

HOLOGENOMA RUMINANTE – CARACTERIZAÇÃO DA POPULAÇÃO DE MICRORGANISMOS DO TRATO DIGESTIVO DE RUMINANTES E SEU IMPACTO SOBRE O GENOMA FUNCIONAL DO HOSPEDEIRO, DESEMPENHO, QUALIDADE DO PRODUTO E IMPACTO AMBIENTAL

Luciana Correia de Almeida Regitano¹; Priscila Neubern de Oliveira²; Bruno Gabriel de Andrade²

¹ Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Pecuária Sudeste, ² Bolsista de Pós-Doutorado FAPESP

O hologenoma é um conceito evolutivo de que tanto o hospedeiro quanto seus microrganismos associados (microbiota) formam uma entidade biológica única conhecida como holobionte, cuja interação afeta o desenvolvimento e a aptidão geral do chamado hologenoma, de tal forma que vem sendo considerado um nível independente de seleção. Nos ruminantes, a fermentação microbiana no rúmen produz metano como subproduto, um gás de efeito estufa com elevado impacto ambiental. Sendo a eficiência alimentar um dos maiores custos da produção de bovinos de corte e inversamente proporcional à produção de metano, a melhoria dessa característica tem potencial não apenas de reduzir o custo da produção, mas também de reduzir a expansão territorial das áreas de produção e a emissão de metano. Assim como a redução do custo de produção, a melhoria da qualidade do produto e do impacto ambiental são fatores fundamentais para a conquista de novos mercados para a carne bovina brasileira.

Em projeto anterior financiado pela FAPESP, produzimos dados genômicos estruturais e funcionais em uma população de referência da raça Nelore, revelando, com isso, os principais atores da regulação da expressão gênica e como essa expressão se relaciona com processos biológicos relevantes para características de qualidade da carne e eficiência alimentar em animais terminados em confinamento.

Atualmente estamos nos dedicando à análise de dados para integrar ainda mais os diferentes níveis de informação genômica e fenotípica, buscando variações genéticas que expliquem as diferenças observadas na expressão gênica.

Além do genoma funcional do hospedeiro, investigaremos o perfil de microrganismos e de metabólitos do rúmen de uma nova amostra de bovinos da raça Nelore, criados a pasto e terminados em confinamento, contrastando animais alimentados com dieta tradicional e dieta de subprodutos, essa última visando alternativas para a redução de impactos ambientais.

A adição da informação sobre a microbiota aos dados de genômica funcional do hospedeiro permitirá responder a questões cruciais sobre as relações entre a diversidade funcional da microbiota e o ambiente do hospedeiro,

contribuindo ainda para o delineamento de estratégias de seleção e manejo visando à produção eficiente de carne de melhor qualidade. Essas informações poderão auxiliar na estimativa do valor genético de um reprodutor para essas características, contribuindo para melhorar a confiabilidade das avaliações genéticas em programas de melhoramento.

Fontes de financiamento: Embrapa, FAPESP, CNPq e CAPES.

RESULTADOS

Até o momento, identificamos genes e elementos regulatórios (moléculas de miRNA, regiões do DNA) que contribuem para as variações de eficiência alimentar e para a qualidade da carcaça e da carne do Nelore, inclusive para características que não são normalmente avaliadas nos programas de melhoramento, como a maciez, a composição da gordura e a quantidade de minerais da carne (Tabela 1). Também relacionamos o nível de expressão de milhares de genes às diversas características de desempenho e qualidade do produto.

PRÓXIMAS ETAPAS E RECOMENDAÇÕES

Para que toda essa informação sobre o funcionamento dos genes possa ser utilizada para discriminar os melhores animais na rotina do melhoramento, ainda precisamos encontrar as variações de DNA que fazem com que um gene se expresse mais ou menos, razão pela qual estamos conduzindo novas análises de dados, integrando as informações de DNA, RNA, miRNA e proteínas com as medidas de produção de cada animal. Além disso, estamos investigando a relação entre o perfil individual de microbiota e de metabólitos com as mesmas medidas (eficiência alimentar, qualidade da carcaça e da carne), a fim de desenvolver métodos para identificar animais que produzem melhor e de forma mais eficiente. Outra finalidade é fornecer as bases de conhecimento para o desenvolvimento de métodos que visem controlar a composição da microbiota, como forma de melhorar o desempenho dos animais.

DADOS PUBLICADOS EM:

CARVALHO, M. E.; GASPARIN, G.; POLETI, M. D.; ROSA, A. F.; BALIEIRO, J. C. C.; LABATE, C. A.; NASSU, R. T.; TULLIO, R. R.; REGITANO, L. C. A.; MOURÃO, G. B.; COUTINHO, L. L. Heat shock and structural proteins associated with meat tenderness in Nelore beef cattle, a *Bos indicus* breed. *Meat Science*, v. 96, n. 3, p. 1318-1324, Mar. 2014.

MUDADU, M. de A.; PORTO NETO, L. R.; MOKRY, F. B.; TIZIOTO, P. C.; OLIVEIRA, P. S. N. de; TULLIO, R. R.; NASSU, R. T.; NICIURA, S. C. M.; THOLON, P.; ALENCAR, M. M. de; HIGA, R. H.; ROSA, A. do N.; FEIJO, G. L. D.; FERRAZ, A. L. J.; SILVA, L. O. C. da; MEDEIROS, S. R. de; LANNA, D. P. D.; NASCIMENTO, M. L. do; CHAVES, A. S.; SOUZA, A. R. D. L.; PACKER, I. U.; TORRES JUNIOR, R. A. de A.; SIQUEIRA, F.; MOURAO, G. B.; COUTINHO, L. L.; REVERTER, A.; REGITANO, L. C. de A. Genomic structure and marker-derived gene networks for growth and meat quality traits of Brazilian Nelore beef cattle. *BMC Genomics*, v. 17, p. 1-16, Mar. 2016.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS:

CESAR, A. S. M.; REGITANO, L. C. A.; KOLTES, J. E.; FRITZ-WATERS, E.; LANNA, D. P. D.; GASPARIN, G.; MOURÃO, G. B.; OLIVEIRA, P. S. N.; REECY, J. M.; COUTINHO, L. L. Putative regulatory factors associated with intramuscular fat content. *PLoS ONE*, v. 10, n. 6, p. 1-21, June 2015.

CESAR, A. S. M.; REGITANO, L. C. A.; POLETI, M. D.; ANDRADE, S. C. S.; TIZIOTO, P. C.; OLIVEIRA, P. S. N.; FELÍCIO, A. M.; NASCIMENTO, M. L.; CHAVES, A. S.; LANNA, D. P. D.; TULLIO, R. R.; NASSU, R. T.; KOLTES, J. E.; FRITZ-WATERS, E.; REECY, J. M.; COUTINHO, L. L. Differences in the skeletal muscle transcriptome profile associated with extreme values of fatty acids content. *BMC Genomics*, v. 17, p. 1-16, Nov. 2016.

Continuação no Anexo**COORDENADORES DO PROJETO**

Dra. Luciana Correia de Almeida Regitano

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Pecuária Sudeste.

e-mail: luciana.regitano@embrapa.br.

Tabela 1: Regiões do genoma em que as variações de bases do DNA (Single Nucleotide Polymorphism – SNP) foram associadas com características de eficiência alimentar em bovinos da raça Nelore. Na coluna genes candidatos estão descritos os genes que se encontram na região associada a características de eficiência alimentar

Característica	Janela de SNP	Número de SNPs na janela	% de variância explicada	Cr.	Genes candidatos
CAR	rs132846819-rs136767848	217	1.50	8	
	rs109535395-rs134508640	50	1.42	18	DEPP1, TUBB3
	rs109365529-rs132654030	186	1.12	11	PTGS1
	rs136295413-rs41980878	260	1.12	21	-
CMS	rs133031353-rs42739324	237	3.76	24	HRH4, ZNF521
	rs134105133-rs133615999	161	2.00	13	-
	rs133460769-rs109902312	255	1.29	9	-
CA	rs110424374-rs133308150	73	6.06	12	-
	rs41942246-rs134122046	191	5.99	20	GDNF
	rs42594525-rs109404921	182	1.52	15	LIN7C
	rs109105703-rs136356118	189	1.40	18	-
EA	rs133645581-rs137479730	231	2.58	9	-
	rs134914044-rs42277860	203	2.30	1	-
	rs136028559-rs110570158	250	1.04	14	-
	rs109171156-rs42987702	255	1.03	2	-

Legenda: Consumo Alimentar Residual (CAR), Conversão Alimentar (CA), Consumo de Matéria Seca (CMS), Ganho Médio Diário (GMD) e Eficiência Alimentar (EA).

Fonte: Autoria própria.