

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**DIVERSIDADE DE HEMOPATÓGENOS EM BEZERROS BÚFALOS-D'ÁGUA
(BUBALUS BUBALIS) SOB CONDIÇÕES DE MANEJO MULTIESPÉCIE NO
CENTRO-OESTE DE MINAS GERAIS, BRASIL**

João Paulo Soares Alves (joaopsavet@gmail.com)

Nicolas Colácio (nicocolacio@gmail.com)

Pedro Henrique Cotrin Rodrigues (pedro.cotrinr@gmail.com)

Markus Vinicius Vieira De Araújo (markus.ufmg@hotmail.com)

*Christopher Gerald De Almeida Vargas Crawford
(christophercrawfordvet@gmail.com)*

Stella Assunção De Almeida Costa (stellacostavet@gmail.com)

Rafael Romero Nicolino (rafaelnicolino@gmail.com)

Daniel Sobreira Rodrigues (dsrodriguesepamig@gmail.com)

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

Patógenos transmitidos por vetores representam uma grande ameaça tanto para humanos quanto para animais, especialmente em regiões tropicais como o

Brasil. Embora os búfalos-d'água sejam reconhecidos por sua adaptabilidade, sua criação em sistemas multiespécies pode aumentar (*Bubalus bubalis*) o risco de exposição a esses patógenos. O presente estudo teve como objetivo investigar a ocorrência de hemopatógenos em búfalos-d'água criados na região Centro-Oeste de Minas Gerais, Brasil. Amostras de sangue foram coletadas de 251 bezerros bubalinos com idade entre 0–12 meses, em 17 propriedades na microrregião de Bom Despacho. A coleta de sangue foi autorizada pelo Comitê de Ética no Uso de Animais (CEUA) da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), com protocolo número 123/2023. Foram realizadas PCR para *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* sp., *Mycoplasma* hemotrópicos spp., *Babesia* spp., *Theileria* sp. e *Trypanosoma* spp. Amostras positivas para *Anaplasma* e *Ehrlichia* foram submetidas ao sequenciamento para identificação genética, sendo *Anaplasma marginale* (msp4) o agente mais prevalente, detectado em 65,34% (164/251) das amostras, seguido por *Anaplasma* sp. (16S rRNA) em 23,9% (60/251). Uma dessas amostras foi positiva para *A. phagocytophilum* (msp4). *Ehrlichia* sp. (16S rRNA) foi encontrada em 1,19% (3/251). O sequenciamento das amostras de *Anaplasma* sp. revelou identidades entre 96,67% e 100% com *A. platys*, *A. phagocytophilum* e genótipos de *Anaplasma* previamente descritos em caprinos das Filipinas e impalas da África do Sul. As sequências de *Ehrlichia* sp. apresentaram identidade de 98,04–100% com genótipos de *E. canis* previamente detectados em carrapatos *Rhipicephalus microplus* na China. *Mycoplasma* hemotrópicos (16S rRNA) foram detectados em 25,09% (63/251) das amostras, principalmente *Candidatus Mycoplasma haemobos* (gapN, 98,41%) e *Mycoplasma wenyonii* (gapN, 7,94%). Dentro da ordem Piroplasmida, *Babesia bovis* (rap-1a) e *Babesia bigemina* (ITS1/ITS2) foram detectadas em 8,36% (21/251) e 3,58% (9/251), respectivamente, tendo alta identidade (~99–100%) com isolados previamente descritos, incluindo *B. bovis* associada a carrapatos de Cuba e *B. bigemina* a bovinos da Ásia. *Theileria* sp. (MPSP) não foi detectada. Todas as amostras foram negativas para *Trypanosoma vivax* (Cathepsin L), enquanto *T. evansi* (VSG) foi encontrado em 0,79% (2/251), com uma das amostras apresentando 95,14–95,39% de identidade com isolados da Índia e do Quênia. O estudo evidencia alta prevalência de hemopatógenos em búfalos da região, indicando risco

sanitário em sistemas multiespécies pelo compartilhamento de vetores e transmissão entre espécies.

Palavras-chave: bubalinos; filogenia; infecção.