

**ANÁLISE FILOGENÉTICA DE PARTE DA REGIÃO CODIFICADORA DE rRNAs DE
Neospora caninum ISOLADO DE CONCEPTOS PROVENIENTES DE REBANHOS BOVINO
NO ESTADO DE MINAS GERAIS**

SANTOS, D. S.¹; ANDRADE, M. P.²; LIMA, R.³; GUIMARÃES, A. M.⁴; VARASCHIN, M. S.⁵;
HIRSCH, C.⁶

A neosporose é uma doença cosmopolita causadora de abortos em bovinos. São relatadas variações biológicas, patogênicas e genéticas entre isolados de *Neospora caninum* nas diferentes literaturas. O objetivo deste trabalho foi estudar a relação genética deste parasito em função da origem geográfica e espécie hospedeira, e dele com os demais membros da subfamília Toxoplasmatinae. O programa MEGA4 serviu para criação de uma árvore filogenética, onde utilizou-se o método de Neighbor-Joining com *cut-off* de 50% e *bootstrap* de 1.000 replicatas. Parte da região codificadora de rRNAs de *N. caninum*, representada por 5' -18S rDNA - ITS 1 - 5.8S rDNA -3', serviu de elemento genético analisado. Esta região foi escolhida por ser, em tese, mais tolerante a mutações e, portanto, mais susceptível a variações genéticas. Três seqüências foram obtidas de DNA cerebral de conceptos bovinos, oriundos da região de Lavras-MG presentes no Genbank sob os números de acesso HM229410, HM229411 e HM229412. Ao contrário do que se esperava, estas seqüências se mostraram idênticas entre si, totalmente conservadas. O tamanho da região consensual foi de 346pb, iniciando-se na posição 67 e terminando na posição 412, em relação à seqüência de referência L49389 no GenBank. Em relação a esta, as amostras do presente trabalho apresentaram seis mutações do tipo transverso e uma transição, e nenhuma inserção ou deleção. Em relação a outras seqüências utilizadas, observaram-se três deleções, o que totalizou 10 posições variáveis (2,89%). Isto comprovou, também, uma elevada conservação entre as amostras do trabalho e as demais disponíveis. Além das três amostras sul-mineiras, foram alinhadas mais 18 seqüências de *N. caninum* obtidas no Genbank, representativas de diferentes regiões do mundo, cinco de *Toxoplasma gondii*, cinco de *Hammondia hammondi* e três de *N. hughesi*. Estas foram inseridas a fim de se examinar a proximidade genética entre os gêneros da sub-família Toxoplasmatinae, em relação à região ITS-1. Agrupamentos bem definidos, espécies-específicos, foram criados ao se alinhar estas seqüências, demonstrando nítida diferenciação entre os gêneros em relação a ITS-1. Portanto, a região estudada é altamente preservada intra-espécie e variável inter-espécie, sendo apropriada para diagnóstico, mas não para análise filogenética intra-espécie. Curiosamente, o ramo de *N. hughesi* se aproximou mais de *T. gondii* do que de *N. caninum*. Isto sugere que mais estudos sobre a genética deste parasito sejam necessários para se elucidar a relação evolutiva na subfamília Toxoplasmatinae.

Palavras-chave: *Neospora caninum*, Toxoplasmatinae, filogenia, bovino, diagnóstico.

Os autores expressam o agradecimento a FAPEMIG pelo financiamento desta pesquisa.

¹ Mestrando do curso de Ciências Veterinárias DMV/UFLA; dubiomedic@yahoo.com.br

² Acadêmica do curso de Medicina Veterinária DMV/UFLA; micheleplacedino@yahoo.com.br

³ Acadêmica do curso de Medicina Veterinária DMV/UFLA, quellimavet@gmail.com

⁴ Professor Adjunto do curso de Medicina Veterinária DMV/UFLA, amg@ufla.br

⁵ Professora Adjunta do curso de Medicina Veterinária DMV/UFLA, msvaraschin@dmv.ufla.br

⁶ Professor Adjunto do curso de Medicina Veterinária DMV/UFLA, chhirsch@dmv.ufla.br