



Expressão aumentada do gene S100A7 em bovinos F2 desafiados com o parasita *Boophilus microplus*

Nascimento, CS²; Machado, MA¹; Guimarães, SEF²; Guimarães, MFM¹; Campos, AL¹; Verneque, RS¹; Lopes, PS²

¹Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brazil;

²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brazil
carsouza_rj@hotmail.com.br

Palavras-chave: qRT-PCR, *Boophilus microplus*

A análise do transcriptoma tem sido uma importante ferramenta na dissecação genética da resposta imune nos animais domésticos. A medida dos níveis de expressão gênica pode ser usada para identificar a expressão diferencial entre indivíduos ou grupos de indivíduos resistentes ou susceptíveis ou a combinação de ambos quando desafiados antes ou após a infestação com parasitas. Neste estudo, a metodologia do qRT-PCR foi usada para avaliar o nível de expressão do gene *S100 Calcium-Binding Protein A7* (*S100A7* ou *Allergen Bos d3*) que codifica para uma proteína de baixa peso molecular ligadora de cálcio e responsável pela migração quimioestática de linfócitos CD4⁺ para a região afetada. Os Linfócitos CD4⁺ são os controladores de toda a resposta imune e secretam citocinas responsáveis pela resposta imunitária específica. Foram obtida biópsias de pele de bovinos F2 oriundos de animais F1 autocruzados, filhos de touros holandeses e de vacas Gir. Os animais foram previamente fenotipados quanto ao número de teológinas presentes e agrupados ou no grupo resistente (RES) ou no grupo susceptível (SUS). A extração do RNA total foi feita por meio do *Kit RNeasy Midi* (Qiagen, Valencia, CA) de acordo com as instruções do fabricante e usado como molde para a confecção da primeira fita de cDNA utilizando o *kit SuperScript III First-Strand Synthesis SuperMix* (Invitrogen, Inc). Os primers *forward* e *reverse* foram desenhados a partir das seqüências expressas geradas em bibliotecas de cDNA formadas pelos indivíduos resistentes e susceptíveis. Para estudar a expressão deste gene por RT-PCR em tempo real, foi escolhido o método da quantificação relativa, utilizando como controle endógeno o gene Gliceraldeído-3-fosfato Desidrogenase (GAPDH). O perfil de amplificação para o gene S100A7 foi obtido pelo sistema de SYBR[®] Green I. A normalização da expressão gênica foi feita por meio do método do 2^{-ΔCt}. Diferença relativa igual ou superior a 1,5 vezes entre os *pools* foi considerada como diferencialmente expressa. O nível de expressão do gene S100A7 foi de 3,4 vezes aumentadas no *pool* SUS em relação ao *pool* RES. Este resultado preliminar sugere que o gene S100A7 é mais expresso nos animais susceptíveis ao carrapato contribuindo para o aumento no recrutamento de leucócitos para a região afetada e, portanto, ter atividade pro-inflamatória. Este evento pode explicar a hipersensibilidade cutânea em animais susceptíveis ao carrapato, no entanto, esta hipersensibilidade parece não ser efetiva em proteger animais susceptíveis contra a infestação com carrapato.

Apoio financeiro: FINEP, CNPq, CAPES e FAPEMIG.