

EXPRESSÃO ESPACIAL NO INTESTINO MÉDIO DE GENES ASSOCIADOS À IMUNIDADE EM CAMARÕES *LITOPENAEUS VANNAMEI* DESAFIADOS COM WSSV

XVI ENBRAPOA ONLINE, 0ª edição, de 03/11/2021 a 05/11/2021
ISBN dos Anais: 978-65-81152-23-9

GAGLIARDI; Talita Ribeiro¹, FERREIRA; Juliana do Nascimento², PILOTTO; Mariana Rangel Pilotto³, ROSA; Rafael Diego da⁴, PERAZZOLO; Luciane Maria⁵

RESUMO

O comportamento hierárquico dos camarões que sucede ao canibalismo, principalmente de animais doentes e moribundos, torna a via oral uma importante entrada de patógenos, como o vírus da síndrome da mancha branca (WSSV). Acredita-se que por haver uma alta carga patogênica adentrando pela via oral, o sistema de defesa epitelial dos animais possa ter se especializado como exemplo dos insetos, no qual o epitélio intestinal possui respostas imunológicas especializadas e regionalizadas, não sendo conhecidas em camarões. Nesse contexto, o presente estudo avaliou o perfil transcricional de genes associados à imunidade em três diferentes porções do intestino médio (IM) em anterior, medial e posterior de juvenis de *Litopenaeus vannamei* naïve e desafiados oralmente com o WSSV. Passadas 48h do desafio, intersecções foram feitas no IM dos camarões considerando o segmento abdominal, por porção anterior, medial e posterior. O perfil transcricional de 37 genes associados ao sistema imune foi investigado nas porções anterior, medial e posterior do intestino médio de camarões juvenis de *L. vannamei*. Nos animais naïve, 22% dos genes apresentaram expressão diferencial em uma das regiões do IM (*Litvan* ALF- G, *Lvan*- Stylicin1, *Lvan*-Stylicin2, *Lv*IAP3, *Lv*Toll3, *Lv*Toll4, *Lv*PPAE e *Lv*2M-2). Após o desafio dos animais com WSSV, a expressão de 81% dos genes foi consideravelmente reprimida de diferentes categorias funcionais imunológicas como: Peptídeos Antimicrobianos (PAMs), homeostasia, defesa antiviral, sistema proPO, via Toll, inibidores de proteases e Proteínas de Reconhecimento Padrão (PRPs), com três deles registrando níveis de expressão não quantificáveis (*Lv* Toll3, *Lv* Toll4 e *Lv*2M1) e outros sendo reprimidos em todas as porções do IM: *Lv*PEN4 (2x a 5x), *Lv*proPO1(4x a 6x), *Lv*PPAE2 (5x a 12x) e *Lv*2M-2 (2x a 41x). Contudo, 19% dos transcritos foram induzidos pela infecção viral, estando eles relacionados à inibição de apoptose (*Lv* IAP 3, 2x), homeostasia (*Lv*HHAP 2,9x), defesa antiviral (*Lv* Dcr1 2,3x) e sinalização celular (*Lv* HMGBa 2x). A região anterior do IM apresentou modulação exclusiva de alguns genes (*Litvan* ALF-A, *Litvan* ALF-B, *Litvan* ALF-C, *Litvan* ALF-G, *Lv*Dscam, *Lv*IAP3 e *Lv*DOME), assim como a região medial (*Lv*HHAP, *Lv*Clot, *Lv*TGII e *Lv*Sid-1) e posterior (*Litvan* PEN 1/2). A região anterior do IM dos camarões demonstrou ser um importante sítio de expressão de moléculas antimicrobianas contra patógenos que adentram o camarão pela via oral. Estudos sobre imunidade intestinal dos peneídeos podem auxiliar na compreensão da interação patógeno-hospedeiro e no desenvolvimento de novas estratégias para o controle de enfermidades no cultivo.

PALAVRAS-CHAVE: defesas antivirais, intestino médio, peneídeos, RT-qPCR, sistema imune

¹ Universidade Federal de Santa Catarina , talitagagliardi@gmail.com

² Universidade Federal de Santa Catarina , ferreiraj18@gmail.com

³ Universidade Federal de Santa Catarina , maryrp@gmail.com

⁴ Universidade Federal de Santa Catarina , rafael.d.rosa@ufsc.br

⁵ Universidade Federal de Santa Catarina , l.m.perazzolo@ufsc.br