

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

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

GAGLIARDI; Talita Ribeiro<sup>1</sup>, FERREIRA; Juliana do Nascimento<sup>2</sup>, PILOTTO; Mariana Rangel Pilotto<sup>3</sup>, ROSA; Rafael Diego da<sup>4</sup>, PERAZZOLO; Luciane Maria<sup>5</sup>

## 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 transcrional de genes associados à imunidade em três diferentes porções do intestino médio (IM) em anterior, medial e posterior de juvenis de *Litopenaeus vannamei* naive 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 transcrional 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 naive, 22% dos genes apresentaram expressão diferencial em uma das regiões do IM (*Litvan ALF-G*, *Lvan-Stylicin1*, *Lvan-Stylicin2*, *LvIAP3*, *LvToll3*, *LvToll4*, *LvPPAE* e *Lv2M-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 *Lva2M1*) e outros sendo reprimidos em todas as porções do IM: *LvPEN4* (2x a 5x), *LvproPO1*(4x a 6x), *LvPPAE2* (5x a 12x) e *Lva2M-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 (*LvHHAP* 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*, *LvDscam*, *LvIAP3* e *LvDOME*), assim como a região medial (*LvHHAP*, *LvClot*, *LvTGII* e *LvSid-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

<sup>1</sup> Universidade Federal de Santa Catarina , talitagagliardi@gmail.com

<sup>2</sup> Universidade Federal de Santa Catarina , ferreira.jn18@gmail.com

<sup>3</sup> Universidade Federal de Santa Catarina , maryrp@gmail.com

<sup>4</sup> Universidade Federal de Santa Catarina , rafael.d.rosa@ufsc.br

<sup>5</sup> Universidade Federal de Santa Catarina , l.m.perazzolo@ufsc.br