

EFEITO DO ÁCIDO LINOLEICO CONJUGADO (CLA) *TRANS-10*, *CIS-12* SOBRE A SÍNTESE DE GORDURA NO LEITE DE PORCAS LACTANTES

Lais Pellizzaro Batalha¹, Eveline Caterine Sandri², Dimas Estrasulas de Oliveira³

¹ Acadêmica do Curso de Medicina Veterinária – CAV - bolsista PIBIC/CNPq.

² Acadêmico do Programa de Pós-graduação em Ciência Animal – CAV.

³ Orientador, Departamento de Produção Animal e Alimentos – dimas.oliveira@udesc.br.

Palavras-chave: Lipogênese. Não-ruminantes.

A alta competitividade do mercado atual na área de suinocultura exige o uso de técnicas de aprimoramento e melhoria da eficiência produtiva, reprodutiva e qualidade da carcaça dos animais. Em função disso, o uso de suplementos lipídicos capazes de alterar o metabolismo animal estão sendo cada vez mais estudados. Destes, o ácido linoleico conjugado (CLA) tem sido objeto de investigação. Uma das hipóteses é que nas porcas, o CLA age mais intensamente sobre as enzimas envolvidas no metabolismo de ácidos graxos circulantes, tais como a lipase lipoproteica (LPL) e proteína de ligação ao ácido graxo (FABP), interferindo no metabolismo lactacional, promovendo redução do gasto energético da lactação e do catabolismo das reservas corporais. Dessa forma, mesmo que indiretamente, o CLA pode melhorar a eficiência reprodutiva pela melhor condição com que a porca inicia um novo ciclo. No caso desses animais, as fontes predominantes de ácidos graxos envolvidos na síntese de gordura do leite são provenientes da circulação sanguínea, derivados da dieta ou das reservas corporais. O objetivo deste trabalho é avaliar o efeito da suplementação de CLA para porcas em lactação sobre a redução da gordura do leite e sua ação sobre a expressão gênica de enzimas envolvidas na síntese de gordura. No experimento realizado, foram utilizadas 20 porcas em lactação, com média de 3 partos e peso médio de 200kg. Os tratamentos foram: 1) Controle, sem adição de CLA; 2) 1% de CLA (29,9% de *trans-10*, *cis-12* e 29,8% de *cis-9*, *trans-11*) misturado na ração. Os animais eram mantidos em celas parideiras, com ambiente controlado. O fornecimento do CLA iniciou aos sete dias de lactação e foi mantido até 25 dias de lactação, totalizando um período de 18 dias de suplementação. Amostras de leite foram coletadas dos animais de cada tratamento para avaliação da composição (gordura, proteína, lactose e sólidos totais), antes de iniciar os tratamentos (sete dias de lactação) e no último dia do período experimental (25 dias). No final do período experimental também foram coletadas amostras de leite para avaliar o perfil de ácidos graxos. Foram realizadas biópsias de glândula mamária e de tecido adiposo e a partir das amostras de tecido foi isolado o RNA e através da análise de RT-qPCR foi avaliada a expressão dos genes que codificam as enzimas lipase lipoproteica (LPL), esteroil-CoA dessaturase (SCD), sintase de ácidos graxos (FASN) e acetil-CoA carboxilase alfa (ACC- α), proteínas de ligação a ácidos graxos (FABP3), acilglicerol-3-fosfato aciltransferase (AGPAT6) e diacilglicerol aciltransferase 1 (DGAT1). Os dados obtidos foram analisados pelo programa estatístico SAS através do procedimento MIXED como medidas repetidas para a produção e composição do leite. Para a expressão gênica tem-se usado a média geométrica dos “housekeeping” genes proteína

ribossomal S18 (RPS18) e beta-actina (β -Actina) como covariável no modelo de análise. A diferença é declarada significativa a 5%. Como resultado nesse experimento sobre a composição do leite, observou-se, respectivamente a redução no teor de gordura e proteína em 20 e X% com o fornecimento de CLA. O teor de lactose do leite e o peso da leitegada não variou entre os tratamentos. Na Figura 1 pode ser observado que os genes que codificam as enzimas como ACC- α , FASN, SCD1, AGPAT6 e DGAT1, tiveram suas expressões diminuídas e na Figura 2 demonstra que a LPL também foi reduzida. Já a FABP3 não foi diferente entre os tratamentos.

Fig. 1 Abundância de mRNA relativa dos genes ACC- α , FASN, SCD1, AGPAT6, DGAT1 quando submetidos ao tratamento controle ou CLA.

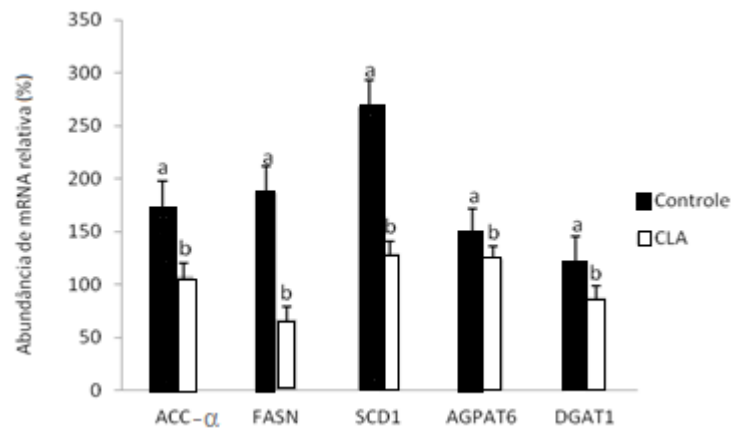


Fig. 2 Abundância de mRNA relativa dos genes LPL e FABP3 quando submetidos ao tratamento controle ou CLA.

