Zootecnia

IDENTIFICAÇÃO DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS E SUAS FUNÇÕES BIOLÓGICAS NO MÚSCULO ESQUELÉTICO DE BOVINOS EM FUNÇÃO DA PROGRAMAÇÃO DO DESENVOLVIMENTO FETAL

Matheus Henrique da Luz - 9o módulo de Zootecnia, UFLA, iniciação científica.

Elisa Barbosa Carvalho - Doutoranda em Zootecnia, UFLA.

Helena Graciani Arantes - 10o módulo de Zootecnia, UFLA.

Rafaella Aureliano - 9o módulo de Zootecnia, UFLA.

Maria Gabriela Borges Bahia Monteiro - 9o módulo de Zootecnia, UFLA, iniciação científica.

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

Resumo

O Brasil possui uma sazonalidade produtiva de forragens ao longo do ano, sujeitando as vacas de corte gestantes a deficiência de nutrientes em parte do período gestacional. Devido a esta escassez, o desenvolvimento fetal e pós-natal pode ser afetado causando danos irreversíveis na progênie. Objetivou-se avaliar o efeito da suplementação proteica durante o terço médio da gestação sobre o desenvolvimento muscular da progênie e identificar os genes diferencialmente expressos e suas funções biológicas responsáveis pelas alterações fenotípicas observadas. O estudo foi conduzido no setor de Bovinocultura de Corte do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Lavras e foram utilizadas 10 vacas gestantes da raça Tabapuã. Durante o 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 de confinamento, 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 das análises posteriores. Foi identificado um total de 310 genes diferencialmente expressos (GDE) entre os tratamentos, sendo 123 genes mais expressos e 187 genes menos expressos no grupo suplementado em comparação ao grupo controle. Entre os genes mais expressos no grupo suplementado, foram encontrados genes relacionados à via de sinalização da insulina (LOC10713184); regulação negativa da apoptose (ANGPTL4 e KRT18); regulação negativa da atividade da lipoproteína lipase (ANGPTL4); organização do sarcômero (KRT19) e transporte transmembrana de potássio (KCNH3). Conclui-se que a suplementação proteica no terço médio da gestação influencia sobre a expressão de genes relacionados ao metabolismo energético, desenvolvimento e metabolismo do tecido muscular e metabolismo do tecido adiposo.

Palavras-Chave: Expressão gênica, Gado de corte, Programação fetal.
Instituição de Fomento: CNPq

Link do pitch: https://youtu.be/LYZIoHcstdc