

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**EVIDÊNCIA MOLECULAR DA TRANSMISSÃO CONGÊNITA DE BABESIA
SPP. EM BEZERROS DO SUL DE MINAS GERAIS, BRASIL**

Mariana Rodrigues Pereira (mvmarianarodriguespereira@gmail.com)

Bruna Kathleen Cunha Soares (brunakcunhasoares@gmail.com)

Júlia Gomes De Carvalho Jorge (juliavetufmg@yahoo.com.br)

Natalia Junqueira (njunqueira.vet@gmail.com)

Julia Angelica Goncalves Da Silveira (jangelicags@gmail.com)

Camila Valgas Bastos (camilabastos@ufmg.br)

A tristeza parasitária bovina é um complexo de enfermidades causadas, principalmente, por *Babesia bovis*, *Babesia bigemina* e *Anaplasma marginale*, agentes que infectam eritrócitos e provocam alterações como anemia hemolítica, febre e, em casos graves, morte. Nesse contexto, *B. bovis* é classificada como pequena *Babesia*, enquanto *B. bigemina* é considerada grande *Babesia*, com base na morfologia de seus merozoítos. A transmissão ocorre principalmente pelo carrapato *Rhipicephalus microplus*, embora a via congênita também possa ocorrer, impactando a sanidade e o desempenho

produtivo do rebanho. Neste estudo, investigou-se, por meio de diagnóstico molecular, a detecção de *Babesia* spp. em bezerros neonatos de uma propriedade leiteira no sul de Minas Gerais, entre os anos 2024 e 2025, bem como a ocorrência de infecção nos primeiros dias de vida. Adicionalmente, foi realizada a caracterização molecular dos agentes detectados, permitindo identificar variantes circulantes e compreender melhor os padrões de transmissão desses hemopatógenos em sistemas de produção leiteira. Foram analisadas amostras de sangue total em EDTA de 84 bezerros de até 3 dias de vida, com diagnóstico molecular conduzido por nested (nPCR), seguido de tipificação para as amostras positivas. *Babesia bovis* apresentou prevalência de 14,11% (12/85) na nPCR de triagem direcionada a um pequeno fragmento do gene *Rap1a*. Por sua vez, *B. bigemina* foi detectada em 5,88% (5/85) das amostras por meio de cPCR de triagem que amplifica as regiões ITS1 e ITS2. Para a caracterização molecular, uma nPCR visando o gene *Rap1a* de *B. bovis* resultou em positividade em 16,6% (2/12) das amostras previamente detectadas na triagem. De forma semelhante, a nPCR específica para o mesmo gene em *B. bigemina* confirmou 20% (1/5) de positividade entre as amostras triadas. O sequenciamento revelou 99,63% de identidade de *B. bovis* com um isolado previamente descrito em bovinos na África, enquanto *B. bigemina* apresentou 99,67% de identidade com um isolado obtido de eritrócitos bovinos na Síria. A análise filogenética, baseada no método de máxima verossimilhança utilizando o gene *Rap1* e o modelo de Hasegawa-Kishino-Yano, posicionou ambos os isolados em ramos distintos, agrupados em dois clados juntamente com sequências previamente descritas desses agentes em diferentes regiões do mundo. Esses achados confirmam a circulação de *Babesia* spp. na região e evidenciam a necessidade de estudos adicionais para elucidar a dinâmica da transmissão congênita e sua relevância epidemiológica, contribuindo para o aprimoramento das estratégias de diagnóstico, vigilância e controle em sistemas de produção leiteira.

Palavras-chave: babesiose; bovinocultura; pcr; tpb; tristeza.