

Estudo da infecção de *Babesia bovis* em búfalos criados no estado de São Paulo

Thalita Athiê Néó¹; Rodrigo Giglioti²; Talita Barban Brilhassi³; Thuane Caroline Gonçalves⁴; Marcio Dias Rabelo⁵; Luciana Gatto Brito⁶; Fábio da Silva Barbieri⁶; Márcia Cristina de Sena Oliveira⁷

¹ Aluna de Doutorado do Programa de Pós Graduação em Biotecnologia – UFSCAR, São Carlos, thalita.athie@gmail.com.

² Aluno de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal - FCAV/Unesp-Jaboticabal, bolsista FAPESP.

³ Aluna de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal - FCAV/Unesp-Jaboticabal, bolsista CAPES.

⁴ Aluna de Graduação em Ciências Biológicas, Bolsista PIBIC/CNPq, Centro Universitário Central Paulista, São Carlos, SP.

⁵ Analista da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

⁶ Pesquisador da Embrapa Rondônia, Porto Velho.

⁷ Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

A babesiose bovina está amplamente distribuída em regiões tropicais e subtropicais do mundo, onde o seu vetor, o carrapato *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*, encontra condições ótimas para o seu desenvolvimento. No Brasil vários estudos abordaram a epidemiologia dessas doenças em bovinos, porém em búfalos poucos trabalhos têm sido publicados. Neste estudo, avaliou-se a prevalência da infecção por *Babesia bovis* em 108 búfalos mestiços Murrah x Mediterrâneo criados em 4 propriedades localizadas em diferentes cidades do estado de São Paulo: São Carlos (n= 14 fêmeas adultas), Ibaté (n= 48, sendo 25 bezerros e 23 fêmeas adultas), Dourado (n= 21 fêmeas adultas) e Alambari (n=25 bezerros). Somente no rebanho de Ibaté, os bubalinos compartilhavam pastagens com bovinos. Amostras de DNA genômico foram extraídas de 300 µl de sangue e submetidas à amplificação pela técnica de PCR e Nested-PCR, utilizando primers que amplificam uma região específica do gene que codifica a proteína de roptria 1 (RAP-1) de *B. bovis*. Para cada propriedade estudada, cinco amplicons de *B. bovis* foram clonados no vetor pGEM®-T Easy Vector Systems vector (Promega), transformados em *Escherichia coli* (DH5α) e sequenciados no aparelho ABI Avant GeneticAnalyser (AppliedBiosystems®). Essas sequências apresentaram alta similaridade com aquelas depositadas no GenBank e foram também depositadas nesse banco de dados sob os números de acessos: KC 907707, KC 907705, KC 907704 e KC 907706 para os parasitas isolados de São Carlos, Alambari, Dourado e Ibaté, respectivamente. Os resultados das análises de PCR foram agrupados em tabelas de contingência e analisados com o auxílio do teste de Qui-quadrado, usando o procedimento ProcFreq do pacote do SAS (2002/2003), com nível de significância de 5% de probabilidade. No modelo estatístico foram incluídos os efeitos de idade (vaca e bezerro), condição de criação (com e sem bovinos) e local (Ibaté, Alambari, Dourado, São Carlos). Observou-se que os bezerros criados junto com bovinos em Ibaté apresentaram prevalências significativamente menores (4%, 1/25) que aqueles sem bovinos em Alambari (40%, 10/25). Já para os animais adultos as prevalências de infecção foram menores e não diferiram, sendo de 21,7% (5/23) em Ibaté, 21,4% (3/14) em São Carlos e 14,3% (3/21) em Dourado. Podemos concluir que os búfalos podem representar um importante reservatório de *B. bovis*.

Apoio financeiro: CNPq Processo 474648/2010-9.

Área: Sanidade Animal.