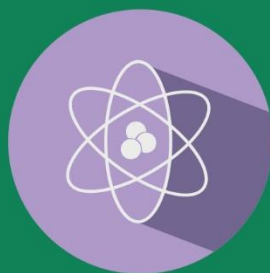
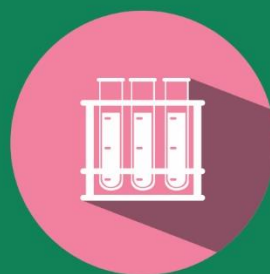


# 16 Jinc

## Anais da 16<sup>a</sup> Jornada de Iniciação Científica JINC



*Fundação Universidade do Contestado*

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Embrapa Suínos e Aves  
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

# **Anais da 16<sup>a</sup> Jornada de Iniciação Científica (JINC)**

*Fundação Universidade do Contestado  
Embrapa Suínos e Aves  
Concórdia, SC  
2022*

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

**Embrapa Suínos e Aves**

BR 153, Km 110  
Caixa Postal 321  
CEP 89.715-899 - Concórdia, SC  
Fone: (49) 3441 0400  
Fax: (49) 3441 0497  
www.embrapa.br  
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

**Fundação Universidade do Contestado - UnC**

Rua Victor Sopesla, 3.000  
Bairro Salete - Caixa Postal 211  
CEP 89.700-970 - Concórdia, SC  
Fone: (49) 3441-1000  
Fax: (49) 3441-1020  
reitoria@unc.br  
www.unc.br

**Unidade responsável pela edição**

Embrapa Suínos e Aves e Fundação  
Universidade do Contestado - UnC

**Instituição responsável pelo conteúdo**

Fundação Universidade do Contestado - UnC

Coordenação editorial: *Tânia Maria Biavatti Celant*  
Editoração eletrônica: *Vivian Fracasso*  
Normalização bibliográfica: *Claudia Antunes Arrieche*  
Criação da logomarca: *Marina Schmidt*  
Arte da capa: *Vivian Fracasso*  
Imagem da capa: Vecteezy

**Nota**

Os artigos publicados são de inteira responsabilidade de seus autores. As opiniões neles contidas não representam, necessariamente, a visão da Embrapa Suínos e Aves. A revisão ortográfica e gramatical dos artigos é de inteira responsabilidade dos respectivos autores.

**1ª edição**

Publicação digitalizada (2022)

**Todos os direitos reservados**

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte,  
constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)**

Embrapa Suínos e Aves

---

Jornada de Iniciação Científica ( 16. : 2022 : Concórdia, SC).

Anais da 16ª Jornada de Iniciação Científica (JINC), Concórdia,  
19 de outubro de 2022. – Concórdia, SC : Fundação Universidade  
do Contestado : Embrapa Suínos e Aves, 2022.

142 p.

Sistema requerido: Adobe Acrobat Reader.

ISBN 978-65-88712-83-2

1. Produção Animal. 2. Suíno. 3. Ave. I. Embrapa Suínos e Aves.  
II. Fundação Universidade do Contestado (UnC).

CDD 636

## **NOVOS MICRORNAS IDENTIFICADOS NO MÚSCULO PEITORAL MAIOR DE FRANGOS DE CORTE**

**Denise Regina Dahmer<sup>1</sup>, Mariane Spudeit Dal Pizzol<sup>2</sup>, Francelly Geralda Campos<sup>3</sup>, Adriana Mércia Guaratini Ibelli<sup>4</sup>, Mônica Corrêa Ledur<sup>5</sup> e Jane de Oliveira Peixoto<sup>5</sup>**

<sup>1</sup>Graduanda em Medicina Veterinária do IFC, Campus Concórdia, Estagiário na Embrapa Suínos e Aves, Bolsista CNPQ/PIBIC, denidahmer1@gmail.com

<sup>2</sup>Mestranda na UDESC, Chapecó, SC

<sup>3</sup>Doutoranda na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG

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

<sup>5</sup>Pesquisadora na Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC

**Palavras-chave:** avicultura, miRNA, expressão gênica.

### **INTRODUÇÃO**

Os avanços tecnológicos, assim como estudos voltados para as áreas de melhoramento genético, sanidade e nutrição, proporcionaram grande fortalecimento da atividade avícola no país (1). Com o decorrer dos anos, foram se desenvolvendo inúmeras raças e cruzamentos voltados para a produção de carne, as quais vêm sendo intensamente selecionadas para maior potencial produtivo. O peito é um corte nobre que representa cerca de 25% da carne da carcaça. Devido ao rápido crescimento das aves, alguns distúrbios têm afetado a musculatura peitoral, como as miopatias, que têm se tornado muito frequente nas últimas décadas. O estudo do desenvolvimento miogênico, assim como a identificação de mecanismos genéticos que atuam no aparecimento de miopatias pode contribuir para o desenvolvimento de frangos de corte mais equilibrados fisiologicamente. Os microRNAs (miRNAs) são moléculas curtas de RNA não codificantes essenciais na regulação da expressão gênica pós transcricional (2) que podem atuar no desenvolvimento do músculo peitoral. Desta forma, este estudo objetivou identificar e caracterizar novos miRNAs presentes no músculo peitoral de duas linhagens de frangos de corte com diferentes potenciais de crescimento: Ross e TT.

### **MATERIAL E MÉTODOS**

Foram utilizados quatro frangos de corte da linhagem Ross e cinco da linhagem TT aos 28 dias de idade. A Ross é umas das linhagens mais comercializadas no País e possui como principais características ser um produto balanceado, com excelente conversão alimentar e ganho de peso diário, além de uniformidade mesmo em ambientes desafiadores. Já a TT é uma linhagem paterna de frangos de corte desenvolvida pela Embrapa Suínos e Aves que vem sendo utilizada como referência para estudos genômicos em aves, possuindo um crescimento um pouco mais lento que a Ross. Os frangos foram sacrificados por deslocamento cervical de acordo com a aprovação do Comitê de Ética no Uso de Animais da Embrapa Suínos e Aves, onde o trabalho foi realizado. Para a extração de RNA, utilizaram-se 100 mg das amostras de músculo peitoral maior (PMM) das aves. Em seguida, as amostras foram trituradas com o auxílio de almofariz, pistilo e nitrogênio líquido. O RNA foi extraído utilizando-se o reagente Trizol, que teve sua qualidade verificada com espectrofotômetro BioDrop, de acordo com instruções do fornecedor. Para as bibliotecas utilizou-se o kit TruSeq Stranded Small RNA (Illumina, Inc.; San Diego CA, USA). Dando sequência ao experimento, realizou-se sequenciamento no equipamento NextSeq (Illumina) utilizando o protocolo *single-end*, no laboratório Lactad da UNICAMP. A avaliação da qualidade das bibliotecas foi realizada no equipamento Bioanalyzer e sua quantificação foi realizada através de qPCR. As sequências passaram por controle de qualidade com a ferramenta Trimmomatic. Posteriormente, as sequências foram alinhadas no programa Bowtie contra um banco de dados de RNAs ribossomais e transportadores, para retirar sequências inespecíficas das amostras, sendo em seguida, alinhadas ao genoma de referência da galinha na base de dados UCSC (*Gallus gallus*, versão 6.0). Novos miRNAs foram preditos utilizando o programa miRDeep2. Para sua caracterização, a ferramenta sRNAtoolbox (<https://arn.ugr.es/srnatoolbox/amirconstarget/>) foi utilizada com os algoritmos Simple seed analysis, TargetSpy, Miranda e PITA para predição de genes alvo de atuação dos microRNAs. Para identificar genes e processos biológicos, a base de dados do Ensembl foi utilizada.

### **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Neste trabalho, foram encontrados 154 miRNAs que ainda não tinham sido descritos no genoma da galinha. Destes pelo menos 3 estão presentes tanto na linhagem Ross quanto na TT e estão situados no cromossomo 14 [mir.gga.chr14\_5917 (chr14: 16091119: 16091175)], 27 [mir.gga.chr27\_11516 (chr27: 8077678: 8077760)] e 3 [mir.gga.chr3\_12064 (chr3:21525238: 21525293)]. A partir da predição de genes alvo de atuação de miRNAs no sRNAtoolbox, observou-se que o miRNA do cromossomo 14 possui a capacidade de atuar em 274 transcritos, o do cromossomo 27 em 213, e aquele do cromossomo 3 em 1461 transcritos (Figura 1). Avaliando os possíveis genes alvo, observou-se que 4 genes (*ACSL3*, *FUT9*, *PTN* e *SPSB1*) podem ser regulados pelos 3 novos miRNAs identificados neste trabalho (3). O gene acyl-CoA sintetase de cadeia longa 3 (*ACSL3*) está envolvido com o metabolismo de lipídeos, atividade ligase e formação de complexo de proteínas, já tendo sido associado com características de qualidade da carne em ovinos (4). Este gene também está em regiões de QTL para peso do músculo peitoral maior, peso corporal e conteúdo de proteína no músculo (10). O gene fucosiltransferase 9 (*FUT9*) também está envolvido no

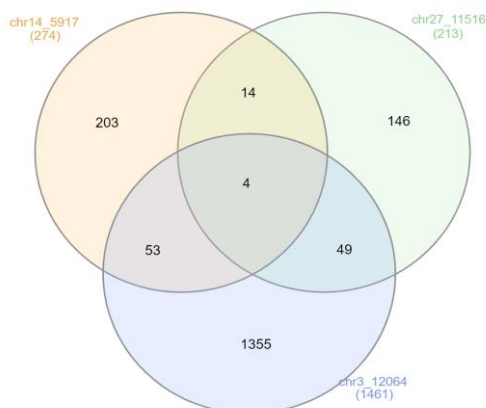
metabolismo de lipídeos, realizando degradação de ácidos graxos em frangos de corte (5). Em um trabalho anterior de nossa equipe, o gene *FUT8*, da mesma família do *FUT9*, foi superexpresso no PMM de frangos com 42 dias de idade afetados com a miopatia *white striping* (6). Já o gene pleiotrophin (*PTN*) apresenta função de ligante de enzimas, divisão celular, resposta imune, entre outros. Em galinhas, sua função é pouco conhecida. No entanto, em camundongos, já foi observado que sua expressão é alta durante a miogênese do músculo esquelético (7). Pouco se conhece também sobre a função do gene *splA/ryanodine receptor domain and SOCS box containing 1 (SPSB1)* em galinhas. Marchesi et al. (6) encontraram que este gene e um outro desta família (*SPSB2*) foram diferencialmente expressos no músculo PMM. De acordo com a base de dados Genecards, em humanos, o *SPSB1* já foi associado com distrofia muscular congênita tipo A7, enquanto que em camundongos foi verificado que este gene se liga e inibe a sinalização de TGF-beta levando a uma miogênese defeituosa (8).

### CONCLUSÕES

Os 3 miRNAs identificados pela primeira vez neste estudo podem atuar na regulação dos genes *ACSL3*, *FUT9*, *PTN* e *SPSB1*, os quais agem principalmente no metabolismo de lipídeos e miogênese. O conhecimento do mecanismo de regulação destes miRNAs possibilita o melhor entendimento da função destes genes no metabolismo das aves, em especial no músculo peitoral, além de serem possíveis marcadores moleculares para esta espécie.

### REFERÊNCIAS

1. PINHEIRO, C. Integração: produtores e indústria em sintonia no mercado avícola. Casa da Agricultura, ano 17, n. 3, p. 29-31, jul./ago./set./2014. Disponível em: <<https://fateclog.com.br/anais/2021/94-86-1-RV.pdf>>. Acesso em: 06 set. 2022.
2. PETERSON, Sarah M. *et al.* **Recursos comuns de ferramentas de previsão de alvos de microRNA.** 2014. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2014.00023/full>. Acesso em: 06 set. 2022.
3. Tian W, Wang D, Wang Z, Jiang K, Li Z, Tian Y, Kang X, Liu X, Li H. Evolution, expression profile, and regulatory characteristics of ACSL gene family in chicken (*Gallus gallus*). *Gene*. 2021 Jan 5;764:145094. doi: 10.1016/j.gene.2020.145094.
4. Zhang M, Guo Y, Su R, Corazzin M, Li J, Huang H, Zhang Y, Yao D, Su L, Zhao L, Jin Y. Effects of physical exercise on muscle metabolism and meat quality characteristics of Mongolian sheep. *Food Sci Nutr*. 2022 Mar 1;10(5):1494-1509.
5. Liu L, Cui H, Fu R, Zheng M, Liu R, Zhao G, Wen J. The regulation of IMF deposition in pectoralis major of fast- and slow- growing chickens at hatching. *J Anim Sci Biotechnol*. 2017.
6. Marchesi JAP, Ibelli AMG, Peixoto JO, Cantão ME, Pandolfi JRC, Marciano CMM, Zanella R, Settles ML, Coutinho LL, Ledur MC. Whole transcriptome analysis of the pectoralis major muscle reveals molecular mechanisms involved with white striping in broiler chickens. *Poult Sci*. 2019 Feb 1;98(2):590-601.
7. Camerino GM, Pierno S, Liantonio A, De Bellis M, Cannone M, Sblendorio V, Conte E, Mele A, Tricarico D, Tavella S, Ruggiu A, Cancedda R, Ohira Y, Danieli-Betto D, Ciciliot S, Germinario E, Sandonà D, Betto R, Camerino DC, Desaphy JF. Effects of pleiotrophin overexpression on mouse skeletal muscles in normal loading and in actual and simulated microgravity. *PLoS One*. 2013.
8. Li, Y. *SPSB1* mediated inhibition of TGF- $\beta$  receptor II signaling impairs protein homeostasis and myogenesis. Tese (Humboldt Universitat zu Berlin). 147p. 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.18452/23927>.



**Figura 1.** Diagrama de Venn mostrando o número de genes alvo dos miRNA descrito no presente trabalho.