

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**EVIDÊNCIAS MOLECULARES DA CIRCULAÇÃO DE ANAPLASMA
MARGINALE EM MOSCAS HEMATÓFAGAS E CARRAPATOS DE BOVINOS
LEITEIROS**

Laís Feliciano De Souza (lais.fesouza@hotmail.com)

Thamires Rezende Araújo (tamirezendearaujo@gmail.com)

Nelson Meireles Da Silva (meirelesvet3@gmail.com)

Patrícia Gonzaga Paulino (patgpaulino@gmail.com)

Karina Cristina Paes Galdino (karinapaes2@gmail.com)

Carla Alves Rabello (carlaalves.rabello@gmail.com)

Maristela Peckle Peixoto (maristelapectle@gmail.com)

Huarrisson Azevedo Santos (huarrisson@yahoo.com.br)

A anaplasmosse bovina, causada por *Anaplasma marginale*, constitui uma das principais enfermidades transmitidas por carrapatos em regiões tropicais e subtropicais, ocasionando impactos sanitários e econômicos significativos na pecuária. Embora *Rhipicephalus microplus* seja reconhecido como o principal vetor biológico desse agente, a alta infestação de bovinos leiteiros por moscas

hematófagas, associada aos seus hábitos alimentares, favorece a exposição frequente ao sangue infectado, tornando relevante investigar a participação desses insetos na epidemiologia da doença. Nesse contexto, este estudo teve como objetivo detectar *A. marginale* por métodos moleculares e avaliar sua diversidade genética em artrópodes associados a bovinos leiteiros no estado do Rio de Janeiro, Brasil. As coletas de artrópodes foram realizadas entre 2023 e 2024 nos municípios de Seropédica e Paracambi. Espécimes de *R. microplus*, *Haematobia irritans* e *Stomoxys calcitrans* foram coletados, identificados morfológicamente e dissecados para obtenção de glândulas salivares e probóscides. O DNA extraído foi submetido à nested PCR direcionada ao gene *msp5*, seguida de sequenciamento Sanger, análises filogenéticas e construção de rede de haplótipos. Foram analisados 164 artrópodes, incluindo *R. microplus* (n = 96), *S. calcitrans* (n = 39) e *H. irritans* (n = 29). Frequências de positividade para *A. marginale* foram observadas em probóscides de *H. irritans* em Paracambi (33,33%; 5/15) e Seropédica (14,28%; 2/14), em *S. calcitrans* em Seropédica (25,64%; 10/39) e em glândulas salivares de *R. microplus* (45%; 43/96). Ao todo, 14 fragmentos gênicos foram obtidos, quatro de *R. microplus*, quatro de *S. calcitrans* e seis de *H. irritans*, os quais apresentaram similaridade nucleotídica variando entre 98,1% e 100% com isolados de *Anaplasma marginale* disponíveis no GenBank. As análises filogenéticas demonstraram agrupamento de todas as sequências gênicas obtidas no clado de *A. marginale*, sem agrupamentos associados às espécies de artrópodes. A diversidade genética revelou baixa diversidade nucleotídica ($p = 0,01423$) e diversidade haplotípica moderada ($H_d = 0,706$), com haplótipos intimamente relacionados. Os resultados evidenciam a circulação de *A. marginale* entre diferentes artrópodes hematófagos presentes nas propriedades avaliadas e reforçam a relevância epidemiológica de moscas hematófagas em ambientes de produção leiteira. A detecção do agente em probóscides de *H. irritans* e *S. calcitrans* destaca a necessidade de ampliar investigações sobre a participação desses dípteros na dinâmica de transmissão de *A. marginale*, especialmente em áreas com elevada infestação e intenso contato entre animais suscetíveis.

Palavras-chave: *stomoxys calcitrans*; *haematobia irritans*; filogenia molecular; artrópodes hematófagos; bovinos leiteiros.

