RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

DIVERSIDADE GENÉTICA E FILOGENÉTICA DE BALANTIOIDES COLI (ALVEOLATA, CILIOPHORA): DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA E HOSPEDEIRO REFLETEM DIVERGÊNCIA EVOLUTIVA?

Victoria Batista Ferreira (bfvictoria33@gmail.com)

Tiago Da Silva Alves (alvestiago305@gmail.com)

Pedro Mendes De Souza (pedromsouza0@gmail.com)

Alynne Da Silva Barbosa (alynnebarbosa@id.uff.br)

Roberto Júnio Pedroso Dias (roberto.junio@ufjf.br)

A balantidiose é uma parasitose causada pelo protozoário ciliado Balantioides coli que infecta humanos e diversas outras espécies de mamíferos, havendo ainda registros em emas e avestruzes. Balantioides coli possui distribuição geográfica mundial, com maior prevalência em regiões tropicais e subtropicais, destacando-se países da América do Sul, América Central, e regiões da Europa e Ásia. Os suínos domésticos e primatas não humanos são considerados os principais reservatórios, sustentando o ciclo zoonótico da infecção. Apesar de sua ampla distribuição e diversidade de hospedeiros, a balantidiose é classificada como uma doença negligenciada. Visando ampliar o entendimento

sobre a diversidade genética e ocorrência desse parasito o presente estudo analisou a diversidade genética de B. coli disponível no banco de dados Genbank, investigando sequências das regiões ITS-1 e ITS-2. Um dataset com 593 sequencias foi montado alinhado e editado, utilizando os softwares MAFFT e Gblocks, respectivamente. Em seguida foi realizada uma análise filogenética utilizando o software IQ-TREE. Foram identificados 44 clados distintos, revelando uma diversidade entre linhagens, hospedeiros e localidades. Os resultados mostraram predominância de registros no Brasil, Espanha e China, enquanto países como Polônia, França, Bélgica, Holanda, Ruanda, Reino Unido e República do Congo apresentaram apenas uma linhagem, todas associadas a primatas não humanos. Esse padrão sugere subestimação da presença do parasita em algumas regiões, possivelmente explicada pela ausência de amostragem. A Grécia apresentou um caso ligado a avestruzes, refletindo práticas de criação semi-intensiva predisponente ao parasitismo. No Brasil, diversos grupos foram restritos a suínos e primatas não humanos, indicando um ambiente favorável à manutenção e transmissão do protozoário. As análises evolutivas revelaram que provavelmente a localidade (distribuição) e o hospedeiro não refletem divergência evolutiva em Balantioides coli. É provável que fatores ecológicos e ambientais, além da atividade humana, desempenhem papel mais relevante na dispersão das linhagens que hospedeiros e localidade geográfica. Os registros das linhagens de B. coli apresentou uma distribuição mundial heterogênea, sugerindo necessidade de ampliação da amostragem deste parasito em muitas regiões do planeta ainda pouco investigadas, incluindo amostras de outras espécies animais ainda não pesquisadas. Conclui-se que os hospedeiros parecem não exercer influência determinante na divergência evolutiva das linhagens, reforçando a capacidade adaptativa do protozoário. Esses achados ressaltam a complexidade das interações entre parasitos-hospedeiro-ambiente, bem como a necessidade do uso de mais marcadores moleculares e/ou genômicos para realização de um estudo populacional de Balantioides coli em nível mundial.

Palavras-chave: balantidoides coli; filogenia molecular; its; hospedeiros; distribuição.