

RESUMO - CIÊNCIAS AGRÁRIAS - MEDICINA VETERINÁRIA

DIVERSIDADE GENÉTICA DE ANAPLASMA MARGINALE EM BOVINOS DE FAZENDAS ORGÂNICAS DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO, BRASIL

Marcella Dantas Carneiro Monteiro Da Silva Barreto (marcelladantas@ufrj.br)

Carolina Melo De Souza Nunes (carolmelodsn4@gmail.com)

?Isadora Dos Santos Dias (isadorasdias100@gmail.com)

Olivia Zen Gianfrancisco (oliviazen.gianf@gmail.com)

Maiara Vasconcelos Monteiro (maiaraufpa.2013@gmail.com)

Jonathan David Ribas Chagas (jonatachagas@hotmail.com)

Argemiro Sanavria (sanavria@ufrj.br)

Matheus Dias Cordeiro (mathcordeiro@hotmail.com)

Claudia Bezerra Da Silva (claudia_ufrj@yahoo.com.br)

Bruna De Azevedo Baêta (babaeta@ufrj.br)

A anaplasmosse bovina, provocada pela bactéria *Anaplasma marginale*, é uma enfermidade hemoparasitária de elevada relevância sanitária e econômica para a pecuária, sendo transmitida principalmente pelo carrapato *Rhipicephalus microplus*. Esse agente etiológico apresenta ampla variabilidade genética, evidenciada sobretudo nas proteínas de superfície MSP1 α e MSP4, que estão associadas tanto às diferenças antigênicas quanto à capacidade do agente na evasão da resposta imune do hospedeiro, influenciando diretamente a epidemiologia da doença. Este estudo teve como objetivo avaliar a diversidade

genética de *A. marginale* em bovinos provenientes de fazendas de produção orgânica do estado do Rio de Janeiro. Foram utilizadas 94 amostras de sangue coletadas da artéria coccígea de bovinos de propriedades orgânicas das cidades de Miguel Pereira (41), Seropédica (20) e Teresópolis (33), todas no estado do Rio de Janeiro, armazenadas em tubos contendo anticoagulante EDTA e acondicionadas sob refrigeração até análise no Laboratório de Estudo da Interação Parasito Hospedeiro. O estudo foi executado sob aprovação da Comissão de Ética no Uso de Animais da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro com o protocolo 1051220524. A extração do DNA das amostras foi obtida através da metodologia de Fenol-clorofórmio e sua viabilidade foi confirmada através de PCR convencional para o gene endógeno de mamíferos GAPDH. Para detecção do DNA de *Anaplasma* sp., foi realizada PCR convencional para o gene MSP4, amplificando um fragmento de 831 pares de base usando os primers EF (5'-TTGTTTACAGGGGGCCTGTC- 3') e ER (5'-GAACAGGAATCTTGCTCCAAG-3'). Das amostras positivas para esse gene, 10% de cada propriedade foram selecionadas aleatoriamente para serem analisadas quanto a sua variabilidade genética para o gene MSP1 α , através de PCR convencional utilizando os primers 1733F (5' TGTGCTTATGGCAGACATTTCC 3') e o 2957R (5' AAACCTTGTAGCCCCAACTTATCC 3'). Posteriormente, as amostras positivas foram sequenciadas para análise das repetições em tandem. Das amostras analisadas, 54/94 (57,45%) foram positivas para *Anaplasma* sp. com o gene MSP4, sendo 35/41 (85,4%) positivas na propriedade em Miguel Pereira, 11/20 (55,0%) em Seropédica e 8/33 (24,2%) em Teresópolis. Na análise do gene MSP1 α , foi possível bom sequenciamento de apenas um animal proveniente da fazenda orgânica de Teresópolis, que apresentou a estrutura de repetições em tandem α - β - β - γ , com duas repetições da sequência do nucleotídeo G/ATTT e sete repetições do nucleotídeo G. O gene MSP4 é altamente conservado e possui baixa variabilidade, sendo um marcador confiável para triagem e detecção da bactéria, identificando o agente com alta especificidade. Em contrapartida, o gene MSP1 α contém regiões hipervariáveis com repetições em tandem, indicando a adaptabilidade do agente a diferentes hospedeiros e condições ambientais, apresentando um grande potencial para estudos de variabilidade genética. O estudo conjunto desses genes permite estudar a diversidade genética das cepas circulantes, auxiliando no entendimento da epidemiologia do agente. A amostra positiva para o gene MSP1 α apresentou 100% de similaridade com uma sequência descrita em Cuba, o que é uma evidência de que a aquisição de animais de diferentes locais constitui uma das

principais formas de introdução de cepas de *A. marginale* distintas no rebanho. A cepa encontrada já havia sido previamente descrita em Minas Gerais em bezerros recém-nascidos, em um estudo que demonstrou sua relação com a transmissão transplacentária. O presente estudo demonstrou alta prevalência de *A. marginale* em bovinos de fazendas orgânicas do Rio de Janeiro e confirmou, por meio do gene MSP1 α , a existência de variabilidade genética associada à adaptação do patógeno. A identificação de uma cepa já descrita em outras regiões indica que o trânsito de animais é uma via importante de disseminação, reforçando a necessidade de monitoramento epidemiológico e medidas de controle da anaplasmose bovina.

Palavras-chave: anaplasmose bovina; epidemiologia; pcr; msp1a.