



ANAIS DA V CONFERÊNCIA NACIONAL DE DEFESA AGROPECUÁRIA

Defesa agropecuária a serviço de um Estado de excelência

Florianópolis, SC - 25 a 28 de novembro de 2014

Identificação e genotipagem de *Mycobacterium bovis* de bovinos positivos no teste intradérmico para tuberculose em Mato Grosso do Sul

CAZOLA D.O.¹; JORGE K.S.G.²; ZUMÁRRAGA M.J.³; SOUZA-FILHO A.F.⁴; ARAÚJO F.R.⁵; OSÓRIO A.L.A.R.²

¹Agência Estadual de Defesa Sanitária Animal e Vegetal de Mato Grosso do Sul (IAGRO), Av. Senador Filinto Müller 1146, Campo Grande, MS 79074-902, Brasil. daniczola@gmail.com

²Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FAMEZ), Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), Laboratório de Micobacteriologia e Biologia Molecular, Av. Senador Filinto Müller 2443, Campo Grande, MS 79074-460, Brasil.

³Instituto de Biotecnología, CICVyA-INTA Castelar, CC 25,1712 Castelar, Buenos Aires, Argentina.

⁴Residente em medicina veterinária no Laboratório de Micobacteriologia e Biologia Molecular, FAMEZ-UFMS, Av. Senador Filinto Müller 2443, Campo Grande, MS 79074-460, Brasil.

⁵Embrapa Gado de Corte, Avenida Rádio Maia 830, Vila Popular, Campo Grande, MS79106-550, Brasil.

A tuberculose bovina é uma doença infecto contagiosa, causada por *Mycobacterium bovis*, um membro do complexo *Mycobacterium tuberculosis* (CMT). A combinação do isolamento micobacteriano em meio de cultura a partir de tecidos bovinos com a identificação e genotipagem molecular tem contribuído para melhor compreensão da epidemiologia das infecções por *M. bovis*, o que proporciona aumento na eficiência dos programas de controle da doença. Neste estudo realizou-se genotipagem de isolados de *M. bovis*, provenientes de amostras de tecidos de bovinos positivos no teste cervical comparativo, durante inquérito epidemiológico parcial da tuberculose bovina nas regiões do Planalto Sul e Norte de Mato Grosso do Sul, por meio da técnica de spoligotyping. Tecidos de 13 bovinos positivos, de diferentes municípios, foram cultivados em meio de Stonebrink. As colônias resultantes foram submetidas à coloração de Ziehl-Neelsen e apresentaram características tintoriais de BAAR. Os 13 isolados de BAAR foram identificados por PCR multiplex (mPCR). O gene hsp65 foi alvo para identificação de *Mycobacterium* spp, a sequência de inserção IS6110 para CMT e o gene RvD1Rv2031c para *M. bovis*. Os isolados micobacterianos foram genotipados pela técnica de spoligotyping. Dos 13 bovinos, 7 tinham pelo menos uma lesão sugestiva de tuberculose em linfonodos retrofaríngeos, parotídeos e pulmonares ou no pulmão, e em 6 não foram encontradas lesões visíveis sugestivas da doença. Na mPCR 11/13 (84,6%) isolados foram positivos para *Mycobacterium* spp; 8/13 (61,5%) positivos para CMT e 7/13 (53,8%) positivos para *M. bovis*. Com base no spoligotyping oito isolados de BAAR foram agrupados dentro de 3 diferentes agrupamentos de genótipos e uma amostra remanescente apresentou perfil único, sendo 4 isolados com padrão de spoligotipo SB0121, 2 SB1145, 2 SB0881 e 1 SB0140. A técnica de spoligotyping demonstrou que há diversidade genética entre os spoligotipos no Mato Grosso do Sul, embora predomine o perfil SB0121.

Palavras-chave: *Mycobacterium bovis*, epidemiologia molecular, spoligotyping.

Apoio: Equipe do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA), Universidade de São Paulo (USP) e Agência Estadual de Defesa Sanitária Animal e Vegetal de Mato Grosso do Sul (IAGRO), responsável pelo planejamento do inquérito epidemiológico da tuberculose bovina.