# EPIGENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL - REVISÃO DE LITERATURA

OLIVEIRA JÚNIOR, Paulo Roberto¹\*; DE SOUZA, Gabriel Marcos2\*; ROSA, Reinaldo Marcelo Pereira3\*; CARMO, Fausto Moreira da Silva4\*

*¹Graduando em Medicina Veterinária, UNIPAC – Conselheiro Lafaiete, MG, 2Graduando em Medicina Veterinária, UNIPAC – Conselheiro Lafaiete, MG, 3Graduando em Medicina Veterinária, UNIPAC – Conselheiro Lafaiete, MG, 4Docente do curso de Medicina Veterinária, UNIPAC – Conselheiro Lafaiete, MG. \*E-mail:* *faustomoreiracarmo@gmail.com*

# RESUMO: A epigenética consiste em mudanças na expressão gênica, herdáveis ou não, que não alteram a sequência do DNA. Essa tem potencial para causar mudanças fenotípicas induzidas pelo ambiente, capazes de serem herdadas ao longo das gerações. Mudanças essas almejadas no ramo de melhoramento animal, onde determinadas características são escolhidas em laboratório no intuito de gerar embriões selecionados. A fim de melhor compreender a aplicabilidade da epigenética no desenvolvimento animal, foi realizada uma revisão da literatura a partir de artigos encontrados em buscas feitas nas bases de dados SciElo e PubMed, a partir das palavras-chaves "Epigenética”, "Animais" e "Veterinária", combinadas pelo operador boleano “AND”, nos idiomas português e inglês.

**Palavras – chave:** animais, epigenética, veterinária

# INTRODUÇÃO

Epigenética é a área da genética destinada a estudar mudanças herdáveis não relacionadas à mudanças na sequência primária do DNA. As modificações epigenéticas são processos de alterações altamente coordenados e não são restritos a uma fase específica da vida, ou seja, ocorrem desde a fecundação e continuam a acontecer durante a vida toda (Franco, 2017; Franco et al, 2012). A fim de melhor compreender tais alterações e sua aplicabilidade no melhoramento animal, foi realizada uma revisão da literatura. Para isso, foram feitas buscas nas bases de dados SciElo e PubMed, a partir das palavras-chaves "Epigenética"; "Veterinária" e “Animais" combinadas pelo operador boleano “AND”, nos idiomas português e inglês.

# REVISÃO DE LITERATURA

Os principais mecanismos epigenéticos são m[etilação do DNA](https://pt.wikipedia.org/wiki/Metila%C3%A7%C3%A3o_do_ADN), m[odificação de histonas](https://pt.wikipedia.org/w/index.php?title=Modifica%C3%A7%C3%A3o_nas_histonas&action=edit&redlink=1) e expressão de [RNAs não codificantes](https://pt.wikipedia.org/w/index.php?title=RNAs_n%C3%A3o_codificantes&action=edit&redlink=1), sendo a primeira a mais conhecida. Além desses, vale destacar o imprinting genômico, mecanismo relacionado à regulação gênica no que diz respeito à expressão de um só alelo, a acetilação, a fosforilação, a glicosilação e também a ubiquitinação (Franco, 2017; Franco et al, 2012; Reik e Walter, 2001).

A m[etilação do DNA](https://pt.wikipedia.org/wiki/Metila%C3%A7%C3%A3o_do_ADN) é a modificação epigenética mais bem estudada até agora. Dentre as modificações possíveis, a principal de todas é a metilação da citosina, ou seja, adição de um grupo metil (CH3) ao carbono 5 da [citosina](https://pt.wikipedia.org/wiki/Citosina) por uma enzima metiltransferase, a transformando em 5-metilcitosina (5mC). Esta modificação é tão importante que cerca de 60-80% dos [sítios CpG](https://pt.wikipedia.org/wiki/Promotor_%28gen%C3%A9tica%29) do [genoma](https://pt.wikipedia.org/wiki/Genoma) de um mamífero estão modificados. Em efeitos práticos, a metilação do DNA ocasiona o silenciamento da região. Duas hipóteses tentam explicar como funciona o [silenciamento gênico](https://pt.wikipedia.org/wiki/Silenciamento_g%C3%AAnico) a partir da adição do grupo metil. A primeira seria que o metil esconderia o sítio de ligação de ativadores da transcrição; a outra supõe que o grupo metil recrutaria complexos repressores da transcrição a essa região. A metilação pode tanto ativar quanto reprimir a transcrição do material genético, dependendo da posição na cauda do resíduo de aminoácido que foi modificado e de quantos grupos metil foram adicionados (Franco, 2017; Franco et al, 2012; Simosson e Gurdon, 2004).

A [acetilação](https://pt.wikipedia.org/wiki/Acetila%C3%A7%C3%A3o_e_deacetila%C3%A7%C3%A3o_de_histona) das histonas, por sua vez, resulta na abertura da cromatina, possibilitando, assim, que [fatores de transcrição](https://pt.wikipedia.org/wiki/Fator_de_transcri%C3%A7%C3%A3o) possam acessar o DNA da região. Contudo, a desacetilação resulta na compactação da cromatina e consequentemente a repressão da [transcrição](https://pt.wikipedia.org/wiki/Transcri%C3%A7%C3%A3o_%28gen%C3%A9tica%29), tendo efeito oposto ao da metilação (Franco, 2017; Franco et al, 2012; Simosson e Gurdon, 2004).

Modificações epigenéticas mediadas por [RNAs](https://pt.wikipedia.org/wiki/RNA) influenciam os processos transcricionais e alteram quimicamente processos pós transcricionais. Pequenos RNAs podem reprimir a transcrição e também regulá-la. Já RNAs nucleares, como RNAs interferentes e RNAs que interagem com PIWI, participam de diversos processos nucleares, como formação da heterocromatina, estabilidade genômica, regulação de genes do desenvolvimento e regulamento dos transposons. Em mamíferos, RNAs mensageiro e RNAs longos não codificantes também atuam em processos pós-transcricionais (Watanabe e Lin, 2014).

O termo herança epigenética transgeracional, por sua vez, refere-se à herança de marcas epigenéticas através de células germinativas, responsáveis por ditar os padrões de expressão gênica passados através de gerações, onde a diferenciação celular é determinada e mantida pela memória epigenética. Os padrões epigenéticos podem sofrer influências externas durante toda a vida de um indivíduo, sejam essas cumulativas ou não. Apesar desses serem de certa forma estáveis e fielmente transmitidos pela mitose, o desenvolver e o estabelecer de tais padrões os torna altamente susceptíveis às influências ambientais (Paiva et al, 2019; Franco, 2017).

Sabe-se que, para que ocorra a formação dos gametas e o desenvolvimento embrionário normais, dois ciclos de reprogramação epigenética acontecem em mamíferos: uma na gametogênese e o outro na embriogênese e, por essa razão, são diversas as porções do genoma com diferentes padrões epigenéticos entre espermatozóides e ovócitos. Somado a esses, uma vez que as fêmeas de mamíferos têm um cromossomo X inativado no início do desenvolvimento embrionário, tem-se um terceiro evento conhecido como inativação do cromossomo X, o qual equaliza a quantidade de expressão genômica sobre tal cromossomo, também controlado por mecanismos epigenéticos. São inúmeros os relatos de que a produção de gametas viáveis e o desenvolvimento embrionário dependem do transcorrer correto destas três etapas e, sendo estas suscetíveis à fatores ambientais, podem ser controladas e aprimoradas através de biotécnicas de reprodução assistida e clonagem por transferência nuclear (Paiva et al, 2019; Franco, 2017; Reik e Walter, 2001).

São fatores ambientais que interferem na expressão de fatores epigenéticos: nutrição de doadoras de ovócitos e embriões, superestimulação hormonal, doenças e condições de maturação, cultivo in vitro de embriões, dentre outros. Os animais selecionados para tal mecanismo de reprodução são aqueles que transmitem maior capacidade de desempenho para sua progênie, de maneira condizente com a premissa de que o fenótipo é o resultado da interação entre genoma, epigenoma e ambiente. Assim, uma vez que é possível a manipulação epigenética em animais, tem-se uma potente ferramenta a qual favorece inúmeros aspectos, como o controle de doenças, aumento de longevidade e produção. (Franco, 2017; Franco et al, 2012; Simosson e Gurdon, 2004).

# CONSIDERAÇÕES FINAIS

Conclui-se que é incontestável a relevância da epigenética no desenvolvimento animal e a possibilidade de manipulação dessa por meio de fatores ambientais a transforma numa poderosa ferramenta para a reprodução e o melhoramento genético.

# REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

FRANCO, M. M. Epigenética no melhoramento genético e reprodução animal. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, v. 25, n. 1-2, p. 75-80. 2017.

FRANCO, M. M. et al. Implicações da Epigenética no melhoramento genético e reprodução animal. *Anais da 49a Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia: A produção animal no mundo em transformação*. 2012.

PAIVA, J. T. et al. Epigenética: mecanismos, herança e implicações no melhoramento animal. *Archivos de Zootecnia*, v. 68, n. 262, p. 304-311. 2019.

REIK, W, WALTER, J. Genomic imprinting: parental influence on the genome. *Nature Reviews Genetics*, v. 2, p. 21-32. 2001.

SIMONSSON, S., GURDON, J. DNA methylation is necessary for the epigenetic reprogramming of somatic cell nuclei. *Nature Cell Biology*, v. 6, p. 984-90. 2004.

WATANABE, T., LIN, H. Posttranscriptional Regulation of Gene Expression by Piwi Proteins and piRNAs. *Molecular Cell - Elsevier Inc*, v. 56. 2014.