

## Perfil da expressão do gene *IL-17* em células do leite de vacas Gir infectadas artificialmente com *Streptococcus agalactiae*

Guimarães, MFM<sup>1</sup>; Fonseca, I<sup>1,2</sup>; Paiva, DS<sup>3</sup>; Ferreira, MBD<sup>4</sup>; Brito, MAVP<sup>1</sup>; Brandão, HM<sup>1</sup>; Guimarães, SEF<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Gado de Leite

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia - UFV

<sup>3</sup>Universidade Federal de Juiz de Fora

<sup>4</sup>Fazenda Experimental Getúlio Vargas, Centro Tecnológico do Triângulo e Alto Paranaíba, EPAMIG  
mmartins@cnpgl.embrapa.br

**Palavras-chave:** expressão relativa, mastite bovina, qPCR, resposta imune.

**Introdução:** A pecuária leiteira é uma das atividades mais importantes do agronegócio brasileiro, porém ainda há vários entraves que precisam ser resolvidos para que se possa manter a sustentabilidade e a competitividade do setor. Dentre os problemas de sanidade, as doenças infectocontagiosas são as que mais se destacam, sendo a mastite a principal doença no aspecto econômico. Esta doença caracteriza-se por resposta inflamatória na glândula mamária causada por alterações metabólicas e fisiológicas, traumas, ou mais frequentemente por micro-organismos patogênicos ambientais ou contagiosos. Uma das opções mais promissoras para a redução dos problemas causados pela mastite, além dos cuidados sanitários e de manejo, é a seleção de animais resistentes e a incorporação desta característica aos rebanhos. Por isso, estudos com a finalidade de compreender melhor os processos biológicos envolvidos na determinação das respostas de resistência às doenças são fundamentais na compreensão, na resolução de problemas e no desenvolvimento de soluções tecnológicas. Genes ligados à resposta imune estão correlacionados à resposta de resistência/susceptibilidade à mastite e por isso, dentre estes genes, foi selecionada o gene da *interleucina 17 (IL-17)* como alvo deste trabalho. **Objetivo:** Investigar a expressão do gene *IL-17* em células presentes no leite de bovinos da raça Gir Leiteiro infectados artificialmente com *Streptococcus agalactiae* antes da inoculação (tempo 0) e 24 h após a inoculação do patógeno (tempo 24). **Métodos:** O RNA total foi extraído de células presentes no leite de 17 animais provenientes da Fazenda Experimental Getúlio Vargas da EPAMIG, localizada no município de Uberaba (MG). O leite foi coletado imediatamente antes da inoculação do patógeno e 24 h após a inoculação. A primeira fita de cDNA foi sintetizada e a análise da expressão dos genes foi feita utilizando-se a metodologia de PCR em Tempo Real. Foram utilizados dois controles endógenos (GAPDH e Ubiquitina) para a normalização dos dados. As análises estatísticas foram realizadas pelo programa REST@2008 versão 2.0.7, disponível em <http://www.genequantification.de/rest-2008.html> que utiliza o modelo *Pair Wise Fixed Reallocation Randomisation Test* para comparar a diferença de expressão entre os tempos. **Resultados:** As comparações do nível de expressão gênica indicaram que no tempo 24 os animais expressaram 17,4 vezes mais *IL-17* que no tempo 0 ( $p < 0,001$ ). Uma importante ação da *IL-17* nos locais de infecção é induzir células locais a secretarem citocinas e quimiocinas que atraem neutrófilos. A presença de *IL-17* atua como um eficiente amplificador da resposta inflamatória aguda pelo sistema imune inato nos locais recém-infectados, por isso a maior expressão de *IL-17* no tempo 24 era esperada. **Conclusão:** Uma diferença significativa no perfil de expressão do gene *IL-17* foi verificada nos diferentes tempos, sugerindo que este gene desempenhe um papel importante nos mecanismos de resposta à mastite bovina. **Apoio financeiro:** Embrapa/Agrofuturo, CNPq, FAPEMIG.