



**PERFIL DA EXPRESSÃO PROTEICA EM INTESTINOS DE CARRAPATOS *Amblyomma sculptum***  
**PROTEIN EXPRESSION PROFILE IN THE MIDGUT OF TICKS *Amblyomma sculptum***

**E. Barros<sup>1,3</sup>, V.J.M. Pinheiro<sup>2</sup>, C. Mantovani<sup>1</sup>, C.E. Montandon<sup>1</sup>, R.M. Barcelos<sup>1</sup>, H.N.S. Moreira<sup>1</sup>, M.M.M. Olegário<sup>4</sup>, M.P.J. Szabó<sup>4</sup>, H.J.O. Ramos<sup>2,3</sup> & C.L. Mafra<sup>2,3</sup>**

<sup>1</sup>PPG Bioquímica Agrícola – UFV; <sup>2</sup>Depto. de Bioquímica e Biologia Molecular – UFV; <sup>3</sup>Núcleo de Análise de Biomoléculas – UFV; <sup>4</sup>Depto. Medicina Veterinária – UFU.

Os carrapatos *Amblyomma sculptum* são ácaros hematófagos obrigatórios, amplamente distribuídos nas regiões Sul e Sudeste do Brasil. Anteriormente classificados como *A. cajennense*, apresentam ampla versatilidade parasitária, sendo incriminados como o principal vetor da *Rickettsia rickettsii*,  $\alpha$ -proteo-bactéria causadora da Febre Maculosa Brasileira, doença de elevada letalidade quando não adequadamente identificada e tratada. Na interação com este patógeno, o intestino é o órgão primário no contato com sangue contaminado, sendo os processos de digestão e disseminação por outros órgãos ainda não totalmente elucidados. Visando caracterizar as proteínas expressas e seu papel fisiológico no intestino destes ácaros, realizamos este estudo com o auxílio de uma abordagem proteômica. Assim, 180 machos e 180 fêmeas de *A. sculptum*, livres de patógenos, obtidos de colônias mantidas no Laboratório de Ixodologia da UFU, foram agrupados em lotes com 60 carrapatos de acordo com o sexo. Os intestinos foram dissecados e armazenados em 100 $\mu$ L de tampão de extração, seguido de sonicação e centrifugação, sendo o sobrenadante coletado para compor o extrato de proteínas totais do intestino. Três alíquotas de 50 $\mu$ g de proteínas totais do extrato de intestino de cada grupo foram separadas por SDS-PAGE 1D 12,5%. Após corado e digitalizado, as bandas excisadas em frações de aproximadamente 4mm, foram submetidas a digestão com tripsina e análise posterior por RP LC-MS/MS. Os dados de MS1 e MS2 foram confrontados com o banco de dados de proteínas de Chelicerata (UNIPROT) com o auxílio do MASCOT, sendo os resultados validados e a abundância relativa das proteínas determinada pelo aplicativo Scaffold. Nesta análise parcial, identificamos 22 proteínas, das quais, as mais abundantes foram: putative secreted protein, catalase, putative vitellogenin-2 e histone H4, dentre essas, a catalase apresenta a função de desintoxicação celular, realizando a degradação de peróxido de hidrogênio, o qual é produzido por meio da digestão da hemoglobina.

Palavras-chave: *Amblyomma sculptum*, intestino, proteômica, Shotgun

Financiamento: CNPq, CAPES, FAPEMIG, FINEP