

## EXPRESSÃO DIFERENCIAL DO GENE *MYLK2* EM FRANGOS DE CORTE NORMAIS E AFETADOS COM *WHITE STRIPING*

Caroline Michele Marinho Marciano<sup>1</sup>, Igor Ricardo Savoldi<sup>2</sup>, Kamilla Bleil do Karmo<sup>2</sup>, Diego de Córdova Cucco<sup>3</sup>, Adriana Mércia Guaratini Ibelli<sup>4</sup>, Jane de Oliveira Peixoto<sup>4</sup>, Mônica Corrêa Ledur<sup>4,5</sup>

<sup>1</sup> Acadêmica do Mestrado em Zootecnia – PPGZOO - UDESC Oeste - bolsista FAPESC

<sup>2</sup> Acadêmico do Curso de Biologia da Universidade do Contestado – UnC – bolsista PIBIC/CNPq

<sup>3</sup> Professor, Departamento de Zootecnia, UDESC Oeste.

<sup>4</sup> Embrapa Suínos e Aves, Concórdia-SC

<sup>5</sup> Orientadora, PPGZOO – UDESC Oeste, Chapecó-SC. monica.ledur@embrapa.br.

Palavras-chave: avicultura. miopatia peitoral. qPCR

A incidência de miopatias peitorais em frangos de corte tem sido um problema do setor avícola nos últimos anos. A maioria das miopatias é encontrada no peito do frango, devido à intensa seleção genética realizada para aumento do rendimento de peito e alto desempenho. Os frangos acometidos com miopatias não apresentam redução em desempenho zootécnico, entretanto ocasionam perdas econômicas devido a condenação de carcaças e redução da qualidade da carne. O *White Striping* (WS) é uma miopatia muscular caracterizada por aparecimento de estrias brancas paralelas às fibras musculares no peito do frango. Devido à importância econômica desse corte nobre, se faz necessário evidenciar os mecanismos genéticos que controlam a manifestação dessas miopatias em frangos de corte. Para tal, frangos de corte machos da linhagem Cobb 500<sup>®</sup> de 42 dias de idade, 16 normais e 16 afetados com WS, foram utilizados. Amostras de tecido do músculo peitoral foram coletadas após eutanásia por deslocamento cervical, imediatamente congeladas em nitrogênio líquido e submetidas à extração do RNA total e a síntese de cDNA. Considerando o nível de expressão no transcriptoma, obtido em estudo prévio, e as funções biológicas, os genes *SMAD3* (*SMAD Family Member 3*), *ACTG1* (*Actin, gamma 1*) e *MYLK2* (*Myosin Light Chain Kinase 2*) foram escolhidos para análise de expressão gênica por PCR quantitativa (qPCR). Os *primers* para os genes foram desenhados com base na sequência do genoma da galinha doméstica no Genbank e Ensembl. A amplificação dos genes alvo foi realizada por qPCR e os valores do ciclo de amplificação (Cts) dos genes foram obtidos. O programa REST<sup>®</sup> foi utilizado para comparação entre os grupos experimentais por meio de análise não paramétrica e o gene *RPL4* (*Ribosomal Protein L4*) foi utilizado como gene constitutivo. Foi possível observar que o gene *MYLK2* apresentou menor expressão no grupo afetado em relação aos frangos normais ( $p < 0,05$ ), enquanto os genes *SMAD3* e *ACTG1* não apresentaram diferenças na expressão entre os grupos ( $p > 0,05$ ). O gene *MYLK2* participa das vias de sinalização do cálcio e de regulação do citoesqueleto de actina. Este gene codifica uma enzima dependente de  $Ca^{2+}$  e calmodulina que é responsável pela contração muscular por meio da fosforilação da cadeia leve da miosina. Sabe-se que músculos peitorais com a miopatia WS severa apresentam baixa integridade das proteínas miofibrilares, resultando em menor capacidade de retenção de água em comparação com peitos normais. A redução na expressão do *MYLK2* afeta o transporte de cálcio em fibras glicolíticas do músculo esquelético, altera os níveis citoplasmáticos de  $Ca^{2+}$  e

resulta em perda de água e íons. Portanto, a alteração do perfil de expressão do *MYLK2* indica possível contribuição desse gene para a ocorrência de *White Striping*.