

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR  
VETORES

**DA GRANJA DE SUÍNOS AO FRASCO: CULTIVO IN VITRO REMODELA A  
DIVERSIDADE DE BALANTIOIDES COLI E MICROBIOMAS ASSOCIADOS**

*Camila Souza Carvalho Class (camilaclass@id.uff.br)*

*Pedro Mendes De Souza (pedromsouza0@gmail.com)*

*Renan De Souza Ferreira (renandesouzaferreirarf@gmail.com)*

*Ingrid Da Silva Reis (Ingrid\_reis@id.uff.br)*

*Laís Lisboa Corrêa (laislisboa@id.uff.br)*

*Breno Torres Da Silva (brenotorres@id.uff.br)*

*Gabriella Ribeiro Vaz Da Costa (gabriellavaz@id.uff.br)*

*Fabiana Batalha Knackfuss (fbatalhaknackfuss@gmail.com)*

*Roberto Júnio Pedroso Dias (roberto.junio@ufff.br)*

*Alynnne Da Silva Barbosa (alynnedsb@gmail.com)*

Balantioides coli é um protozoário intestinal zoonótico amplamente distribuído na interface humano–animal, tendo os suínos como principais hospedeiros. Apesar de sua ampla ocorrência, ainda persistem lacunas quanto à sua

diversidade genética e às interações com as comunidades microbianas. Este estudo investigou a diversidade genética e filogenética de *B. coli* e o impacto do cultivo *in vitro* na estrutura dessas comunidades, combinando o sequenciamento Sanger e de Nova Geração (NGS) em isolados xênicos e nas fezes de origem desses isolados. Foram analisadas 39 amostras fecais de suínos coletadas entre 2023 e 2024 em 15 propriedades do Rio de Janeiro e Minas Gerais (CEUA/UFF nº 8394191222; Institutos Federais nº 03/2022 e 02/2023). As amostras foram submetidas à microscopia, cultivo xênico, sequenciamento Sanger (ITS1-5.8S-ITS2) e NGS das regiões 18S e 16S RNAr. No exame direto, observou-se maior frequência de trofozoítos (64,1%) em relação aos cistos (48,7%). O isolamento *in vitro* foi bem-sucedido, obtido a partir de fezes de suínos de todas as propriedades, com tempo de manutenção variando de 6 a 380 dias. A análise molecular (ITS) confirmou a presença de *B. coli* nos isolados e nas fezes, com predominância da variante B0. Para a maioria dos pares fezes–cultivo, as sequências agruparam-se no mesmo subclado, indicando baixa divergência genética entre essas matrizes. O metabarcoding revelou que a abundância e a diversidade genética de outros eucariotos não diferiram entre fezes e cultivos ( $p>0,05$ ), embora as fezes apresentassem maior riqueza taxonômica, com destaque para *Blastocystis* spp. e *Entamoeba* spp., incluindo *E. suis*, *E. polecki*, *E. moshkovskii* e *E. hartmanni*. Em contraste, os procariotos apresentaram diferenças significativas ( $p=0,05$ ), com maior diversidade nas fezes, dominadas por *Prevotella*, *Treponema* e *Succinivibrio*, enquanto os cultivos exibiram comunidades mais simplificadas, com predominância de *Bacteroides*, *Pseudomonas* e *Escherichia–Shigella*. A análise de redes de coocorrência indicou associações positivas entre *B. coli* e outros microrganismos, especialmente *Bacteroides*, *Prevotella*, *Streptococcus* e *Lactobacillus*, sugerindo uma relação ecológica estreita e potencialmente dependente para sua manutenção *in vitro*. Em conjunto, esses achados inéditos demonstraram que *B. coli* não atua de forma isolada, mas como parte de um sistema ecológico dinâmico, no qual o cultivo *in vitro* reconfigura seletivamente a microbiota associada, e esta pode estar diretamente relacionada ao sucesso do parasitismo deste agente. Dessa forma, esses achados ressaltam que a compreensão de *B. coli* exige uma abordagem ecológica, ampla e integrativa,

superando análises parasitológicas reducionistas que negligenciam a complexidade das interações biológicas.

Palavras-chave: microbiota intestinal; sequenciamento de nova geração; protozoários zoonóticos; diversidade genética.