

Expressão de genes das proteínas de choque térmico em bovinos Nelore, Senepol X Nelore e Angus X Nelore após estresse térmico

Ribeiro, ARB¹; Alencar, MM²; Ibelli, AMG³; Carvalho, FM⁴; Souza, JRT⁵; Regitano, LCA²

¹Pós-doutoranda da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro de Pesquisa Pecuária do Sudeste, São Carlos – SP. Bolsista FAPESP

²Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro de Pesquisa Pecuária do Sudeste, São Carlos – SP. Bolsista CNPq

³Aluna de doutorado do Programa de Pós-Graduação em Genética e Evolução, Universidade Federal de São Carlos, Bolsista CAPES

⁴Aluno de doutorado do Programa de Pós-Graduação em Genética e Evolução, Universidade Federal de São Carlos, Bolsista CNPq

⁵Centro Universitário Central Paulista (UNICEP), São Carlos, SP, Bolsista CNPq-PIBlc

Palavras-chave: bovinos, expressão gênica, HSP, qPCR, estresse térmico

A utilização de raças taurinas de corte em sistemas de cruzamento com raças zebuínas tem sido amplamente difundida no Brasil, tendo como principal objetivo o aumento da produção e da qualidade do produto final, a carne. Todavia, a maioria das raças taurinas altamente produtivas possui menor adaptação à ambientes tropicais, sendo que pouco se sabe sobre a adaptabilidade dos produtos de seus cruzamentos às condições brasileiras. As “proteínas de choque térmico” (Hsps – “Heat shock proteins”) foram assim nomeadas por terem sido identificadas primeiramente como aquelas cuja expressão era significativamente aumentada pela exposição ao calor, sendo que células desprovidas ou com baixos níveis dessas proteínas toleram menores níveis de estresse do que outras com níveis normais. Com base no exposto, o objetivo deste estudo foi avaliar a expressão de três genes da família das *heat shock proteins*, HSPA6, HSPA1A e HSF1 em 15 fêmeas de cada um dos grupos genéticos Nelore (NX), Senepol x Nelore (SN) e Angus x Nelore (AN) submetidas a um teste de tolerância ao calor realizado em três dias quentes, de céu aberto, nos meses de verão. Nessas datas os animais foram levados para o curral aproximadamente às 6 horas da manhã e mantidos com acesso à água até as 8 horas, quando foram tomadas as primeiras medidas (manhã). Em seguida, os animais permaneceram no curral sem acesso à água e à sombra até às 13 horas, quando foram realizadas novas medidas (tarde). Nas duas medidas foram coletadas amostras de sangue para as análises da expressão dos genes alvo. A quantificação dos genes foi realizada pela técnica de RT-PCR em tempo real, utilizando o gene constitutivo RPL-19, como controle e SYBR Green, como fluoróforo. As análises referentes às quantificações relativas foram realizadas utilizando o programa REST 2008 (*Relative Expression Software Tool*), específico para análises de PCR quantitativo. Quanto aos resultados dos genes analisados, apenas os animais AN apresentaram indução da expressão do gene HSF1 no período da tarde em relação ao período da manhã. Para as diferenças entre os grupos genéticos no período da manhã, o grupo AN apresentou menor abundância de mRNA do que o grupo controle (NX). Na análise de todos os grupos genéticos em conjunto, entre os horários manhã x tarde, houve efeito significativo para o gene HSF1 ($P < 0,05$) e tendência para o gene HSPA6 ($P = 0,08$) de maior expressão destes na medida da tarde. Não foram observadas diferenças para o gene HSPA1A. Com base nesses resultados, pode-se concluir que, o gene HSF1 apresentou maior resposta ao estresse térmico imposto, e, entre os grupos genéticos estudados, o AN, foi o grupo menos adaptado.

Apoio Financeiro: FAPESP

