

13 a 16 de Abril de 2021 - Online

Da produção de alimentos à saúde única



XXIII Encontro de Genética do Nordeste

ENGENE

Anais do evento



XXIII ENGENE

Promoção



Organização



UNIVERSIDADE
FEDERAL
DE PERNAMBUCO



UNIVERSIDADE
FEDERAL RURAL
DE PERNAMBUCO



Petrolina - PE
2021



FICHA CATALOGRÁFICA

ANAIS DO XXIII ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE

EVENTO ONLINE | Petrolina-PE | 13 A 16 DE ABRIL DE 2021

Edição Técnica

Gisele Veneroni Gouveia; João José de Simoni Gouveia & Mateus Matiuzzi da Costa

Diagramação

Alisson Amorim Siqueira

Todos os resumos neste livro foram reproduzidos de cópias fornecidas pelos autores e o conteúdo dos textos é de exclusiva responsabilidade dos mesmos. A organização do referente evento não se responsabiliza por consequências decorrentes do uso de quaisquer dados, afirmações e/ou opiniões inexatas ou que conduzam a erros publicados neste livro de trabalhos. É de inteira responsabilidade dos autores o registro dos trabalhos nos conselhos de ética animal, de pesquisa ou SisGen.

Copyright © 2021 - ENGENE / SBG

Todos os direitos reservados. Nenhuma parte desta obra pode ser reproduzida, arquivada ou transmitida, em qualquer forma ou por qualquer meio, sem permissão escrita da organização do evento.



Análise comparativa de transcriptoma de frangos normais e afetados com necrose da cabeça do fêmur

Autores: Iara Goldoni¹; Adriana Mércia Guaratini Ibelli^{1,2}; Jane de Oliveira Peixoto^{1,2}; Ludmila Mudri Hul¹; Maurício Egídio Cantão²; Mônica Corrêa Ledur^{2,3}

Instituições: ¹Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Universidade Estadual do Centro-Oeste, Guarapuava, Paraná; ²Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, Santa Catarina; ³Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UDESC-Oeste, Chapecó, SC. **E-mail para correspondência:** adriana.ibelli@gmail.com

Palavras-chave: problemas locomotores; expressão gênica; RNA-Seq

Apoio: Embrapa (Projeto #01.11.07.002.04.03)

A separação da cartilagem e placa de crescimento femoral (FHS) é uma condição subclínica, considerada como uma fase inicial da Necrose da Cabeça Femoral (FHN), um dos principais problemas locomotores que afetam a produção de frangos de corte. Sabendo da importância desta condição em aves, o objetivo deste trabalho foi realizar uma análise comparativa do perfil de expressão gênica compartilhado entre a cartilagem articular (AC) e a placa de crescimento (GP) da cabeça do fêmur de frangos de corte normais e afetados com FHS aos 35 dias de idade. Para isso, 8 transcriptomas obtidos por sequenciamento de RNA (RNA-Seq) de amostras de animais normais e 8 afetados com FHS foram analisados. As sequências foram submetidas a análises de controle de qualidade utilizando a ferramenta Trimmomatic, mapeadas com o software STAR e submetidas a análise de expressão diferencial no programa EdgeR do R. Após a obtenção dos genes diferencialmente expressos (DE), as análises funcionais foram realizadas na base de dados DAVID 6.8 e STRING. Além disso, foi feita uma busca de estudos de expressão gênica com FHN disponíveis em outras espécies utilizando o termo FHN na base de dados pública *Gene Expression Omnibus* (GEO), para verificar a presença de estudos de expressão gênica com FHN disponíveis em outras espécies, na tentativa de encontrar genes e processos biológicos compartilhados em diferentes espécies. Um total de 36 genes DE foram compartilhados nos tecidos AC e GP, sendo que mais de 90% foi superexpresso no grupo afetado com FHS em relação ao grupo normal. Destes, 23 genes foram enriquecidos em processos biológicos relacionados ao transporte de íons, fatores de tradução, homeostasia e resposta imune. Quando os 36 genes DE foram comparados aos dois estudos disponíveis com humano no GEO (GSE123568 e GSE74089), 8 genes DE entre os grupos normal e afetado com FHN foram compartilhados entre as duas espécies sendo eles: *SLC4A1*, *EPB42*, *ANK1*, *SPTB*, *CCL26*, *ADA*, *SLC25A37* e *MKNK2*. Desta forma, genes DE compartilhados entre AC e GP foram identificados, mostrando os genes envolvidos com FHS nos dois tecidos avaliados em galinhas. Além disso, a comparação dos genes DE em humanos e galinhas permitiu identificar genes comuns envolvidos com o FHN nas duas espécies. Portanto, com este trabalho foi possível elencar novos genes candidatos relacionados a FHS/FHN em galinhas, e que os genes *SLC4A1*, *ANK1*, *MKNK2*, *SPTB*, *ADA* devem ser melhor explorados a fim de validá-los como marcadores moleculares para esta condição.