

Análise transcriptômica e identificação de reguladores da maturação oocitária em complexos cúmulo-oócito de bovinos da raça Gir Leiteiro

Autores e Instituição:

Autor 1: N. F. Moreira (Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina MG, Brasil)
Autor 2: S. F. Guimarães (Universidade Federal de Viçosa, Viçosa MG, Brasil)
Autor 3: C. M. Bonafé (Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Unaí MG, Brasil)
Autor 4: C. R. Souza (Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina MG, Brasil)
Autor 5: M. F. Martins (Embrapa, Juiz de Fora MG, Brasil)
Autor 6: L. G. B. Siqueira (Embrapa, Juiz de Fora MG, Brasil)
Autor 7: J. D. Guimarães (Universidade Federal de Viçosa, Viçosa MG, Brasil)
Autor 8: L. L. Verardo (Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina MG, Brasil)

Resumo:

Para elevar a eficiência produtiva e promover a sustentabilidade da cadeia leiteira em clima tropical, torna-se essencial a integração entre o melhoramento genético e biotecnologias reprodutivas. Diante desse cenário, a raça Gir Leiteiro (*Bos indicus*) assume papel estratégico como base genética, devido à sua rusticidade, adaptabilidade e potencial produtivo. Assim, a Produção In Vitro de Embriões (PIVE) destaca-se como uma das ferramentas para otimizar o progresso genético e a disseminação de material superior. Contudo, o sucesso da PIVE está diretamente relacionado à qualidade dos oócitos, que depende de alterações nucleares e citoplasmáticas durante a maturação, responsáveis por conferir competência para a fecundação e o desenvolvimento embrionário. Nesse contexto, objetiva-se identificar, por meio da análise da expressão gênica diferencial (RNA-seq) e redes funcionais, os mecanismos moleculares associados à regulação da maturação oocitária. Para isso, utilizaram-se dados de RNA-seq de complexos cúmulo-oócito (COCs) de fêmeas da raça Gir Leiteiro, comparando os estágios pré e pós-maturação in vitro. Foram geradas dez bibliotecas, sendo cinco de COCs submetidos à maturação in vitro (pós-maturação) e cinco de COCs aspirados e imediatamente congelados, sem passar pelo processo de maturação in vitro (pré-maturação), provenientes das mesmas cinco vacas. Estas bibliotecas foram sequenciadas e submetidas ao controle de qualidade e ao pré-processamento. As leituras foram alinhadas ao genoma de referência bovino (ARS-UCD1.2) e a expressão gênica quantificada. A análise diferencial foi realizada com FDR < 0,01, selecionando os 10% dos transcritos com maior valor de Log2 Fold Change (Log2FC). Além disso, as interações gênicas e os processos biológicos associados foram analisados por meio de redes funcionais na plataforma Cytoscape, utilizando o plugin ClueGO, com significância estatística determinada pelo teste hipergeométrico com correção de Bonferroni. A análise funcional dos genes diferencialmente expressos revelou, nos COCs pré-maturação, um enriquecimento de processos relacionados à sinalização da família TGF- β . Essa via atua por meio de proteínas SMAD, que funcionam como mediadores intracelulares, responsáveis pela transdução de sinais e regulação da expressão gênica em processos envolvidos na função ovariana, na foliculogênese e na maturação oocitária. Dentre os genes identificados nesses processos, destacaram-se SMAD6 e SMAD7, associados à regulação da montagem dos complexos SMAD e à modulação da sinalização intracelular. Esses genes são descritos como reguladores da intensidade da sinalização da via TGF- β , atuando no controle da resposta celular a estímulos extracelulares e na modulação da atividade de fatores de transcrição. Dessa forma, a presença de SMAD6 e SMAD7 em COCs pré-maturação sugere que esses genes modulam a via TGF- β , contribuindo para a regulação da progressão da maturação oocitária.

Palavras-chave:

RNA-seq, competência oocitária, TGF- β .