

Zootecnia

IDENTIFICAÇÃO DE REDES DE CO-EXPRESSÃO GÊNICA E SUAS FUNÇÕES BIOLÓGICAS NO MÚSCULO ESQUELÉTICO DE BOVINOS EM FUNÇÃO DA PROGRAMAÇÃO DO DESENVOLVIMENTO FETAL

Igor Gomes Favero - 6º período de Zootecnia - igor.favero@estudante.ufla.br, UFLA, Bolsista PIBIC/UFLA.

Elisa Barbosa de Carvalho - Doutoranda em Zootecnia, UFLA; DZO.

Helena Graciani Arantes - 8º Módulo de Zootecnia, Bolsista PIBIC/UFLA.

Matheus Henrique da Luz - 9º Módulo de Zootecnia, Bolsista PIBIC/UFLA.

Pedro Henrique Ferreira - 8º Módulo de Zootecnia, Bolsista PIBIC/UFLA.

Mateus Pies Gionbelli - Orientador DZO, UFLA. - Orientador(a)

Resumo

No Brasil, a produção de bovinos de corte é baseada em pastagens, cuja produção varia em quantidade e qualidade durante o ano. Dessa forma, as vacas estão sujeitas a deficiência de nutrientes em parte da gestação, o que pode influenciar o desempenho e qualidade da carne da progênie. Avaliou-se o efeito da suplementação proteica durante o terço médio da gestação sobre a expressão e co-expressão de genes e suas funções biológicas no tecido muscular da progênie. Foram utilizadas 10 vacas gestantes da raça Tabapuã. Durante o primeiro terço da gestação (0 a 100 dias), todas as vacas foram mantidas em pasto de *Brachiaria decumbens* cv. Marandu. No terço médio da gestação (100 a 200 dias), as vacas do grupo controle (6 animais) receberam uma dieta à base de silagem de milho e cana-de-açúcar com 5.5 % de proteína bruta (PB) e mistura mineral, enquanto as vacas do grupo suplementado (4 animais) receberam a mesma dieta mais um suplemento proteico (40% PB, ao nível de 3.5 g/kg de peso vivo). Entre 200 dias de gestação e o parto, todas as vacas foram alimentadas com silagem de milho e mistura mineral. Aos 240 dias de idade, a progênie foi confinada e, após 20 dias, foi realizada uma biópsia do músculo esquelético *Longissimus thoracis*. As amostras foram armazenadas em freezer -20°C para análise subsequente. O RNA das amostras foi extraído e sequenciado para a realização da análise de WGCNA (redes de coexpressão gênica) no software R, com intuito de elucidar as interações gênicas como resultado da nutrição materna. Dos 27 módulos de genes identificados, três módulos foram associados ao efeito da dieta (P-valor $\leq 0,05$): módulo laranja [correlação(r) = -0,85, P-valor = 0,002], módulo salmão (r = 0,79, valor P-valor = 0,007) e módulo ciano (r = 0,64, P-valor = 0,05). Os 15 genes de maior correlação com as dietas foram selecionados para a análise funcional no sistema de classificação PANTHER. Entre eles, foram encontrados o gene *ANGPTL4* (regulação negativa da apoptose e da atividade da lipoproteína lipase), *ANKRD6* (regulação negativa da via de sinalização canônica da Wnt e regulação positiva da cascata JNK), *KLHL10* (homeostase do número de células em um tecido). Conclui-se que a suplementação proteica no terço médio da gestação influencia a expressão de genes relacionados ao metabolismo energético, síntese proteica e desenvolvimento muscular, além de desenvolvimento do tecido adiposo.

Palavras-Chave: expressão gênica, programação fetal, RNA-seq.

Instituição de Fomento: CONSELHO NACIONAL DE DESENVOLVIMENTO CIENTÍFICO E TECNOLÓGICO (CNPq)

Link do pitch: <https://youtu.be/qGwJujUXaQU>