

RESUMO - CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - GENÉTICA

**INFLUÊNCIA DA INGESTÃO DE ALIMENTOS CONTAMINADOS COM  
MICOTOXINAS NA METILAÇÃO DO GENE CANDIDATO CYP21A2EM  
NOVILHAS NELORE**

*Ana Clara Souza Resende De Aguiar (anasraguiar@ufrj.br)*

*Carolina Emiliano Bastos Polido (carolpolido@ufrj.br)*

*Huarrisson Azevedo Santos (huarrisson@yahoo.com.br)*

*Marco Roberto Bourg De Mello (mmello@ufrj.br)*

*Rondineli Pavezzi Barbero (barbero.rp@gmail.com)*

*Denise Carleto Andia (denise.andia@docente.unip.br)*

*Elisandra Lurdes Kern (elisandra.kern@ufrj.br)*

*Marina Mortati Dias Barbero (barberommd@ufrj.br)*

As micotoxinas são metabólitos tóxicos produzidos por fungos que crescem e se proliferam em alimentos armazenados, especialmente em grãos e silagens. Esses alimentos são amplamente utilizados na dieta animal, podendo atuar como fonte energética, proteica ou de fibras. A ingestão de micotoxinas representa um risco à produção animal, pois pode comprometer a saúde, a reprodução e o desempenho zootécnico. Dentre as micotoxinas mais comumente encontradas, destaca-se a Zearalenona (ZEA), conhecida por sua ação estrogênica e pelos efeitos deletérios associados à reprodução, além da possibilidade de interferir em mecanismos epigenéticos, como a metilação do DNA. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da contaminação por

micotoxina na dieta de novilhas Nelore confinadas sobre a metilação no gene candidato CYP21A2. Para este estudo, foram confinadas 20 novilhas no Setor de Reprodução Animal (SFRIA), vinculado ao Instituto de Zootecnia (IZ) da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. As fêmeas utilizadas eram da raça Nelore (*Bos taurus indicus*), não prenhes, saudáveis, com idade maior ou igual a 18 meses e peso corporal médio inicial de  $330 \pm 30$  kg. O delineamento experimental contou com dois tratamentos, sendo 10 novilhas por grupo: 1) controle (sem contaminação), e 2) contaminado com Zearalenona ( $\pm 300$  ppb). Após o abate, foram coletadas amostras de fígado (protocolo de aprovação CEUA IZ/UFRRJ N. 0028-10-2018). A extração de DNA foi realizada com o kit DNeasy Blood & Tissue (QIAGEN). O DNA genômico obtido foi tratado com T4- $\beta$ -glicosiltransferase e com as enzimas de restrição MspI e HpaII. Em seguida, procedeu-se a uma análise de PCR em tempo real (qPCR) para a amplificação da região gênica onde há uma ilha CpG no gene CYP21A2. Para a estimativa dos níveis de metilação e hidroximetilação foram utilizados os valores de Cq (cycle quantification) obtidos na qPCR. Após a análise estatística, utilizando o teste t, observou-se diferença significativa tanto para metilação quanto para hidroximetilação. Para a região analisada, o grupo controle apresentou indícios de ativação, enquanto o grupo alimentado com a ZEA possui essa região, provavelmente, inativada. O gene responsável pela produção do citocromo P450 21-hidroxilase (CYP21A2), é um membro da superfamília do citocromo P450, sendo que a proteína CYP21A2 desempenha um papel crucial na biossíntese de hormônios esteroides (Mizrachi et al., 2011). Hipotetiza-se que pela ZEA possuir uma estrutura na base de estradiol, influenciando principalmente características reprodutivas, a provável inativação do gene avaliado se deve à ação do mesmo. Em estudo anterior conduzido com os mesmos animais encontrou-se diferença significativa em parâmetros reprodutivos, particularmente na qualidade de oócitos (Silva et al., 2021). Com base nesses resultados, conclui-se que, para a região do gene CYP21A2 analisada, a ingestão de alimentos contaminados com ZEA promoveu alterações epigenéticas, especificamente no padrão de metilação e hidroximetilação, levando à uma possível inativação da região estudada. Esses achados reforçam a importância de investigar o impacto das micotoxinas não apenas sob a ótica fisiológica, mas também epigenética, dada sua influência direta sobre a expressão gênica e suas potenciais consequências para a saúde e desempenho reprodutivo de bovinos.

Palavras-chave: bovino de corte; epigenética; zearalenona.

