeficiency virus-infected sooty mangabeys. Journal of virology 71:3953–3960.

CHIARELLO, A. G. 1999. Effects of fragmentation of the Atlantic forest on mammal communities in south-eastern Brazil. Biological Conservation 89:71–82.

CHIARELLO, A. G. 2003. Primates of the Brazilian Atlantic Forest: The Influence of Forest Fragmentation on Survival. Pp. 99–121 in Primates in Fragments: Ecology and Conservation (L. K. Marsh, ed.). Springer US, Boston, MA.

CHILDS, J. E., J. A. RICHT, & J. S. MACKENZIE. 2007. Introduction: conceptualizing and partitioning the emergence process of zoonotic viruses from wildlife to humans. Current Topics in Microbiology and Immunology 315:1–31.

CHINCHILLA, M., B. URBANI, I. VALERIO, & J. C. VANEGAS. 2010. Intestinal parasites in white-faced capuchin monkeys *Cebus capucinus* (Primates: Cebidae) inhabiting a protected area in the Limón province of Northeastern Costa Rica. Revista De Biologia Tropical 58:1335–1346.

CHIRAMBO, A. C. ET AL. 2021. Performance of molecular methods for the detection of *Salmonella* in human stool specimens. Wellcome Open Research 5:237.

CINCOTTA, R. P., J. WISNEWSKI, & R. ENGELMAN. 2000. Human population in the biodiversity hotspots. Nature 404:990–992.

CLAYTON, J. B., J. L. DANZEISEN, A. M. TRENT, T. MURPHY, & T. J. JOHNSON. 2014. Longitudinal Characterization of *Escherichia coli* in Healthy Captive Non-Human Primates. Frontiers in Veterinary Science 1.

CLEAVELAND, S., M. K. LAURENSON, & L. H. TAYLOR. 2001. Diseases of humans and their domestic mammals: pathogen characteristics, host range and the risk of emergence. Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences 356:991–999.

CLEMMONS, E. A., S. M. JEAN, D. K. MACHIAH, E. BREDING, & P. SHARMA. 2014. Extraintestinal Campylobacteriosis in Rhesus Macaques (*Macaca mulatta*). Comparative Medicine 64:496–500.

CLOUGH, D. 2009. Variation in susceptibility to parasite infection: patterns, determinants and consequences in red-fronted lemurs. PhD Thesis, Göttingen, Univ., Diss., 2009.

CLOUGH, D., M. HEISTERMANN, & P. M. KAPPELER. 2010. Host intrinsic determinants and potential consequences of parasite infection in free-ranging red-fronted lemurs (*Eulemur fulvus rufus*). American Journal of Physical Anthropology 142:441–452.

COBBOLD, R. N. ET AL. 2007. Rectoanal Junction Colonization of Feedlot Cattle by *Escherichia coli* O157:H7 and Its Association with Supershedders and Excretion Dynamics. Applied and Environmental Microbiology 73:1563–1568.

CODY, S. H. ET AL. 1999. An Outbreak of *Escherichia coli* O157:H7 Infection from Unpasteurized Commercial Apple Juice. Annals of Internal Medicine 130:202–209.

COLE, R., & M. VINEY. 2018. The population genetics of parasitic nematodes of wild animals. Parasites & vectors 11:590.

COOK, R. A., & W. B. KARESH. 2012. Emerging Diseases at the Interface of People, Domestic Animals, and Wildlife. Fowler's Zoo and Wild Animal Medicine:136–146.

COOPER, J. E., & J. R. NEEDHAM. 1976. An outbreak of shigellosis in laboratory marmosets and tamarins (Family: Callithricidae). Epidemiology & Infection 76:415–424.

COOPER, N., & C. L. NUNN. 2013. Identifying future zoonotic disease threats: Where are the gaps in our understanding of primate infectious diseases? Evolution, Medicine, and Public Health 2013:27–36.

CORRÊA, P., C. BUENO, R. SOARES, F. M. VIEIRA, & L. C. MUNIZ-PEREIRA. 2016. Checklist of helminth parasites of wild primates from Brazil. Revista Mexicana de Biodiversidad 87:908–918.

COSTANZA, R., & M. MAGEAU. 1999. What is a healthy ecosystem? Aquatic Ecology 33:105–115.

CUCKLER, A. C., & J. E. ALICATA. 1944. The Life History of *Subulura brumpti*, a Cecal Nematode of Poultry in Hawaii. Transactions of the American Microscopical Society 63:345–357.

CULLEN, L., R. E. BODMER, & C. VALLADARES PÁDUA. 2000. Effects of hunting in habitat fragments of the Atlantic forests, Brazil. Biological Conservation 95:49–56.

CURI, N. H. A. ET AL. 2016. Risk factors for gastrointestinal parasite infections of dogs living around protected areas of the Atlantic Forest: implications for human and wildlife health. Brazilian Journal of Biology 77:388–395.

DA PONTE, E., M. ROCH, P. LEINENKUGEL, S. DECH, & C. KUENZER. 2017. Paraguay's Atlantic Forest cover loss – Satellite-based change detection and fragmentation analysis between 2003 and 2013. Applied Geography 79:37–49.

DALY, S. W. ET AL. 2024. Enteric Pathogens in Humans, Domesticated Animals, and Drinking Water in a Low-Income Urban Area of Nairobi, Kenya. Environmental Science & Technology 58:21839–21849.

DARLING, S. T. 1911. *Strongyloides* infections in man and animals in the isthmian canal zone. The Journal of Experimental Medicine 14:1–24.

DASSANAYAKE, R. ET AL. 2005. Characterization of cytolethal distending toxin of campylobacter species isolated from captive macaque monkeys. Journal of clinical microbiology 43.

DASZAK, P., A. A. CUNNINGHAM, & A. D. HYATT. 2000. Emerging Infectious Diseases of Wildlife--Threats to Biodiversity and Human Health. Science 287:443–449.

DASZAK, P., A. A. CUNNINGHAM, & A. D. HYATT. 2001. Anthropogenic environmental change and the emergence of infectious diseases in wildlife. Acta Tropica 78:103–116.

DE ANGELO, C. 2009. El paisaje del Bosque Atlántico del Alto Paraná y sus efectos sobre la distribución y estructura poblacional del jaguar (*Panthera onca*) y el puma (*Puma concolor*). Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.

DE GUSSEM, M. 2007. Coccidiosis in poultry: review on diagnosis, control, prevention and interaction with overall gut health. Pp. 253–261 in Proceedings of the 16th European Symposium on Poultry Nutrition. Proceedings of the 16th European Symposium on Poultry Nutrition.

DE MATTEO, K. E. ET AL. 2009. Detection Dogs: An Effective Technique for Bush Dog Surveys. Journal of Wildlife Management 73:1436–1440.

DE MATTEO, K. E. ET AL. 2014. Noninvasive techniques provide novel insights for the elusive bush dog (*Speothos venaticus*). Wildlife Society Bulletin 38:862–873.

DESTOUMIEUX-GARZÓN, D. ET AL. 2018. The One Health Concept: 10 Years Old and a Long Road Ahead. Frontiers in Veterinary Science 5.

DEVAUX, C. A., O. MEDIANNIKOV, H. MEDKOUR, & D. RAOULT. 2019. Infectious Disease Risk Across the Growing Human-Non Human Primate Interface: A Review of the Evidence. Frontiers in Public Health 7.

DEVERA, R. A. ET AL. 1999. Balantidiasis en una comunidad rural del Estado Bolívar, Venezuela. Bol. chil. parasitol:7–12.

DI BITETTI, M. 2003. Food-associated Calls of Tufted Capuchin Monkeys *(Cebus Apella Nigritus)* Are Functionally Referential Signals. Behaviour 140:565–592.

DI BITETTI, M., G. PLACCI, & L. A. DIETZ. 2003. A biodiversity vision for the Upper Paraná Atlantic Forest ecoregion: designing a biodiversity conservation landscape and setting priorities for conservation action.

DI BITETTI, M. S. 2001. Home-range use by the tufted capuchin monkey *(Cebus apella nigritus)* in a subtropical rainforest of Argentina. Journal of Zoology 253:33–45.

DI BITETTI, M. S. 2019. Primates bark-stripping trees in forest plantations – A review. Forest Ecology and Management 449:117482.

DI BITETTI, M. S., & C. H. JANSON. 2001. Reproductive Socioecology of Tufted Capuchins *(Cebus apella nigritus)* in Northeastern Argentina. International Journal of Primatology 22:127–142.

DIDIER, P. J., & I. I. KONDOVA-PERSENG. 2024. Bacterial Diseases in Nonhuman Primates. Pp. 41–90 in Atlas of Diagnostic Pathology in Nonhuman Primates (I. Kondova - Perseng, K. G. Mansfield & A. D. Miller, eds.). Springer International Publishing, Cham.

DOBSON, A., K. D. LAFFERTY, A. M. KURIS, R. F. HECHINGER, & W. JETZ. 2008. Homage to Linnaeus: How many parasites? How many hosts? Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 105:11482–11489.

DORRIS, M., M. E. VINEY, & M. L. BLAXTER. 2002. Molecular phylogenetic analysis of the genus *Strongyloides* and related nematodes. International journal for parasitology 32:1507–1517.

DOS SANTOS, C. S. ET AL. 2017. Morphological, ultrastructural, and molecular characterization of intestinal tetratrichomonads isolated from non-human primates in southeastern Brazil. Parasitology Research 116:2479–2488.

DOWDLE, W. R., & M. E. BIRMINGHAM. 1997. The Biologic Principles of Poliovirus Eradication. The Journal of Infectious Diseases 175:S286–S292.

DUNN, F. L. 1963. Acanthocephalans and cestodes of South American monkeys and marmosets. The Journal of parasitology 49:717–722.

DUNN, F. L., J. LAMBERT, & R. DUPLESSIS. 1963. Trypanosomes of South American monkeys and marmosets. The American journal of tropical medicine and hygiene 12:524–534.

DUNN, F. L., & F. L. LAMBRECHT. 1963. The Hosts of Plasmodium brasilianum Gonder and von Berenberg-Gossler, 1908. The Journal of Parasitology 49:316–319.

DURETTE-DESSET, M. C., L. A. FRIBOURG BLANC, & P. N. VUONG. 2001. *Molineus torulosus* (Nematoda, Trichostrongylina, Molineoidea) a parasite of Neotropical primates: new morphological and histological data. Parasite (Paris, France) 8:53–60.

DUSZYNSKI, D. W. 2021. Biodiversity of the Coccidia (Apicomplexa: Conoidasida) in vertebrates: what we know, what we do not know, and what needs to be done. Folia Parasitologica.

DUSZYNSKI, D. W., & P. G. WILBER. 1997. A guideline for the preparation of species descriptions in the Eimeriidae. The Journal of Parasitology 83:333–336.

DUSZYNSKI, D. W., W. D. WILSON, S. J. UPTON, & N. D. LEVINE. 1999. Coccidia (Apicomplexa: Eimeriidae) in the Primates and the Scandentia. International Journal of Primatology 20:761–797.

ECHEVERRI DE LA HOZ, D. M. ET AL. 2020. Agentes parasitarios y fúngicos en *Aoutus* sp., *Alouatta seniculus* y *Cebus albifrons* en el Caribe colombiano. Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú 31.

ECKERT, K. A. ET AL. 2006. Coprological Surveys of *Alouatta pigra* at Two Sites in Belize. International Journal of Primatology 27:227–238.

EHLERS, L. P. ET AL. 2020. Mycobacterium tuberculosis var. tuberculosis infection in two captive black capuchins (*Sapajus nigritus*) in Southern Brazil. Brazilian Journal of Microbiology: [publication of the Brazilian Society for Microbiology] 51:2169–2173.

EHLERS, L. P. ET AL. 2022. Causes of death in neotropical primates in Rio Grande do Sul State, Southern Brazil. Journal of Medical Primatology 51:85–92.

EL-ASHRAM, S., S. M. ABOELHADID, A. A. KAMEL, L. N. MAHROUS, & K. H. ABDELWAHAB. 2019. Diversity of Parasitic Diarrhea Associated with *Buxtonella sulcata* in Cattle and Buffalo Calves with Control of Buxtonellosis. Animals 9:259.

EL-GOHARY, A. H., & H. A. SAMAHA. 1992. Studies on the role of stray dogs as carriers for some bacterial and mycotic pathogenes to man at behera governorate. Assiut Veterinary Medical Journal 26.2:121–126.

ELJALL, A., F. PALACIOS, P. BALDASSINI, J. SERAFINI, & OTHERS. 2022. MapBiomas Atlantic Forest Trinational.

ELSHEIKHA, H. M., C. S. REGAN, & C. G. CLARK. 2018. Novel *Entamoeba* Findings in Nonhuman Primates. Trends in Parasitology 34:283–294.

ERKENSWICK, G. A., M. WATSA, A. S. GOZALO, N. DMYTRYK, & P. G. PARKER. 2017. Temporal and demographic blood parasite dynamics in two free-ranging neotropical primates. International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife 6:59–68.

ESCH, G. W., & J. C. FERNANDEZ. 2013. A functional biology of parasitism: Ecological and evolutionary implications. Springer Science & Business Media.

ESPINOSA, R., D. TAGO, & N. TREICH. 2020. Infectious Diseases and Meat Production. Environmental and Resource Economics 76:1019–1044.

ESTRADA, A. ET AL. 2017. Impending extinction crisis of the world's primates: Why primates matter. Science Advances 3:e1600946.

ESTRADA, A. ET AL. 2018. Primates in peril: the significance of Brazil, Madagascar, Indonesia and the Democratic Republic of the Congo for global primate conservation. PeerJ 6:e4869.

ESTRADA, A., & P. A. GARBER. 2022. Principal Drivers and Conservation Solutions to the Impending Primate Extinction Crisis: Introduction to the Special Issue. International Journal of Primatology 43:1–14.

ESTRADA, A., B. E. RABOY, & L. C. OLIVEIRA. 2012. Agroecosystems and Primate Conservation in The Tropics: A Review. American Journal of Primatology 74:696–711.

EVANS, R. H. 2001. Baylisascaris procyonis (Nematoda: Ascaridae) in Raccoons (Procyon lotor) in Orange County, California. Vector-Borne and Zoonotic Diseases 1:239–242.

EZENWA, V. O., S. A. PRICE, S. ALTIZER, N. D. VITONE, & K. C. COOK. 2006. Host Traits and Parasite Species Richness in Even and Odd-Toed Hoofed Mammals, Artiodactyla and Perissodactyla. Oikos 115:526–536.

FAO. 2024. Family poultry production | Gateway to poultry production and products | Food and Agriculture Organization of the United Nations. <https://www.fao.org/poultry-production-products/production/production-systems/family-poultry-production/en/> (15 January 2024).

FATORETTO, B. T. 2019. Diversidade bacteriana em cavidade oral e retal de mico-leão-preto *Leontopithecus chrysopygus* (Mikan, 1823). Tesis de Maestría, Universidad Federal de Sao Carlos, Sao Paulo, Brasil.

FAVORETTO, S. R. ET AL. 2019. Zika Virus in Peridomestic Neotropical Primates, Northeast Brazil. EcoHealth 16:61–69.

FENG, Y., & Y. LIU. 2015. Fractal dimension as an indicator for quantifying the effects of changing spatial scales on landscape metrics. Ecological Indicators 53:18–27.

FERENS, W. A., & C. J. HOVDE. 2011. *Escherichia coli* O157:H7: animal reservoir and sources of human infection. Foodborne Pathogens and Disease 8:465–487.

FERNÁNDEZ, D., D. KERHOAS, A. DEMPSEY, J. BILLANY, G. MCCABE, & E. ARGIROVA. 2022. The Current Status of the World's Primates: Mapping Threats to Understand Priorities for Primate Conservation. International Journal of Primatology 43:15–39.

FERREIRA, D. R. A. ET AL. 2012. *Salmonella* spp. em *Cebus* spp. mantidos em Centros de Triagem de Animais Silvestres no Nordeste do Brasil. Biotemas 25:181–186.

FIGUEIREDO, M. A. P., S. M. F. DI SANTI, T. A. P. FIGUEIREDO, & R. Z. MACHADO. 2015. Natural Plasmodium infection in neotropical primates in the island of São Luís, state of Maranhão, Brazil. Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária 24:122–128.

FITZGERALD, C. 2015. *Campylobacter*. Clinics in Laboratory Medicine 35:289–298.

FLESHER, K. M. 2015. The Distribution, Habitat Use, and Conservation Status of Three Atlantic Forest Monkeys (*Sapajus xanthosternos, Callicebus melanochir, Callithrix* sp.) in an Agroforestry/Forest Mosaic in Southern Bahia, Brazil. International Journal of Primatology 36:1172–1197.

FLOYD, T. M. 1955. Isolation of *Shigella* from dogs in Egypt. Journal of Bacteriology 70:621–621.

FOSTER-NYARKO, E. ET AL. 2020. Genomic diversity of *Escherichia coli* isolates from non-human primates in the Gambia. Microbial Genomics 6:e000428.

FRAGASZY, D. M., E. VISALBERGHI, & L. M. FEDIGAN. 2004. The Complete Capuchin: The Biology of the Genus *Cebus*. Cambridge University Press.

GALETTI, M., & I. SAZIMA. 2006. Impact of feral dogs in an urban Atlantic forest fragment in southeastern Brazil. Natureza e Conservação 4:146–151.

GALINDO-LEAL, C., & I. DE G. CÂMARA. 2003. Atlantic Forest hotspot status: an overview. The Atlantic Forest of South America: biodiversity status, threats, and outlook 1:3–11.

GAMBOA, M. I. ET AL. 2009. Asociación entre geohelmintos y condiciones socioambientales en diferentes poblaciones humanas de Argentina. Rev Panam Salud Publica;26(1),jul. 2009.

GAO, F. ET AL. 1999. Origin of HIV-1 in the chimpanzee *Pan troglodytes troglodytes*. Nature 397:436–441.

GARBER, P. A., J. CHISM, S. TECOT, M. M. KOWALEWSKI, & T. R. GILLESPIE. 2020. Best Practices in Field Primatology in the Age of COVID-19 2:1–7.

GARCÍA DE LA CHICA, A., L. I. OKLANDER, M. M. KOWALEWSKI, & E. FERNANDEZ-DUQUE. 2023. Human and Non-Human Primate Coexistence in Argentina: Conflicts and Solutions. Animals : an Open Access Journal from MDPI 13:3331.

GENDREL, D., J. M. TRELUYER, & D. RICHARD-LENOBLE. 2003. Parasitic diarrhea in normal and malnourished children. Fundamental & Clinical Pharmacology 17:189–197.

GENTA, R. M. 1993. Diarrhea in Helminthic Infections. Clinical Infectious Diseases 16:S122–S129.

GHAI, R. R. ET AL. 2014. Hidden Population Structure and Cross-species Transmission of Whipworms (*Trichuris* sp.) in Humans and Non-human Primates in Uganda. PLOS Neglected Tropical Diseases 8:e3256.

GHAI, R. R., V. FUGÈRE, C. A. CHAPMAN, T. L. GOLDBERG, & T. J. DAVIES. 2015. Sickness behaviour associated with non-lethal infections in wild primates. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences 282:20151436.

GHERSI, B. M. ET AL. 2015. Wide distribution and ancient evolutionary history of simian foamy viruses in New World primates. Retrovirology 12:89.

GILLESPIE, T. R. 2006. Non-invasive Assessment of Gastrointestinal Parasite Infections in Free-Ranging Primates. International Journal of Primatology 27:1129.

GILLESPIE, T. R., & C. A. CHAPMAN. 2006. Prediction of parasite infection dynamics in primate metapopulations based on attributes of forest fragmentation. Conservation Biology: The Journal of the Society for Conservation Biology 20:441–448.

GILLESPIE, T. R., & C. A. CHAPMAN. 2008. Forest fragmentation, the decline of an endangered primate, and changes in host–parasite interactions relative to an unfragmented forest. American Journal of Primatology 70:222–230.

GILLESPIE, T. R., C. A. CHAPMAN, & E. C. GREINER. 2005a. Effects of logging on gastrointestinal parasite infections and infection risk in African primates. Journal of Applied Ecology 42:699–707.

GILLESPIE, T. R., E. C. GREINER, & C. A. CHAPMAN. 2005b. Gastrointestinal parasites of the colobus monkeys of Uganda. The Journal of Parasitology 91:569–573.

GILLESPIE, T. R., C. L. NUNN, & F. H. LEENDERTZ. 2008. Integrative approaches to the study of primate infectious disease: implications for biodiversity conservation and global health. American Journal of Physical Anthropology Suppl 47:53–69.

GIRAUDO, A. R., S. D. MATTEUCCI, J. ALONSO, J. HERRERA, & R. R. ABRAMSON. 2008. Comparing bird assemblages in large and small fragments of the Atlantic Forest hotspots. Biodiversity and Conservation 17:1251–1265.

GIRIO, R. J. S. ET AL. 2021. Serological survey and DNA screening of Leptospira spp. in free-living adult tufted capuchin monkeys (*Cebus apella nigritus*) in a forest reserve Southeast São Paulo State, Brazil. Journal of Medical Primatology 50:3–8.

GLOBAL MODELING AND ASSIMILATION OFFICE, & S. PAWSON. 2015. MERRA-2: Hourly,Instantaneous,Single-Level,Assimilation,Single-Level Diagnostics. NASA Goddard Earth Sciences Data and Information Services Center. <https://disc.gsfc.nasa.gov/datacollection/M2I1NXASM_5.12.4.html> (18 June 2024).

GOHIL, R., S. SHARMA, S. SACHDEVA, S. GUPTA, & M. S. DHILLON. 2020. Epicollect5: a free, fully customizable mobile-based application for data collection in clinical research. J Postgrad Med Educ Res 54:248–251.

GOLDBERG, T. L., T. R. GILLESPIE, I. B. RWEGO, E. L. ESTOFF, & C. A. CHAPMAN. 2008. Forest Fragmentation as Cause of Bacterial Transmission among Nonhuman Primates, Humans, and Livestock, Uganda. Emerging Infectious Diseases 14:1375–1382.

GOLDBERG, T. L., T. R. GILLESPIE, I. B. RWEGO, E. WHEELER, E. L. ESTOFF, & C. A. CHAPMAN. 2007. Patterns of gastrointestinal bacterial exchange between chimpanzees and humans involved in research and tourism in western Uganda. Biological Conservation 135:511–517.

GOMES, A. W. DE M. 2019. Parasitos helmintos intestinais em *Saguinus bicolor* (Spix, 1823)(Primates, Callitrichidae).

GÓMEZ, R. E., & B. G. FERRERO. 2016. Gobernabilidad y ambientalismo en la selva Paranaense. En: Avá, nº 20.

GOMPPER, M. E. (ED.). 2014. Free-Ranging Dogs and Wildlife Conservation. Oxford University Press.

GONÇALVES, B. DE A., L. C. P. LIMA, & L. M. AGUIAR. 2022. Diet diversity and seasonality of robust capuchins (*Sapajus* sp.) in a tiny urban forest. American Journal of Primatology 84:e23396.

GORRÍN, G., M. COLAS C, T. MEIRELES R, & E. PÉREZ R. 2018. Effect of the sanitary situation of the poultry house on the larval stages of endoparasites in the intermediate hosts and on the productive performance.

GOYA, J. ET AL. 2012. Plan de Manejo Forestal del Campo Anexo Manuel Belgrano perteneciente a la EAA Montecarlo del INTA, Misiones. Laboratorio de Investigación de Sistemas Ecológicos y Ambientales (LISEA), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales. Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires.

GRACZYK, T. K., A. B. MUDAKIKWA, M. R. CRANFIELD, & U. EILENBERGER. 2001. Hyperkeratotic mange caused by *Sarcoptes scabiei* (Acariformes: Sarcoptidae) in juvenile human-habituated mountain gorillas (*Gorilla gorilla beringei*). Parasitology Research 87:1024–1028.

GRAHAM, J. P. ET AL. 2008. The animal-human interface and infectious disease in industrial food animal production: rethinking biosecurity and biocontainment. Public health reports 123:282–299.

GREGORY, R. D., A. E. KEYMER, & P. H. HARVEY. 1996. Helminth parasite richness among vertebrates. Biodiversity & Conservation 5:985–997.

GRENFELL, B. T., A. P. DOBSON, & H. MOFFATT. 1995. Ecology of infectious diseases in natural populations. Cambridge University Press.

GROLEMUND, G., & H. WICKHAM. 2011. Dates and Times Made Easy with lubridate. Journal of Statistical Software 40:1–25.

GRUMANN, M. R., Z. DA SILVA, J. R. SILVA FILHO, M. M. COSTA, M. I. B. VIEIRA, & A. C. DA MOTTA. 2017. Immunohistochemical and serological aspects of Toxoplasma gondii infection in Neotropical primates. Semina: ciências agrárias 38:1375–1382.

GRÜTZMACHER, K. S. ET AL. 2018. Human Respiratory Syncytial Virus and Streptococcus pneumoniae Infection in Wild Bonobos. Ecohealth 15:462–466.

GUERRERO BORGES, V. 2013. Deforestación y fragmentación de la selva misionera: estrategias y herramientas para el diseño del paisaje. Tesis, Universidad Nacional de La Plata.

GUSTAFSON, E. J. 1998. Quantifying Landscape Spatial Pattern: What Is the State of the Art? Ecosystems 1:143–156.

GUZMÁN, A. 2024. Registro de enfermedades zoonóticas en ejemplares de fauna silvestre vinculadas al área de uso público del Parque Nacional Iguazú (PNI). Informe oficial de situación epidemiológica, Administración de Parques Nacionales, Misiones, Argentina.

HABIG, B., D. A. W. A. M. JANSEN, M. Y. AKINYI, L. R. GESQUIERE, S. C. ALBERTS, & E. A. ARCHIE. 2019. Multi-scale predictors of parasite risk in wild male savanna baboons (*Papio cynocephalus*). Behavioral Ecology and Sociobiology 73:134.

HALEKOH, S. H. AND U. 2024. doBy: Groupwise Statistics, LSmeans, Linear Estimates, Utilities. <https://cran.r-project.org/web/packages/doBy/index.html> (3 May 2024).

HARGIS, C. D., J. A. BISSONETTE, & J. L. DAVID. 1998. The behavior of landscape metrics commonly used in the study of habitat fragmentation. Landscape Ecology 13:167–186.

HARPER, K. N., M. K. ZUCKERMAN, B. L. TURNER, & G. J. ARMELAGOS. 2013. Primates, Pathogens, and Evolution: A Context for Understanding Emerging Disease. Pp. 389–409 in Primates, Pathogens, and Evolution (J. F. Brinkworth & K. Pechenkina, eds.). Springer, New York, NY.

HART, B. L. 1990. Behavioral adaptations to pathogens and parasites: Five strategies. Neuroscience & Biobehavioral Reviews 14:273–294.

HARTIG, F., & L. LOHSE. 2022. DHARMa: Residual Diagnostics for Hierarchical (Multi-Level / Mixed) Regression Models. <https://cran.r-project.org/web/packages/DHARMa/index.html> (3 May 2024).

HARVELL, D. 2004. Ecology and Evolution of Host-Pathogen Interactions in Nature. The American Naturalist 164:S1–S5.

HASEGAWA, H. ET AL. 2016. *Strongyloides* infections of humans and great apes in Dzanga-Sangha Protected Areas, Central African Republic and in degraded forest fragments in Bulindi, Uganda. Parasitology international 65:367–370.

HAUSFATER, G., & B. J. MEADE. 1982. Alternation of sleeping groves by yellow baboons (*Papio cynocephalus*) as a strategy for parasite avoidance. Primates 23:287–297.

HAUSFATER, G., & D. F. WATSON. 1976. Social and reproductive correlates of parasite ova emissions by baboons. Nature 262:688–689.

HAYASHIMOTO, N. ET AL. 2016. Survey and Experimental Infection of Enteropathogenic Escherichia coli in Common Marmosets (*Callithrix jacchus*). PLOS ONE 11:e0160116.

HENRIQUEZ, M. C. ET AL. 2024. Gastrointestinal Parasites in Wild Capuchins (*Cebus imitator*): Insights From Morphology, Infection Patterns, and Progress in Molecular Identification. International Journal of Primatology.

HERNÁNDEZ TIENDA, C. ET AL. 2022. The Habituation Process in Two Groups of Wild Moor Macaques (*Macaca maura*). International Journal of Primatology 43:291–316.

HILBERT, F., F. J. M. SMULDERS, R. CHOPRA-DEWASTHALY, & P. PAULSEN. 2012. *Salmonella* in the wildlife-human interface. Food Research International 45:603–608.

HILL, K., C. BOESCH, J. GOODALL, A. PUSEY, J. WILLIAMS, & R. WRANGHAM. 2001. Mortality rates among wild chimpanzees. Journal of Human Evolution 40:437–450.

HIRATA, T. ET AL. 2007. Increased detection rate of *Strongyloides stercoralis* by repeated stool examinations using the agar plate culture method. The American journal of tropical medicine and hygiene 77:683–684.

HOLZMANN, I., I. AGOSTINI, J. I. ARETA, H. FERREYRA, P. BELDOMENICO, & M. S. DI BITETTI. 2010. Impact of yellow fever outbreaks on two howler monkey species *(Alouatta guariba clamitans* and *A. caraya*) in Misiones, Argentina. American Journal of Primatology 72:475–480.

HOOP, R. K. 1997. The Swiss control programme for *Salmonella enteritidis* in laying hens: experiences and problems. Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics) 16:885–890.

HOTHORN, T., A. ZEILEIS, R. W. FAREBROTHER (PAN.F), C. CUMMINS (PAN.F), G. MILLO, & D. MITCHELL. 2022. lmtest: Testing Linear Regression Models. <https://cran.r-project.org/web/packages/lmtest/index.html> (3 May 2024).

HUDSON, P., A. DOBSON, & B. GRENFELL. 1995. Ecology of infectious diseases in natural populations. Publications of the Newton Institute, Cambridge University Press, Cambridge, UK:144–176.

HUDSON, P. J., A. P. DOBSON, & K. D. LAFFERTY. 2006. Is a healthy ecosystem one that is rich in parasites? Trends in Ecology & Evolution 21:381–385.

HUGOT, J.-P., & J.-P. HUGOT. 1985. Sur le genre *Trypanoxyuris* (Oxyuridae, Nematoda) III. Sous-genre *Trypanoxyuris* parasite de Primates Cebidae et Atelidae. Bulletin du Muséum national d'histoire naturelle 7:131--156.

IBRAHIM, M. M. 2012. Variation in Parasite Infracommunies of *Tilapia zillii* in Relation to Some Biotic and Abiotic Factors.

IEZZI, M. E., P. CRUZ, D. VARELA, M. S. DI BITETTI, & C. DE ANGELO. 2019. Fragment configuration or environmental quality? Understanding what really matters for the conservation of native mammals in the Atlantic Forest of Argentina. Journal for Nature Conservation 52:125751.

ILLIA, G., R. B. JOULIÁ, L. CITON, L. OKLANDER, & M. KOWALEWSKI. 2022. Parasites and Other Infectious Agents in Non-human Primates of Argentina. Current Tropical Medicine Reports.

IMANISHI, M. ET AL. 2014. Outbreak of *Salmonella enterica* serotype Infantis infection in humans linked to dry dog food in the United States and Canada, 2012. Journal of the American Veterinary Medical Association 244:545–553.

INÊS, E. DE J. ET AL. 2011. Efficacy of parasitological methods for the diagnosis of *Strongyloides stercoralis* and hookworm in faecal specimens. Acta Tropica 120:206–210.

ISLAM, D. ET AL. 2014. Evaluation of an intragastric challenge model for Shigella dysenteriae 1 in rhesus monkeys (*Macaca mulatta*) for the pre-clinical assessment of *Shigella* vaccine formulations. APMIS 122:463–475.

ISLAM, S. ET AL. 2022. Prevalence and diversity of gastrointestinal parasites in free-ranging rhesus macaques (*Macaca mulatta*) in different land gradients of Bangladesh. American Journal of Primatology 84:e23345.

IZAR, P., E. D. RAMOS-DA-SILVA, B. D. DE-RESENDE, & E. B. OTTONI. 2007. A case of infanticide in tufted capuchin monkeys *(Cebus nigritus)*. Mastozoologia Neotropical 14:73–76.

IZQUIERDO, A. E., & M. L. CLARK. 2012. Spatial Analysis of Conservation Priorities Based on Ecosystem Services in the Atlantic Forest Region of Misiones, Argentina. Forests 3:764–786.

JACOBSEN, T. 2003. Populating the environment: human growth, density, and migration in the Atlantic Forest.

JAJERE, S. M. ET AL. 2014. Prevalence of *Salmonella* Infection in Dogs in Maiduguri, Northeastern Nigeria. International Journal of Microbiology 2014:392548.

JANSON, C., M. C. BALDOVINO, & M. DI BITETTI. 2012. The Group Life Cycle and Demography of Brown Capuchin Monkeys *(Cebus [apella] nigritus)* in Iguazú National Park, Argentina. Pp. 185–212 in Long-Term Field Studies of Primates (P. M. Kappeler & D. P. Watts, eds.). Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg.

JANSON, C. H., J. TERBORGH, & L. H. EMMONS. 1981. Non-Flying Mammals as Pollinating Agents in the Amazonian Forest. Biotropica 13:1–6.

JOHNSON, L. D., L. M. AUSMAN, R. M. ROLLAND, L. V. CHALIFOUX, & R. G. RUSSELL. 2001. Campylobacter-induced enteritis and diarrhea in captive cotton-top tamarins (*Saguinus oedipus*) during the first year of life. Comparative Medicine 51:257–261.

JOHNSTON, A. R., T. R. GILLESPIE, I. B. RWEGO, T. L. T. MCLACHLAN, A. D. KENT, & T. L. GOLDBERG. 2010. Molecular Epidemiology of Cross-Species *Giardia duodenalis* Transmission in Western Uganda. PLOS Neglected Tropical Diseases 4:e683.

JONES, B. A. ET AL. 2013. Zoonosis emergence linked to agricultural intensification and environmental change. Proceedings of the National Academy of Sciences 110:8399–8404.

JONES, K. E. ET AL. 2008. Global trends in emerging infectious diseases. Nature 451:990–993.

JUÁREZ, M. M., & V. B. RAJALA. 2013. Parasitosis intestinales en Argentina: principales agentes causales encontrados en la población y en el ambiente. Revista Argentina de Microbiología 45:191–204.

JUILLARD, L. Q., & D. RAMP. 2022. The Impacts of Drought on the Health and Demography of Eastern Grey Kangaroos. Animals 12:256.

JUNG, M. 2016. LecoS — A python plugin for automated landscape ecology analysis. Ecological Informatics 31:18–21.

JUNGE, R. E., M. A. BARRETT, & A. D. YODER. 2011. Effects of anthropogenic disturbance on indri (*Indri indri*) health in Madagascar. American Journal of Primatology 73:632–642.

KAEFER, F. 2022. Carlos Sandoval on Building an Ecolodge in the Middle of Nowhere. Pp. 161–165 in Sustainability Leadership in Tourism: Interviews, Insights, and Knowledge from Practice (F. Kaefer, ed.). Springer International Publishing, Cham.

KALASHNIKOVA, V. A., E. K. DZHIKIDZE, Z. K. STASILEVICH, & M. G. CHIKOBAVA. 2002. Detection of *Campylobacter jejuni* in Healthy Monkeys and Monkeys with Enteric Infections by PCR. Bulletin of Experimental Biology and Medicine 134:299–300.

KALBITZER, U., & C. A. CHAPMAN. 2018. Primate Responses to Changing Environments in the Anthropocene. Pp. 283–310 in Primate Life Histories, Sex Roles, and Adaptability: Essays in

Honour of Linda M. Fedigan (U. Kalbitzer & K. M. Jack, eds.). Springer International Publishing, Cham.

KANG, G. ET AL. 2001. A Monkey Model for Enterohemorrhagic *Escherichia coli* Infection. The Journal of Infectious Diseases 184:206–210.

KARESH, W. B. ET AL. 2012. Ecology of zoonoses: natural and unnatural histories. The Lancet 380:1936–1945.

KARESH, W. B., R. A. COOK, E. L. BENNETT, & J. NEWCOMB. 2005. Wildlife trade and global disease emergence. Emerging infectious diseases 11:1000.

KARIUKI, F., P. GETANDA, A. NYACHIEO, G. JUMA, P. KINYANJUI, & J. KAMAU. 2021. Evaluation of the detection of staA, viaB and sopE genes in *Salmonella* spp. using the polymerase chain reaction (PCR). Archives of Microbiology 204:25.

KATONA, P., & J. KATONA-APTE. 2008. The Interaction between Nutrition and Infection. Clinical Infectious Diseases 46:1582–1588.

KHIEU, V., S. SREY, F. SCHÄR, S. MUTH, H. MARTI, & P. ODERMATT. 2013. *Strongyloides stercoralis* is a cause of abdominal pain, diarrhea and urticaria in rural Cambodia. BMC Research Notes 6:200.

KING, K. C. ET AL. 2007. Impacts of agriculture on the parasite communities of northern leopard frogs (*Rana pipiens*) in southern Quebec, Canada. Parasitology 134:2063–2080.

KLEIN, S. L. 2004. Hormonal and immunological mechanisms mediating sex differences in parasite infection. Parasite Immunology 26:247–264.

KNOBEL, D. L., J. R. BUTLER, T. LEMBO, R. CRITCHLOW, & M. E. GOMPPER. 2014. Dogs, disease, and wildlife. Free-ranging dogs and wildlife conservation 144.

KO, P. P. ET AL. 2023. Population genetics study of *Strongyloides fuelleborni* and phylogenetic considerations on primate-infecting species of *Strongyloides* based on their mitochondrial genome sequences. Parasitology international 92:102663.

KOBAYASHI, Y. ET AL. 2013. Isolation of a phylogenetically distinct rabies virus from a tufted capuchin monkey (*Cebus apella*) in Brazil. Virus Research 178:535–538.

KÖCK, R., C. HERR, L. KREIENBROCK, S. SCHWARZ, B.-A. TENHAGEN, & B. WALTHER. 2021. Multiresistant Gram-Negative Pathogens. Deutsches Ärzteblatt International 118:579–586.

KOLAPPASWAMY, K., J. NAZARENO, W. P. PORTER, & H. J. KLEIN. 2014. Outbreak of pathogenic *Escherichia coli* in an outdoor-housed non-human primate colony. Journal of Medical Primatology 43:122–124.

KÖNDGEN, S. ET AL. 2008. Pandemic Human Viruses Cause Decline of Endangered Great Apes. Current Biology 18:260–264.

KOWALEWSKI, M., & T. GILLESPIE. 2018. Disturbance-tolerant primates as sentinels for global health and biodiversity conservation. Pp. 270–281 in.

KOWALEWSKI, M. M., & T. R. GILLESPIE. 2009. Ecological and Anthropogenic Influences on Patterns of Parasitism in Free-Ranging Primates: A Meta-analysis of the Genus *Alouatta*. Pp. 433–461 in

South American Primates: Comparative Perspectives in the Study of Behavior, Ecology, and Conservation (P. A. Garber, A. Estrada, J. C. Bicca-Marques, E. W. Heymann & K. B. Strier, eds.). Springer New York, New York, NY.

KOWALEWSKI, M. M., J. S. SALZER, J. C. DEUTSCH, M. RAÑO, M. S. KUHLENSCHMIDT, & T. R. GILLESPIE. 2011. Black and gold howler monkeys *(Alouatta caraya)* as sentinels of ecosystem health: patterns of zoonotic protozoa infection relative to degree of human-primate contact. American Journal of Primatology 73:75–83.

KOWALEWSKI, M. M., B. URBANI, M. F. TEJEDOR, & L. I. OKLANDER. 2016. Explorando al orden primates: la primatología como disciplina bioantropológica. P. 678 in Introducción a la Antropología Biológica (L. Madrigal & R. González-José, eds.). Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica.

KREMAR, A. A. 2022. Estrategias para encarar la competitividad del turismo de naturaleza en Misiones. Lodges como unidades producción de servicios turísticos especiales. Universidad Nacional de Misiones.

KREUDER JOHNSON, C. ET AL. 2015. Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity. Scientific Reports 5:14830.

KRUSE, M. 2018. Ecosystem Health Indicators. Encyclopedia of Ecology (B. D. Fath, ed.). Elsevier.

KUIKEN, T. ET AL. 2005. Pathogen Surveillance in Animals. Science 309:1680–1681.

KUTHYAR, S., M. M. KOWALEWSKI, M. SEABOLT, D. M. ROELLIG, & T. R. GILLESPIE. 2022. Molecular characterization of *Giardia duodenalis* and evidence for cross-species transmission in Northern Argentina. Transboundary and Emerging Diseases 69:2209–2218.

LA SALA, L. F. ET AL. 2019. Spatial modelling for low pathogenicity avian influenza virus at the interface of wild birds and backyard poultry. Transboundary and Emerging Diseases 66:1493–1505.

LAMATTINA, D. ET AL. 2024. Detection of *Mycobacterium bovis* in Free-Ranging Sapajus nigritus, Argentina.

LAMBERTINI, E., R. L. BUCHANAN, C. NARROD, & A. K. PRADHAN. 2016. Transmission of Bacterial Zoonotic Pathogens between Pets and Humans: The Role of Pet Food. Critical Reviews in Food Science and Nutrition 56:364–418.

LAPPAN, S., S. MALAIVIJITNOND, S. RADHAKRISHNA, E. P. RILEY, & N. RUPPERT. 2020. The human–primate interface in the New Normal: Challenges and opportunities for primatologists in the COVID-19 era and beyond. American Journal of Primatology 82:e23176.

LEACH, M., H. MACGREGOR, I. SCOONES, & A. WILKINSON. 2021. Post-pandemic transformations: How and why COVID-19 requires us to rethink development. World Development 138:105233.

LEE, G. Y., W. M. BOYCE, & K. ORR. 1996. Diagnosis and Treatment of Lungworm (*Filariopsis arator*; Metastrongyloidea: Filaroididae) Infection in White-Faced Capuchins (*Cebus capucinus*). Journal of Zoo and Wildlife Medicine 27:197–200.

LEFRANÇOIS, T. ET AL. 2023. After 2 years of the COVID-19 pandemic, translating One Health into action is urgent. The Lancet 401:789–794.

LEIBLER, J. H., M. CARONE, & E. K. SILBERGELD. 2010. Contribution of Company Affiliation and Social Contacts to Risk Estimates of Between-Farm Transmission of Avian Influenza. PLOS ONE 5:e9888.

LEIFELS, M. ET AL. 2022. The one health perspective to improve environmental surveillance of zoonotic viruses: lessons from COVID-19 and outlook beyond. ISME Communications 2:107.

LEJEUNE, J. T., & A. N. WETZEL. 2007. Preharvest control of *Escherichia coli* O157 in cattle1. Journal of Animal Science 85:E73–E80.

LEWIS, J. W., & G. I. TWIGG. 1972. A study of the internal parasites of small rodents from woodland areas in Surrey. Journal of Zoology 166:61–77.

LEWITSCHNIG, H., & D. LENZI. 2024. GenBinomApps: Clopper-Pearson Confidence Interval and Generalized Binomial Distribution. <https://cran.r-project.org/web/packages/GenBinomApps/index.html> (3 May 2024).

LIMA, M. G. M. ET AL. 2018. A phylogenomic perspective on the robust capuchin monkey *(Sapajus)* radiation: First evidence for extensive population admixture across South America. Molecular Phylogenetics and Evolution 124:137–150.

LINDSAY, D. S., & S. KENNETH. 1993. Parasitic Protozoa. Parasitic Protozoa (J. Kreier, ed.). Segunda. Academic Press, California, USA.

LINTON, D., A. J. LAWSON, R. J. OWEN, & J. STANLEY. 1997. PCR detection, identification to species level, and fingerprinting of *Campylobacter jejun*i and *Campylobacter coli* direct from diarrheic samples. Journal of Clinical Microbiology 35:2568–2572.

LIU, W. ET AL. 2010. Origin of the human malaria parasite *Plasmodium falciparum* in gorillas. Nature 467:420–425.

LLOYD, S. 1995. Environmental influences on host immunity. Ecology of infectious diseases in natural populations 7:327.

LLOYD-SMITH, J. O. ET AL. 2009. Epidemic Dynamics at the Human-Animal Interface. Science 326:1362–1367.

LODDER, P. 2013. To impute or not impute: That's the question. Advising on research methods: Selected topics 2013.

LOKER, E. S., & B. V. HOFKIN. 2022. Parasitology: A Conceptual Approach. 2nd edition. CRC Press, Boca Raton.

LONG, R. A., T. M. DONOVAN, P. MACKAY, W. J. ZIELINSKI, & J. S. BUZAS. 2007. Effectiveness of Scat Detection Dogs for Detecting Forest Carnivores. The Journal of Wildlife Management 71:2007–2017.

LOPES, K. F. C. ET AL. 2022. Urban capuchin monkeys *Sapajus nigritus* (Goldfuss, 1809) (Primates, Cebidae) as environmental bioindicators of leishmaniasis. Transboundary and Emerging Diseases 69:2320–2325.

LUCCAS, V., & P. IZAR. 2021. Black capuchin monkeys dynamically adjust group spread throughout the day. Primates 62:789–799.

LÜDECKE, D. 2018. ggeffects: Tidy Data Frames of Marginal Effects from Regression Models. Journal of Open Source Software 3:772.

LUDWIG, G., L. M. AGUIAR, & V. J. ROCHA. 2005. Uma avaliação da dieta, da área de vida e das estimativas populacionais de *Cebus nigritus* (Goldfuss, 1809) em um fragmento florestal no norte do estado do Paraná. Neotropical Primates 13:12–18.

LUDWIG, G., L. M. AGUIAR, & V. J. ROCHA. 2006. Acquisition behavior of *Manihot esculenta* Crantz (Euphorbiaceae), cassava, by *Cebus nigritus* (Goldfuss) (Primates, Cebidae) as a feeding adaptation on scarcity periods. Revista Brasileira de Zoologia 23:888–890.

LYNCH-ALFARO, J. W. L., J. D. E. S. E. SILVA, & A. B. RYLANDS. 2012. How different are robust and gracile capuchin monkeys? An argument for the use of *Sapajus* and *Cebus*. American Journal of Primatology 74:273–286.

MACFIE, E. J., & E. A. WILLIAMSON. 2010. Best Practice Guidelines for Great Ape Tourism. IUCN.

MACHADO FILHO, D. 1950. Revisão do gênero Prosthenorchis travassos, 1915 (Acanthocephala). Memórias do Instituto Oswaldo Cruz 48:495–544.

MACHADO, G. P. ET AL. 2012. Exposure to rabies virus in a population of free-ranging capuchin monkeys (*Cebus apella nigritus*) in a fragmented, environmentally protected area in southeastern Brazil. Primates 53:227–231.

MAGOURAS, I., V. J. BROOKES, F. JORI, A. MARTIN, D. U. PFEIFFER, & S. DÜRR. 2020. Emerging Zoonotic Diseases: Should We Rethink the Animal–Human Interface? Frontiers in Veterinary Science 7.

MALTA, M. C. C., H. P. TINOCO, M. N. XAVIER, A. L. S. VIEIRA, E. A. COSTA, & R. L. SANTOS. 2010. Naturally acquired visceral leishmaniasis in non-human primates in Brazil. Veterinary Parasitology 169:193–197.

MANSFIELD, K. G. ET AL. 2001. Enteropathogenic *Escherichia coli* and Ulcerative Colitis in Cotton-Top Tamarins (*Saguinus oedipus*). The Journal of Infectious Diseases 184:803–807.

MANSFIELD, K. G., & J. G. FOX. 2019. Bacterial Diseases. The Common Marmoset in Captivity and Biomedical Research:265–287.

MARCELINO, L. ET AL. 2023. Zoonoses associated with geohelminthiases. Zoonosis, Unique Scientific Publishers, Faisalabad, Pakistan 2:361–376.

MARCOGLIESE, D. J. 2004. Parasites: Small Players with Crucial Roles in the Ecological Theater. EcoHealth 1:151–164.

MARCOGLIESE, D. J. 2023. Major drivers of biodiversity loss and their impacts on helminth parasite populations and communities. Journal of Helminthology 97:e34.

MARCOGLIESE, D. J., & J. PRICE. 1997. The paradox of parasites. Global biodiversity 7:7–15.

MARQUES, M. C. M., & C. E. V. GRELLE (EDS.). 2021. The Atlantic Forest: History, Biodiversity, Threats and Opportunities of the Mega-diverse Forest. Springer International Publishing, Cham.

MARQUES, M. C. M., W. TRINDADE, A. BOHN, & C. E. V. GRELLE. 2021. The Atlantic Forest: An Introduction to the Megadiverse Forest of South America. Pp. 3–23 in The Atlantic Forest: History, Biodiversity, Threats and Opportunities of the Mega-diverse Forest (M. C. M. Marques & C. E. V. Grelle, eds.). Springer International Publishing, Cham.

MARTIN, H. R., N. S. TAYLOR, E. M. BUCKLEY, R. P. MARINI, M. M. PATTERSON, & J. G. FOX. 2009. Characterization of cytotoxic necrotizing factor 1-producing *Escherichia coli* strains from faeces of healthy macaques. Journal of Medical Microbiology 58:1354–1358.

MARTINEZ DE ZORZI, V., S. SHANEE, & L. I. OKLANDER. 2024. Fragmented forest affects the southern black-horned capuchin (*Sapajus nigritus cucullatus*) in the Argentinean Atlantic Forest. Primates.

MARTÍNEZ DE ZORZI, V., A. S. VEGA, C. GUERREIRO, D. VILLASEÑOR-AMADOR, & L. I. OKLANDER. 2024. Refuge and supplementary bamboo-based diet in capuchin monkeys (*Sapajus nigritus cucullatus*) in association with habitat fragmentation and stochastic events. Écoscience 31:108–117.

MARTINEZ, J., & S. MERINO. 2011. Host-parasite interactions under extreme climatic conditions. Current Zoology 57:390–405.

MARTÍNEZ, M. F., M. M. KOWALEWSKI, O. D. SALOMÓN, & A. G. SCHIJMAN. 2016. Molecular characterization of trypanosomatid infections in wild howler monkeys *(Alouatta caraya)* in northeastern Argentina. International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife 5:198–206.

MARTÍNEZ-MOTA, R., P. A. GARBER, R. PALME, & T. R. GILLESPIE. 2017. The relative effects of reproductive condition, stress, and seasonality on patterns of parasitism in wild female black howler monkeys (*Alouatta pigra*). American Journal of Primatology 79:e22669.

MARTÍNEZ-MOTA, R., M. M. KOWALEWSKI, & T. R. GILLESPIE. 2015. Ecological Determinants of Parasitism in Howler Monkeys. Pp. 259–285 in Howler Monkeys: Adaptive Radiation, Systematics, and Morphology (M. M. Kowalewski, P. A. Garber, L. Cortés-Ortiz, B. Urbani & D. Youlatos, eds.). Springer New York, New York, NY.

MARTINS, J. N. ET AL. 2019. *Sapajus nigritus*: The IUCN Red List of Threatened Species. International Union for Conservation of Nature.

MARTIN-SOLANO, S. ET AL. 2017. Gastrointestinal parasites in captive and free-ranging *Cebus albifrons* in the Western Amazon, Ecuador. International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife 6:209–218.

MATI, V. L. T., F. C. FERREIRA JUNIOR, H. A. PINTO, & A. L. DE MELO. 2013. *Strongyloides cebus* (Nematoda: Strongyloididae) in *Lagothrix cana* (Primates: Atelidae) from the Brazilian Amazon: aspects of clinical presentation, anatomopathology, treatment, and parasitic biology. The Journal of Parasitology 99:1009–1018.

MÄTZ-RENSING, K., & L. J. LOWENSTINE. 2018. Chapter 14 - New World and Old World Monkeys. Pp. 343–374 in Pathology of Wildlife and Zoo Animals (K. A. Terio, D. McAloose & J. St. Leger, eds.). Academic Press.

MAYDS. 2022. Informe del Estado del Ambiente. Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible de la Nación.

MAZET, J. A. K. ET AL. 2020. Human Respiratory Syncytial Virus Detected in Mountain Gorilla Respiratory Outbreaks. EcoHealth 17:449–460.

MBORA, D. N. M., & M. A. MCPEEK. 2009. Host density and human activities mediate increased parasite prevalence and richness in primates threatened by habitat loss and fragmentation. Journal of Animal Ecology 78:210–218.

MCCLURE, H., L. STROZIER, & M. KEELING. 1972. Enteropathogenic *Escherichia coli* infection in anthropoid apes.

MCGARIGAL, K., & W. C. MCCOMB. 1995. Relationships Between Landscape Structure and Breeding Birds in the Oregon Coast Range.

MCLENNAN, M. R., H. MORI, A. MAHITTIKORN, R. PRASERTBUN, K. HAGIWARA, & M. A. HUFFMAN. 2018. Zoonotic Enterobacterial Pathogens Detected in Wild Chimpanzees. EcoHealth 15:143–147.

MENEZES TEODORO, A. K. ET AL. 2019. Gastrointestinal, skin and blood parasites in Didelphis spp. from urban and sylvatic areas in São Paulo state, Brazil. Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports 16:100286.

MENEZES-COSTA, A. ET AL. 2013. Identification of Bacterial Infection in Neotropical Primates. Microbial Ecology 66:471–478.

MERCADO, R., M. I. JERCIC, & M. T. UETA. 2001. Infecciones por *Strongyloides stercoralis* en Chile. Boletín chileno de parasitología 56:72–75.

MEURENS, F. ET AL. 2021. Animal board invited review: Risks of zoonotic disease emergence at the interface of wildlife and livestock systems. Animal 15:100241.

MICHAUD, C., M. TANTALEAN, C. IQUE, E. MONTOYA, & A. GOZALO. 2003. A survey for helminth parasites in feral New World non-human primate populations and its comparison with parasitological data from man in the region. Journal of Medical Primatology 32:341–345.

MIGUEL, M. P., S. C. DUARTE, A. S. SANTOS, M. P. C. MATOS, & M. DE A. SOUZA. 2013. Mortality of *Cebus apella* by *Molineus torulosus* Parasitism in Midwestern Brazil. Acta Scientiae Veterinariae 41:1–4.

MIKICH, S. 2001. Frugivoria e dispersão de sementes em uma pequena reserva isolada do Estado do Paraná, Brasil. Universidade Federal do Paraná.

MIKICH, S. B., & D. LIEBSCH. 2017. Damage caused by brown-capuchin monkeys to nine pinus species and the implications for forest management. FLORESTA 47:37.

MIKICH, S., & D. LIEBSCH. 2014. Damage to forest plantations by tufted capuchins *(Sapajus nigritus)*: Too many monkeys or not enough fruits? Forest Ecology and Management 314:9–16.

MILNE, B. T. 1988. Measuring the fractal geometry of landscapes. Applied Mathematics and Computation 27:67–79.

MILOZZI, C., G. BRUNO, E. CUNDOM, M. MUDRY, & G. NAVONE. 2012. Intestinal parasites of *Alouatta caraya* (Primates, Ceboidea): Preliminary study in semi-captivity and in the wild in Argentina. Mastozoologia Neotropical 19:271–278.

MIN. ECONOMÍA. 2023. Informe productivo provincial: Misiones. Secretaría de Planificación del Desarrollo y la Competitividad Federal.

MIZGAJSKA, H. 1997. The role of some environmental factors in the contamination of soil with *Toxocara* spp. and other geohelminth eggs. Parasitology International 46:67–72.

MOHEBALIAN, P. M., L. N. LOPEZ, A. B. TISCHNER, & F. X. AGUILAR. 2022. Deforestation in South America's tri-national Paraná Atlantic Forest: Trends and associational factors. Forest Policy and Economics 137:102697.

MOLINA, N. B. ET AL. 2019. Diarrea infecciosa en pediatría. Estudio epidemiológico prospectivo de consultas ambulatorias en un hospital de Argentina. Revista Latinoamericana de Infectología Pediátrica 32:171–178.

MONTALI, R. J., S. K. MIKOTA, & L. I. CHENG. 2001. *Mycobacterium tuberculosis* in zoo and wildlife species. Scientific and Technical Review, International Office of Epizootics.

MOORE, J. 2002. Parasites and the behavior of animals. Oxford University Press.

MORAND, S., B. R. KRASNOV, & R. POULIN. 2006. Micromammals and Macroparasites: From Evolutionary Ecology to Management. Springer-Verlag Tokyo, Tokyo.

MORAND, S., K. OWERS, & F. BORDES. 2014. Biodiversity and Emerging Zoonoses. Pp. 27–41 in Confronting Emerging Zoonoses (A. Yamada, L. H. Kahn, B. Kaplan, T. P. Monath, J. Woodall & L. Conti, eds.). Springer Japan, Tokyo.

MORAND, S., & R. POULIN. 1998. Density, body mass and parasite species richness of terrestrial mammals. Evolutionary Ecology 12:717–727.

MOREAU, D. 2009. El uso de las plantas medicinales en la provincia de Misiones (Argentina) y su valorización como recurso en la atención primaria de la salud: exploración de una alternativa de conservación del bosque atlántico del Alto Paraná. Estudio de caso en una población campesina de Comandante Andresito. Misiones Argentina: Fundación Vida Silvestre Argentina.

MORELLATO, L. P. C., & C. F. B. HADDAD. 2000. Introduction: The Brazilian Atlantic Forest1. Biotropica 32:786–792.

MORENO, E. S. ET AL. 2015. Yellow fever impact on brown howler monkeys *(Alouatta guariba clamitans)* in Argentina: a metamodelling approach based on population viability analysis and epidemiological dynamics. Memorias Do Instituto Oswaldo Cruz 110:865–876.

MORSE, E. V., & M. A. DUNCAN. 1975. Canine salmonellosis: prevalence, epizootiology, signs, and public health significance. Journal of the American Veterinary Medical Association 167:817–820.

MORSE, E. V., M. A. DUNCAN, D. A. ESTEP, W. A. RIGGS, & B. O. BLACKBURN. 1976. Canine salmonellosis: A review and report of dog to child transmission of Salmonella enteritidis. American Journal of Public Health 66:82–83.

MORSE, E. V., K. W. KERSTING, L. E. SMITH, E. P. MYHROM, & D. E. GREENWOOD. 1978. Salmonellosis: possible transmission from horse to human to dog of infection. American Journal of Public Health 68:497–499.

MOURA, A. C., & K. R. MCCONKEY. 2007. The capuchin, the howler, and the Caatinga: seed dispersal by monkeys in a threatened Brazilian forest. American Journal of Primatology 69:220–226.

MSAL. 2012. Presidencia de la Nación. Boletín integrado de vigilancia Información para la acción: Una herramienta clave para la toma de decisión.

MSAL. 2023. Boletín Epidemiológico Nacional.

MUBAREKA, S. ET AL. 2023. Strengthening a One Health approach to emerging zoonoses. FACETS 8:1–64.

MUEHLENBEIN, M. P. 2005. Parasitological analyses of the male chimpanzees (*Pan troglodytes schweinfurthii*) at Ngogo, Kibale National Park, Uganda. American Journal of Primatology 65:167–179.

MUEHLENBEIN, M. P., & D. P. WATTS. 2010. The costs of dominance: testosterone, cortisol and intestinal parasites in wild male chimpanzees. BioPsychoSocial Medicine 4:21.

MUÑOZ, G., & R. CASTRO. 2012. Comunidades de parásitos eumetazoos de peces labrisómidos de Chile central. Revista de biología marina y oceanografía 47:565–571.

MUYLAERT, R. L. [UNESP ET AL. 2018. A note on the territorial limits of the Atlantic forest.

NATALINI, B., S. GENNUSO, P. M. BELDOMENICO, T. RIGONATTO, & M. M. KOWALEWSKI. 2020. Parasitologic examination and associated risk factors of domestic dogs at the domestic-wildlife interface in the Iberá wetlands Ecoregion, Argentina. Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports 20:100378.

NAVONE, G. T., M. I. GAMBOA, E. E. OYHENART, & A. B. ORDEN. 2006. Intestinal parasitosis in Mbyá-Guaraní populations from Misiones Province, Argentina: epidemiological and nutritional aspects. Cadernos de Saúde Pública 22:1089–1100.

NELSON, R. J. 2004. Seasonal immune function and sickness responses. Trends in Immunology 25:187–192.

NELSON, R. J., G. E. DEMAS, S. L. KLEIN, & L. J. KRIEGSFELD. 2002. Seasonal Patterns of Stress, Immune Function, and Disease. Cambridge University Press.

NEUMANN, H. H. 1974. Dogs and cats as sources of salmonellosis. Connecticut Medicine 38:335.

NIEHAUS, C. ET AL. 2020. Environmental factors associated With *Toxoplasma gondii* Exposure in Neotropical Primates of Costa Rica. Frontiers in Veterinary Science 7:583032.

NIZEYI, J. B., R. B. INNOCENT, J. ERUME, G. R. N. N. KALEMA, M. R. CRANFIELD, & T. K. GRACZYK. 2001. Campylobacterosis, Salmonellosis, and Shigellosis in free-ranging human-habituated mountain gorillas of Uganda. Journal of Wildlife Diseases 37:239–244.

NIZEYI, J. B., R. MWEBE, A. NANTEZA, M. R. CRANFIELD, G. R. KALEMA, & T. K. GRACZYK. 1999. *Cryptosporidium* sp. and *Giardia* sp. infections in mountain gorillas *(Gorilla gorilla beringei)* of the Bwindi Impenetrable National Park, Uganda. The Journal of Parasitology 85:1084–1088.

NIZEYI, J., M. CRANFIELD, & T. GRACZYK. 2002. Cattle near the Bwindi Impenetrable National Park, Uganda, as a reservoir of Cryptosporidium parvum and Giardia duodenalis for local community and free-ranging gorillas. Parasitology Research 88:380–385.

NOSKOVÁ, E., K. M. SAMBUCCI, K. J. PETRŽELKOVÁ, B. ČERVENÁ, D. MODRÝ, & B. PAFČO. 2023. *Strongyloides* in non-human primates: significance for public health control. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences 379:20230006.

NUNN, C., & S. ALTIZER. 2006. Infectious Diseases in Primates: Behavior, Ecology and Evolution. Oxford University Press.

NUNN, C. L., S. ALTIZER, K. E. JONES, & W. SECHREST. 2003. Comparative Tests of Parasite Species Richness in Primates. The American Naturalist 162:597–614.

OBANDA, V., N. MAINGI, G. MUCHEMI, C. J. NG'ANG'A, S. ANGELONE, & E. A. ARCHIE. 2019. Infection dynamics of gastrointestinal helminths in sympatric non-human primates, livestock and wild ruminants in Kenya. PLOS ONE 14:e0217929.

OJHA, S. C., C. YEAN YEAN, A. ISMAIL, & K.-K. B. SINGH. 2013. A pentaplex PCR assay for the detection and differentiation of *Shigella* species. BioMed Research International 2013:412370.

OKSANEN, J. ET AL. 2022. vegan: Community Ecology Package. <https://cran.r-project.org/web/packages/vegan/index.html> (3 May 2024).

OLIVEIRA, A., & R. SANTOS. 2023. Infectious diseases of neotropical primates. Brazilian Journal of Veterinary Pathology 16:1–34.

OLIVEIRA, V. B. DE, A. M. LINARES, G. L. C. CORRÊA, & A. G. CHIARELLO. 2008. Predation on the black capuchin monkey *Cebus nigritus* (Primates: Cebidae) by domestic dogs *Canis lupus familiaris* (Carnivora: Canidae), in the Parque Estadual Serra do Brigadeiro, Minas Gerais, Brazil. Revista Brasileira de Zoologia 25:376–378.

OLSON, D. M. ET AL. 2001. Terrestrial Ecoregions of the World: A New Map of Life on Earth: A new global map of terrestrial ecoregions provides an innovative tool for conserving biodiversity. BioScience 51:933–938.

OMISAKIN, F., M. MACRAE, I. D. OGDEN, & N. J. C. STRACHAN. 2003. Concentration and Prevalence of Escherichia coli O157 in Cattle Feces at Slaughter. Applied and Environmental Microbiology 69:2444–2447.

OMS. 2019. Guía sobre la reglamentación relativa al transporte de sustancias infecciosas 2019–2020. Ginebra, Suiza.

OPENSTREETMAP CONTRIBUTORS. 2017. Planet dump retrieved from https://planet.osm.org.

OTTE, J. ET AL. 2007. Industrial livestock production and global health risks. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Pro-Poor Livestock Policy Initiative Research Report.

PAFČO, B. ET AL. 2018. Gastrointestinal protists and helminths of habituated agile mangabeys (*Cercocebus agilis*) at Bai Hokou, Central African Republic. American Journal of Primatology 80:e22736.

PALACIOS, G. ET AL. 2011. Human Metapneumovirus Infection in Wild Mountain Gorillas, Rwanda. Emerging Infectious Diseases 17:711–713.

PAMPIGLIONE, S., & M. L. RICCIARDI. 1974. Parasitological survey on Pygmies in Central Africa. I. Babinga group (Central African Republic). Rivista di Parassitologia 35:161–88.

PARR, N. A., L. M. FEDIGAN, & S. J. KUTZ. 2013a. Predictors of Parasitism in Wild White-Faced Capuchins *(Cebus capucinus)*. International Journal of Primatology 34:1137–1152.

PARR, N. A., L. M. FEDIGAN, & S. J. KUTZ. 2013b. Predictors of Parasitism in Wild White-Faced Capuchins (*Cebus capucinus*). International Journal of Primatology 34:1137–1152.

PARR, N., L. FEDIGAN, & S. KUTZ. 2013c. A coprological survey of parasites in white-faced capuchins *(Cebus capucinus)* from Sector Santa Rosa, ACG, Costa Rica. Folia primatologica; international journal of primatology 84:102–114.

PEDERSEN, A. B., & A. FENTON. 2007. Emphasizing the ecology in parasite community ecology. Trends in Ecology & Evolution 22:133–139.

PEDERSEN, A. B., K. E. JONES, C. L. NUNN, & S. ALTIZER. 2007. Infectious Diseases and Extinction Risk in Wild Mammals. Conservation Biology 21:1269–1279.

PENCO, A., & K. JALUFF. 2020. Contribución al monitoreo de AICA MI06 AR116, San Antonio, Misiones, Argentina. Trabajo Final Tecnicatura Universitaria en Guardaparques, Universidad Nacional de Misiones, San Pedro, Misiones.

PENNER, L. R. 1981. Concerning Threadworm (*Strongyloides stercoralis*) in Great Apes: Lowland Gorillas (*Gorilla gorilla*) and Chimpanzees (*Pan troglodytes*). The Journal of Zoo Animal Medicine 12:128–131.

PEREA-RODRIGUEZ, J. P., A. M. MILANO, B. E. OSHEROV, & E. FERNANDEZ-DUQUE. 2010. Gastrointestinal Parasites of Owl Monkeys (*Aotus Azarai Azarai*) in the Argentinean Chaco. Neotropical Primates 17:7–11.

PEREIRA, F. V. ET AL. 2020. Prevalência e distribuição espacial da ocorrência de helmintos em primatas não humanos de vida livre no estado do Rio de Janeiro, Brasil. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia 72:1705–1712.

PETRI, W. A., R. HAQUE, D. LYERLY, & R. R. VINES. 2000. Estimating the Impact of Amebiasis on Health. Parasitology Today 16:320–321.

PETROVAN, S. O. ET AL. 2021. Post COVID-19: a solution scan of options for preventing future zoonotic epidemics. Biological Reviews 96:2694–2715.

PETRŽELKOVÁ, K. J. ET AL. 2021. Heterogeneity in patterns of helminth infections across populations of mountain gorillas (*Gorilla beringei beringei*). Scientific Reports 11:10869.

PETTIFER, H. 1984. The helminth fauna of the digestive tracts of chacma baboons, *Papio ursinus*, from different localities in the Transvaal.

PHILLIPS, K. A., M. E. HAAS, B. W. GRAFTON, & M. YRIVARREN. 2004. Survey of the gastrointestinal parasites of the primate community at Tambopata National Reserve, Peru. Journal of Zoology 264:149–151.

PIRES, J. S., C. T. RIBEIRO, P. R. DE CARVALHO FILHO, A. PISSINATTI, W. FLAUSINO, & C. W. G. LOPES. 2012. Infection by *Toxoplasma gondii* in Neotropical non-human primates. Pesquisa Veterinária Brasileira 32:1041–1044.

PLACCI, G., & M. DI BITETTI. 2005. Situación ambiental en la ecorregión del bosque Atlántico del Alto Paraná (selva paranaense). La situación ambiental Argentina 2005:195–225.

PLOWRIGHT, R. K. ET AL. 2017. Pathways to zoonotic spillover. Nature Reviews Microbiology 15:502–510.

POIROTTE, C., D. BASSET, E. WILLAUME, F. MAKABA, P. M. KAPPELER, & M. J. E. CHARPENTIER. 2016. Environmental and individual determinants of parasite richness across seasons in a free-ranging population of Mandrills (*Andrillus sphinx*). American Journal of Physical Anthropology 159:442–456.

POMAJBÍKOVÁ, K. ET AL. 2013. Novel Insights into the Genetic Diversity of Balantidium and Balantidium-like Cyst-forming Ciliates. PLOS Neglected Tropical Diseases 7:e2140.

PORFIRIO, G. ET AL. 2017. Terrestriality of Wild *Sapajus cay* (Illiger, 1815) as Revealed by Camera Traps.

PORFIRIO, G. E. DE O. ET AL. 2018. Maintenance of *Trypanosoma cruzi, T. evansi* and *Leishmania* spp. by domestic dogs and wild mammals in a rural settlement in Brazil-Bolivian border. International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife 7:398–404.

POTKAY, S. 1992. Diseases of the Callitrichidae: A review. Journal of Medical Primatology 21:189–236.

POULIN, R. 1996. Sexual Inequalities in Helminth Infections: A Cost of Being a Male? The American Naturalist 147:287–295.

POULIN, R. 1998. Comparison of Three Estimators of Species Richness in Parasite Component Communities. The Journal of Parasitology 84:485–490.

POULIN, R. 2011. Evolutionary Ecology of Parasites: Second Edition. Princeton University Press.

POULIN, R. 2021. The rise of ecological parasitology: twelve landmark advances that changed its history. International Journal for Parasitology 51:1073–1084.

POULIN, R., & S. MORAND. 2004. Parasite Biodiversity. Smithsonian.

PRALL, S. P., & M. P. MUEHLENBEIN. 2014. Testosterone and Immune Function in Primates: A Brief Summary with Methodological Considerations. International Journal of Primatology 35:805–824.

PRINCE MILTON, A. A. ET AL. 2017. Prevalence of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* in captive wildlife species of India. Iranian Journal of Veterinary Research 18:177–182.

PUMIPUNTU, N. 2018. Detection for potentially zoonotic gastrointestinal parasites in long-tailed macaques, dogs and cattle at Kosamphi forest park, Maha Sarakham. Veterinary Integrative Sciences 16:69–77.

QGIS DEVELOPMENT TEAM. 2024. QGIS Geographic Information System (Version 3.32.3 - Lima). QGIS Association. <https://www.qgis.org>.

R CORE TEAM. 2022. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Viena, Austria. <https://www.R-project.org/.>.

RAHARIVOLOLONA, B. M., & J. U. GANZHORN. 2009. Gastrointestinal parasite infection of the Gray mouse lemur (*Microcebus murinus*) in the littoral forest of Mandena, Madagascar: Effects of forest fragmentation and degradation. Madagascar Conservation & Development 4.

RAHMAN, M. K. ET AL. 2023. Characterization and epidemiology of antimicrobial resistance patterns of *Salmonella* spp. and Staphylococcus spp. in free-ranging rhesus macaque (*Macaca mulatta*) at high-risk interfaces with people and livestock in Bangladesh. Frontiers in Veterinary Science 10.

REIMSCHUESSEL, R. ET AL. 2017. Multilaboratory Survey To Evaluate *Salmonella* Prevalence in Diarrheic and Nondiarrheic Dogs and Cats in the United States between 2012 and 2014. Journal of Clinical Microbiology 55:1350–1368.

RILEY, S. P. D., J. FOLEY, & B. CHOMEL. 2004. Exposure to feline and canine pathogens in bobcats and gray foxes in urban and rural zones of a National Park in California. Journal of Wildlife Diseases 40:11–22.

RÍMOLI, J. 2001. Ecologia de macacos-prego *(Cebus apella nigritus*, Goldfuss, 1809) na Estação Biológica de Caratinga (MG): Implicações para a conservação de fragmentos de Mata Atlântica. Belém-PA: Universidade Federal do Pará/Museu Parense Emílio Goeldi/Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

RÍMOLI, J., K. B. STRIER, & S. F. FERRARI. 2008a. Seasonal and longitudinal variation in the behavior of free-ranging black tufted capuchins *Cebus nigritus* (Goldfuss, 1809) in a fragment of Atlantic Forest in Southeastern Brazil. A primatologia no Brasil 9:130–146.

RÍMOLI, J., K. B. STRIER, & S. F. FERRARI. 2008b. Seasonal and longitudinal variation in the behavior of free-ranging black tufted capuchins Cebus nigritus (Goldfuss, 1809) in a fragment of Atlantic Forest in Southeastern Brazil. A primatologia no Brasil 9:130–146.

ROBERTS, M. L., K. L. BUCHANAN, & M. R. EVANS. 2004. Testing the immunocompetence handicap hypothesis: a review of the evidence. Animal Behaviour 68:227–239.

RODRÍGUEZ-ORTÍZ, B., L. GARCÍA-PRIETO, & G. PÉREZ-PONCE DE LEÓN. 2004. Checklist of the helminth parasites of vertebrates in Costa Rica. Revista de Biología Tropical 52:313–354.

ROJAS-SÁNCHEZ, E. ET AL. 2023. Prevalence Estimation, Antimicrobial Susceptibility, and Serotyping of Salmonella enterica Recovered from New World Non-Human Primates (Platyrrhini), Feed, and Environmental Surfaces from Wildlife Centers in Costa Rica. Antibiotics 12:844.

ROLFO, F. ET AL. 2012. Epidemiological study of shigellosis in an urban area of Argentina. The Journal of Infection in Developing Countries 6:324–328.

RONDÓN ROBAYO, S. Y. 2023. Prevalence and molecular characterisation of intestinal parasites infecting non-human primates in natural and captive conditions. Tesis Doctoral, Sapienza University of Rome, Roma, Italia.

RONDÓN, S., S. CAVALLERO, E. RENZI, A. LINK, C. GONZÁLEZ, & S. D'AMELIO. 2021. Parasites of Free-Ranging and Captive American Primates: A Systematic Review. Microorganisms 9:2546.

RONDÓN, S., C. LEÓN, A. LINK, & C. GONZÁLEZ. 2019. Prevalence of Plasmodium parasites in non-human primates and mosquitoes in areas with different degrees of fragmentation in Colombia. Malaria Journal 18:1–10.

ROSSER, J. I., K. NIELSEN-SAINES, E. SAAD, & T. FULLER. 2022. Reemergence of yellow fever virus in southeastern Brazil, 2017–2018: What sparked the spread? PLOS Neglected Tropical Diseases 16:e0010133.

RWEGO, I. B., G. ISABIRYE-BASUTA, T. R. GILLESPIE, & T. L. GOLDBERG. 2008. Gastrointestinal bacterial transmission among humans, mountain gorillas, and livestock in Bwindi Impenetrable National Park, Uganda. Conservation Biology: The Journal of the Society for Conservation Biology 22:1600–1607.

RYLANDS, A. B., M. C. M. KIERULFF, & R. A. MITTERMEIER. 2005. Notes on the taxonomy and distributions of the tufted capuchin monkeys (*Cebus*, Cebidae) of South America 6:97–110.

RYLANDS, A. B., R. A. MITTERMEIER, B. M. BEZERRA, F. P. PAIM, & H. L. QUEIROZ. 2013. Species accounts of Cebidae. Handbook of the Mammals of the World 3:390–413.

SALAS-ROJAS, M., E. F. DE OLIVEIRA-FILHO, C. ALMAZÁN-MARÍN, A. Z. RODAS-MARTÍNEZ, Á. AGUILAR-SETIÉN, & J. F. DREXLER. 2023. Serological evidence for potential yellow fever virus infection in non-human primates, southeastern Mexico. One Health Outlook 5:14.

SANCHEZ-FERNANDEZ, C. ET AL. 2022. Identification and evolutionary analysis of papillomavirus sequences in New World monkeys (genera *Sapajus* and *Alouatta*) from Argentina. Archives of Virology 167:1257–1268.

SAPP, K. K., & G. W. ESCH. 1994. The Effects of Spatial and Temporal Heterogeneity as Structuring Forces for Parasite Communities in Helisoma anceps and Physa gyrina. The American Midland Naturalist 132:91–103.

SATO, Y., T. MORI, T. KOYAMA, & H. NAGASE. 2000. Salmonella Virchow Infection in an Infant Transmitted by Household Dogs. Journal of Veterinary Medical Science 62:767–769.

SCALLAN, E. ET AL. 2011. Foodborne Illness Acquired in the United States—Major Pathogens - Volume 17, Number 1—January 2011 - Emerging Infectious Diseases journal - CDC.

SCHINO, G., & M. PINZAGLIA. 2018. Age-related changes in the social behavior of tufted capuchin monkeys. American Journal of Primatology 80:e22746.

SCOTT, M. E. 1988. The Impact of Infection and Disease on Animal Populations: Implications for Conservation Biology. Conservation Biology 2:40–56.

SELL, J., & B. DOLAN. 2018. Common Gastrointestinal Infections. Primary Care 45:519–532.

SETCHELL, J. M., I.-B. BEDJABAGA, B. GOOSSENS, P. REED, E. J. WICKINGS, & L. A. KNAPP. 2007. Parasite Prevalence, Abundance, and Diversity in a Semi-free-ranging Colony of <i>Mandrillus sphinx/i>. International Journal of Primatology 28:1345–1362.

SHARMA, S., D. LYNGDOH, B. ROY, & V. TANDON. 2016. Differential diagnosis and molecular characterization of *Hymenolepis nana* and *Hymenolepis diminuta* (Cestoda: Cyclophyllidea: Hymenolepididae) based on nuclear rDNA ITS2 gene marker. Parasitology Research 115:4293–4298.

SILVA, A. S. DA ET AL. 2008. Occurrence of gastrointestinal protozoa in primates kept in captivity in the Southern region of Brazil. Ciência Rural 38:2658–2661.

SILVA, L. G. DA, M. C. RIBEIRO, É. HASUI, C. A. DA COSTA, & R. G. T. DA CUNHA. 2015. Patch Size, Functional Isolation, Visibility and Matrix Permeability Influences Neotropical Primate Occurrence within Highly Fragmented Landscapes. PLOS ONE 10:e0114025.

DA SILVA, M. I. V. ET AL. 2020. *Pasteurella canis* infection in a non-human primate black-tailed marmoset (*Mico melanurus*)—A case report. Journal of Medical Primatology 49:107–109.

SILVA, R. C. DA, G. P. MACHADO, T. M. DE A. CRUVINEL, C. A. CRUVINEL, & H. LANGONI. 2013. Frequency of *Toxoplasma gondii* antibodies in tufted capuchin monkeys (*Cebus apella nigritus*) from an ecological station in the State of São Paulo, Brazil. Pesquisa Veterinária Brasileira 33:251–253.

DA SILVA, V. P. R., J. M. BERNARDON, F. C. BANDIERA, A. BUZATTI, & J. F. PREUSS. 2023. Multiparasitism in *Sapajus nigritus* (Goldfuss 1809)(Primates: Cebidae) kept illegally in home captivity in the state of Santa Catarina, Brazil–Case report. Brazilian Journal of Development 9:232–243.

SOKOLOW, S. H. ET AL. 2019. Ecological interventions to prevent and manage zoonotic pathogen spillover. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences 374:20180342.

SOLÓRZANO-GARCÍA, B., & G. PÉREZ-PONCE DE LEÓN. 2018. Parasites of Neotropical Primates: A Review. International Journal of Primatology 39:155–182.

SOTO-CALDERÓN, I. D., Y. A. ACEVEDO-GARCÉS, J. ÁLVAREZ-CARDONA, C. HERNÁNDEZ-CASTRO, & G. M. GARCÍA-MONTOYA. 2016. Physiological and parasitological implications of living in a city: the case of the white-footed tamarin (*Saguinus leucopus*). American Journal of Primatology 78:1272–1281.

SOUSA, D. E. R. ET AL. 2023. Case report: Urbanized non-human primates as sentinels for human zoonotic diseases: a case of acute fatal toxoplasmosis in a free-ranging marmoset in coinfection with yellow fever virus. Frontiers in Public Health 11.

SOUSA, O. E., R. N. ROSSAN, & D. C. BAERG. 1974. The prevalence of trypanosomes and microfilariae in Panamanian monkeys. The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene 23:862–868.

SPARKS, A. 2018. nasapower: A NASA POWER Global Meteorology, Surface Solar Energy and Climatology Data Client for R. Journal of Open Source Software 3:1035.

SPERANDIO, V., & Y. NGUYEN. 2012. Enterohemorrhagic *E. coli* (EHEC) pathogenesis. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology 2.

SPRATT, D. M., & G. R. SINGLETON. 1987. Experimental Embryonation and Survival of Eggs of Capillaria-Hepatica (Nematoda) Under Mouse Burrow Conditions in Cereal-Growing Soils. Australian Journal of Zoology 35:337–341.

STAYD. 2023. Monitoreo de la superficie de bosques nativo de la República Argentina. Regiones forestales Bosque Andino Patagónico, Espinal, Monte, Parque Chaqueño, Selva Paranaense y Yungas. Secretaría de Turismo, Ambiente y Deportes. Subsecretaría de Ambiente.

STONER, K. E. 1996. Prevalence and intensity of intestinal parasites in mantled howling monkeys (*Alouatta palliata*) in northeastern Costa Rica: implications for conservation biology. Conservation Biology 10:539–546.

STROMBERG, B. E. 1997. Environmental factors influencing transmission. Veterinary Parasitology 72:247–264.

STUART, M. 1993. A coprological survey of parasites of wild muriquis, *Brachyteles arachnoides*, and brown howling monkeys, *Alouatta fusca*. J Helminthol Soc Wash 60:111–115.

STUART, M. ET AL. 1998. Parasites of wild howlers (*Alouatta* spp.). International Journal of Primatology 19:493–512.

STUART, M. D., & K. B. STRIER. 1995. Primates and parasites: A case for a multidisciplinary approach. International Journal of Primatology 16:577–593.

SUÁREZ, M. E., L. CARVAJAL, C. CULASSO, & M. PAREDES. 2000. Resistencia de *Shigella* spp. a los antimicrobianos en Córdoba, Argentina, durante el período 1990–1997. Pan American Journal of Public Health 7:113–117.

SVOBODA, W. K. ET AL. 2014. Serological evidence for Saint Louis encephalitis virus in free-ranging New World monkeys and horses within the upper Paraná River basin region, Southern Brazil. Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical 47:280–286.

TAILLON, C., E. NADEAU, M. MOUREZ, & J. D. DUBREUIL. 2008. Heterogeneity of *Escherichia coli* STb enterotoxin isolated from diseased pigs. Journal of Medical Microbiology 57:887–890.

TAIRA, J. T., & P. IZAR. 2007. Consumo do palmito juçara (*Euterpe edulis* Mart.) por macacosprego (*Cebus nigritus*): estratégia de forrageamento ótimo ou requinte de um gourmet? Mestrado, Universidade de São Paulo, São Paulo.

TAIYUN, W., & S. VILIAM. 2017. R package "corrplot": Visualization of a Correlation Matrix. R package version 0.84.

TAKEUCHI, A., H. R. JERVIS, & S. B. FORMAL. 1975. Animal model of human disease. Bacillary dysentery, shigellosis, Shigella dysentery. Animal model: Monkey shigellosis or dysentery. The American Journal of Pathology 81:251–254.

TARR, P. I., C. A. GORDON, & W. L. CHANDLER. 2005. Shiga-toxin-producing *Escherichia coli* and haemolytic uraemic syndrome. The Lancet 365:1073–1086.

TEGNER, C., N. P. SUNIL-CHANDRA, W. R. P. L. I. WIJESOORIYA, B. V. PERERA, I. HANSSON, & Å. FAHLMAN. 2019. Detection, Identification, and Antimicrobial Susceptibility of *Campylobacter* spp. and *Salmonella* spp. from Free-ranging Nonhuman Primates in Sri Lanka. Journal of Wildlife Diseases 55:879–884.

TEUSCHER, E. 1965. A new single method of examining faeces for the diagnosis of helminth diseases of ruminants. Zentralblatt für Veterinärmedizin Reihe B 12:241–249.

THATCHER, V. E., & J. A. PORTER. 1968. Some Helminth Parasites of Panamanian Primates. Transactions of the American Microscopical Society 87:186.

THIELTGES, D. W., K. T. JENSEN, & R. POULIN. 2008. The role of biotic factors in the transmission of free-living endohelminth stages. Parasitology 135:407–426.

THIENPONT, D., F. ROCHETTE, & O. F. J. VANPARIJS. 1986. Diagnosing helminthiasis by coprological examination. Diagnosing helminthiasis by coprological examination.

THOMPSON, R. C. A. 2013. Parasite zoonoses and wildlife: One Health, spillover and human activity. International Journal for Parasitology 43:1079–1088.

THOMPSON, R. C. A. 2015. Neglected zoonotic helminths: *Hymenolepis nana*, *Echinococcus canadensis* and *Ancylostoma ceylanicum*. Clinical Microbiology and Infection 21:426–432.

THOMPSON, R. C. A., A. J. LYMBERY, & A. SMITH. 2010. Parasites, emerging disease and wildlife conservation. International Journal for Parasitology 40:1163–1170.

THOMSON, J. A., & J. J. SCHEFFLER. 1996. Hemorrhagic typhlocolitis associated with attaching and effacing *Escherichia coli* in common marmosets. Laboratory animal science 46:275–279.

TIDDI, B., R. PFOH, & I. AGOSTINI. 2019. The impact of food provisioning on parasite infection in wild black capuchin monkeys: a network approach. Primates 60:297–306.

TIMI, J. T., & R. POULIN. 2020. Why ignoring parasites in fish ecology is a mistake. International Journal for Parasitology 50:755–761.

TOKUDA, M. 2013. Dispersão e estrutura social de macacos-prego (*Sapajus nigritus*) do Parque Estadual Carlos Botelho, São Paulo. Doutorado em Psicologia Experimental, Universidade de São Paulo, São Paulo.

TOMPKINS, D. M., A. M. DUNN, M. J. SMITH, & S. TELFER. 2011. Wildlife diseases: from individuals to ecosystems. Journal of Animal Ecology 80:19–38.

TRAVASSOS, L. 1922. Contribuição para o conhecimento da fauna helmintologica brasileira. XVI. *Cruzia tentaculata* (Rud. 1819). 14:88–94.

TRAVASSOS, L. 1941. Relatório da quinta excursão do Instituto Oswaldo Cruz, realizada à zona da Estrada de Ferro Noroeste do Brasil, em Janeiro de 1941. Memórias do Instituto Oswaldo Cruz 36:263–300.

TRAVASSOS, L., J. F. TEIXEIRA DE FREITAS, & A. KOHN. 1969. [Trematoda of Brazil]. Memorias Do Instituto Oswaldo Cruz 67:1–886.

TREJO-MACÍAS, G., A. ESTRADA, & M. Á. MOSQUEDA CABRERA. 2007. Survey of Helminth Parasites in Populations of *Alouatta palliata* mexicana and *A. pigra* in Continuous and in Fragmented Habitat in Southern Mexico. International Journal of Primatology 28:931–945.

TUJAGUE, M. P. ET AL. 2019. Ficha de recategorización *Sapajus nigritus*. Categorización 2019 de los mamíferos de Argentina según su riesgo de extinción (SAyDS–SAREM, ed.). Lista Roja de los mamíferos de Argentina.

TUJAGUE, M. P., M. P. CASCO, M. KOWALEWSKI, & N. I. HILGERT. 2023. Tourist Knowledge of and Beliefs about Wild Capuchin Monkeys (Sapajus nigritus) at Iguazú National Park, Argentina. International Journal of Primatology.

VALDESPINO, C., G. RICO-HERNÁNDEZ, & S. MANDUJANO. 2010. Gastrointestinal parasites of Howler monkeys (*Alouatta palliata*) inhabiting the fragmented landscape of the Santa Marta mountain range, Veracruz, Mexico. American Journal of Primatology 72:539–548.

VANDERHOEVEN, E. 2020. Patógenos de importancia médico-veterinaria en herbívoros silvestres y domésticos del norte de Misiones. Tesis Doctoral, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba.

VANDERHOEVEN, E., J. NOTARNICOLA, & I. AGOSTINI. 2017. First Record of *Dipetalonema robini* Petit, Bain & Roussilhon 1985 (Nematoda: Onchocercidae) Parasitizing *Sapajus nigritus* in Northeastern. Mastozoología neotropical 24:483–488.

VÁSQUEZ-AGUILAR, A. A., F. O. TOLEDO-MANUEL, A. BARBACHANO-GUERRERO, & D. HERNÁNDEZ-RODRÍGUEZ. 2020. Detection of Antimicrobial Resistance Genes in *Escherichia coli* Isolated from Black Howler Monkeys (*Alouatta pigra*) and Domestic Animals in Fragmented Rain-Forest Areas in Tabasco, Mexico. Journal of Wildlife Diseases 56:922–927.

VÁZQUEZ, M. L. G. ET AL. 2017. Prevalencia de bacterias enteropatógenas en niños que asisten a un hospital pediátrico en Resistencia, Chaco, Argentina. Revista de la Facultad de Medicina 37:15–20.

VERONA, C., & A. PISSINATTI. 2014. Primates–Primatas do novo mundo (sagui, macaco-prego, macaco-aranha, bugio e muriqui). Tratado de animais selvagens 2:723–743.

VICENTE, J. J., H. DE O. RODRIGUES, D. C. GOMES, & R. M. PINTO. 1997. Nematóides do Brasil. Parte V: nematóides de mamíferos. Revista Brasileira de Zoologia 14:1–452.

VICENTE-SERRANO, S. M., S. BEGUERÍA, & J. I. LÓPEZ-MORENO. 2010. A Multiscalar Drought Index Sensitive to Global Warming: The Standardized Precipitation Evapotranspiration Index.

VIEIRA, M. V. ET AL. 2009. Land use vs. fragment size and isolation as determinants of small mammal composition and richness in Atlantic Forest remnants. Biological Conservation 142:1191–1200.

VILANOVA, R., J. DE S. E S. JR, C. E. V. GRELLE, G. MARROIG, & R. CERQUEIRA. 2005. Limites Climáticos e Vegetacionais das Distribuições de *Cebus nigritus* e *Cebus robustus* (Cebinae, Platyrrhini). Neotropical Primates 13:14–19.

VILARDO, M. DE C. B., J. D. DA S. THOMÉ, W. T. C. ESTEVES, A. L. L. FILGUEIRAS, & S. S. DE OLIVEIRA. 2006. Application of biochemical and polymerase chain reaction assays for identification of *Campylobacter* isolates from non-human primates. Memórias do Instituto Oswaldo Cruz 101:499–501.

VOLTARELLI, E. M., S. ARRAES, PERLES, M. V. C. LONARDONI, U. TEODORO, & T. G. V. SILVEIRA. 2009. Serological survey for *Leishmania* sp. infection in wild animals from the municipality of Maringá, Paraná state, Brazil. Journal of Venomous Animals and Toxins including Tropical Diseases 15:732–744.

WAGA, I. C., A. K. DACIER, P. S. PINHA, & M. C. H. TAVARES. 2006. Spontaneous Tool Use by Wild Capuchin Monkeys (*Cebus libidinosus*) in the Cerrado.

WAGNER, P. L., J. LIVNY, M. N. NEELY, D. W. K. ACHESON, D. I. FRIEDMAN, & M. K. WALDOR. 2002. Bacteriophage control of Shiga toxin 1 production and release by *Escherichia coli*. Molecular Microbiology 44:957–970.

WALLIS, J., & D. RICK LEE. 1999. Primate Conservation: The Prevention of Disease Transmission. International Journal of Primatology 20:803–826.

WANG, G., T. ZHAO, & M. P. DOYLE. 1996. Fate of enterohemorrhagic Escherichia coli O157:H7 in bovine feces. Applied and Environmental Microbiology 62:2567–2570.

WANG, P., E. ASARE, V. E. PITZER, R. DUBROW, & K. CHEN. 2022. Associations between long-term drought and diarrhea among children under five in low- and middle-income countries. Nature Communications 13:3661.

WATERS, S. ET AL. 2023. Dogs, Primates, and People: A Review. Primates in Anthropogenic Landscapes: Exploring Primate Behavioural Flexibility Across Human Contexts:61–81.

WATT, J., & T. DECAPITO. 1950. The frequency and distribution of salmonella types isolated from man and animals in Hidalgo County, Texas. American Journal of Hygiene 51:343–352.

WEHNCKE, E. V., & M. S. DI BITETTI. 2013. *Cebus nigritus* impact the seedling assemblage below their main sleeping sites. Studies on Neotropical Fauna and Environment 48:142–146.

WEHNCKE, E. V., & C. A. DOMÍNGUEZ. 2007. Seed dispersal ecology of non-restricted frugivores, capuchin monkeys in three neotropical forests. Journal of Tropical Ecology 23:519–528.

WEHNCKE, E. V., S. P. HUBBELL, R. B. FOSTER, & J. W. DALLING. 2003. Seed dispersal patterns produced by white-faced monkeys: implications for the dispersal limitation of neotropical tree species. Journal of Ecology 91:677–685.

WEIS, A. M. ET AL. 2016. Genomic Comparison of Campylobacter spp. and Their Potential for Zoonotic Transmission between Birds, Primates, and Livestock. Applied and Environmental Microbiology 82:7165–7175.

WELINDER-OLSSON, C., & B. KAIJSER. 2005. Enterohemorrhagic *Escherichia coli* (EHEC). Scandinavian Journal of Infectious Diseases 37:405–416.

WENZ-MÜCKE, A., P. SITHITHAWORN, T. N. PETNEY, & H. TARASCHEWSKI. 2013. Human contact influences the foraging behaviour and parasite community in long-tailed macaques. Parasitology 140:709–718.

WERNER, C. S., & C. L. NUNN. 2020. Effect of urban habitat use on parasitism in mammals: a meta-analysis. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences 287:20200397.

WHITEHEAD, M. L., & V. ROBERTS. 2014. Backyard poultry: legislation, zoonoses and disease prevention. Journal of Small Animal Practice 55:487–496.

WICKHAM, H. 2016. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. 2nd ed. 2016. Springer International Publishing : Imprint: Springer, Cham.

WICKHAM, H. ET AL. 2023. readxl: Read Excel Files. <https://cran.r-project.org/web/packages/readxl/index.html> (3 May 2024).

WICKHAM, H., J. HESTER, W. CHANG, J. BRYAN, & RSTUDIO. 2022. devtools: Tools to Make Developing R Packages Easier. <https://cran.r-project.org/web/packages/devtools/index.html> (3 May 2024).

WICKHAM, H., D. VAUGHAN, & M. GIRLICH. 2024. tidyr: Tidy Messy Data.

WIEBE, V. J. 2015. Chapter 117: Shigellosis. Drug Therapy for Infectious Diseases of the Dog and Cat. John Wiley & Sons.

WILLIAMSON, E. A., & A. T. C. FEISTNER. 2011. Habituating primates: processes, techniques, variables and ethics. Pp. 33–50 in Field and Laboratory Methods in Primatology: A Practical Guide (D. J. Curtis & J. M. Setchell, eds.). 2nd edition. Cambridge University Press, Cambridge.

WILLIAMSON, R. E. ET AL. 2021. Sharing spaces: niche differentiation in diet and substrate use among wild capuchin monkeys. Animal Behaviour 179:317–338.

WILSON, R. ET AL. 2002. Heterogeneities in macroparasite infections: patterns and processes.

WINDSOR, D. A. 1998. Most of the species on Earth are parasites. International Journal for Parasitology 28:1939–1941.

WOLFE, N. D., C. P. DUNAVAN, & J. DIAMOND. 2007. Origins of major human infectious diseases. Nature 447:279–283.

WOLFE, N. D., A. A. ESCALANTE, W. B. KARESH, A. KILBOURN, A. SPIELMAN, & A. A. LAL. 1998. Wild primate populations in emerging infectious disease research: the missing link? Emerging Infectious Diseases 4:149–158.

WOLFF, A. H., N. D. HENDERSON, & G. L. MCCALLUM. 1948. *Salmonella* from Dogs and the Possible Relationship to Salmonellosis in Man. American Journal of Public Health and the Nations Health 38:403–408.

WOODFORD, M. H., T. M. BUTYNSKI, & W. B. KARESH. 2002. Habituating the great apes: the disease risks. Oryx 36:153–160.

WOODWARD, D. L., & F. G. RODGERS. 2000. Surveillance of antimicrobial resistance in *Salmonella, Shigella* and *Vibrio cholerae* in Latin America and the Caribbean: A collaborative project. The Canadian Journal of Infectious Diseases 11:181–186.

WRIGHT, P. ET AL. 2009. Habitat disturbance and seasonal fluctuations of lemur parasites in the rain forest of Ranomafana National Park, Madagascar. CAMBRIDGE STUDIES IN BIOLOGICAL AND EVOLUTIONARY ANTHROPOLOGY 1:311–330.

YAN, W. ET AL. 2018. First molecular identification of *Buxtonella* ciliates from captive-bred mangabeys (*Cercocebus torquatus*) from China. Parasitology Research 117:3753–3759.

YOUNG, J. K., K. A. OLSON, R. P. READING, S. AMGALANBAATAR, & J. BERGER. 2011. Is Wildlife Going to the Dogs? Impacts of Feral and Free-roaming Dogs on Wildlife Populations. BioScience 61:125–132.

ZAJAC, A. M., G. A. CONBOY, S. E. LITTLE, & M. V. REICHARD. 2021. Veterinary Clinical Parasitology. John Wiley & Sons.

ZANG, X. ET AL. 2023. Evidence of potential *Campylobacter jejuni* zooanthroponosis in captive macaque populations. Microbial Genomics 9:001121.

ZANIOLO, M. M. ET AL. 2018. Identification of enterobacteria in free-living nonhuman primates in an urban park in the northern Region of the State of Paraná, Brazil. Semina: Ciências Agrárias 39:1115–1124.

ZBOROMYRSKA, Y., & J. VILA. 2016. Advanced PCR-based molecular diagnosis of gastrointestinal infections: challenges and opportunities. Expert Review of Molecular Diagnostics 16:631–640.

ZHENG, Y. ET AL. 2018. Bacterial diversity in the feces of dogs with CPV infection. Microbial Pathogenesis 121:70–76.

ZINSSTAG, J., E. SCHELLING, D. WALTNER-TOEWS, & M. TANNER. 2011. From "one medicine" to "one health" and systemic approaches to health and well-being. Preventive Veterinary Medicine 101:148–156.

ZOHDY, S., M. K. GROSSMAN, I. R. FRIED, F. T. RASAMBAINARIVO, P. C. WRIGHT, & T. R. GILLESPIE. 2015. Diversity and Prevalence of Diarrhea-Associated Viruses in the Lemur Community and Associated Human Population of Ranomafana National Park, Madagascar. International Journal of Primatology 36:143–153.

ZONTA, M. L., A. SERVIÁN, G. PANISSE, E. E. OYHENART, & G. T. NAVONE. 2022. Nutritional status, intestinal parasitic infections, and socio-environmental conditions in Mbyá-guaraní children: The current situation in communities in central Misiones, Argentina. American Journal of Human Biology 34:e23749.

ZUK, M., & K. A. MCKEAN. 1996. Sex differences in parasite infections: Patterns and processes. International Journal for Parasitology 26:1009–1024.

ZULETA, G. ET AL. 2015. Evaluaciones ambientales estratégicas y programa de monitoreo de la biodiversidad en las regiones de Mesopotamia y Delta del Paraná. Informe Final 406.

ZÚÑIGA ROSALES, M. N. 2017. Cargas de parásitos intestinales en monos maiceros (*Sapajus apella*) que habitan en los bosques de la Reserva Natural Tomo Grande, Vichada-Colombia.

ZUUR, A. F., E. IENO, N. WALKER, A. SAVELIEV, & G. SMITH (EDS.). 2009. Mixed effects models and extensions in ecology with R. Springer, New York, NY.

Anexos

Anexo I. Antecedentes parasitológicos en monos capuchinos pertenecientes a los géneros *Cebus* y *Sapajus* en poblaciones silvestres y cautiverio

Parásitos		**Hospedador**	**Silvestre/ Cautiverio**	**Prevalencia**	**Región**	**Referencias**
Bacterias						
	Leptospira spp.	*Sapajus nigritus*	Silvestre	78% (39/50)	Brasil	(Girio et al. 2021)
	Mycobacterium tuberculosis var. *tuberculosis*	*Sapajus nigritus*	Cautiverio		Brasil	(Ehlers et al. 2022)
	Mycoplasma spp.	*Sapajus* sp.	Silvestre	45% (29/65)	Brasil	(Bonato et al. 2015)
	Pseudomonas spp.	*Cebus apella*	Silvestre	100% (2/2)	Brasil	(Menezes Teodoro et al. 2019)
Virus						
	Bocaparvovirus	*Cebus imitator*	Silvestre	6% (7/112)	El Salvador	(Chaves et al. 2020a)
	Encefalitis de San Luis	*Sapajus cay*	Silvestre	31% (8/26)	Brasil	(Svoboda et al. 2014)
		Sapajus nigritus	Silvestre	12,5% (8/64)	Brasil	(Svoboda et al. 2014)
	Erythroparvovirus	*Cebus imitator*	Silvestre	0,9% (1/112)	El Salvador	(Chaves et al. 2020a)
	Hepatitis A	*Sapajus* spp.	Silvestre	6.7% (5/75)	Brasil	(Svoboda et al. 2014)
	Ortopoxvirus	*Cebus apella*	Silvestre	25% (68/269)	Brasil	(Abrahão et al. 2010)
	Papillomavirus	*Sapajus* sp.	Cautiverio	14% (1/7)	Argentina	(Sanchez-Fernandez et al. 2022)
	Rabia	*Cebus apella*	Silvestre	100% (1/1)	Brasil	(Kobayashi et al. 2013)
		Sapajus nigritus	Silvestre	11% (4/36)	Brasil	(Machado et al. 2012)
	Spumaretrovirus	*Cebus albifrons*	Cautiverio	43% (3/7)	Perú	(Ghersi et al. 2015)
		Cebus apella	Cautiverio	91% (29/32)	Perú	(Ghersi et al. 2015)
	Tetraparvovirus	*Cebus imitator*	Silvestre	11% (13/112)	El Salvador	(Chaves et al. 2020)
	Zika	*Sapajus libidinosus*	Silvestre	5% (3/60)	Brasil	(Favoretto et al. 2019)
Protozoos	*Balantidium coli*	*Sapajus nigritus*	Cautiverio	100% (1/1)	Brasil	(da Silva et al. 2023)
	Blastocystis sp.	*Sapajus apella*	Silvestre	10% (1/10)	Perú	(Phillips et al. 2004)
	Chilomastix sp.	*Cebus albifrons*	Silvestre	9% (1/11)	Perú	(Phillips et al. 2004)
	Cryptosporidium sp.	*Sapajus apella*	Silvestre	25% (2/8)	Brasil	(Silva et al. 2008)
	Endolimax sp.	*Cebus albifrons*	Silvestre	18% (2/11)	Perú	(Phillips et al. 2004)
		Sapajus apella	Silvestre	10% (1/10)	Perú	(Phillips et al. 2004)

Entamoeba sp.	*Cebus albifrons*	Cautiverio	9% (1/11)	Ecuador	(Martin-Solano et al. 2017)
	Sapajus apella	Silvestre	20% (2/10)	Perú	(Phillips et al. 2004)
Giardia intestinalis	*Cebus capucinus*	Silvestre	6% (16/272)	Costa Rica	(Parr et al. 2013b)
Giardia sp.	*Sapajus apella*	Cautiverio	50% (4/8)	Brasil	(Silva et al. 2008)
Isospora cebi	*Cebus albifrons*	Silvestre	25% (1/4)	Colombia	(Duszynski et al. 1999)
Leishmania sp.	*Cebus nigrifrons*	Cautiverio	33% (1/3)	Brasil	(Malta et al. 2010)
	Sapajus apella	Silvestre	8% (1/12)	Brasil	(Cândido et al. 2021)
		Silvestre	100% (4/4)	Brasil	(Voltarelli et al. 2009)
	Sapajus cay	Silvestre	56% (5/9)	Brasil	(Porfirio et al. 2018)
	Sapajus flavius	Silvestre	16% (8/48)	Brasil	(Bueno et al. 2017)
	Sapajus nigritus	Silvestre	53.33% (8/15)	Brasil	(Lopes et al. 2022)
	Sapajus xanthosternos	Cautiverio	60% (3/5)	Brasil	(Malta et al. 2010)
Plasmodium brasilianum	*Cebus albifrons*	Silvestre	20% (1/5)	Colombia	(Dunn & Lambrecht 1963)
	Sapajus apella	Silvestre	4% (1/23)	Colombia	(Dunn & Lambrecht 1963)
	Sapajus flavius	Silvestre	4% (1/24)	Brasil	(Bueno et al. 2017)
	Sapajus robustus	Cautiverio	NA	Brasil	(de Alvarenga et al. 2015)
	Sapajus sciureus	Silvestre	17% (4/24)	Colombia	(Dunn & Lambrecht 1963)
		Silvestre	24% (12/50)	Perú	(Dunn & Lambrecht 1963)
	Sapajus xanthosternos	Cautiverio	NA	Brasil	(de Alvarenga et al. 2015)
Plasmodium simum	*Cebus* sp.	Cautiverio	NA	Brasil	(de Alvarenga et al. 2015)
Plasmodium simum	*Sapajus robustus*	Cautiverio	NA	Brasil	(de Alvarenga et al. 2015)
	Sapajus xanthosternos	Cautiverio	NA	Brasil	(de Alvarenga et al. 2015)
Plasmodium sp.	*Sapajus apella*	Silvestre	9% (1/11)	Brasil	(Araújo et al. 2013)
Plasmodium spp.	*Cebus imitator*	Silvestre	7,5% (10/132)	Costa Rica	(Chaves et al. 2020)
	Cebus versicolor	Silvestre	8,3% (2/24)	Colombia	(Rondón et al. 2019)
	Sapajus apella	Cautiverio	22% (4/18)	Brasil	(Figueiredo et al. 2015)
	Sapajus sp.	Silvestre	4% (1/24)	Brasil	(Bueno et al. 2017)
Tetratrichomonas sp.	*Sapajus apella*	Cautiverio	50% (1/2)	Brasil	(Dos Santos et al. 2017)
Toxoplasma gondii	*Cebus imitator*	Silvestre	30% (11/37)	Brasil	(Niehaus et al. 2020)
		Cautiverio	67% (2/3)	Brasil	(Niehaus et al. 2020)
		Silvestre	30% (11/37)	Costa Rica	(Niehaus et al. 2020)
	Cebus sp.	Cautiverio	52% (11/21)	Brasil	(Pires et al. 2012)
		Cautiverio	52% (11/21)	Brasil	(Pires et al. 2012)
	Sapajus flavius	Silvestre	12% (6/48)	Brasil	(Bueno et al. 2017)

		Sapajus nigritus	Silvestre	8,33% (3/36)	Brasil	(Silva et al. 2013)
			Silvestre	8,33% (3/36)	Brasil	(Silva et al. 2013)
		Sapajus sp.	Silvestre	18% (4/22)	Brasil	(Grumann et al. 2017)
	Trypanosoma minasense	*Cebus albifrons*	NA	NA	Colombia	(Dunn et al. 1963)
		Cebus capucinus	NA	5%	Panamá	(Sousa et al. 1974)
		Cebus olivaceus	NA	NA	Colombia	(Dunn et al. 1963)
		Sapajus apella	NA	NA	Colombia	(Dunn et al. 1963)
	Trypanosoma rangeli	*Cebus albifrons*	NA	NA	Guayana Francesa	(Dunn et al. 1963)
		Cebus capucinus	NA	5%	Panamá	(Sousa et al. 1974)
	Typanosoma cruzi	*Cebus capucinus*	Silvestre	5%	Panamá	(Sousa et al. 1974)
		Sapajus flavius	Silvestre	16% (8/48)	Brasil	(Bueno et al. 2017)
Animalia						
Nematoda						
	Ancylostoma sp.	*Sapajus libidinosus*	Cautiverio	45% (10/22)	Brasil	(Alcântara et al. 2016)
	Ancylostomidae gen. sp.	*Cebus versicolor*	Silvestre	14% (2/14)	Colombia	(Rondón et al. 2017)
	Ascarididae gen. Sp.	*Cebus versicolor*	Silvestre	36% (5/14)	Colombia	(Rondón et al. 2017)
	Ascaris sp.	*Sapajus apella*	Silvestre	10% (1/10)	Perú	(Phillips et al. 2004)
		Sapajus nigritus	Silvestre	3% (1/35)*	Argentina	(Agostini et al. 2018)
	Capillaria sp.	*Cebus albifrons*	Silvestre	13% (3/15)	Ecuador	(Martin-Solano et al. 2017)
	Dipetalonema caudispina	*Cebus capucinus*	NA	NA	Brasil	(Corrêa et al. 2016)
		Sapajus apella	NA	NA	Brasil	(Molin 1858)
	Dipetalonema gracile	*Cebus capucinus*	Silvestre	16% (3/19)	Panamá	(Thatcher & Porter 1968)
			NA	NA	Brasil	(Vicente et al. 1997)
			NA	NA	Panamá	(Sousa et al. 1974)
		Sapajus apella	NA	NA	Brasil	(Corrêa et al. 2016)
		Sapajus cay	NA	NA	Brasil	(Corrêa et al. 2016)
		Sapajus libidinosus	NA	NA	Brasil	(Vicente et al. 1997)
	Dipetalonema robini	*Sapajus nigritus*	Silvestre	100% (1/1)	Argentina	(Vanderhoeven et al. 2017)
	Enterobius vermicularis	*Cebus albifrons*	Cautiverio	18% (3/17)	Colombia	(Echeverri De la Hoz et al. 2020)
	Filariopsis barretoi	*Cebus capucinus*	Silvestre	84% (229/272)	Costa Rica	(Parr et al. 2013b)
			Cautiverio	100% (17/17)	Honduras	(Lee et al. 1996)
	Filariopsis	*Sapajus*	NA	NA	Brasil	(Travassos 1941)

libidinosus	*libidinosus*				
Filariopsis sp.	*Sapajus libidinosus*	NA	NA	Brasil	(Travassos 1941)
	Sapajus nigritus	Silvestre	31% (11/35)*	Argentina	(Agostini et al. 2018)
Molineus sp.	*Sapajus libidinosus*	NA	NA	Brasil	(Corrêa et al. 2016)
Molineus torulosus	*Cebus capucinus*	NA	NA	Brasil	(Vicente et al. 1997)
	Cebus olivaceus	Silvestre	100% (1/1)	Guayana Francesa	(Durette-Desset et al. 2001)
	Sapajus apella	Cautiverio	100% (2/2)	Brasil	(Vicente et al. 1997; Miguel et al. 2013)
		Silvestre	80% (4/5)	Guayana Francesa	(Durette-Desset et al. 2001)
		Cautiverio	100% (5/5)	Brasil	(Bacalhao et al. 2016)
	Sapajus flavius	Cautiverio	100% (4/4)	Brasil	(Bacalhao et al. 2016)
	Sapajus libidinosus	Cautiverio	100% (2/2)	Brasil	(Bacalhao et al. 2016)
		NA	NA	Brasil	(Vicente et al. 1997)
Physaloptera sp.	*Sapajus libidinosus*	NA	NA	Brasil	(Travassos 1941)
	Sapajus nigritus	Silvestre	28,6% (2/7)	Brasil	(Pereira et al. 2020)
Physalopteridae	*Sapajus nigritus*	Silvestre	3% (1/35)*	Argentina	(Agostini et al. 2018)
Protospirura muricola	*Cebus capucinus*	Silvestre	5% (1/19)	Panamá	(Thatcher & Porter 1968)
Spirurida	*Cebus capucinus*	Silvestre	6% (16/272)	Costa Rica	(Parr et al. 2013b)
Strongylidae gen.sp.	*Cebus albifrons*	Silvestre	60% (9/15)	Ecuador	(Martin-Solano et al. 2017)
	Cebus capucinus	Silvestre	2,4% (7/272)	Costa Rica	(Parr et al. 2013b)
Strongyloides sp.	*Cebus albifrons*	Silvestre	18% (2/11)	Perú	(Phillips et al. 2004)
		Silvestre	83% (114/15)	Ecuador	(Martin-Solano et al. 2017)
	Cebus capucinus	Silvestre	76% (207/272)	Costa Rica	(Parr et al. 2013b)
		Silvestre	44% (33/75)	Costa Rica	(Chinchilla et al. 2010)
	Sapajus apella	Silvestre	10% (1/10)	Perú	(Phillips et al. 2004)
	Sapajus libidinosus	Cautiverio	23% (05/22)	Brasil	(Alcântara et al. 2016)
	Sapajus nigritus	Silvestre	11% (4/35)*	Argentina	(Agostini et al. 2018)
Strongyloididae gen.sp.	*Cebus versicolor*	Silvestre	50% (7/14)	Colombia	(Rondón et al. 2017)
Subulura sp.	*Sapajus apella*	NA	NA	Brasil	(Vicente et al. 1997)
	Sapajus libidinosus	NA	NA	Brasil	(Vicente et al. 1997)

	Subuluridae	*Cebus capucinus*	Silvestre	13% (36/272)	Costa Rica	(Parr et al. 2013b)
		Sapajus nigritus	Silvestre	3% (1/35)*	Argentina	(Agostini et al. 2018)
	Trichuris sp.	*Sapajus nigritus*	Silvestre	3% (1/35)*	Argentina	(Agostini et al. 2018)
	Trypanoxyutis clementinae	*Cebus albifrons*	NA	100% (1/1)	Colombia	(Hugot & Hugot 1985)
		Sapajus apella	NA	100% (1/1)	Brasil	(Hugot & Hugot 1985)
	Viannella dubia	*Sapajus libidinosus*	NA	NA	Brasil	(Corrêa et al. 2016)
Cestoda						
	"Cestode"	*Cebus capucinus*	Silvestre	1,2% (3/272)	Costa Rica	(Parr et al. 2013b)
	Mathevotaenia megastoma	*Sapajus apella*	NA	NA	Brasil	(Corrêa et al. 2016)
	Mathevotaenia megastoma	*Sapajus nigritus*	NA	NA	Brasil	(Travassos 1965)
	Hymenolepididae	*Sapajus nigritus*	Silvestre	40% (14/35)*	Argentina	(Agostini et al. 2018)
	Hymenolepis sp.	*Cebus albifrons*	Silvestre	66% (10/15)	Ecuador	(Martin-Solano et al. 2017)
	Moniezia rugosa	*Cebus capucinus*	NA	NA	Brasil	(Travassos et al. 1969)
Trematoda						
	"Trematoda"	*Sapajus nigritus*	Silvestre	3% (1/35)*	Argentina	(Agostini et al. 2018)
	Platynosomum sp.	*Sapajus nigritus*	Silvestre	14,3% (1/7)	Brasil	(Pereira et al. 2020)
	Athesmia heterolecithoides	*Sapajus apella*	NA	NA	Brasil	(Travassos et al. 1969)
		Cebus capucinus	Silvestre	11% (2/19)	Brasil	(Thatcher & Porter 1968)
Acanthocephala						
	Acanthocephalus fam. Gen. Sp.	*Cebus capucinus*		19% (14/75)	Costa Rica	(Chinchilla et al. 2010)
	Oncicola spirula	*Sapajus apella*	NA	NA	Brasil	(Corrêa et al. 2016b)
	Prosthenorchis elegans	*Cebus albifrons*	Cautiverio	28% (3/11)	Ecuador	(Martin-Solano et al. 2017)
	Prosthenorchis sp.	*Cebus capucinus*	Silvestre	2,4% (7/272)	Costa Rica	(Parr et al. 2013b)
	Prosthenorchis sp.	*Sapajus nigritus*	Silvestre	14,3% (1/7)	Brasil	(Pereira et al. 2020)
	Acanthocephala	*Cebus capucinus*	Silvestre	20% (15/75)	Costa Rica	(Chinchilla et al. 2010)
		Cebus versicolor	Silvestre	14% (2/14)	Colombia	(Rondón et al. 2017)

Anexo II. Preguntas realizadas durante las entrevistas semiestructuradas realizadas a pobladores.

CONSENTIMIENTO PREVIO, LIBE E INFORMADO: ¿Está usted de acuerdo con participar del proyecto realizando una encuesta y/o permitiendo la recolección de materia fecal de su ganado y/o perro/s? Estoy de acuerdo en que realicen la entrevista y la recolección de muestras / Estoy de acuerdo en que realicen sólo la entrevista, pero no deseo que recolecten materia fecal de mis animales domésticos / Estoy de acuerdo en que sólo recolecten materia fecal de mis animales domésticos, pero no deseo realizar la entrevista / No deseo participar del proyecto

1. **Sitio**
2. **Casa ID**
3. **Fecha**
4. **Coordenadas geográficas**
5. **Cantidad de habitantes en el hogar**
6. **Superficie total de su terreno**
7. **¿Tiene monte nativo en su terreno?** Sí / No
8. **¿De dónde proviene el agua que beben las personas que viven en el lugar?** Naciente / Arroyo / Perforación / Cosecha de agua de lluvia / Otra fuente
9. **¿Sus tierras se inundan?** Sí / No / No responde
10. **¿Suele ver monos caí en su terreno?** Sí / No / No responde
11. **En una escala del 1 al 10, ¿con qué frecuencia suele verlos?** (10 diariamente, 1 los vio una única vez o hace mucho tiempo).
12. **¿Intentan ahuyentarlos para que abandonen su terreno?** Sí / No / No responde
13. **¿Suelen ver otros animales silvestres en su terreno?** Sí / No / No sé / No responde
14. **¿Cuándo fue la última vez?**
15. **¿Qué opina de ellos?**
16. **¿Tiene perros?** Sí / No
17. **¿Cuántos?**
18. **Sobre el origen de estos, vienen de:** Cría propia / Cría de un vecino / Compra / Otra
19. **Acerca del destino de los perros:** Mascota /Compañía / Guardia / Caza / Trabajo con ganado / Otra
20. **Sus perros beben agua de:** Naciente / Arroyo / Perforación / Cosecha de agua de lluvia / Otra fuente

21. **¿Les ha aplicado algún antiparasitario?** Interno / Externo / Ninguno / No sé / No responde
22. **¿Recuerda qué antiparasitario utilizó? ¿Cada cuánto tiempo?**
23. **¿Qué comen sus perros?** Alimento balanceado / Alimento preparado (cocina propia) / Alimento obtenido de caza / Alimento obtenido de faena
24. **¿Cómo acostumbra a tenerlos?** Libres / Atados / Encerrados (caniles o similares)
25. **¿Sus perros tienen contacto con los monos cuando ingresan a su terreno?** Sí / No / No s / No responde
26. **¿Sus perros sufren ataques de animales silvestres?** Sí / No / No sé / No responde
27. **¿Alguna vez sus perros atacaron un animal silvestre?** Sí / No / No sé / No responde
28. **En caso afirmativo, ¿a qué animal/es?**
29. **¿Tiene ganado?** Sí / No
30. **¿Cuántos?**
31. **Su ganado bebe agua de:** Naciente / Arroyo / Perforación / Cosecha de agua de lluvia / Otra fuente
32. **¿Les ha aplicado algún antiparasitario?** Interno / Externo / Ninguno / No sé / No responde
33. **¿Recuerda qué antiparasitario utilizó? ¿Cada cuánto tiempo?**
34. **¿Su ganado tiene contacto con los monos cuando ingresan a su terreno?** Sí / No / No sé / No responde
35. **¿Su ganado sufre ataques de animales silvestres?** Sí / No / No sé / No responde
36. **¿Tiene otros animales?** Sí / No / No sé / No responde
37. **¿Cuáles?**
38. **¿Sus otros animales tienen contacto con los monos cuando ingresan a su terreno?** Sí / No / No sé / No responde
39. **Comentarios de información no contemplada en las preguntas**

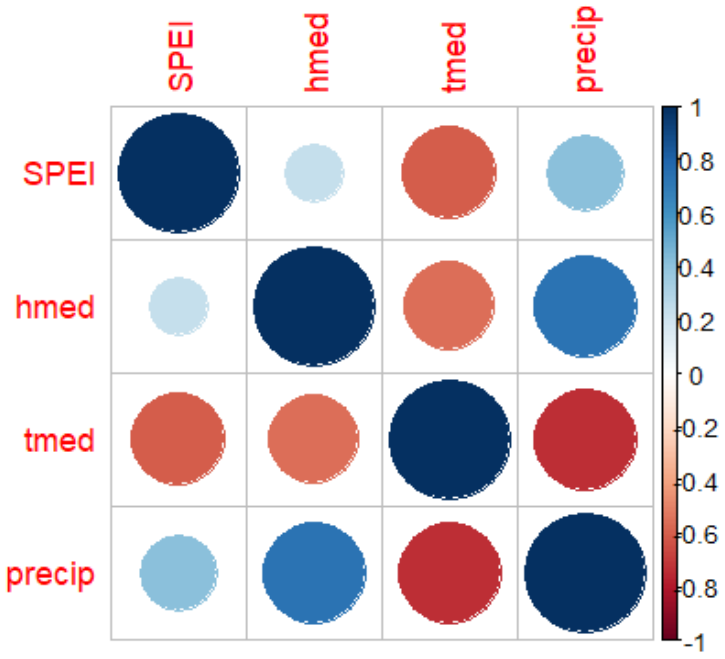
Anexo III. Descripción de grupos de monos caí (*Sapajus nigritus cucullatus*) en los seis sitios de muestreo. Se presenta el número de individuos incluyendo juveniles y el área ocupada.

Sitio	Grupo	N de Individuos	Área (ha)
PA	Celso	12-15	268.07
	Azcona	20-22	91.25
	Guayaki	16	379.70
	Aves	12-14	260.04
YL	Loco	8	251.52
	Cabañas	30-35	240.68
	Mango	36	148.02
RUA	Cedro	9-10	105.27
COR	Punga	12-16	394.02
	Folleto	20-23	206.90
PN	Lico	22-25	150.62
SA	Estricta	25-26	344.35
	Estricta2	11-15	355.17
	INTA	12-14	329.22
	Pueblo	5	211.24
	Colonia	15-17	116.26

Anexo IV. Selección de modelos por LRT (likelihood ratio test) para características del hospedador. En negrita los modelos significativos seleccionados. Max. Ver.= máxima verosimilitud, AIC= Criterio de información de Akaike del modelo. AICn= Criterio de información de Akaike del modelo nulo. FP= Frecuencia parasitaria. RP= Riqueza parasitaria.

Modelo		**Max. Ver.**	**Devianza**	**AIC**	**AICn**	**valor *p***
FP	Sexo*Edad	-33.30	66.70	76.68	72.13	0.69
	Sexo+Edad	-14.67	29.34	75.38	72.13	0.69
	Sexo	-17.83	35.66	74.13	72.13	0.94
	Edad	-14.95	29.90	73.38	72.13	0.39
RP	Sexo*Edad	-63.85	127.69	139.69	135.50	0.61
	Sexo+Edad	-64.20	128.39	138.39	135.50	0.57
	Sexo	-64.51	129.02	137.02	135.50	0.49
	Edad	-64.45	128.90	136.90	135.50	0.44
Hymenolepididae	Sexo*Edad	-21.07	42.15	52.15	51.91	0.12
	Sexo+Edad	-22.16	44.33	52.33	51.91	0.17
	Sexo	-23.92	47.84	53.84	51.91	0.79
	Edad	**-22.17**	**44.34**	**50.34**	**51.91**	**0.05**
Filariopsis sp.	Sexo*Edad	-14.67	29.34	39.34	39.94	0.09
	Sexo+Edad	-14.67	29.34	37.34	39.94	0.04
	Sexo	-17.83	35.66	41.66	39.94	0.60
	Edad	**-14.95**	**29.90**	**35.90**	**39.94**	**0.01**
Rabditoide	Sexo*Edad	-25.05	50.10	58.10	56.47	0.31
	Sexo+Edad	-25.05	50.10	58.10	56.47	0.17
	Sexo	-25.38	50.77	56.77	56.47	0.19
	Edad	-25.98	51.95	57.95	56.47	0.47
Strongyloides sp.	Sexo*Edad	-19.83	39.66	49.66	46.87	0.36
	Sexo+Edad	-20.21	40.42	48.42	46.87	0.29
	Sexo	-20.24	40.48	46.48	46.87	0.12
	Edad	-21.43	42.87	48.87	46.87	0.93
Coccidia	Sexo*Edad	-8.96	17.92	27.92	26.38	0.22
	Sexo+Edad	-9.45	18.91	26.91	26.38	0.18
	Sexo	-11.04	22.08	28.08	26.38	0.59
	Edad	25.12	-9.56	19.12	26.38	0.07

Anexo V. Prueba de Factores de Inflación de la Varianza (VIF).
Relación entre las variables ambientales a analizar. SPEI: Índice Estandarizado de precipitación y evapotranspiración. hmed: Humedad media. tmed: temperatura media. precip: Precipitación



Anexo VI. Selección de modelos por LRT (likelihood ratio test) para características del ambiente. En negrita los modelos significativos seleccionados. Max. Ver.= máxima verosimilitud, AIC= Criterio de información de Akaike del modelo. AICn= Criterio de información de Akaike del modelo nulo. FP= Frecuencia parasitaria. RP= Riqueza parasitaria.

Modelo		Max. Ver.	Devianza	AIC	AICn	valor p
FP	**Temporada + SPEI + tmed + hmed + precip**	**-83.12**	**166.25**	**186.25**	**186.68**	**0.04**
	Temporada + SPEI + hmed	-85.65	171.29	187.29	186.68	0.09
	Temporada + SPEI	**-85.69**	**171.38**	**185.38**	**186.68**	**0.05**
	Temporada + hmed	-87.37	174.74	188.74	186.68	0.20
	SPEI + hmed	-87.78	175.56	185.56	186.68	0.08
	Temporada	-83.12	166.25	186.25	186.68	0.12
	SPEI	**183.56**	**-87.78**	**175.56**	**186.68**	**0.02**
	hmed	-90.17	180.34	188.34	186.68	0.56
RP	Temporada + SPEI + hmed	-155.26	310.51	328.51	326.07	0.18
	Temporada + SPEI	-155.57	311.13	327.13	326.07	0.14
	Temporada + hmed	-156.42	312.84	328.84	326.07	0.26
	SPEI + hmed	-157.29	314.58	326.58	326.07	0.17
	Temporada	-156.95	313.89	327.89	326.07	0.24
	SPEI	**-157.31**	**314.62**	**324.62**	326.07	**0.04**
	hmed	327.39	-158.70	317.39	326.07	0.41
Filariopsis sp.	Temporada + SPEI + hmed	-39.66	79.32	95.32	90.73	0.37
	Temporada + SPEI	-40.66	81.32	95.32	90.73	0.49
	Temporada + hmed	-40.77	81.54	95.54	90.73	0.53
	SPEI + hmed	-40.15	80.30	90.30	90.73	0.11
	Temporada	-41.35	82.70	94.70	90.73	0.57
	SPEI	90.23	-41.11	82.23	90.73	0.11
	hmed	-42.09	84.17	92.17	90.73	0.46
Hymenolepididae	**Temporada + SPEI + hmed**	**-62.52**	**125.04**	**141.04**	**141.94**	**0.05**
	Temporada + SPEI	-65.99	131.99	145.99	141.94	0.41
	Temporada + hmed	-62.62	125.24	139.24	141.94	0.03
	SPEI + hmed	-65.56	131.12	141.12	141.94	0.09
	Temporada	-66.16	132.33	144.33	141.94	0.31
	SPEI	-67.93	135.86	143.86	141.94	0.77
	hmed	**-65.86**	**131.71**	**139.71**	**141.94**	**0.04**
Rabditoide	**Temporada + SPEI +**	**-49.95**	**99.91**	**115.91**	**125.72**	**0.001**

	hmed					
	Temporada + SPEI	-57.33	114.65	128.65	125.72	0.28
	Temporada + hmed	**-56.86**	**113.73**	**121.73**	**125.72**	**0.01**
	SPEI + hmed	-56.79	113.57	123.57	125.72	0.05
	Temporada	-58.18	116.36	128.36	125.72	0.34
	SPEI	-58.53	117.06	125.06	125.72	0.10
	hmed	**-50.43**	**100.86**	**114.86**	**125.72**	**0.001**
Strongyloides sp.	Temporada + SPEI + hmed	-54.72	109.45	125.45	124.43	0.11
	Temporada + SPEI	-56.20	112.41	126.41	124.43	0.20
	Temporada + hmed	-54.76	109.53	123.53	124.43	0.06
	SPEI + hmed	-56.56	113.13	123.13	124.43	0.07
	Temporada	-56.53	113.07	125.07	124.43	0.20
	SPEI	**-56.99**	**113.98**	**121.98**	**124.43**	**0.03**
	hmed	-58.08	116.17	124.17	124.43	0.13
Molineus sp.	Temporada + SPEI + hmed	-11.46	22.92	38.92	34.59	0.34
	Temporada + SPEI	-12.62	25.24	39.24	34.59	0.50
	Temporada + hmed	-12.30	24.60	38.60	34.59	0.41
	SPEI + hmed	-11.60	23.19	33.19	34.59	0.07
	Temporada	-13.10	26.21	38.21	34.59	0.50
	SPEI	-13.04	26.08	34.08	34.59	0.11
	hmed	-13.95	27.91	35.91	34.59	0.41
Subuluridae	Temporada + SPEI + hmed	-12.99	25.97	41.97	34.59	0.76
	Temporada + SPEI	-13.03	26.07	40.07	34.59	0.64
	Temporada + hmed	-13.00	26.00	40.00	34.59	0.63
	SPEI + hmed	-14.28	28.56	38.56	34.59	0.99
	Temporada	-13.04	26.09	38.09	34.59	0.47
	SPEI	-14.28	28.57	36.57	34.59	0.88
	hmed	-14.29	28.58	36.58	34.59	0.93
Entamoeba sp.	Temporada + SPEI + hmed	-14.22	30.21	49.45	46.50	0.51
	Temporada + SPEI	-14.22	31.48	45.57	46.50	0.06
	Temporada + hmed	-15.72	31.43	45.43	46.50	0.06
	SPEI + hmed	-18.88	37.76	47.76	46.50	0.25
	Temporada	-18.25	36.49	48.49	46.50	0.52
	SPEI	-18.88	37.76	45.76	46.50	0.10
	hmed	-20.01	40.01	48.01	46.50	0.48

Anexo VII. Selección de modelos por LRT (likelihood ratio test) para grados de fragmentación y antropización. En negrita los modelos significativos seleccionados. Max. Ver.= máxima verosimilitud, AIC= Criterio de información de Akaike del modelo. AICn= Criterio de información de Akaike del modelo nulo. FP= Frecuencia parasitaria. RP= Riqueza parasitaria.

Modelo		**Max. Ver.**	**Devianza**	**AIC**	**AICn**	**valor p**
FP	Fragmentación	-197.5977	395.1955	407.2	407.73	0.1559
RP	Fragmentación	**-412.85**	**825.7078**	**837.71**	**841.83**	**0.02**
Filariopsis sp.	Fragmentación	-107.27	214.55	224.55	221.48	0.4025
Hymenolepididae	Fragmentación	-123.5619	247.1237	257.12	258.05	0.07
Rabditoide	Fragmentación	-157.86	315.71	325.71	325.65	0.11
Strongyloides sp.	Fragmentación	-129.9496	259.8992	269.9	264.97	0.78
Molineus sp.	Fragmentación	-29.5638	59.1276	69.128	68.407	0.15
***Trichuris* sp.**	Fragmentación	**-50.0111**	**100.0222**	**110**	**111.2**	**0.04**
Capillaria sp.	Fragmentación	-28.8222	57.6443	67.644	65.858	0.24
Coccidia	Fragmentación	**-92.2327**	**184.4654**	**194.5**	**205.5**	**<0.01**
Ascaridida	Fragmentación	-29.9089	59.8178	69.818	68.453	0.20
Nem. Indet.	Fragmentación	-47.303	94.6061	104.61	105.17	0.07
Physaloptera sp.	Fragmentación	-30.6555	61.3109	71.311	70.063	0.19
Subuluridae	Fragmentación	-28.5297	57.0593	67.059	62.496	0.70
Entamoeba sp.	Fragmentación	-42.2758	84.5517	94.552	90.184	0.65

Anexo VIII. Parámetros de los modelos seleccionados y estadísticamente significativos.

CARACTERISTICAS DEL HOSPEDADOR

Hymenolepididae - Edad	**Estimado**	**Error est.**	**Valor Z**	**Valor p**
Adulto	-1.18	0.48	-2.45	0.01
Juvenil	-1.78	1.11	-1.60	0.11
***Filariopsis* sp. - Edad**				
Adulto	-1.88	0.83	-2.27	0.02
Juvenil	-19.29		0.00	1.00
CARACTERISTICAS AMBIENTALES				
FP - SPEI				
Intercepto	0.05	0.20	0.26	0.80
SPEI	0.37	0.17	2.22	0.03
RP - SPEI				
Intercepto	-0.16	0.15	-1.06	0.29
SPEI	0.22	0.13	1.68	0.09
Hymenolepididae - hmed				
Intercepto	2.68	1.99	1.35	0.18
hmed	-0.06	0.03	-1.99	0.05
Rabditoide - hmed				
Intercepto	-7.65	2.72	-2.81	0.005
hmed	0.08	0.04	2.27	0.02
***Strongyloides* sp. - SPEI**				
Intercepto	-1.54	0.52	-2.98	0.003
SPEI	0.54	0.26	2.10	0.04
GRADO DE FRAGMENTACIÓN Y ANTROPIZACIÓN				
RP - Clústeres				
Clúster 1	0.59	0.27	2.19	0.03
Clúster 2	-0.79	0.29	-2.70	0.01
Clúster 3	-0.19	0.38	-0.50	0.62
Clúster 4	-0.36	0.30	-1.22	0.22
***Trichuris* sp. - Clústeres**				
Clúster 1	-20.60	131.71	-0.16	0.88
Clúster 2	0.47	458.14	0.00	1.00
Clúster 3	16.26	131.71	0.12	0.90
Clúster 4	18.58	131.71	0.14	0.89
Coccidia - Clústeres				
Clúster 1	-0.51	0.52	-0.99	0.32
Clúster 2	-0.18	0.72	-0.25	0.80
Clúster 3	-3.39	0.78	-3.39	<0.01
Clúster 4	-0.77	0.57	-1.36	0.17