

Quantificação das citocinas IL-2, IL-12 e IL-13 em linfonodos de bezerros Nelore infectados com *Haemonchus spp*

Adriana Mércia Guaratini Ibelli¹, Liliane Cristina Nakata¹, Rogério Andreo², Márcia Cristina de Sena Oliveira³, Ivo Bianchin⁴, Rogério Taveira Barbosa³, Luciana Correia de Almeida Regitano³

¹ Programa de Pós-Graduação em Genética e Evolução, Universidade Federal de São Carlos, Bolsista CAPES

² Centro Universitário Araraquara – UNIARA, Araraquara -SP

³ Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro de Pesquisa Pecuária do Sudeste, São Carlos – SP

⁴ Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Corte, Campo Grande - MS

Infecções causadas por nematódeos gastrintestinais representam uma das principais causas de perda na produção animal em todo o mundo, afetando a indústria de bovinos, caprinos e ovinos. No sudeste brasileiro, os nematódeos gastrintestinais com maior prevalência em bovinos são tricostrongilídeos dos gêneros *Haemonchus* e *Cooperia*. Estes endoparasitos são responsáveis por uma série de alterações imunológicas, tanto na imunidade inata quanto adquirida, do hospedeiro. As citocinas apresentam um papel central na modulação da resposta imune, incluindo ativação de linfócitos, proliferação, diferenciação e apoptose celular. Algumas delas medeiam imunidade inata recrutando linfócitos para os sítios de inflamação, como por exemplo, IL-12, IL-8 e MCP-1. Outras estão mais relacionadas com a imunidade adquirida, como IL-2, o principal fator de crescimento de células T e IL-4 e IL-13, que estimulam produção de imunoglobulina E (IgE). Desta maneira, o objetivo deste projeto foi verificar a abundância de RNA mensageiro (mRNA) das citocinas IL-2, IL-12 e IL-13 linfonodos abomasais de bovinos submetidos a 1ª infecção com *Haemonchus spp*. Dez bezerros da raça Nelore foram mantidos livres de infecções por parasitos desde o nascimento. Esses animais foram separados em dois grupos: 5 animais submetidos a infecção artificial com larvas de *Haemonchus spp* (grupo tratamento) e 5 animais livres de infecção (grupo controle). A coleta dos abomasos ocorreu sete dias após a infecção e então foi realizado o isolamento do RNA total e síntese de cDNA por transcrição reversa. A quantificação das citocinas foi avaliada pela técnica de RT-PCR em tempo real, utilizando o gene constitutivo RPL-19 como controle e SYBR Green, como corante. As análises referentes às quantificações relativas foram realizadas utilizando o programa REST (*Relative Expression Software Tool*), específico para análises de PCR quantitativo. Dentre as análises, foi encontrada diferença significativa ($P < 0,05$) de abundância de mRNA entre os grupos tratamento e controle para o gene IL-13. Este gene foi aproximadamente vinte vezes mais expresso que o gene constitutivo. Além disso, apesar dos outros genes não apresentarem diferenças significativas, foi possível observar uma super expressão do gene da IL-12 em relação ao gene constitutivo de aproximadamente três vezes, sendo o segundo gene mais expresso entre os analisados. Procurando obter um maior esclarecimento do padrão de resposta imune de bovinos, outros genes relacionados à resposta imunológica do hospedeiro serão selecionados e, posteriormente, analisados.

