



PR151

## IDENTIFICAÇÃO DE UM POLIMORFISMO DE ÚNICA BASE NO GENE RAP-1 DE *BABESIA BOVIS*

POLIANA C. TIZIOTO<sup>1</sup>; DASIEL OBREGON<sup>2</sup>; LUCIANA C. A. REGITANO<sup>3</sup>; ADRIANA M. G. IBÉLLI<sup>1</sup>; RODRIGO GIGLIOTI<sup>4</sup>; ELLEN C. P. NORDI<sup>4</sup>; MÁRCIA C. S. OLIVEIRA<sup>3</sup>.

1 UFSCar, São Carlos, SP; 2 Universidade Agrária de Havana, Cuba; 3 Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP; 4 Unesp, Jaboticabal, SP.

*Babesia bovis* provoca um grave quadro de anemia hemolítica em bovinos, resultando em grandes prejuízos devido à mortalidade, abortos, redução de fertilidade e queda da produção de carne e leite. O gene RAP-1 (*Rhoptry-associated protein*)<sub>1</sub> de *Babesia bovis* codifica uma proteína de 60 KDa, que é reconhecida por anticorpos e linfócitos T de bovinos. O objetivo deste trabalho foi verificar a presença de polimorfismos no gene RAP-1 de *Babesia bovis* amplificado de material proveniente de búfalos infectados. Parte do gene RAP-1 de *B. bovis* foi amplificado por Nested-PCR. Foram sequenciadas amostras de quatro búfalos e de um bovino para que se pudesse comparar as sequências obtidas nestas espécies. As reações de seqüenciamento foram realizadas utilizando o *Kit ABI PRISM® Big Dye terminator v. 3.1 cycle sequencing* da Applied Biosystem. Os eletroferogramas gerados pelo seqüenciador ABI 3100 foram submetidos à análise de qualidade pelo programa *Phred*, que atribui um valor de qualidade a cada nucleotídeo identificado. Em seguida, foram submetidos ao programa de montagem *Phrap* que agrupa as sequências organizando-as em *contigs*. A visualização das sequências geradas e, conseqüentemente, dos SNPs foi realizada através do programa *Consed*. Não foi encontrada diferença entre a sequência de *B. bovis* isolada de bovino e as dos isolados de búfalos, no entanto, em relação à sequência depositada no banco de dados NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), foi encontrado um polimorfismo de única base (SNP) G/A no nucleotídeo 688. Verificou-se que este polimorfismo também estava presente na amostra obtida de bovino, pois o segmento do gene RAP-1 do isolado de bovino apresentou genótipo heterozigoto AG. Três isolados de búfalos também apresentaram o genótipo AG para este polimorfismo. O SNP identificado neste trabalho não está depositado no NCBI.

Palavras-chave: bovinos, búfalos, babesiose