

O gênero *Acanthamoeba* abriga aproximadamente 25 espécies distribuídas mundialmente. Pertence à família *Acanthamoebidae*, grupo *Amoebozoa*, sendo considerado o gênero mais comum entre as amebas de vida livre. Essas espécies apresentam caráter ubíquo, são encontradas no ar, solo e ambientes aquáticos e são resistentes à desinfecção, processos de cloração e temperaturas extremas. São organismos anfitriões e existem tanto na forma de trofozoíto quanto na forma de cisto. Causam ceratite amebiana e encefalite amebiana granulomatosa. Os poliomavírus são vírus com genoma de DNA dupla fita e circular, não-envelopado, com capsídeo icosaédrico. Pertencem ao gênero *Polyomavirus*, família *Polyomaviridae*. Abrangem 13 espécies, dentre elas os vírus denominados BK (BKV) e JC (JCV), que estão presentes em cerca de 80% da população acima de 18 anos, sendo provavelmente transmitidos por via urino-oral. Tais agentes, normalmente apatogênicos, promovem infecções latentes que persistem indefinidamente no indivíduo infectado, atingindo principalmente células do túbulo renal proximal no caso de infecção por BKV. Imunossupressão é um dos fatores que induz reativação, a qual pode resultar em nefropatia, que é uma das principais causas de rejeição do enxerto em pacientes renais transplantados. BKV e JCV também têm sido avaliados como marcadores de poluição cloacal e contaminação por esgoto residencial. Estudos relatam a veiculação de diferentes patógenos, tais como fungos, bactérias e vírus através de espécies de *Acanthamoeba*. O objetivo deste trabalho foi investigar a presença de BKV em isolados de *Acanthamoeba* spp. provenientes de amostras ambientais. Para tal, foram utilizados 50 isolados do gênero *Acanthamoeba*, morfológicamente caracterizados, oriundos de piscinas, poeira hospitalar e estojos de lentes de contato. Após 36 horas de crescimento em meio PYG, aproximadamente 10^6 trofozoítos de cada isolado foram submetidos à extração de DNA e, posteriormente, à detecção de DNA de BKV por nested-PCR. Os *primers* externos, BJ2 F (5'- AACATTTTCYCCTCCTG -3') e BJ1 R (5'- TATTGCMCCAGGAGGT -3'), correspondentes à primeira PCR, amplificam parte do gene VP1 e antígeno-T de BKV e JCV. Os *primers* internos, BK6 F (5'- CCAGGGGCAGCTCCCAAAAAG -3') e BK4 R (5'- AGTAGATTTCCACAGGTTAGGTCCTC -3'), tem como alvo um fragmento localizado nessa região, que é menor e exclusivo do genoma de BKV. Dos 50 isolados analisados até o presente momento, 28% (14/50) amplificaram um fragmento compatível com perfil de BKV. Futuramente, mais isolados serão testados e os produtos de amplificação das amostras positivas serão sequenciados para confirmação da presença de BKV. Apesar de estar em estágio preliminar, o estudo evidencia o potencial de espécies do gênero *Acanthamoeba* em abrigar o BKV como um reservatório. Esses microorganismos possivelmente agem promovendo a veiculação de vírus devido à sua capacidade de disseminação e resistência em diferentes ambientes. Mais estudos são necessários para estabelecer se o vírus poderia ser transmitido a outras espécies a partir de amebas infectadas.