

Análise preliminar da expressão gênica diferencial em músculo de vacas de descarte com diferentes fenótipos para maciez da carne

*Primeiro autor: Thalles Polcarpo de Carvalho Lima
Demais autores: Lima, T. P. C.^{1*}; Bonin, M. N.³;
Souza, G. M.⁴; Ferraz, A. L. J.⁵; Surita, L. M. A.⁶;
Fausto, D. A.⁷; Delgado, E. F.⁸; Coutinho, L. L.⁸;
Feijó, G. L. D.²*

Resumo

A carne bovina brasileira apresenta deficiências e/ou desuniformidade no quesito maciez e, sendo esse o item mais importante para o consumidor, é mister buscar soluções para melhorar ou ao menos uniformizá-la. Na pecuária bovina de corte, a prática que mais impacta a maciez é a redução na idade de abate, pois se diminui o endurecimento pela termo-estabilidade do tecido conjuntivo muscular. Assim sendo, objetivava-se neste trabalho analisar a expressão gênica em músculos de vacas de descarte da raça Nelore classificadas conforme a maciez da carne (macia ou dura). Populações de mRNAs de 20 músculos foram comparadas por meio de técnicas de sequenciamento de RNA. A análise preliminar dos dados mostrou um conjunto de genes ($P < 0,01$) que podem estar associados ao fenótipo maciez da carne antes e depois da maturação. Dentre os 20 genes com maior probabilidade de expressão gênica diferencial para carne sem maturação se encontram: MYO18B, RSBN1, UNC5B, RGN, SRC, ARRDC2, GBF1, PGAP2, ABLIM3, OSBPL11,

(1) Mestrando em Zootecnia pela Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul - UEMS Aquidauana. thallescarvalho@hotmail.com. (2) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (3) DCR Fundect/CNPq. (4) Bolsista DTI - CNPq. (5) Professor da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul. (6) Graduada de Zootecnia da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul. (7) Doutoranda Ciência Animal Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - USP/ESALQ. (8) Professor da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".
* Autor correspondente.

B3GAT3, GJC1, STXBP3, MYLIP, EGFL8, POMT2, RASSF8 e MID1. Já para a carne maturada há evidências para: KLF15, HHEX, ARHGAP, ARIH2, DSG3, SIGLEC10, ASNS, TAPBP, MYBPHL, CDC6, SMC3, OAT, SCPEP1, SPATA6, MYF5, EPHB1, GPER e SLITRK2. Esses resultados preliminares serão confirmados com a inclusão dos dados do sequenciamento de outras 18 vacas desse experimento e 35 amostras de um experimento semelhante. A aplicação desse conhecimento para a identificação de marcadores moleculares associados à maciez da carne e futuro uso dos mesmos na seleção de bovinos de corte poderá ter papel decisivo no futuro da pecuária sul-mato-grossense e brasileira, já que é notório o potencial da biotecnologia para o progresso e desenvolvimento da cadeia produtiva da carne, garantindo a manutenção, ou mesmo aumento, do consumo interno e das exportações.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Fundect, CNPq, UEMS.