

# Genômica funcional para identificação de genes associados à resistência ao carrapato em bovinos de diferentes grupos genéticos

*Primeiro autor: Isabella Maiumi Zaidan Blecha*

*Demais autores: Blecha, I. M. Z.<sup>1\*</sup>; Siqueira, F.<sup>2</sup>; Cardoso, F. F.<sup>3</sup>; Csordas, B. G.<sup>1</sup>; Aguirre, A. A. R.<sup>4</sup>; Ferreira, A. B. R.<sup>6</sup>; Barros, J. C.<sup>6</sup>; Andreotti, R.<sup>2</sup>*

## Resumo

O carrapato *Rhipicephalus microplus* é um ectoparasita hematófago responsável por grandes perdas na pecuária mundial. Apesar de sua predileção por bovinos de origem taurina em relação aos de origem zebuína, diferentes níveis de resistência ao parasita são observados entre e dentro de raças. Nesse contexto, objetivou-se prospectar genes diferencialmente expressos (DE) relacionados à resistência bovina ao carrapato do boi em animais taurinos (Angus), zebuínos (Nelore) e bovinos resultantes do cruzamento entre essas duas raças. Para o sequenciamento de RNA foram coletadas amostras de pele do dorso de quatro animais de cada grupo genético sem infestação e após seis e 16 dias de infestação com larvas de *R. microplus*. O RNA total foi obtido por trituração em equipamento Tissue Ruptor utilizando Trizol e o rendimento, qualidade e integridade das amostras foram verificados em Nanodrop, gel de agarose desnaturante e Bioanalyser. Bibliotecas de cDNA foram sequenciadas em equipamento HiSeq 2500 e os resultados foram analisados por programas de bioinformática passando por

---

(1) Doutorando(a) da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – UFMS, isablecha@hotmail.com. (2) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Pesquisador da Embrapa Pecuária Sul. (4) Doutorando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – UFMS e tecnólogo em Saúde Pública da Fiocruz - Rondônia. (6) Analista da Embrapa Gado de Corte. \* Autor correspondente.

etapas de conversão de formato, avaliação das leituras, filtragem das bases com qualidade baixa e remoção. Após a filtragem, as leituras do sequenciamento de cada amostra foram alinhadas contra o genoma de bovino. Em uma comparação sem infestação e seis dias após a infestação, foram encontrados 212 genes DE em Angus, 41 em cruzados e 1.158 em Nelore. Já na comparação sem infestação e 16 dias após infestação, foram encontrados 86 genes DE em Angus, 814 em cruzados e 1.676 em Nelore. O estudo de anotação funcional dos genes listados está em andamento e os níveis de expressão diferencial serão validados em estudo posterior. Resultados de padrões de expressão gênica após infestação artificial de animais resistentes e susceptíveis são importantes para identificação de genes candidatos para esta característica visando o desenvolvimento de métodos alternativos de controle.

## **Parceria / Apoio financeiro**

Embrapa Gado de Corte e CNPq.