RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

OCORRÊNCIA E DIVERSIDADE GENÉTICA DE BABESIA BOVIS EM BOVINOS LEITEIROS DO MÉDIO MEARIM, MARANHÃO

Jady Lima Lopes (jadylopesvet@gmail.com)

Ingrid Carolinne Lopes Marques (ingridlopesmarques@hotmail.com)

Ellainy Maria Conceição Silva (ellainymaria@hotmail.com)

Alcina Carvalho Neta (alcina.carvalhoneta@gmail.com)

Carla Janaina Rebouças Marques Do Rosario (carlarosario@professor.uema.br)

Eliz Oliveira Franco (eliz.oliveira-franco@unesp.br)

José Gomes Pereira (josegomesnetoster@gmail.com)

Larissa Sarmento Ribeiro (lalasarm3nto@hotmail.com)

Luiz Ricardo Gonçalves (luiz.goncalves@imunodot.com.br)

Marcos Rogério André (mr.andre@unesp.br)

Rosangela Zacarias Machado (rzacariasmachado@gmail.com)

Maria Do Socorro Costa Oliveira (socorrocostaoliveira62@gmail.com)

A babesiose bovina, causada por Babesia bovis, é uma das principais enfermidades transmitidas pelo carrapato Rhipicephalus microplus, causando importantes impactos sanitários e econômicos na bovinocultura. No estado do Maranhão, especialmente em regiões de produção leiteira, ainda há escassez de dados atualizados sobre a ocorrência e a diversidade genética desse protozoário. Assim, este estudo teve como objetivo investigar a ocorrência de B. bovis, avaliar associações epidemiológicas e caracterizar a diversidade genética desse agente na região do Médio Mearim. Foram amostrados, por conveniência, 100 bovinos leiteiros provenientes de 12 propriedades localizadas nos municípios de Lima Campos e Pedreiras. Anticorpos IgG anti-B. bovis, detectados por iELISA, foram identificados em 24% (24/100) dos animais. A nested PCR direcionada ao gene 18S rRNA revelou positividade em 29% (29/100) das amostras, com maior frequência em bezerros (40%) em comparação às vacas adultas (20%) (?² de Pearson = 4,02; p = 0,045; OR = 2,67; IC95%: 1,03–6,94). A análise filogenética de máxima verossimilhança (MV) das sequências do gene msa-2b, realizada com 1000 replicações de bootstrap e modelo evolutivo GTR+G, agrupou as sequências obtidas neste estudo em quatro grupos principais, juntamente com sequências previamente reportadas em bovinos da Argentina, Brasil, Tailândia e África do Sul. A análise filogenética das sequências do gene msa-2c também indicou a formação de seis grupos principais, sendo que as nove sequências amplificadas neste estudo foram distribuídas em quatro desses grupos, juntamente com sequências provenientes de diferentes regiões do mundo. Todos os agrupamentos apresentaram suporte de bootstrap variando entre 79% e 100%. A rede de genótipos inferida pelo software PopART revelou que, entre as nove sequências do gene msa-2b obtidas neste estudo, foram identificados sete haplótipos, dos quais seis foram descritos pela primeira vez. De forma semelhante, as nove sequências do gene msa-2c foram distribuídas em seis haplótipos, sendo quatro inéditos. Os resultados demonstram associação significativa entre faixa etária e infecção por B. bovis, além de evidenciar a circulação ativa de múltiplos haplótipos do parasito na região, com maior diversidade genética observada nas sequências do gene msa-2b. Esses achados reforçam a necessidade de estratégias integradas de vigilância

epidemiológica, controle do carrapato vetor e monitoramento contínuo da infecção, visando à redução de perdas econômicas na pecuária leiteira regional.

Palavras-chave: antígeno de superfície do merozoíto;babesiose bovina; diversidade genética; filogenia.