

# **IDENTIFICAÇÃO DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS EM LINFONODOS DE BOVINOS COM DIFERENTES NÍVEIS DE RESISTÊNCIA AO CARRAPATO *Rhipicephalus (Boophilus) microplus***

**IBELLI, A.M.G.1; CARDOSO, F.F.2; GENRO-NETO, J.S.3; OLIVEIRA, M.C.S4; REGITANO, L.C.A4.;**  
**1Programa de Pós Graduação em Genética e Evolução, Universidade Federal de São Carlos,**  
**Washington Luiz, Km 234, CEP 13560-970, São Carlos, SP. 2Embrapa Pecuária Sul, BR 153, Km**  
**603, CEP: 96401-970, Bagé, RS. 3 UNIPAMPA, Rua Carlos Barbosa s/nº, CEP 96412-420, Bagé, RS.**  
**4Embrapa Pecuária Sudeste, Laboratório de Biotecnologia Animal, Rodovia Washington Luiz, Km**  
**234, CEP 13560-970, São Carlos, SP**

O carrapato *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* é considerado um dos maiores causadores das perdas produtivas de bovinos no Brasil e no mundo. Estimativas indicam perdas anuais de dois bilhões de dólares no Brasil. A variabilidade genética para resistência de bovinos ao carrapato tem sido verificada, demonstrando que há potencial para o melhoramento dessas características nessa espécie. Dessa maneira, o objetivo deste trabalho foi verificar a existência de genes diferencialmente expressos em bovinos resistentes e sensíveis ao carrapato *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*. Amostras de cinco animais classificados como resistentes ao carrapato e cinco animais classificados como sensíveis, dentro de quatro grupos genéticos, Nelore (NE), 1/2 Angus 1/2 Nelore (AN), 1/2 Canchim 1/2 Nelore (CN) e 1/2 Simental 1/2 Nelore (SN), foram coletadas após infestação artificial com o carrapato *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*. Foi feito o isolamento e purificação em coluna de sílica do RNA total e, posteriormente, as amostras foram submetidas à análise de expressão gênica em larga escala, pela técnica de microarranjos utilizando a plataforma Affymetrix. Os resultados obtidos dos chips de microarranjos foram submetidos à análise de qualidade por meio dos pacotes affy e affyqcreport do programa R. Posteriormente, foi feita uma pré-correção dos dados pelo procedimento RMA (média multiarranjo robusta), sumarização pelo pacote R/affy e busca por interação entre tratamento e a expressão de pelo pacote R/maanova. Considerando os valores de log<sub>2</sub> das razões de expressão maiores que 0,75 ou menores que - 0,75 obtidas, 30 transcritos foram diferencialmente expressos, sendo que desses, 18 foram super-expressos no grupo resistente e 13 foram super-expressos no grupo sensível, incluindo genes que codificam citocinas, transferases, fatores de coagulação, fosfolipases, moléculas de adesão, além daqueles que não possuem função descrita. Pode-se concluir que há diferenças no padrão de expressão gênica entre grupos de animais resistentes e sensíveis, de forma que há a necessidade de estudar cada um desses genes separadamente, com a finalidade de evidenciar o seu papel na resistência ao carrapato.