

# Expressão de proteínas do corpo lúteo durante a luteogênese e luteólise induzida em éguas

Rubia Alves Schmith\*, Laíza Sartori de Camargo, Priscilla Nascimento Guasti, Fabiana Ferreira de Souza, Cezinande Meira

Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, SP, Brasil

\*Autor correspondente  
e-mail: rubiaschmith@hotmail.com

## Resumo

O desenvolvimento e regressão do corpo lúteo (CL) é um processo fundamental para a eficiência do ciclo estral e manutenção da gestação das espécies domésticas. Com o intuito de entender os mecanismos fisiológicos desta glândula transitória e diminuir o intervalo interovulatório, diversos estudos têm demonstrado que fatores de crescimento, citocinas e aplicação de agentes luteolíticos estão diretamente relacionados a este processo. Assim, o objetivo desse estudo foi descrever a expressão de proteínas envolvidas no processo de luteinização e luteólise em éguas. Foram utilizadas 24 éguas, de raças e idades variadas, distribuídas aleatoriamente em dois grupos experimentais: grupo controle (solução salina, n = 6) e grupo PGF 10 (aplicação de 10 mg de dinoprost trometamina, n = 6). Os tratamentos foram realizados por administração de dose única, por via intramuscular, nos momentos D2 e D8, considerando como D0 o dia da ovulação. Seis horas após o tratamento foram colhidos fragmentos teciduais do CL pela técnica de biópsia guiada por ultrassonografia transvaginal. Todas as éguas foram sedadas com 20 µg/kg de detomidina (Dormiun V, Agener União) e o relaxamento retal induzido com 0,2 mg/kg de butilbrometo de escopolamina (Butylscopolamina, Sigma Pharma). Os procedimentos foram realizados utilizando agulha de biópsia modelo *tru-cut* acoplada a um guia com transdutor convexo endocavitário. As amostras foram preparadas em *pools* (n = 6 amostras/grupo), na concentração de 100 µg, para realização da eletroforese unidimensional em gel de poliacrilamida a 12% (SDS PAGE). O gel foi corado com Comassie coloidal, fotodocumentado e analisado pelo programa Image Master 1D (GE, HealthCare). As proteínas do CL contidas nas principais bandas foram excisadas em pequenos blocos e digeridas em 20 ng/mL de tripsina (Promega). As amostras resultantes da digestão de peptídeos foram separadas por RP-nano UPLC (nano Acquity, Waters) C18 (100 mm 6100 mm), acoplado com um espectrômetro de massa Q-Tof Premier (Waters) com fonte de *nanoelectrospray*. A análise por SDS-PAGE de proteínas do CL revelou um perfil eletroforético variando de 12 a 225 kDa, com predominância de proteínas com massa molecular inferior a



76 kDa. Na espectrometria de massas foi encontrado um total de 36 bandas proteicas e aproximadamente 1.080 proteínas, com massa molecular variando de 174,8 a 15,2 kDa. Destas, foram detectadas proteínas comuns aos grupos tratados e controle, como a *hemoglobin subunit alpha*, *hemoglobin subunit beta*, *serum albumin*, *cholesterol side-chain cleavage enzyme, mitochondrial*; as funções moleculares de maior destaque se relacionaram ao transporte de oxigênio para os tecidos, regulação da pressão osmótica coloidal do sangue e biossíntese de esteroides. Além disso, foram detectadas proteínas específicas no grupo tratado no momento D2, como a *alpha 1 antiproteinase 2*, com atividade inibidora das endopeptidases e processo biológico envolvido na resposta de fase aguda, e a *60S acidic ribosomal protein P2*, proteína estrutural constituinte do ribossomo, responsável pela tradução mitocondrial. No grupo que recebeu o tratamento no momento D8 foram detectadas proteínas como a *heat shock cognate 71 kDa protein*, que tem múltiplas funções no controle da qualidade das proteínas, garantindo dobramento e transporte de peptídeos sintetizados e a ativação da proteólise para proteínas malformadas; assim como a *annexin A1*, que desempenha função na regulação da resposta imune e do processo inflamatório, e a *superoxide dismutase [Mn]*, mitocondrial que é oxireductase, com função de destruir os radicais aniônicos superóxidos, normalmente produzidos dentro das células e tóxicos para os sistemas biológicos. Dessa forma, este estudo permitiu elucidar a distribuição e a variação da massa molecular das proteínas do corpo lúteo de éguas durante a luteogênese e luteólise induzida em equinos, e mais pesquisas estão sendo desenvolvidas para esclarecer a fisiologia do corpo lúteo nesta espécie.

**Palavras-chave:** Equino. Luteinização. Proteômica.