

Benavides, MV¹; Milano, LR²; Correa, APR²; Almeida, LS²; Ilha, GC¹; Franck, BM¹; Sacco, AMS¹¹Embrapa Pecuária Sul, Bage, RS - Caixa Postal 242, BR 153 km 595; ²Graduandos da Universidade da Região da Campanha - URCAMP, Bage, RS.

Variabilidade genética do fator de necrose tumoral alfa (TNF α) em *Bos taurus* desafiados com cepa virulenta de *Babesia bovis*

A babesiose bovina é causada por hemoprotozoários do gênero *Babesia*, sendo a *B. bovis* a espécie mais patogênica. É uma doença com alto índice de mortalidade e morbidade e que leva a perda de peso e de produção de leite dos rebanhos resultando em grandes prejuízos econômicos. Tem maior ocorrência e importância em áreas marginais à presença do carrapato vetor *Boophilus microplus*. Uma das alternativas de controle que está sendo desenvolvida é a identificação de resistência bovina frente a infecção por *B. bovis* e a associação desta resistência a genes que regulam o sistema imune para um futuro uso em programas de melhoramento bovino. Neste sentido, 60 terneiras das raças Hereford e Angus, sensíveis a babesiose, oriundas de duas propriedades rurais situadas no município de Santa Vitoria do Palmar, RS – área livre do carrapato vetor – receberam desafio com cepa virulenta de *B. bovis* (inóculo vacinal de 1×10^7) e foram monitoradas para medir a reação frente à infecção causada pelo parasito. Três situações foram observadas: animais que foram resistentes à infecção, sem a apresentação de sintomatologia clínica da doença (“R” = 25%), indivíduos que apresentaram sintomatologia porém sem necessidade de tratamento (“M” = 18%) e aqueles que adoeceram e foram tratados (“S” = 57% - suscetíveis à infecção). Um dos genes candidatos estudados foi o fator de necrose tumoral alfa que apresenta um polimorfismo de quatro alelos, detectável a nível de SSCP (Single Stranded Conformation Polymorphism) em gel de poliácridamida e corado com nitrato de prata. Os valores de heterozigozidade e de conteúdo de informação polimórfica (PIC) foram de 54% e 49% respectivamente, devido a uma alta frequência do alelo 2 (63%). Contudo, estes resultados preliminares mostram que há variabilidade genética suficiente na população estudada como para mostrar que os animais variam em fenótipo (reação à infecção) e genótipo de TNF α e que os genótipos 22 e 23 mostraram ser significativamente mais frequentes no grupo de animais mais suscetível à infecção ($X^2 = 33.87$ P=0.0007). O polimorfismo estudado se encontra na região entre o exon e íntron 3 do TNF α e pode, teoricamente, alterar a expressão desta citocina nos bovinos, fazendo com que certos genótipos determinem uma maior susceptibilidade dos animais frente a infecção desta parasitose. ■