

Zootecnia

Análise proteômica do músculo esquelético de progênie de vacas de corte submetidas à restrição nutricional durante a gestação

Alysson Marques Magela - 6º módulo de Agronomia, UFLA, bolsista PIBITI-CNPQ

Diana Carolina Cediel - Estudante de doutorado em Zootecnia, UFLA

Karolina Batista Nascimento - Pesquisadora associada no nível de Pós-Doutorado, UFLA

Yonnara Júlia Martins Resende Carvalho - 9º módulo de Zootecnia, UFLA

Marco Túlio da Silva - 6º módulo de Agronomia, UFLA

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

Resumo

O plano nutricional materno na gestação influencia o desenvolvimento do tecido muscular da progênie através de mecanismos epigenéticos, o que pode trazer consequências sobre o desempenho e a qualidade da carne do animal em sua vida produtiva. Este estudo investigou o impacto do plano nutricional materno na gestação sobre o perfil proteômico do músculo esquelético de bezerros Zebu. Dezesesseis vacas prenhas (~510 kg) foram alojadas individualmente entre 180 e 270 dias de gestação e receberam uma dieta basal composta por 75% silagem de milho e 25% bagaço de cana. Os tratamentos foram: (1) Controle (CON) dieta basal + sal mineral; e (2) Nitrogênio de liberação gradual no rúmen (NPROT) dieta basal + suplementação com nitrogênio de liberação gradual (Timafeed Boost, Grupo Roullier, França). Após o nascimento, amostras de tecido muscular (*Longissimus thoracis*) foram biopsiadas e armazenadas a -80°C para análise proteômica. As proteínas identificadas passaram por extração, digestão com tripsina, separação de peptídeos e massas (HPLC-MS/MS), identificação (MaxQuant), filtragem, normalização e análise estatística (Perseus). A função das proteínas e processos biológicos envolvidos foi estabelecida com Cytoscape. Foram identificadas 511 proteínas: 85 exclusivas do grupo NPROT, 11 do grupo CON e 415 comuns a ambos. Vinte proteínas diferencialmente abundantes foram identificadas: 11 menos abundantes e 9 mais abundantes no grupo NPROT. Entre as proteínas menos expressas no NPROT, destacaram-se: proteína de choque térmico beta-7, endoplasmína, receptor semelhante a rianodina 1, proteína com domínio de repetição de anquirina e dedo de zinco 1, isoformas de alfa-actinina-4, hidrase de fosfopiruvato, peroxirredoxina-6, subunidade do citocromo c oxidase, isoformas X1 e X2 da redutase de aldose, proteína substrato da proteína quinase C, quinase de caseína em neurônios 3 e componente acetiltransferase da piruvato desidrogenase. Dentre as proteínas mais expressas no NPROT, destacaram-se: malato desidrogenase, hidrase de fosfopiruvato, subunidade alfa da proteína de capeamento de F-actina, proteína de estresse-70 mitocondrial, acetil-CoA acetiltransferase mitocondrial, subunidade 4 do citocromo c oxidase, proteína ribossômica ácida P0 de 60S, proteína transmembrana 109 e subunidade de ferro-enxofre da succinato desidrogenase [ubiquinona] mitocondrial. O uso de NPROT favorece a produção de energia celular, síntese proteica e metabolismo oxidativo das fibras musculares da progênie.

Palavras-Chave: Nitrogênio , Programação fetal , Proteína .

Instituição de Fomento: PIBITI-CNPQ, Roullier Group, FAPEMIG (#APQ-04181-22), CAPES e CNPQ (#311660/2023-1)

Link do pitch: <https://youtu.be/y8SLRp1Ftas>