



ANÁLISE TRANSCRIPTÔMICA DE LARVAS DE *Rhipicephalus microplus* EXPOSTAS À *Metarhizium anisopliae*, CIPERMETRINA E SUA ASSOCIAÇÃO

A. Webster^{1,2}, U.A. Souza², J. Reck², J.R. Martins², A. Junges¹, N. Sbaraini¹, C. Staats¹, G. Klafke^{2,3}, J. Tidwell³ & A. Schrank¹

¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil; ²Instituto de Pesquisas Veterinárias Desidério Finamor, Eldorado do Sul, RS, Brasil; ³USDA-ARS Cattle Fever Tick Research Laboratory, Edinburg, Texas, EUA.

O fungo filamentosso *Metarhizium anisopliae* (*Ma*) é um patógeno de artrópodes utilizado no controle biológico de pragas na agricultura e pecuária. O efeito do fungo *Ma* associado a acaricidas químicos para controlar uma cepa de *Rhipicephalus microplus* resistente à acaricidas já foi demonstrado. No entanto, pouco se sabe a respeito dos efeitos fisiológicos desta combinação em carrapatos. O objetivo do presente estudo foi determinar o perfil transcricional de larvas de *R. microplus* expostas a *Ma*, cipermetrina e a associação *Ma*/cipermetrina utilizando a técnica de RNA-seq. Um grupo controle não exposto foi adicionado para comparação. As larvas foram submetidas a extração de RNA utilizando Trizol e enviadas para sequenciamento. Foram realizadas as construções das bibliotecas de RNA e o sequenciamento foi realizado utilizando a plataforma HiSeq. A plataforma Trinity gerou um total de 507.792 transcritos com um tamanho total de 303.160.891 pb. O programa TransDecoder traduziu um total de 104.323 proteínas totalizando 26.249.966 aminoácidos. Foram encontrados 31 genes diferencialmente expressos entre o grupo controle e tratado com *M.a*, 39 entre o grupo controle e cipermetrina, 73 entre o controle e as larvas expostas a *M.a* + cipermetrina, 81 entre *M.a* e o grupo da associação e 46 entre *M.a* e cipermetrina. A maior diferença foi observada ao comparar o grupo tratado com *M. anisopliae* + cipermetrina com larvas expostas à cipermetrina, totalizando 177 genes diferencialmente expressos. Na comparação entre o grupo controle e os grupos tratados com *M.a*, cipermetrina e associação foram identificados, respectivamente, 13, 2 e 37 genes superexpressos nos tratamentos. Utilizando as sequências com anotações conhecidas do carrapato *Ixodes scapularis*, os resultados demonstraram que a exposição à associação *M.a* + cipermetrina determinou um aumento da expressão de genes importantes na resposta à agressão, como genes codificantes para proteína da cutícula, proteína secretada com domínio Kunitz, imunoglobulina contendo domínio I-set e acetilcolinesterase. As alterações observadas neste estudo compreendem o primeiro relato de genes diferencialmente expressos em *R. microplus* expostos a tratamentos com fungo filamentosso, acaricida ou sua associação.

Palavras-chave: Carrapato, fungo, acaricida, RNAseq, biocontrole.

Financiamento: CAPES, CNPq, FAPERGS.