

**EXPRESSÃO GÊNICA DE COMPONENTES DO METABOLISMO DE ÓXIDO  
REDUÇÃO EM RHIPICEPHALUS MICROPLUS (ORDEM IXODIDA) FRENTE  
À INFECÇÃO POR THEILERIA EQUI (ORDEM PIROPLASMIDA)**

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

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

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

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

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

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

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

A piroplasmose equina é uma patologia de distribuição global que acomete equídeos domésticos e silvestres, com grande importância econômica no setor equestre especialmente no Brasil, onde esta enfermidade é endêmica e representa uma limitação econômica devido às perdas produtivas e sanitárias nos plantéis. Theileria equi, T. haneyi e Babesia caballi são transmitidos principalmente por carrapatos Ixodidae; no Brasil, Rhipicephalus (Boophilus) microplus é o único vetor confirmado experimentalmente. A interação vetor-patógeno exige a superação de barreiras imunológicas, incluindo o metabolismo redox, responsável pela síntese e regulação das espécies reativas de oxigênio (ERO), que ajudam a conter a infecção, mas podem lesar a célula hospedeira. Assim, o presente estudo teve por objetivo avaliar a

expressão diferencial de genes envolvidos no metabolismo redox da glândula salivar de ninfas e adultos de *R. microplus* frente à infecção por *T. equi*. Para isso, dois equinos, um cronicamente infectado por *Theileria equi* (controle positivo) e um livre do protozoário (controle negativo), foram infestados com larvas de *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*. Nos dias 15 e 33 pós-infestação, ninfas e fêmeas adultas foram coletadas, lavadas, dissecadas e as glândulas salivares armazenadas em solução RNeasy®. O RNA total foi extraído seguido da síntese de cDNA. A presença de *T. equi* foi confirmada por qPCR. A expressão de 11 genes associados ao metabolismo redox, além de genes de referência, foi avaliada por qPCR utilizando SYBR Green, com normalização pelos genes 40S S3a,  $\beta$ -tubulina,  $\beta$ -actina e GAPDH, e análise pelo método  $2^{-\Delta\Delta Cq}$ . A análise estatística foi conduzida no GraphPad Prism 8.0, aplicando teste t de Student ou Mann-Whitney, considerando significância em  $p < 0,05$  e IC 95%. Os resultados demonstram que a infecção por *T. equi* modulou significativamente genes do metabolismo redox na glândula salivar de ninfas e adultos de *R. microplus*. A expressão do gene pró-oxidante CYTP450 aumentou nos adultos em cerca de 18 vezes ( $p = 0,002$ ) e nas ninfas em aproximadamente 61,34 vezes ( $p < 0,0001$ ). Entre os antioxidantes, CYTCOX1 elevou-se nos adultos em torno de 62,16 vezes ( $p = 0,002$ ) e nas ninfas cerca de 310,37 vezes ( $p = 0,0007$ ). Em adultos, GST-1 apresentou redução para aproximadamente 0,42 vezes ( $p = 0,0152$ ), enquanto CuZnSOD aumentou cerca de 3 vezes ( $p = 0,03$ ) e PHGPX teve incremento discreto de 1,33 vezes ( $p = 0,04$ ). Em conjunto, a co-regulação de CYTP450 (via pró-oxidante) e de CYTCOX1, CuZnSOD e PHGPX (vias antioxidantes) sustenta uma resposta compensatória com a intensificação de EROs para conter o parasito e à ativação simultânea de defesas para preservar a integridade celular. Estes resultados permitem identificar possíveis moléculas com potencial de serem utilizadas como alvos biotecnológicos visando novas estratégias de controle e prevenção da doença, uma vez que os tratamentos atuais não eliminam completamente o agente do hospedeiro infectado.

Palavras-chave: *theileria equi*; resposta imune; metabolismo redox; *rhipicephalus microplus*; equinos.