



GENES ASSOCIADOS À NECROSE DA CABEÇA DO FÊMUR EM FRANGOS DE CORTE

BRUNA PETRY¹, ADRIANA MÉRCIA GUARATINI IBELLI², JANE DE OLIVEIRA PEIXOTO², MÔNICA CORRÊA LEDUR²

O Brasil é o maior exportador mundial de carne de frango e todo esse avanço se deve às boas práticas de manejo nos aviários, sanidade, nutrição e melhoramento genético. No entanto, diante do rápido crescimento dos animais, algumas características indesejáveis, como por exemplo, a incidência de problemas locomotores começaram a aumentar. A Necrose da Cabeça do Fêmur (NCF), também conhecida como Condromatose Bacteriana com Osteomielite (BCO), é uma das anomalias que mais vem causando prejuízo à indústria avícola. Além disso, a NCF afeta negativamente o bem-estar da ave. Pesquisas recentes apontam como fatores desencadeantes a presença de microrganismos patogênicos oportunistas, deficiências nutricionais e problemas genéticos. A NCF altera o tecido ósseo, degenerando a cartilagem e a epífise femoral (Figura 1) e, como consequência, as aves não conseguem se locomover até os bebedouros e comedouros, reduzindo o desempenho produtivo, podendo levar à morte dos animais. Diante desses relatos, um estudo de sequenciamento de RNA (RNA-Seq) desenvolvido pela Embrapa Suínos e Aves de Concórdia (SC) foi realizado visando identificar os genes envolvidos com essa condição. Foram caracterizados aproximadamente 153 genes que tiveram variação na expressão quando se comparou



Figura 1: Placa de crescimento normal do fêmur (A); primeiro estágio da necrose da cabeça do fêmur na placa de crescimento do fêmur de frangos de corte (B).

animais normais e afetados com a NCF aos 35 dias de idade. Para confirmar os resultados obtidos, foram escolhidos 13 genes para serem avaliados por outra técnica capaz de verificar a variação da expressão dos genes com maior sensibilidade, chamada de PCR Quantitativa (qPCR). Grande parte dos genes escolhidos ainda não apresenta função descrita em galinhas, no entanto, em outras espécies possuem relação com a formação de células ósseas e cartilaginosas, ou atuam na formação de células sanguíneas e vasos sanguíneos. Dez dos 13 genes foram validados como diferencialmente expressos entre frangos de corte normais e afetados com NCF, apresentando dados concordantes com os encontrados no estudo de sequenciamento de RNA. Dessa forma, foi possível evidenciar que esses genes estão realmente associados à NCF atuando em vias relacionadas ao processo de formação de vasos sanguíneos (angiogênese) e ao Fator de Crescimento do Endotélio Vascular (VEGF), as quais estão associadas à maior prevalência de NCF em frangos de corte. A partir desses conhecimentos será possível elaborar estratégias para a redução da NCF em frangos de corte, diminuindo os prejuízos causados à indústria avícola e melhorando o bem-estar das aves.

¹ Bióloga, Mestre em Zootecnia Embrapa Suínos e Aves

#Liberte seu PORQUINHO
Poupe no Sicoob

Procure uma cooperativa Sicoob.
SAC: 0800 724 4420 - Ouvidoria: 0800 646 4001
Deficientes auditivos ou de fala: 0800 940 0458

SICOOB
MaxiCrédito