

Zootecnia

Título: Expressão de genes envolvidos na lipogênese em novilhos Nelore terminados com dieta a base de silagem de espiga de milho

Ana Carolina Oliveira Santos - 9º módulo de Zootecnia, UFLA, Bolsista PIBIC/UFLA

Edmilson Heleno dos Reis Domingues - Doutorando em Zootecnia, UFLA.

Lorena Duque Figueredo - 5º módulo de Zootecnia, UFLA, Bolsista PIBIC/UFLA

Gustavo Guimarães Bessa Santos Silva - 5º módulo de Zootecnia, UFLA, Bolsista PIBIC/UFLA

Guilherme de Carvalho Ângelo - 6º módulo de Zootecnia, UFLA, Bolsista PIBIC/UFLA

Márcio Machado Ladeira - Orientador DZO, UFLA. - Orientador - Orientador(a)

Resumo

A gordura intramuscular é importante para o desenvolvimento de sabor, suculência e maciez o que resulta em maior qualidade da carne, sendo portanto, um atributo essencial na decisão dos consumidores no momento da compra. A snaplage é uma silagem composta de fibra e amido, que tem potencial de aumentar a síntese de gordura e consequentemente o marmoreio. Diante disso, objetivou-se nesse trabalho avaliar a expressão de genes envolvidos no metabolismo lipídico em novilhos Nelore terminados com snaplage. Foram utilizados 72 novilhos Nelore com média de 24 meses de idade e peso vivo médio inicial de ± 420 Kg, em um delineamento inteiramente casualizado. O experimento teve 84 dias de duração e 15 dias de adaptação dos animais à dieta. Após o período de adaptação, os animais foram alocados em três tratamentos: 1) tratamento controle, sendo silagem de planta inteira, silagem de milho reconstituído e grão de milho moído, 2) SNAP 1 que continha snaplage e milho grão moído e 3) SNAP 2 no qual continha apenas snaplage. Após o período experimental, os animais foram abatidos e foram coletadas amostras do músculo Longissimus dorsipara análises de expressão gênica. A expressão gênica foi analisada a partir da técnica de RT-qPCR, e os níveis de expressão relativa foram calculados utilizando as médias de CTs (Ciclo Threshold) e normalizados pelo método descrito por Pfaffl. A expressão dos genes ACACA ($P=0,02$) e SCD ($P=0,03$) foram maiores nos músculos dos animais alimentados com snaplage (SNAP1 e SNAP 2) comparado com a dieta controle. Já PPARG foi mais expresso na dieta de SNAP 2 ($P=0,02$). AFABP4 foi mais expressa na dieta SNAP 2 comparado-se a SNAP 1, embora ambos tenham sido iguais à dieta controle ($P=0,10$). Assim, vale salientar que o uso de snaplage tem potencial de estimular a deposição de gordura intramuscular por aumentar a expressão de genes lipogênicos.

Palavras-Chave: Lipogênese, Marmoreio, Snaplage.

Instituição de Fomento: UFLA

Link do pitch: <https://youtu.be/JKM2uyRoB-E>