

A RICKETTSIA PODE TORNAR O CARRAPATO UM MELHOR VETOR? UMA ANÁLISE POR RNASEQ

RICKETTSIA CAN MAKE A BETTER TICK VECTOR? AN ANALYSIS BY RNASEQ

Higo Nasser Santanna MOREIRA¹, Adriano Carlos Soares¹, Isabel K. F. De Miranda-Santos², José Marcos RIBEIRO³, Rafael Mazioli BARCELOS¹, Natasha Lagos MAIA⁴, Juliana CARIZO¹, Carlos MONTANDON¹, Sandra Regina Costa MARUYAMA², Gustavo GARCIA², Maria Marlene Martins OLEGÁRIO⁵, Cláudio MAFRA^{1*}

1 Biochemistry and Molecular Biology Department, Federal University of Vicosa, Minas Gerais State, Brazil; 2 Department de Bioquímica e Imunologia, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Brazil; 3 *Laboratory of Malaria and Vector Research, National Institute of Health, USA*; 5 Universidade Federal de Uberlândia, Minas Gerais, Brazil.

Apesar de sua relevância epidemiológica, o *A. cajennense* ainda não possui genoma estrutural seqüenciado e pouco se conhece sobre as relações simbióticas carrapato-*Rickettsia*, muito menos no contexto das glândulas salivares, órgão chave para a hematofagia e transmissão deste patógeno. Para esse fim, o advento das plataformas de seqüenciamento em massa, devido ao seu potencial de geração de seqüências em alta escala, constitui uma ferramenta eficaz para estudos transcriptômicos, especialmente para espécies que ainda não possuem genoma completamente seqüenciado, como *A. cajennense*. Assim este trabalho objetivou avaliar alterações no padrão de expressão de genes que conferem competência parasitária ao *A. cajennense* em resposta a infecção por *Rickettsia*, através da análise global de transcriptomas das glândulas salivares por RNaseq. Pools de cDNA das glândulas salivares referentes aos tratamentos foram piroseqüenciados na plataforma 454. A análise das *ESTs* geradas foi realizada pelo aplicativo *Desktop cDNA Annotation System* (dCAS). Ao todo, foram obtidas 703.212 *ESTs* as quais foram reunidas em 18.122 contigs (>3 *ESTs* e >149pb). Estes foram comparados, através do aplicativo *Genblaster*, com seqüências homólogas depositadas em 13 bancos de dados, resultando em um total de 7.939 genes putativos. Verificou superexpressão de genes de proteínas constituintes do cone de cimento nos carrapatos infectados, sugerindo que a *Rickettsia* possa induzir maior aderência do ectoparasito à pele do hospedeiro, durante o repasto sanguíneo, bem como, proteínas com atividade anticoagulante e imunomoduladora.

Palavras-chave: *Amblyomma cajennense*, transcriptômica, glândulas salivares

Financiadora: CAPES