

Efeitos de diferentes níveis de consumo energia metabolizável materna no terço final da gestação sobre o metabolismo energético do músculo esquelético da progênie de bovinos de corte

Livia Santos Rodrigues¹, Márcio De Souza Duarte^{1, 2}, Luiza Vitarelli Kladt¹, Ana Clara Nunes de Araujo¹, Miguel Reis Lima¹, Jenifer Kelly da Costa Varizi¹

¹Departamento de Zootecnia UFV, ²Departamento de Biociência animal Universidade de Guelph, ¹e-mail: livia.s.rodrigues@ufv.br

Palavras-chave: metabolismo energético, programação fetal, nutrição materna, flexibilidade metabólica, energia metabolizável, músculo esquelético

ODS 2 Grande Área: Ciências Agrárias Área Temática: Zootecnia Categoria do Trabalho: Pesquisa

Introdução

A nutrição materna na gestação afeta diretamente o desenvolvimento e a função do músculo esquelético da progênie, resultando em adaptações estruturais e metabólicas duradouras. Essas mudanças influenciam a flexibilidade metabólica muscular, envolvendo vias como o metabolismo glicolítico, a oxidação de lipídios e a biogênese mitocondrial, com possíveis impactos no desempenho produtivo ao longo da vida do animal.

Objetivos

Este estudo teve como objetivo avaliar os efeitos de diferentes níveis de consumo de energia metabolizável (EM) materna durante o terço final da gestação sobre o desenvolvimento do músculo esquelético de bezerros de corte.

Material e Métodos

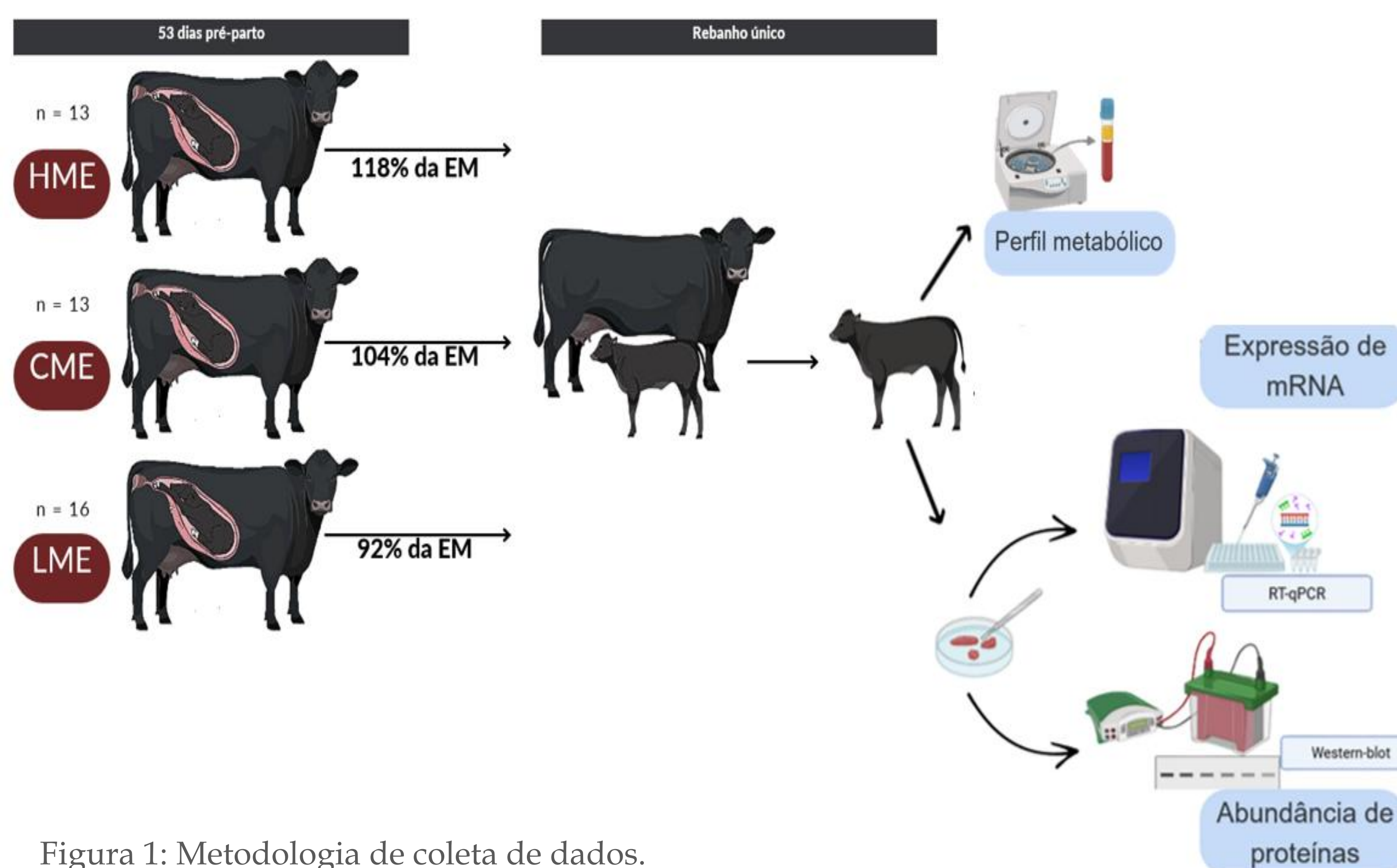


Figura 1: Metodologia de coleta de dados.

Os bezerros foram pesados ao nascimento, antes de consumir o colostro, e novamente aos 209 dias, na desmama. As análises estatísticas foram realizadas no SAS Studio, por meio de modelo misto incluindo os efeitos fixos de tratamento e paridade, e o efeito aleatório do touro.

Apoio Financeiro



Resultados

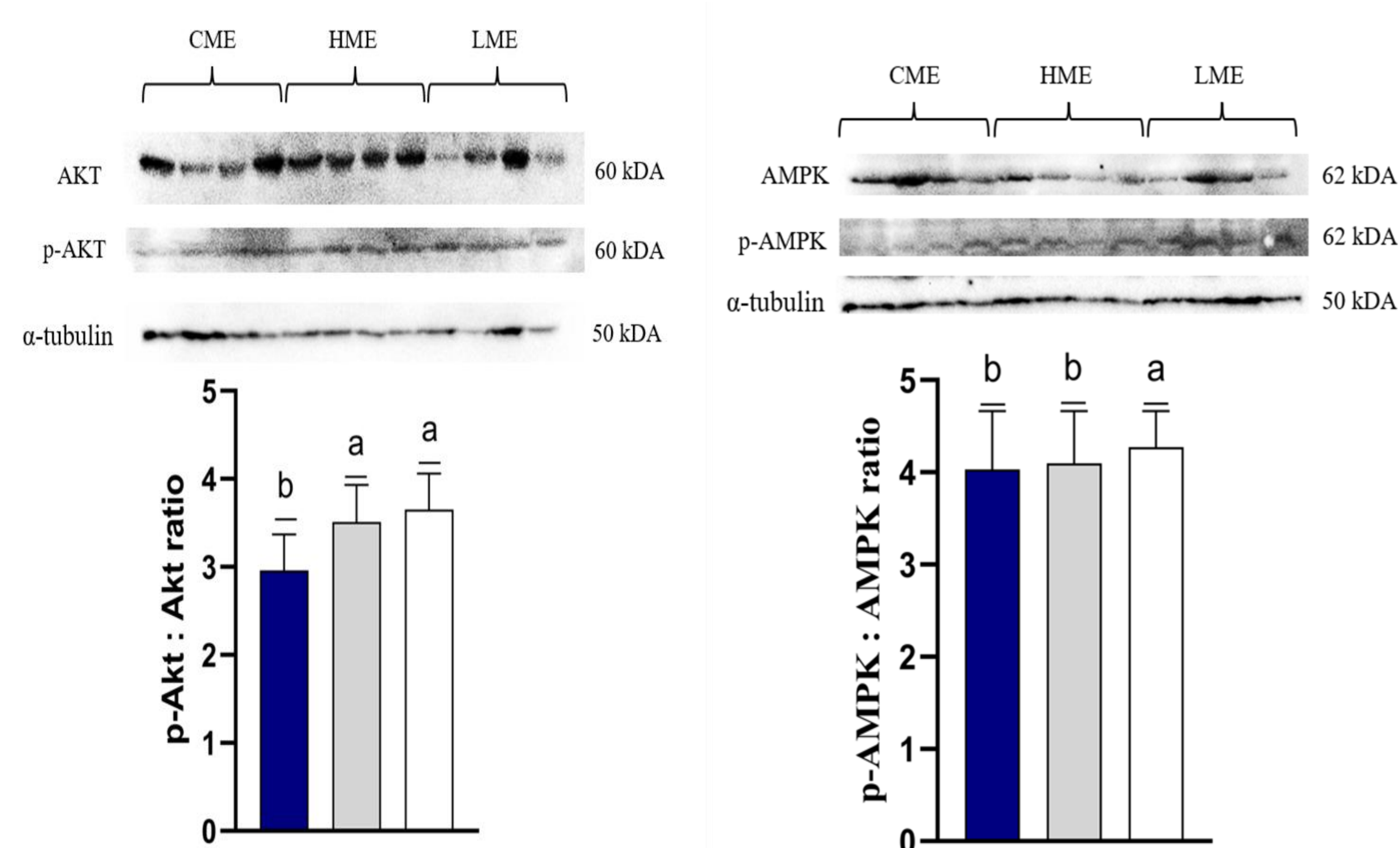


Figura 2: Resultados - atividade de AKT E AMPK.

Não foram observadas diferenças entre tratamentos para peso ao nascimento, peso à desmama ou perfil metabólico sanguíneo. No entanto, a expressão de mRNA de *MYH1* foi menor ($P = 0,02$) nos bezerros dos grupos HME e LME em comparação ao CME, enquanto *MYH7* tendeu a ser maior ($P = 0,07$) nos bezerros do grupo LME em relação ao CME. A expressão de *MYH2a* ($P = 0,04$) e *MYH2x* ($P = 0,01$) foi maior nos bezerros do grupo LME em comparação ao grupo HME. Os bezerros do grupo LME também apresentaram maior expressão de *PPARα* ($P = 0,04$), *PPARGC1α* ($P = 0,04$) e *MEF2A* ($P = 0,01$).

Conclusões

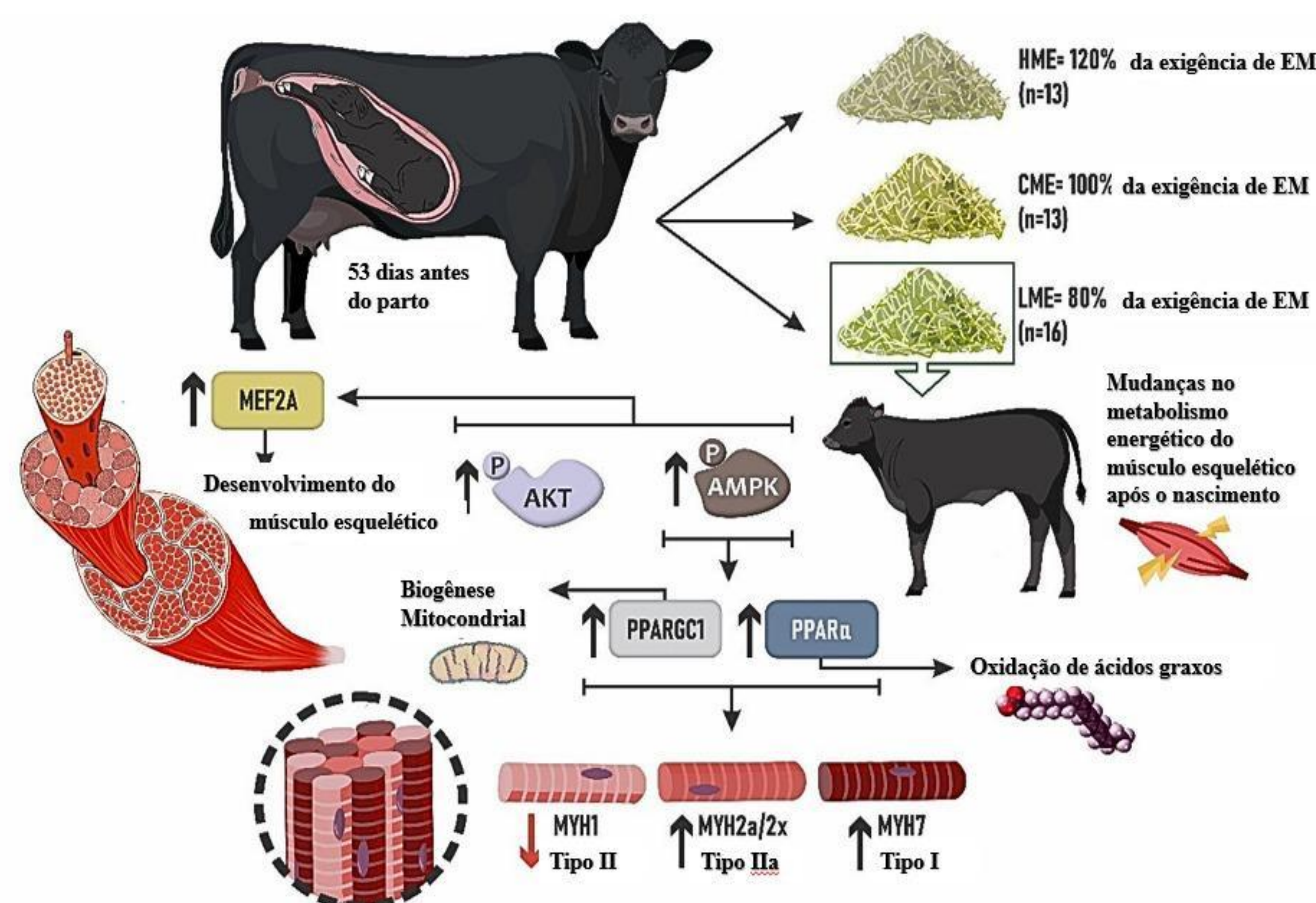


Figura 3: Conclusão de dados