

Genômica de *Mansonella ozzardi*: genoma mitocondrial fornece um novo recurso para epidemiologia de filariose

Túllio Romão Ribeiro da Silva¹; Lucyane Bastos Tavares da Silva¹; James Lee Crainey¹; Felipe Arley Costa Pessoa¹; Jansen Fernandes de Medeiros³; Ana Carolina Paulo Vicente²; Michel Francisco Abanto Marín²; Sérgio Luiz Bessa Luz¹.

¹Instituto Leônidas e Maria Deane/ILMD/FIOCRUZ – Rua Terezina, 476, Adrianópolis. CEP 69057-070. Manaus/AM, Brasil. E-mail: sergioluz@amazonia.fiocruz.br; ²Instituto Oswaldo Cruz/IOC/FIOCRUZ - Av. Brasil, 4365, Manguinhos. CEP: 21040-360. Rio de Janeiro/RJ, Brasil. ³FIOCRUZ Rondônia - Rua da Beira, 7671, Lagoa. CEP 76812-245. Porto Velho/RO, Brasil.

Relatórios recentes têm questionado a confiabilidade dos ensaios imunológicos que estão atualmente sendo utilizados por programas de controle e eliminação de oncocercose e filariose linfática. Como consequência disto, existe agora um interesse renovado em ferramentas de diagnóstico baseadas em DNA, não apenas para a detecção dos parasitas que causam filariose linfática e oncocercose, mas também para acompanhamento epidemiológico dos parasitos relacionados que poderiam estar interferindo o mapeamento epidemiológico destas doenças. *M. ozzardi* ocorre amplamente na América Latina, inclusive em várias regiões que são atualmente alvo para eliminação de oncocercose e filariose linfática, além disso é um parasito humano que causa infecções assintomáticas na maioria das vezes. Apesar da sua ampla distribuição, há pouquíssimas ferramentas moleculares disponíveis para seu mapeamento epidemiológico. Como parte de um estudo de genômica relatamos o primeiro genoma mitocondrial completo de *M. ozzardi*. Nosso mitogenoma foi obtido a partir de amostras de sangue retiradas de um voluntário que vive no município de Coari, Brasil. O mitogenoma foi montado a partir de leituras geradas com tecnologia de *reversible dye terminator* e abordagem de sequenciamento *shot-gun*. O mitogenoma possui 13.681 pb de comprimento com um teor de GC de 25,71%. Usando ferramentas padrão de bioinformática para anotação prevemos que o mitogenoma de *M. ozzardi* contém 12 sequências de genes codificadores de proteínas, um total de 22 tRNA e 2 sequências de genes rRNAs. Reconstruções filogenéticas, incluindo sequências mitocondriais disponíveis publicamente, mostraram que o mitogenoma de *M. ozzardi* está mais estreitamente relacionado com o genoma mitocondrial do parasito *Loa loa*. Além de contribuir com o conhecimento da epidemiologia da mansonelose na América Latina, este mitogenoma brasileiro pode ter valor como uma fonte de diagnósticos para programas de controle e eliminação da filariose linfática e oncocercose.

Palavras-chaves: *M. ozzardi*, mitogenoma, recurso molecular, América Latina.