

**Estudo da diversidade genética de *Mycobacterium bovis* obtidos em mamíferos selvagens**

Marlene Santos<sup>1\*</sup>, Ana Cristina Matos<sup>2</sup>, Sofia Saraiva<sup>1</sup>, Rita Santos<sup>1</sup>, Luís Figueira<sup>2</sup>,  
Ana Cláudia Coelho<sup>3</sup>, Manuela Matos<sup>1,4</sup>

<sup>1</sup> University of Trás-os-Montes e Alto Douro, 5001-801 Vila Real, Portugal

<sup>2</sup> School of Agriculture, Polytechnic Institute of Castelo Branco

<sup>3</sup> CECAV- Center for Animal Science and Veterinary, University of Trás-os-Montes and Alto-Douro, Department of Veterinary Sciences

<sup>4</sup> CGBA-UTAD - Centre of Agricultural Genomics and Biotechnology, University of Trás-os-Montes and Alto Douro,

5001-801 Vila Real, Portugal

\*mpasantos91@hotmail.com

Keywords: *Mycobacterium*; animais selvagens; RAPDs; ISSRs; diversidade genética

O género *Mycobacterium* engloba micobactérias com especial interesse na investigação uma vez que podem estar relacionadas com o desenvolvimento de doenças quer em animais, quer em humanos. Estas micobactérias apresentam um elevado potencial zoonótico sendo os animais selvagens o seu principal reservatório pelo que o seu estudo nestes animais é importante tanto para reduzir riscos de saúde pública como para reduzir prejuízos na produção animal.

Neste trabalho, tendo por base um conjunto de isolados micobacterianos, provenientes da região de Castelo Branco, procedeu-se ao estudo da prevalência do Complexo *Mycobacterium tuberculosis* (MTC). Das 162 amostras analisadas para o MTC 77 (47,5%) foram positivas, sendo que a maioria foram provenientes de veados (*Cervus elaphus*) e javalis (*Sus scrofa*). Posteriormente, efetuou-se a pesquisa de *Mycobacterium bovis* nas amostras positivas para o MTC, a qual ocorreu em 77,9% das amostras analisadas.

Com base na técnica realizada por Rodriguez et al. (1995) foi possível identificar uma banda com cerca de 500 bp relativa a *M. bovis*, a qual foi sequenciada mostrando uma identidade de 95% com o genoma de *M. bovis* AF2122/97, sendo mais uma evidência da presença de *M. bovis* na região.

Posteriormente, foram selecionadas 14 amostras de *M. bovis* (7 provenientes de veados e 7 de javalis) que possibilitaram a análise da sua variabilidade genética, através da utilização de marcadores moleculares. Para esta análise foram utilizados 12 "primers" ISSR e 12 "primers" RAPD. A análise com ISSRs revelou uma taxa de polimorfismo de 95,3% e a análise com RAPDs evidenciou uma taxa de polimorfismo de 95,5%.

Este estudo permitiu comprovar a elevada prevalência destas micobactérias na região geográfica em estudo, assim como, realçar a importância dos animais selvagens como reservatórios e verificar a elevada variabilidade intraespecífica de *M. bovis*.