

**EXPRESSÃO GÊNICA DE MOLÉCULAS COMPONENTES DAS VIAS DE RESPOSTA IMUNE DE RHIPICEPHALUS MICROPLUS (ACARI: IXODIDAE) EM RESPOSTA A INFECÇÃO POR THEILERIA EQUI (PIROPLASMIDA: THEILERIIDAE)**

*Fernanda Barcelos Amaral (barcelosfernanda@ufrj.br)*

*Carla Alves Rabello (carlaalves.rabello@gmail.com)*

*Patrícia Gonzaga Paulino (patgpaulino@gmail.com)*

*Matheus De Souza Santana (matheus\_santana@ufrj.br)*

*Roberto Teixeira De Oliveira (oliveira.roberttto@gmail.com)*

*Sara Gomes De Andrade (saraandradeufrj@gmail.com)*

*Huarrisson Azevedo Santos (huarrisson@ufrj.br)*

A Piroplasmose equina é uma doença causada pelo protozoário *Theileria equi* e é responsável por causar prejuízos clínicos e econômicos significativos, como redução de desempenho dos animais e altos custos com tratamento. No Brasil, *Rhipicephalus microplus* é a única espécie de carrapato com capacidade vetorial comprovada experimentalmente para transmitir *T. equi*. Porém, o conhecimento sobre os mecanismos envolvidos na interface patógeno-vetor ainda é escasso. Assim, o objetivo deste estudo foi analisar a expressão diferencial de genes envolvidos nas principais vias de sinalização imunológica de *R. microplus* frente à infecção por *T. equi*. Para isso, um equino infectado por *T. equi* e um equino não infectado foram infestados com larvas de *R.*

microplus. As fêmeas foram coletadas, dissecadas e o intestino e a glândula salivar de cada exemplar foi armazenado. Em seguida, foi realizada a extração do RNA e a síntese do cDNA, os quais foram submetidos ao ensaio de expressão gênica através da qPCR. As diferenças observadas entre os grupo de carrapatos infectados por *T. equi* e o grupo controle foi avaliado estatisticamente por meio do software GraphPad Prism, versão 8.0. Os valores de  $\Delta Cq$  foram submetidos ao teste de Shapiro-Wilk para verificar a normalidade. Conforme o resultado, a comparação entre os grupos positivos e negativos para infecção por *T. equi* foi realizada pelo teste t de Student ou pelo teste de Mann-Whitney. Os resultados demonstraram que o receptor Toll foi mais expresso ( $p < 0,01$ ; IC 4,5–12,3) no grupo infectado, tanto Dorsal (3 vezes,  $p < 0,05$ ; IC 1,4–5,2), quanto Defensina (4 vezes,  $p < 0,05$ ; IC 2,0–6,8) em fêmeas infectadas no intestino em comparação ao grupo controle. Foi observada uma regulação positiva de 3 vezes na expressão do gene PGRP ( $p < 0,05$ ; IC 1,5–4,9) no intestino de fêmeas infectadas por *T. equi*, indicando uma possível participação dessas moléculas no reconhecimento do parasito. O gene que codifica para o peptídeo antimicrobiano microplusina foi regulado positivamente no intestino de carrapatos infectados, com aumento de 79 vezes ( $p < 0,001$ ; IC 65 – 92), mesmo com a expressão de Relish não estatisticamente significativa. Os genes que codificam para os receptor PGRP, também foi mais expressos no intestino de fêmeas infectadas ( $p < 0,05$ ; IC 1,5–4,9). O gene STAT foi regulado de forma negativa no intestino de fêmeas infectadas por *Theileria equi*, sendo 15 vezes menos expresso ( $p < 0,001$ ; IC -12 – -18) neste grupo quando comparado ao controle. O gene JAK, assim como o gene ixodidina, não apresentaram alterações significativas nesse tecido. Entretanto, nas glândulas salivares de carrapatos infectados, os genes JAK e STAT não demonstraram variações significativas, porém o gene ixodidina foi regulado de forma positiva, apresentando aumento de 5 vezes ( $p < 0,05$ ; IC 2,1–7,4) em relação ao grupo controle. Portanto, a regulação positiva de PGRP e microplusina indica possível sinergismo entre as vias Toll e IMD, enquanto a regulação negativa da via JAK/STAT possivelmente influencia a expressão do gene ixodidina. Esses resultados contribuem para a compreensão da resposta de *R. microplus* frente à infecção por *T. equi* e indicam possíveis moléculas com potencial para o desenvolvimento de ferramentas de controle da piroplasmose equina no país.

Palavras-chave: interface patógeno-vetor; piroplasmose equina; resposta imunológica.

