

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**ANÁLISE FILOGENÉTICA, DIVERSIDADE GENÉTICA E DIFERENCIAÇÃO
INTERPOPULACIONAL DE SEQUÊNCIAS DO GENE MSP1A DE
ANAPLASMA MARGINALE**

Carolina Melo De Souza Nunes (carolmdsn@ufrj.br)

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

Jônathan David Ribas Chagas (jonathanchagas@ufrj.br)

Zbigniew Zajac (zbigniew.zajac@umlub.pl)

Alejandro Cabezas-Cruz (alejandro.cabezas@vet-alfort.fr)

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

Matheus Dias Cordeiro (mathcordeiro@hotmail.com)

Argemiro Sanavria (sanavriasanavria@gmail.com)

Bruna De Azevedo Baêta (babaeta@ufrj.br)

A anaplasmosse, causada pela bactéria intracelular obrigatória *Anaplasma marginale*, provoca impactos sanitários e econômicos significativos na bovinocultura mundial. O gene de superfície *msp1a* é amplamente utilizado

como marcador de variabilidade genética por apresentar regiões hipervariáveis compostas por repetições em tandem, permitindo a diferenciação entre isolados. Este estudo teve como objetivo investigar a diversidade genética de *A. marginale* em bovinos naturalmente infectados no estado do Rio de Janeiro. Foram coletadas amostras de sangue de bovinos de oito propriedades entre 2023 e 2025. Após o processamento, realizou-se PCR (Reação em Cadeia da Polimerase) para o gene *msp1a*, e uma amostra positiva por propriedade foi selecionada aleatoriamente para sequenciamento. Para a análise filogenética, utilizaram-se sequências obtidas neste estudo e disponíveis no GenBank (NCBI), incluindo dados do Brasil, Américas e outros continentes. Foram mantidas apenas sequências entre 400 e 800 nucleotídeos para garantir comparabilidade. O alinhamento foi realizado no MEGA 11 com o algoritmo MUSCLE, e as relações filogenéticas foram inferidas pelo método de Máxima Verossimilhança, utilizando o modelo Kimura 2 parâmetros, com suporte de bootstrap de 1000 repetições. A diversidade genética foi estimada no DnaSP v.6 por meio do número de haplótipos, diversidade haplotípica e número médio de diferenças nucleotídicas. Testes de neutralidade (Tajima e Fu e Li) foram aplicados para avaliar possíveis efeitos de seleção ou eventos demográficos. A diferenciação genética entre grupos foi analisada por comparações pareadas, com teste do qui-quadrado e cálculo de F_{st} e D_{xy} . A análise filogenética identificou duas linhagens principais (H1 e H2). Três amostras agruparam-se no clado H1, juntamente com sequências do Brasil, México e Japão, enquanto cinco amostras foram incluídas no clado H2, associadas a isolados de diferentes países. Esses resultados indicam a co-circulação de linhagens distintas no Rio de Janeiro, evidenciando diversidade local e conexões globais. A diversidade haplotípica foi elevada (H_d entre 0,96 e 0,99), enquanto o número de diferenças nucleotídicas variou entre os grupos. Os testes de neutralidade não foram significativos, sugerindo evolução neutra. Os valores de F_{st} foram baixos entre isolados brasileiros e maiores em relação a sequências globais, indicando proximidade regional, mas contribuição para a diversidade global. Esses achados reforçam a importância do monitoramento molecular de *A. marginale* para o entendimento epidemiológico e controle da anaplasmoose bovina.

Palavras-chave: anaplasmoses; bovinocultura; pcr; filogenia.