

PERFIL DE EXPRESSÃO DE GENES ASSOCIADOS AO COLÁGENO NO TRANSCRIPTOMA DE SUÍNOS NORMAIS E AFETADOS COM HÉRNIA UMBILICAL

Mayla Regina Souza¹, Adriana Mercia Guaratini Ibelli², Jane de Oliveira Peixoto², Marcos Antônio Zanella Mores², Maurício Egídio Cantão², Marcel Manente Boiago³, Mônica Corrêa Ledur^{2,4}

¹ Acadêmico (a) do Curso de Mestrado em Zootecnia – UDESC Oeste - bolsista FAPESC

² Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, Santa Catarina, Brasil

³ Professor, Departamento de Zootecnia, UDESC Oeste, Chapecó, Santa Catarina, Brasil

⁴ Orientadora, PPGZOO – UDESC Oeste - monica.ledur@embrapa.br

Palavras-chave: Expressão gênica. Genoma. Colágeno.

A hérnia umbilical é uma protrusão do conteúdo abdominal que ocorre geralmente por um defeito na musculatura da região umbilical causando aos animais desconforto e dor. A presença de hérnias aumenta as perdas produtivas e econômicas, pois os animais acometidos possuem menores taxas de crescimento, maior conversão alimentar e maior taxa de mortalidade em relação aos animais saudáveis. Devido a esses problemas, o objetivo deste estudo foi avaliar o perfil de expressão de genes relacionados ao metabolismo de colágeno no transcriptoma de suínos normais e afetados com hérnia umbilical e sua relação com a incidência desta condição. Para tal, foram utilizados dados de um estudo prévio de RNA-Seq obtidos a partir de 10 suínos com 90 dias de idade, sendo 5 fêmeas normais e 5 com hérnia umbilical. Amostras do tecido herniário foram coletadas e submetidas à extração do RNA total, construção de bibliotecas de cDNA e sequenciamento do RNAm em equipamento HiSeq2500 Illumina (2x100pb). Para a análise das sequências, o controle de qualidade foi realizado no programa Seqclean. As sequências foram mapeadas contra o genoma de referência do suíno (*Sus scrofa* v11.1) e para a contagem das *reads* foi usado como referência a versão de anotação do genoma do suíno Sscrofa11.1 - Ensembl 90. A expressão diferencial entre os grupos foi avaliada utilizando-se o programa EdgeR. Dessa forma, foram identificados 231 genes diferencialmente expressos (FDR<0,05), destes 147 foram menos expressos e 84 mais expressos em animais afetados em comparação ao grupo controle. A partir da análise funcional *in silico* desse transcriptoma, um grupo de genes DE relacionado ao metabolismo de colágeno foi prospectado. Dentre eles, destacam-se os genes *MMP13* (*matrix metalloproteinase 13*), *COL6A5* (*collagen type VI alpha 5 chain*) e *COL11A2* (*collagen type XI alpha 2 chain*) que foram, respectivamente, 7,29, 4,3 e 4,12 vezes menos expressos nos animais com hérnias em relação aos animais saudáveis. Menores quantidades de colágeno podem causar flacidez, enfraquecimento e maior fragilidade do tecido do anel herniário, favorecendo o desenvolvimento de hérnias umbilicais. O gene *MMP13*, que é uma metaloproteínase, atua regulando proteínas da matriz celular, incluindo o colágeno fibrilar. Estudos demonstram que este gene tem atuação maior sobre o colágeno tipo II e ainda pode ter uma grande influência na degradação de cartilagens. Já os genes *COL6A5* e *COL11A2* atuam conferindo organização estrutural e força a tecidos conectivos. Dessa forma, a menor expressão destes três genes nos

animais afetados pode contribuir com a incidência das hérnias umbilicais em suínos através da menor expressão de colágenos que são responsáveis pela sustentação do tecido herniário.