

Afinidades genômicas entre *Plasmodium simium* e uma amostra histórica de plasmódio do Vale do Sado, Portugal

Nathalia Rammé M. de Albuquerque^{1,2}, Winni A. Ladeia¹, Helena R. de Andrade³, Priscila T. Rodrigues^{1,4}, Thaís C. de Oliveira^{1,5}, Joana C. Silva^{2,6,7} e Marcelo U. Ferreira^{1,7}

¹Department of Parasitology, Institute of Biomedical Sciences, University of São Paulo, São Paulo, SP, Brazil; ²Department of Microbiology and Immunology, Institute for Genome Sciences, University of Maryland School of Medicine, Baltimore, MD, USA; ³Museu da Vida do Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal; ⁴Brazilian Center for Research in Energy and Materials, Campinas, SP, Brazil; ⁵Department of Translational Medicine, School of Medical Sciences, University of Campinas, Campinas, SP, Brazil; ⁶Department of Microbiology and Immunology, University of Maryland School of Medicine, Baltimore, MD, USA; ⁷Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Associate Laboratory in Translation and Innovation Towards Global Health (LA-REAL), Institute of Hygiene and Tropical Medicine, NOVA University of Lisbon, Lisbon, Portugal.

A América foi o último continente ocupado por humanos modernos há cerca de 15 mil anos. *Plasmodium vivax* teria chegado ao continente americano com os colonizadores portugueses e espanhóis, já que a malária vivax era endêmica no sul da Europa até meados século passado. Analisamos esfregaços sanguíneos corados com Giemsa preparados na década de 1950 de pacientes com malária do Vale do Sado, Portugal — região com transmissão autóctone até esse período. Treze lâminas de pacientes com infecções por *P. vivax* tiveram seu DNA extraído com o kit Qiagen QIAamp Investigator e passaram por diagnóstico por qPCR antes do sequenciamento genômico. Foram comparadas duas abordagens de enriquecimento de DNA do parasita: amplificação genômica seletiva (sWGA) e captura híbrida. Com sWGA, a amostra de melhor qualidade (Portugal 3) apresentou 11,7 milhões de leituras, profundidade média de 18,7x e 14.522 SNPs bialélicos (8.763 deles com profundidade $\geq 5x$). Análises de smartPCA, ADMIXTURE e estatística *f4* revelaram clara afinidade genética entre Portugal 3 e *Plasmodium simium* da Mata Atlântica do Brasil. Embora essa amostra não apresente os SNPs mitocondriais característicos de *P. simium*, observamos a deleção de 3.010 pares de bases no gene *PvRBP2a* característica desse parasita. Esses resultados sugerem que a amostra Portugal 3 represente uma forma intermediária entre *P. simium* e *P. vivax*, que teria existido na Europa antes de chegar ao Brasil, onde passou por mudanças até se tornar *P. simium*. Outra possibilidade é que Portugal 3 seja uma linhagem de *P. simium* sem os SNPs mitocondriais característicos introduzida na Europa a partir da Mata Atlântica.