

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**EXPRESSÃO DIFERENCIAL DE GENES RELACIONADOS AO
METABOLISMO REDOX NOS DIFERENTES ESTÁGIOS EVOLUTIVOS DE
RHIPICEPHALUS (BOOPHILUS) MICROPLUS EM RESPOSTA À INFECÇÃO
POR THEILERIA EQUI**

Carla Alves Rabello (carlarabello@ufrj.br)

Karina Cristina Paes Galdino (karinapaes2@gmail.com)

Patrícia Gonzaga Paulino (patgpaulino@gmail.com)

Nelson Meireles Da Silva (meirelesvet@ufrj.br)

*Pamella Pryscila De Alvarenga Bissoli Maciel De Lima
(pambissoli@hotmail.com)*

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

Laís Feliciano De Souza (laisfelicici@gmail.com)

Maristela Peckle Peixoto (maristelapecckle@gmail.com)

Stephanie Cardoso Da Silva (scardosovet@gmail.com)

Huarrisson Azevedo Santos (huarrisson@yahoo.com.br)

A piroplasmose equina é uma das principais enfermidades que acomete equídeos mundialmente e tem o protozoário *Theileria equi* como um de seus agentes etiológicos. A transmissão se dá principalmente através de carrapatos infectados durante o repasto sanguíneo. No Brasil, *Rhipicephalus microplus* é a única espécie de carrapato com capacidade vetorial de transmitir *T. equi* comprovada experimentalmente. Contudo, existem diversas lacunas a respeito dos mecanismos envolvidos nesta interface patógeno-vetor. Para sobreviver e ser transmitido a um hospedeiro suscetível, o parasito necessita evadir a resposta imunológica inata do carrapato. Um dos principais componentes desta resposta são as espécies reativas de oxigênio, moléculas de caráter tóxico que podem gerar danos celulares aos patógenos e cuja síntese e degradação fazem parte do metabolismo redox. Com isso, o objetivo deste estudo foi avaliar a expressão diferencial de genes relacionados ao metabolismo redox nos diferentes estágios evolutivos de *Rhipicephalus microplus* em resposta à infecção por *Theileria equi*. Para isso, um equino portador crônico de *T. equi* (controle positivo) e um equino não infectado (controle negativo) foram infestados com larvas de *R. microplus* livres de patógenos. Após o período de fixação e repasto sanguíneo, larvas e ninfas inteiras foram coletadas e armazenadas individualmente, enquanto as fêmeas foram dissecadas e o intestino e a glândula salivar de cada exemplar foi armazenado de forma individual em tubos de polipropileno de 1,5 mL. Em seguida, foi feita a extração do RNA e a síntese do cDNA de cada amostra, os quais foram submetidos ao ensaio de expressão gênica relativa através da qPCR. Os resultados sugerem que os perfis transcricionais de genes envolvidos no metabolismo redox de *R. microplus* em resposta à infecção por *T. equi* são estágio- e tecido-específicos. Dentre os 11 genes analisados, os genes pró-oxidantes dual oxidase-1 e dual oxidase-2, além do gene antioxidante catalase, foram os únicos regulados positivamente tanto no intestino quanto nas glândulas salivares do grupo infectado, indicando que podem desempenhar um papel relevante na regulação do equilíbrio oxidativo durante a colonização do parasito em diferentes tecidos na fase adulta do carrapato. Nos estágios de larva e ninfa de *R. microplus*, contudo, a infecção por *T. equi* pareceu não estimular substancialmente a modulação dos genes analisados. Os resultados obtidos neste trabalho auxiliam na elucidação da resposta oxidativa de *R. microplus* à infecção por *T. equi* e

permite identificar possíveis moléculas-chave para o desenvolvimento de novas ferramentas de prevenção e controle da piroplasmose equina no Brasil.

Palavras-chave: interação patógeno-vetor; sistema imunológico de carrapatos; piroplasmose equina.