



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA
CURSO DE ZOOTECNIA**

JULLYANE IVO GARCIA DA SILVA

**GENES DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA EM SUÍNOS PARA MELHORAMENTO
DAS CARACTERÍSTICAS DA CARNE**

FORTALEZA

2018

JULLYANE IVO GARCIA DA SILVA

GENES DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA EM SUÍNOS PARA MELHORAMENTO DAS
CARACTERÍSTICAS DA CARNE

Monografia apresentada à coordenação do
Curso de Zootecnia do Centro de Ciências
Agrárias da Universidade Federal do Ceará,
como parte das exigências da disciplina
Trabalho de Conclusão de Curso II.
Orientador: Prof. Dr. Luciano Pinheiro da Silva.

FORTALEZA

2018

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Biblioteca Universitária
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

S58g Silva, Jullyane Ivo Garcia da.
Genes de Importância Econômica em Suínos para Melhoria das Características da Carne / Jullyane Ivo Garcia da Silva. – 2018.
44 f.

Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Curso de Zootecnia, Fortaleza, 2018.
Orientação: Prof. Dr. Luciano Pinheiro da Silva.

1. Carne suína. 2. Genes. 3. Qualidade da carne. I. Título.

CDD 636.08

JULLYANE IVO GARCIA DA SILVA

GENES DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA EM SUÍNOS PARA MELHORAMENTO DAS
CARACTERÍSTICAS DA CARNE

Monografia apresentada à coordenação do
Curso de Zootecnia do Centro de Ciências
Agrárias da Universidade Federal do Ceará,
como parte das exigências da disciplina
Trabalho de Conclusão de Curso II.

Aprovada em: 26/06/2018.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Luciano Pinheiro da Silva (Orientador)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Pedro Henrique Watanabe
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Msc. Tiago Silva Andrade
Universidade Federal do Ceará (UFC)

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a toda minha família, que sem ela nada disso teria se tornado realidade, a minha mãe Jane Garcia, por toda paciência, cuidado e dedicação dados a mim, a meu pai Maurilio Ivo, que sempre foi meu grande incentivador, agradeço por todas as palavras de conforto e por todo apoio, ao meu irmão, Jullyan Ivo, pelo companheirismo, carinho, amor, pelos momentos de risadas e conversas extraordinárias, a minha vovó, Raimunda Garcia, que mesmo sem saber, foi uma grande influenciadora, sendo um exemplo de mulher firme e forte, obrigada por todos os conselhos.

A todos meus amigos da graduação, por compartilharem os momentos de alegria e também os de tristeza, em toda essa caminhada da graduação, em especial a irmã que a Zootecnia me deu, Kilvia Karoline, pela companhia diária nesses quase quatro anos, conversas, risadas e por compartilhar todos esses momentos comigo, por ser sempre essa pessoa presente na minha vida, a minha amiga de longa data Claudia Vanessa, por toda a paciência e compreensão e por nunca ter desistido da nossa amizade, obrigada pelos conselhos e por me aguentar nos momentos de aflição, ao meu grande amigo e sempre companheiro Carlos Benetom, por toda a ajuda, apoio e paciência que teve comigo em todos esses anos, sem nunca negar auxílio em um momento de necessidade.

A minha companheira e grande amiga, Priscilla Pontes, que nessa etapa final em especial, foi excepcionalmente importante, sempre com palavras de acolhimento, proteção e paz, me fazendo entender as coisas realmente importantes da vida, obrigada.

Ao José Clécio Bezerra da Silva, que sempre esteve disposto a me ajudar em qualquer situação, sempre com palavras calmas e gentis.

Aos núcleos de estudo NEMA e NES, no qual fui membro durante o período de graduação, agradeço pela oportunidade e por todos os ensinamentos que adquirir e que vou levar por toda a vida.

Ao professor Luciano Pinheiro da Silva, agradeço por todos os anos de orientação sendo membro do NEMA e por ser um orientador que sempre esteve disposto a ajudar e aconselhar.

Ao professor Pedro Henrique Watanabe, por todos os momentos compartilhados no grupo NES, e em especial pelo auxílio na elaboração inicial deste trabalho, obrigada por sempre estar disponível.

RESUMO

A carne suína é a proteína animal mais consumida do mundo, devido suas diversas características, como maciez, suculência e palatabilidade que agradam os seus consumidores. Desta forma, é de suma importância entender como funcionam os genes que influenciam nas características da carne e conseqüentemente na sua qualidade, sendo possível fazer uso de diversas tecnologias de marcadores para entender o funcionamento desses genes, possibilitando trabalhar de que forma que não influenciem negativamente a qualidade dessa carne. A qualidade da carne, é um ponto fundamental a ser estudado, pois influencia tanto os consumidores de carne in natura, como as indústrias responsáveis por processar carne suína, sendo os impactos relacionados aos desvios de qualidade, ocasionado por alguns genes, como o halotano, responsáveis por trazer grandes prejuízos em toda cadeia produtiva desta carne, ressaltando a importância de se trabalhar no melhoramento, para aperfeiçoar as carcaças de forma que agrade a todos os setores que demandam a carne suína.

Palavras-chave: Carne suína. Genes. Qualidade da carne.

ABSTRACT

Pork is the most consumed animal protein in the world, due to its features, such as softness, juiciness and taste that pleases its consumers. It is of high importance to understand how the genes that influence the characteristics of the carcass and consequently the quality of pork work, being possible to make use of several technologies of markers to understand the role of these genes, making it possible to work in a way that doesn't negatively influence the quality of these carcasses. Meat quality is a fundamental point to be studied because it influences both final consumers and the industries responsible for pork processing, and impacts related to quality deviations caused by some genes such as halothane, are responsible for bringing great losses to all meat production chain, emphasizing the importance of working on the breeding, to improve carcasses in a way that pleases all sectors that demand pork.

Keywords: Meat quality. Genes. Pork.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	09
2	PRINCIPAIS FATORES QUE AFETAM A QUALIDADE DA CARNE SUÍNA	11
2.1	Manejo pré-abate	11
2.2	Transformações post mortem	12
2.3	pH da carne	13
3	PRINCIPAIS DESVIOS DE QUALIDADE DA CARNE SUÍNA	15
3.1	Carne PSE	15
3.2	Carne DFD	15
4	CARACTERÍSTICAS DA CARNE	17
4.1	Capacidade de retenção de água	17
4.2	Perda de água por cocção	17
4.3	Força de cisalhamento	18
4.4	Características sensoriais	18
4.4.1	<i>Cor</i>	18
4.4.2	<i>Sabor e Aroma</i>	19
4.4.3	<i>Suculência</i>	19
4.4.4	<i>Textura</i>	20
5	MARCADORES MOLECULARES	21
5.1	Polimorfismo de Comprimento de Fragmento de Restrição – RFLP	21
5.2	Polimorfismos de DNA Aleatoriamente Amplificado – RAPD	22
5.3	Microssatélites	23
5.4	Loci de Característica Quantitativa - QTL	25
5.5	Polimorfismo de Nucleotídeo Único - SNP	26
5.6	Variação no Números de Cópias – CNV	27
6	GENES QUE INFLUENCIAM NAS CARACTERÍSTICAS DA CARNE	29
6.1	Gene Halotano	29
6.2	Gene Rendimento Napole	33
6.3	Gene da gordura intramuscular	35
7	CONSIDERAÇÕES FINAIS	37
	REFERÊNCIAS	38

1 INTRODUÇÃO

A carne suína é umas das fontes de proteína animal mais consumidas no mundo, pois é responsável por suprir quase metade da produção e também do consumo mundial de carnes, chegando a uma produção de 94 milhões de toneladas por ano. O Brasil é o quarto maior produtor mundial da carne, suprimindo cerca de 2,9% do total produzido, e também o sexto maior consumidor da carne, com 2,2% do total consumido (MIELE, 2007).

Infelizmente ainda hoje, no Brasil, a carne suína é lembrada como uma carne que vem de um animal criado em condições precárias de higiene, com altíssimo teor de gorduras e colesterol, sendo considerada uma carne que pode fazer mal a saúde da população (MAGNONI, 2007). Essa crença da população foi confirmada, a partir de uma pesquisa realizada por Bezerra *et al.* (2007), em que 92% das pessoas que participaram da entrevista, consideram a carne suína uma carne muito saborosa, mas 35% dos entrevistados acredita que a mesma carne é perigosa a saúde e por isso faz mal.

Parte dessa certeza, que até hoje está enraizada na população como “comer carne de porco”, é devido a pouco conhecimento que essas pessoas têm, sobre toda a evolução do processo que melhorou a cadeia de produção suinícola nos últimos 30 anos, resultado da evolução tecnológica da indústria alimentícia, apresentando um animal com reduzido teor de gorduras, calorias e colesterol, totalmente diferente do porco como é conhecido (MAGNONI, 2007).

A partir da década de 90, os consumidores têm procurado cada vez uma carne magra, então, visando essa exigência, as características de qualidade da carne passaram a fazer parte do objetivo dos programas de melhoramento genético de suínos, principalmente para diminuição da espessura de toucinho desses animais (LOPES, 2004), visto que essa diminuição influenciaria positivamente a produção de um animal com uma carne muito mais saudável, devido a menor concentração de gordura na sua carcaça.

Com o mercado consumidor passando a ser cada vez mais exigente, várias melhorias foram realizadas no intuito de fornecer a esses consumidores o produto desejado. Melhorias essas tanto no manejo dos animais como em manejo alimentar, sanitário, ambiental e de abate, como também o acompanhamento de fatores intrínsecos ao animal, como genética, raça, linhagem, idade de abate e sexo (MOURA, 2015).

Uma forma de atender as preferências dos consumidores, é conhecer o conceito de qualidade de carne para cada mercado separadamente, isso é de essencial importância para

que a cadeia produtiva de suínos possa fornecer produtos que atendam da melhor forma essas exigências (MOURA, 2015). Porém, definir o conceito de qualidade de carne é algo bastante complicado, pois depende da percepção do consumidor que é algo bastante subjetivo, podendo variar de acordo com a sua cultura, religião, posição social, política e até econômica, além dos fatores relacionados ao animal (intrínsecos), como fatores relacionados ao ambiente, que influencia desde a concepção do animal até a entrega do produto final, esses interagem entre e si e são responsáveis por influenciar todas as características relacionadas com a qualidade da carne suína (BRIDI e SILVA, 2013).

Não existe uma forma simples para definir a qualidade da carne para a indústria de suínos, pois tanto características objetivas quanto subjetivas são consideradas. As principais características objetivas são pH, capacidade de retenção de água e gordura intramuscular. Já como exemplo de algumas características subjetivas, temos cor, maciez, aparência, sabor, aroma e resistência a mastigação. Além de que, quando o assunto é qualidade da carne, é importante saber se essa carne será para consumo in natura ou se será processada pela indústria. Por exemplo, características visuais e presença de gordura intramuscular, são importantes para o consumo in natura, pois aumenta a aceitação pelo consumidor, mas para a indústria, capacidade de retenção de água e rendimento são os aspectos mais importantes (BENEVENUTO, 2001).

Desta forma, é de suma importância que se trabalhe de uma forma que a qualidade da carne seja a mais adequada para cada objetivo, pois só assim, poderá atender as expectativas tanto dos consumidores como das indústrias, entregando um produto de alta qualidade tecnológica e com excelente valor, que satisfaça o consumidor desde a compra até o consumo dessa carne (ROSA *et al.*, 2008).

Sendo assim, um dos principais desafios enfrentados no melhoramento genético de suínos, com ênfase em melhorar as características da qualidade da carne, é conseguir um nível adequado de gordura intramuscular, sem que este interfira no aumento dos níveis das gorduras subcutânea, abdominal e intramuscular (LOPES, 2004)

Diante deste cenário, o objetivo dessa revisão é fazer um sumário das características que influenciam na qualidade da carne suína, abordando as tecnologias utilizadas para determinar e identificar genes e combinações gênicas que possam vir a influenciar nas características abordadas.

2 PRINCIPAIS FATORES QUE AFETAM A QUALIDADE DA CARNE SUÍNA

2.1 Manejo pré-abate

O manejo pré-abate é um dos maiores responsáveis em expor os suínos a diversos agentes estressantes, tais como: mudança de ambiente, mistura de animais, transporte, carregamento e descarregamento, além do processo de insensibilização (ROSENVOLD e ANDERSEN, 2003).

Sabe-se que em situações de estresse exacerbado durante o pré-abate os níveis de cortisol sanguíneo dos animais podem dobrar ou até quadruplicar, além de apresentar alta quantidade de ácido lático, advindo da degradação intensa do glicogênio muscular (BERTOLONI *et al.*, 2006). Concomitantemente, pode ocorrer a liberação de catecolaminas, como resultado da sensação de medo ou excitação, além da liberação da creatina fosfoquinase, sendo esse responsável por acarretar a liberação de creatina, na tentativa de manter a homeostase do corpo (BERTOLONI *et al.*, 2006).

A insensibilização é o processo pelo qual o animal é atordoadado, para minimizar seu sofrimento no período antes da sangria, que é quando o animal é propriamente abatido, desta forma, qualquer que seja o tipo de insensibilização escolhida, deve ser rápida e não causar sofrimento nem dor ao animal. É importante destacar o processo da insensibilização, pois é a partir dela que se dá início às transformações que ocorrem nos músculos após o abate (RÜBENSAM, 2000).

A legislação brasileira dita os componentes que são imprescindíveis para o abate de suínos, indicado na Portaria 574/1995 do MAPA (BRASIL, 2000), e estabelece como padrão os valores de 350 a 750 V para voltagem e 0,5 a 2 A para amperagem, por um período de tempo de 6 a 10 segundos (VENTURINI, 2007), e a sangria de no mínimo 3 minutos (BRASIL, 1995).

Vale ressaltar que quando o processo da insensibilização é feito de forma errada, como por exemplo baixa voltagem, acarreta em efeitos deletérios nas características de qualidade de carne. Isso ocorre por que aumenta a velocidade das reações glicolíticas que ocorrem no músculo, além de diminuir drasticamente o valor do pH após 45 minutos do abate, sendo responsável por afetar diretamente os parâmetros de qualidade da carne. Já quando falamos de sangria, sua eficácia está diretamente ligada a quantidade de sangue

residual ou aquele que costuma ficar acumulado nos músculos logo após o abate (MOURA, 2015).

2.2 Transformações post mortem

As transformações que ocorrem no *post mortem*, estão diretamente ligadas à aparência final da carne suína e conseqüentemente atrelada à sua qualidade, esses processos iniciam logo após a finalização da sangria, pois é nesse momento que os músculos param de receber oxigênio, ficando apenas aquele que já estava ligado à mioglobina, esse consegue manter o metabolismo aeróbico do músculo por um curto período de tempo, mas as fibras musculares continuam seus processos metabólicos, com gasto de energia, na tentativa de restaurar a homeostase do corpo (RÜBENSAM, 2000). É nesse momento que o sistema nervoso entra em colapso, despolarizando as células nervosas de forma descontrolada, resultando na contração e relaxamento do músculo, até que as reservas de energia acabem. Nessa hora que se estabelece o *rigor mortis*, caracterizado por perda da capacidade do músculo de estender-se (BRIDI e SILVA, 2013). Logo após esse período o músculo passa a ser chamado propriamente de carne, demonstrando características de maciez, suculência e cor vibrante (COSTA, 2006).

De forma mais específica, no período do *post mortem*, ocorre a diminuição do pH, e a velocidade com que esse processo ocorre irá depender de como o músculo estava no momento da interrupção da circulação sanguínea. Paralelamente ocorre a despolarização da membrana celular, juntamente com os túbulos T, ocorrendo mudanças na quantidade de eletrólitos Na^+ e K^+ , dando, desta forma, início a uma sucessão de reações metabólicas que são responsáveis por recompor a distribuição normal desses eletrólitos (RÜBENSAM, 2000).

Outra mudança que ocorre no *post mortem*, é o aumento da permeabilidade da membrana do retículo sarcoplasmático, tornando possível que haja um fluxo de íons Ca^{++} , que se liga à calmodulina (uma subunidade da fosforilase quinase), que age ativando a enzima sem que seja necessário a formação de AMPc, como no caso da célula do músculo vivo. Esses íons Ca^{++} presentes no sarcoplasma, são responsáveis pela formação de complexos actomiosina, onde o cálcio se liga à subunidade Troponina C, resultando em uma mudança na forma da molécula que libera o sítio de ligação da miosina (filamentos grossos) com a actina (filamentos finos), resultando na formação de pontes cruzadas entre esses filamentos, que causam hidrólise da molécula de ATP pela enzima miosina-ATPase (RÜBENSAM, 2000).

Vale destacar que enquanto tiver ATP, a membrana do retículo sarcoplasmático consegue retirar os íons Ca^{++} do sarcoplasma, com o auxílio de sistemas enzimáticos da membrana, que utilizam ATP. A saída do cálcio é acompanhada pela entrada do Mg^{++} e de uma ligação entre ATP à miosina-ATPase, responsável por causar a interrupção das pontes cruzadas dos filamentos grossos e finos, bem parecido com o que ocorre no músculo vivo, esse processo se repete até as reservas de ATP se esgotarem por completo (RÜBENSAM, 2000).

No período após o abate, pouca quantidade de ATP é restaurada pela conversão de creatina-fosfato em creatina, que ocorre pela doação de uma molécula de fosfato a um ADP, resultando na formação de ATP. Outra forma de obtenção de ATP no post mortem é a utilização das reservas de glicogênio, onde primeiramente ocorre a glicogenólise, que em presença de cálcio, ativa a fosforilase-quinase, que age transformando a fosforilase B (forma menos ativa) em fosforilase A (forma mais ativa), que é responsável pela conversão da glicose-1-fosfato em glicose-6-fosfato e depois em fosfato de gliceraldeído que é convertido em lactato, que no final resulta em um saldo de dois ATP mais uma molécula de glicose residual (LEHNINGER, 2002). O fim da atividade glicolítica é consequente do processo *post mortem*, ocorre quando as reservas de glicogênio cessam ou pela diminuição do pH a um valor de aproximadamente 5,5 (RÜBENSAM, 2000).

2.3 pH da carne

O valor do pH, também chamado de potencial hidrogeniônico, é responsável por influenciar tanto de forma direta como indireta as características de qualidade da carne suína, como por exemplo, capacidade de retenção de água, maciez e suculência.

O pH da carne se altera, principalmente pela produção e acúmulo de lactato no músculo, produzido por meio da respiração anaeróbica, ou seja, aquela realizada na ausência de oxigênio. Mas, a produção de íons H^+ , advindas do processo de hidrólise da molécula de ATP, contribui também de forma significativa com a diminuição do pH, levando esta carne e um processo de acidificação no post mortem (MOURA, 2015).

Em condições normais, logo após o abate, é comum que o pH da carne esteja em torno de 7,2 (zona neutra). Depois da primeira hora já consegue-se notar uma queda nesse valor, que costuma chegar bem próximo de 6,0, sendo o valor deste pH totalmente estabilizado 24 horas após abate, com valor de aproximadamente 5,6 (MOURA, 2015).

Nos músculos dos animais mamíferos, normalmente o valor do pH no *post mortem* está entre 5,4 e 5,5. Já na espécie suína, ao final da estabilização do pH este se encontra com um valor um tanto mais alto em torno de 5,8. Vale destacar que pode acontecer que em algumas carcaças o processo do declínio do pH pode ocorrer em um período menos de 24 horas após abate, como em alguns casos, onde o pH se estabiliza de 15 a 60 minutos após o processo da sangria (RÜBENSAM, 2000).

A importância da acidificação da carne se dá pois as enzimas responsáveis pelo processo da glicólise são gradativamente desnaturadas de acordo com a diminuição deste valor, até que este atinja valores que variam entre 5,5 e 5,8, atribuindo a carne características organolépticas de agrado aos consumidores, como maciez e suculência, por exemplo (RÜBENSAM, 2000).

3 PRINCIPAIS DESVIOS DE QUALIDADE DA CARNE SUÍNA

3.1 Carne PSE

A sigla PSE, é originária da língua inglesa e significa uma carne que tem características de cor pálida (*Pale*), textura mole (*Soft*) e com baixa capacidade de retenção de água ou exsudativa (*Exsudative*). Esse desvio na qualidade da carne influencia as características tanto físicas como químicas e sensoriais da carne, trazendo bastante prejuízo aos frigoríficos e as indústrias que a processam (MOURA, 2015).

A carne PSE é de longe o problema mais presente nas carnes suínas, sendo sua principal característica a rápida queda do pH logo após o abate, (TERRA e FRIES, 2000) sendo os fatores estressantes que os animais são impostos no período que antecede o abate, os principais responsáveis por essa abrupta queda no valor do pH estando esse fator diretamente ligado a características genéticas intrínsecas a esses animais, considerando que são uma espécie muito mais sensível a esse fator estressante, quando há presença do gene halotano (MOURA, 2015).

A principal característica que ocorre nas carnes PSE, devido à carcaça apresentar um pH mais baixo que o normal e alta temperatura, fazendo com que as proteínas miofibrilares sejam desnaturadas, o que causa a diminuição na capacidade de retenção de água desta carne, pois a água migra para fora das células, deixando a sua superfície de aparência mais clara e úmida do que o habitual, caracterizando em um músculo com aparência PSE (CALDARA *et al.*, 2012).

Devido ao estabelecimento da condição PSE, a carne perde bastante peso o que acarreta em um menor rendimento, principalmente para utilização na indústria alimentícia, além de que, por ser uma carne que tem o pH baixo, é inadequada para a fabricação de presunto cozido, mas ainda pode ser usada para o processamento de salsichas e salames, por exemplo (TERRA e FRIES, 2000).

3.2 Carne DFD

Quando o manejo pré-abate dos suínos é realizado de forma incorreta, esses animais têm suas reservas de glicogênio muscular drasticamente reduzidas, principalmente antes da sangria, fazendo com que no momento do estabelecimento do pH, que ocorre 24

horas após o abate, a carne se encontra em uma condição acida, fazendo com que, o que resulte deste processo seja uma carne escura e com superfície de corte seca, também conhecida como a anomalia DFD, do inglês *Dark, Firm and Dry* (RÜBENSAM, 2000).

A principal causa da ocorrência de carcaças DFD, são os manejos pré-abate inadequados, como transportar animais por distancias exacerbadas, sendo esse um problema muito comum do nosso estado, Ceará, que transporta animais vindos da região Sul, Centro-Oeste, fazendo com que esses passem dias de jejum no transporte, além de longos períodos de descanso no pré-abate, iguais ou maiores que 20 horas, além de, abater os animais em ambientes com temperaturas muito baixas, em torno de 5°C, são fatores responsáveis por aumentar a ocorrência de carnes com esse desvio de qualidade (OURIQUE, 1989).

Este defeito acontece, pois, quando o pH passa muitas horas sem sofrer alteração, no caso de 24 horas após abate, as proteínas miofibrilares ficam acima do seu ponto isoelétrico (valor de pH em que as proteínas ficam com carga elétrica líquida igual a zero), fazendo com que a capacidade de retenção de água seja muito alta, o que mantém a água dentro da célula, aderida as essas proteínas miofibrilares, desta forma, a luz que incide é pouco refletida fazendo a carne fique com aparência escura (JUDGE *et al.*, 1989).

Devido ao pH da carne DFD, está próximo a 6,2, e comum que ela apresente uma maior tendência ao desenvolvimento de microrganismos patogênicos e conseqüentemente a degradação microbiana, diminuindo sua vida útil, sendo desta forma responsável por causar diversas perdas principalmente na indústria de carnes, pois não é possível utilizar essa carne para fabricação de salame e presunto cru por exemplo, devido sua grande retenção de água, além de causar diminuição na vida de prateleira desta carne (TERRA e FRIES, 2000).

4 CARACTERÍSTICAS DA CARNE

4.1 Capacidade de retenção de água (CRA)

A capacidade de retenção de água, também conhecida como CRA, é uma característica que a carne apresenta, sendo definida pela capacidade de reter essa água dentro de suas células, mesmo após os processos de corte, aquecimento, cozimento, trituração e prensagem.

Durante o processo de exsudação, a água presente no interior da carne é liberada, fazendo que essa adquira características de maciez e suculência, mudando sua textura, porém havendo um pouco de perda dos nutrientes contidos nela (SARCINELLI *et al.*, 2007). É uma propriedade essencial quando se quer avaliar a qualidade da carne, pois é responsável por afetar as características essenciais para a aceitação pelo consumidor da carne suína (PEREIRA, 2012).

As principais características sensoriais da carne como cor, textura, suculência e maciez da carne suína cozida, são dependentes da CRA desta carne. Qualquer diminuição que venha a ocorrer na água no interior do músculo é algo preocupante para as indústrias processadoras de carne, visto que aumenta as perdas em todas as fases do processamento, interfere no armazenamento, devido à perda de água e por conseguinte de peso, (SARCINELLI *et al.*, 2007) além de diminuir a palatabilidade dessa carne (GUSSE, 1996).

4.2 Perda de água por cocção

O processo da perda de água por exsudação durante a cocção da carne é algo corriqueiro, pois além de haver perdas na forma líquida, quando a água que sai do músculo permanece no recipiente de cozimento, ocorre também perdas por evaporação durante todo o processo de cozimento. Quanto maior a perda de água na carne, menor será sua maciez e suculência no final do processo de cocção, resultando em uma carne mais dura e seca (PEREIRA, 2012).

É importante destacar que a perda de peso por cocção pode ser calculada a partir da diferença entre o peso inicial, antes da cocção, e o final, depois da cocção, da amostra de carne, sendo esse valor expresso em porcentagem (MOURA, 2015).

4.3 Força de cisalhamento

A força de cisalhamento é definida como a intensidade que a mandíbula precisa fazer em um pedaço de carne, para que ocorra o rompimento das miofibrilas, até que seja possível o processo de deglutição, quanto maior a força necessária para que ocorra o cisalhamento, maior a dureza dessa carne, sendo responsável por influenciar diretamente na sua maciez (MOURA, 2015).

A maciez é uma característica que é medida de forma subjetiva, onde é necessário realizar uma análise sensorial desta carne com um grupo de pessoas, para saber sua opinião, outra forma é fazer o uso de aparelhos específicos, como os texturômetros (PEREIRA, 2012).

A maciez é a característica considerada de maior importância para a aceitação dos consumidores, sendo as características intrínsecas ao animal responsáveis por interferir na maciez, as ligadas a idade, sexo, alimentação, genética e tanto os manejos pré e pós abate (MOURA, 2015).

4.4 Características Sensoriais

4.4.1 Cor

A cor apresentada pela carne, é devida à concentração e ao estado químico que os pigmentos musculares se encontram, e pode ser medida pelos pigmentos mioglobina presentes no músculo (TERRA e FRIES, 2000). A quantidade dessa mioglobina, é o que fornece a cada tipo de carne seu tom característico, fazendo com que a cor esteja diretamente relacionada a perda de água, pela proporção entre o pigmento da mioglobina e pela quantidade de seus estados redox, que faz com que ocorra três tipos de variação desse pigmento, como o da mioglobina propriamente dita que apresenta cor púrpura, a oximioglobina, que tem cor vermelho-brilhante e da metamioglobina com a marrom-acinzentado (MONTEIRO, 2007).

A cor da carne mostra a concentração da oxidação que é encontrada na superfície do músculo, sendo essa quantidade influenciada mais pela pressão que o oxigênio exerce, e menos influenciada pela presença de radicais livres (propriedades responsáveis pelo processo de oxidação) (AMIN, 2014).

A concentração do pigmento mioglobina presente no músculo, varia com o sexo, idade, localização do músculo e exercícios feitos pelo animal. Normalmente a carne suína apresenta cor bem uniforme, variando entre o tom rosado e avermelhado, apresentando uma fina camada de gordura branca na sua superfície (SARCINELLI *et al.*, 2007).

A cor da carne pode ser medida tanto de forma subjetiva, utilizando um painel de cores e comparando-o com a cor da carcaça que será avaliada. Neste método o escore de

coloração varia de um (coloração pálida) até cinco (coloração avermelhada) (Meat Evaluation Handbook, 2001), podendo também ser avaliada de forma objetiva através do uso do colorímetro, sendo este baseado nos sistemas de cor Hunter Lab ou CIELAB, sendo o segundo mais objetivo (MINOLTA, 1998).

A cor é uma característica interessante de ser estudada pois está diretamente ligada ao fator frescor e conseqüentemente ligada a qualidade desta carne, principalmente do ponto de vista dos consumidores de carne in natura (MOURA, 2015).

4.4.2 Sabor e Aroma

É importante destacar que o aroma é um fator que somente é liberado pela carne no momento de sua cocção, mas, sua real percepção só ocorre quando o alimento é colocado na boca, o que o faz um fator relevante para que o produto seja aceito pelo mercado consumidor (MOURA, 2015). Sendo o aroma e o sabor as principais características sensoriais que exercem influência sob a qualidade do produto consumido (COSTA *et al.*, 2009; ALBUQUERQUE *et al.*, 2014).

Quando o alimento se encontra na cavidade bucal, várias são as características que passam a ser percebidas pelo paladar do consumidor, como: textura, maciez, suculência, presença de óleos e fibras (COSTA *et al.*, 2009; ALBUQUERQUE *et al.*, 2014). Alguns fatores presentes antes do abate, podem influenciar nessas características, como: idade, sexo, raça, alimentação e manejo, além de fatores como valor do pH final do músculo, processo de esfriamento e armazenamento dessa carne (SARCINELLI *et al.*, 2007).

4.4.3 Suculência

A suculência é definida como a quantidade de “suco” que é liberado durante o processo da mastigação (MILLER, 1998), ou seja, é a sensação de umidade que é notada nos primeiros gestos da mastigação, que ocorre devido a liberação de líquido pela carne, além da suculência que permanece, principalmente devido a presença de gordura, que é responsável por estimular a produção de saliva (SARCINELLI *et al.*, 2007).

A característica suculência é totalmente dependente do movimento de circulação da água no meio intracelular para o extracelular, mas é muitas vezes definida pela composição intramuscular (marmoreio) e de deposição de gordura (MOURA, 2015), gordura essa que age como uma barreira contra a perda de líquido durante o cozimento, fazendo com que a carne retenha mais água, aumentando sua suculência, (SARCINELLI *et al.*, 2007) porém existe

outros fatores intrínsecos ao animal, ligados a essa característica, como a idade por exemplo (OSÓRIO *et al.*, 2009).

4.4.4 Textura

Dentre todas as características sensoriais que influenciam na qualidade da carne, a textura é considerada a mais importante delas, podendo ser definida como a facilidade de mastigar a carne, com a presença de sensações de penetração, corte e resistência à ruptura (SILVA SOBRINHO *et al.*, 2005).

O preço pago pela carne é muito dependente da aceitação do consumidor, e está diretamente relacionado às características de palatabilidade desta carne (MADRUGA *et al.*, 2005). Por isso deve-se fazer a avaliação de todas as características organolépticas, para que seja possível atender as exigências do mercado consumidor (BATISTA *et al.*, 2013).

Tanto as características sensoriais da carne como de sua composição, são de essencial importância quando se deseja introduzir novas linhagens de animais, mais produtivos, além de fazer a aplicação de melhorias nos métodos de manejo e nos sistemas de produção animais atuais, para que desta forma o produto final seja um alimento de qualidade, diminuindo os custos empregados na sua produção e atendendo as exigências dos consumidores (ALBUQUERQUE *et al.*, 2014).

5 MARCADORES MOLECULARES

5.1 Polimorfismo de Comprimento de Fragmento de Restrição - RFLP

A sigla RFLP, originária do inglês *Restriction Fragment Length Polymorphism*, foi o primeiro marcador de DNA a ser utilizado para analisar, estudar e mapear mapas genéticos tanto nas espécies animais, como nos humanos (BOTSTEIN *et al.*, 1980), sendo bastante empregado principalmente nos estudos na área de genética vegetal.

De forma resumida a técnica baseia-se no processo de hibridação de sequências específicas de DNA dos animais que serão analisados, sendo essas sequências denominadas de sondas. Posteriormente essas sondas são submetidas a um processo de digestão, até que este seja completamente digerido pelas enzimas de restrição (BERED *et al.*, 1997).

As sondas utilizadas em estudos de RFLP são divididas em dois grupos distintos. O primeiro, consiste em um grupo de sondas que são produzidos a partir da digestão total do DNA de um indivíduo e por seguinte da construção de uma espécie de biblioteca genômica para essas sondas e podem conter regiões do DNA que podem ser transcritas ou não, além de apresentarem tamanho de até 5000 pb (WATSON *et al.*, 1987). Já o segundo, consiste na utilização da enzima Transcriptase reversa, para promover o processo catalisação da síntese de uma sequência de DNA, a partir de uma sequência de RNA. Esse tipo de sonda é chamado de cDNA, e apresenta tamanho de até 2000pb, contendo apenas regiões cromossômicas que são passíveis de transcrição (WATSON *et al.*, 1987).

De forma detalhada a técnica consiste em separar em gel de agarose os fragmentos selecionados de DNA para posteriormente realocados em membranas de nylon ou nitrocelulose, local onde serão hibridizadas com as sondas de DNA, tornando possível a detecção de sequências genômicas homólogas. Ressaltando que as sondas são sequências de DNA que foram marcadas com nucleotídeos radioativos ou quimioluminescentes. Depois de realizado o processo da hibridização, as membranas que contém os fragmentos de DNA fixo, são expostas a um filme de raios X para que seja realizado o processo de revelação (LANZA *et al.*, 2000).

É possível notar a presença de polimorfismo, quando há perda ou surgimento de sítios de restrição, que são as sequências específicas que apresentam de quatro a seis nucleotídeos reconhecidos pelas enzimas de restrição, utilizada na digestão desse DNA. Os rearranjos como, inserções, deleções, quando aparecem em dois sítios de restrição, são

responsáveis por alterar o tamanho dos fragmentos, que são passíveis de detecção por apresentar uma região homóloga a sonda de DNA. Uma característica importante da técnica RFLP é que esses fragmentos com a presença de polimorfismo são utilizados para caracterizar indivíduos geneticamente diferentes, além de que, por apresentarem herança codominante, é possível diferenciar os genótipos homocigotos dos heterocigotos (LANZA *et al.*, 2000).

Essa característica é considerada uma das vantagens da utilização do RFLP, pois nos permite analisar de forma mais detalhada a ação gênica e a interação entre os alelos em estudos que mapeiam as características quantitativas (Ferreira & Grattapaglia, 1998), além de apresentam locos únicos em cada genoma e tornar possível a utilização de sondas heterólogas, que auxiliam no mapeamento para a comparação entre espécies que se correlacionam. Porém, uma limitação do RFLP, é a necessidade de fazer as bibliotecas genômicas para a obtenção das sondas, além de ser uma técnica considerada um pouco complexa, sendo necessários laboratórios de ponta para realizar o procedimento (LANZA *et al.*, 2000).

5.2 Polimorfismos de DNA Aleatoriamente Amplificado – RAPD

A técnica RAPD, originária do inglês *Random Amplified Polymorphic DNA* (Williams *et al.*, 1990) ou também chamada de *Arbitrarily Primed-PCR* (AP-PCR) (Welsh e McClelland, 1990) é um procedimento consiste na utilização de *primers* curtos e únicos de 10 nucleotídeos, com sequência aleatória. Para tornar possível que um fragmento de DNA seja primeiramente amplificado, duas regiões complementares ao *primer* devem estar separadas por até 2.000 pb e em orientações opostas. Com isso, são amplificados fragmentos de DNA, distribuídos ao acaso no genoma, sem a necessidade do conhecimento prévio de sua sequência de DNA (LANZA *et al.*, 2000). Através do uso de baixas temperaturas de anelamento, que faz com que ao final dos ciclos venham a ser gerados grande número de fragmentos aleatoriamente amplificados, que são distintos por seus pesos moleculares em géis de agarose ou poliacrilamida, corados com brometo de etídeo ou nitrato de prata (exclusivo para os géis de poliacrilamida) (PEREIRA, 1999) e visualizado sob luz ultravioleta. As bases moleculares do polimorfismo de RAPD são mutações de ponto, ou deleções no sítio de pareamento do *primer*, ou inserções entre os sítios de pareamento, são deixadas a uma distância tal que impossibilita a sua amplificação (LANZA *et al.*, 2000). Desta forma, as principais aplicações para os marcadores RAPDs são a possibilidade de obtenção *fingerprint* de DNA de indivíduos, linhagens e populações e a caracterização genética de populações naturais e bancos de germoplasma (PEREIRA, 1999).

O RAPD, é uma técnica de fácil execução, baixo custo, pode ser aplicada em

qualquer tipo de organismo, além da obtenção rápida de resultados, não sendo necessário pessoal especializado, podendo ser realizada em laboratórios simples. Outra vantagem da técnica, é que não é necessário que se tenha um conhecimento sobre aquele genoma, pois os *primers* usados nessa técnica, resumem-se na ordenação aleatória dos quatro nucleotídeos em formações, normalmente com dez unidades, fazendo com que esses *primers* possam ser utilizados para amplificação de DNA de plantas, animais e microrganismos (GUIMARÃES 1994).

Porém dentre as desvantagens do uso dos RAPDs, estão baixo conteúdo de polimorfismo por loco amplificado, pois consta de apenas dois alelos, a presença da amplificação, verificada pela presença do fragmento amplificado no gel, e a ausência da amplificação, constatada pela ausência desse fragmento.

Porém, vale ressaltar que os genótipos heterozigotos não são distintos dos homozigotos, (PEREIRA, 1999) pois este tipo de marcador possibilita a detecção de apenas um alelo por locos, sendo que a presença de uma banda no gel identifica indivíduos homozigotos dominantes (AA) e heterozigotos (Aa), não permitindo a distinção entre eles. O homozigoto recessivo (aa) é identificado pela ausência da banda, (LANZA *et al.*, 2000) o que dificulta o uso destes marcadores em programas de melhoramento, devido à dificuldade em acompanhar a herança desses fragmentos (PEREIRA, 1999). Além de que apresentam baixa reprodutibilidade de vários fragmentos amplificados, a ineficiência na utilização destes fragmentos não mapeados para análise genética, além da influência da qualidade do DNA extraído, concentração de *primers*, enzimas e outros reagentes na obtenção e reprodução dos resultados.

Portanto, devido as desvantagens então abordadas, os RAPDs não são muito utilizados em programas de análise genômica animal, sendo basicamente destinados a caracterização de populações, raças e espécies que não possuem mapas genéticos saturados, pois as espécies domésticas de interesse zootécnico além de apresentarem marcadores genômicos muito eficientes, têm seu mapa genético já bastante completo (PEREIRA, 1999).

5.3 Microssatélites

Os microssatélites ou também chamados de *Simple Sequence Repeats* (SSR) (Litt & Luty, 1989), são denominados como sequências curtas, na faixa de 300 pares de base, que são compostas por repetições em tandem de um a seis nucleotídeos, sendo essas repetições encontradas aleatoriamente espalhadas e em abundância tanto no genoma de plantas como no de animais (PEREIRA, 1999).

Os marcadores microssatélites tornaram-se rapidamente os mais utilizados principalmente em estudos de genética humana, tanto para o desenvolvimento de mapas de ligação como para a identificação desses indivíduos. Em plantas, os microssatélites são muito frequentes e distribuídos ao acaso ao longo do genoma, sendo altamente empregados no processo de construção de mapas genéticos (LANZA *et al.*, 2000).

A técnica que envolve a utilização de microssatélites, consiste em amplificar o DNA genômico através da utilização de *primers* que flanqueiam os arranjos nucleotídicos repetidos, sendo o produto final normalmente separados em géis de poliacrilamida, pois apresentam resolução suficiente para separar os fragmentos de DNA que costumam diferir apenas por poucos nucleotídeos (PEREIRA, 1999).

O polimorfismo da técnica, tem como base principal as diferenças no número de repetições das regiões amplificadas. Estes marcadores foram responsáveis por contribuir para a criação da alta densidade do mapa genético humano. Esse tipo de marcador tem sido considerado como o principal utilizado em projetos de mapeamento, devido suas inúmeras vantagens, quando comparados a outros marcadores (PEREIRA, 1999).

Como por exemplo, os microssatélites apresentam alto grau de polimorfismo alélico, isso quer dizer que, são multialélicos, e codominantes, tornando possível a diferenciação entre indivíduos heterozigotos e homozigotos, fazendo com que qualquer população animal possa ser utilizada como população de referência para estudos de ligação e mapeamento genético. Pela alta densidade que vêm apresentando alguns mapas genéticos de espécies domésticas, tem-se disponível um número muito grande de microssatélites para se estudar diversas regiões cromossômicas, o que permite que mesmo laboratórios pequenos possam gerar informações genômicas (PEREIRA, 1999).

Outra vantagem consiste na possibilidade de maior automação dessas análises através da utilização de sequenciadores que trabalham de forma automática e são equipados com programas para análise desses fragmentos de DNA. Esse equipamento torna possível as análises multiplex, com amplificação e análise conjunta de vários sistemas de microssatélites, apresentando alto grau de confiabilidade nos resultados obtidos, porém uma limitação desse sistema, seria o alto custo dos equipamentos, reagentes e da necessidade de profissionais muito bem treinados (PEREIRA, 1999).

Entre as principais limitações ao uso dos microssatélites temos a obtenção de *primers* específicos que flanqueiam os microssatélites, para esta etapa é necessário a construção de bibliotecas genômicas enriquecidas com os microssatélites de interesse, (LANZA *et al.*, 2000) fazendo com que seja necessário que se desenvolva um trabalho antes

com os marcadores, envolvendo inclusive a clonagem dessas bibliotecas genômicas compostas de pequenos fragmentos de DNA, (PEREIRA, 1999) além de metodologias eficientes para o *screening* dessas bibliotecas e sequenciamento de DNA em larga escala, precisando de laboratórios bastante equipados e com estrutura especializada (LANZA *et al.*, 2000)

Porém para diversas espécies de importância econômica, já existem microssatélites criados por laboratórios de referência, que podem ser diretamente utilizados nas populações amostrais, fazendo com que esta característica não seja uma limitação incontornável.

5.4 Loci de Característica Quantitativa - QTL

Os QTLs, do inglês *Quantitative Trait Loci*, são as regiões do cromossomo que se relacionam com a variação das características fenotípicas quantitativas. Porém como existe uma quantidade muito pequena de locos que são importantes do ponto de vista econômico, somando ao fato que os QTLs não apresentam bases moleculares propriamente definidas, esse cenário faz com que hoje esses sejam apenas usados como uma associação estatística. Desta forma os QTLs são as associações estatísticas entre dados de uma região genômica e sua variabilidade fenotípica que existe entre as populações segregantes (LIU, 1998)

Por definição, um marcador QTL que apresenta grande magnitude seria aquele que teria a capacidade de explicar até um desvio-padrão da variabilidade de uma característica, desta forma, em populações endogâmicas a detecção de QTLs não seria eficiente, pois se este encontra-se fixado, ou próximo do local de fixação, a variabilidade existente não será suficiente para detecção estatística. Por isso é necessário que se tenha a construção de grandes famílias que sejam geneticamente diferentes para realizar o mapeamento (PEREIRA, 1999).

Existem dois tipos de erros bastante comuns na execução dos procedimentos que envolvem os QTLs. O primeiro deles acontece quando não existe um QTL ligado a um marcador, fazendo com que o analista verifique sua presença, mesmo que ela não exista, fazendo com que esse erro seja de total parcela do analista que não estabeleceu limites adequados de significância estatística (PEREIRA, 1999).

Já o segundo acontece quando ocorre uma ligação entre o QTL e um marcador, mas o analista não consegue verificar sua presença, faz com que esse erro venha a ocorrer por número insuficiente da amostra, principalmente quando se está trabalhando com QTLs de efeito pequeno (PEREIRA, 1999).

Os procedimentos realizados para a estimação e localização de um QTL, são embasados em testes estatísticos que apresentam a capacidade de detecção de alterações das medidas de características entre classes de indivíduos que são definidas através de um marcador ou por um intervalo entre diferentes marcadores. São muitas as metodologias usadas para essa análise, sendo que grande parte baseia-se nos métodos de regressão e verossimilhança, porém na prática os mais utilizados são o teste t e as análises de variância. Vale ressaltar que a localização de um QTL é medida pela identificação de marcadores que estão associados com o aparecimento de um fenótipo. Para os QTLs únicos o ponto que tiver o maior valor no teste estatístico é a estimativa mais razoável para a localização deste QTL (PEREIRA, 1999).

Entre os principais problemas encontrados no mapeamento utilizando os QTLs, estão a dificuldade na detecção correta de todos os fatores genéticos que possuem efeitos sobre a característica e estão segregando independentemente na população, a localização do QTL em relação ao marcador genômico utilizado e, por último, a correta *estimação* dos efeitos do QTL e suas interações. (Churchill e Doerge 1998).

5.5 Polimorfismo de Nucleotídeo Único - SNP

Os marcadores do tipo SNP tem como principal base as mudanças mais fundamentais que acontecem no DNA, como as mutações em bases únicas da cadeia de bases nitrogenadas (Adenina, Citosina, Timina e Guanina). As mutações mais comuns são as transições, onde acontece a troca de uma purina por outra purina ou de uma pirimidina por outra pirimidina. Já de forma menos corriqueira, ocorrem as transversões quando acontece a troca de uma purina por uma pirimidina, ou vice-versa (CAETANO, 2009).

Geralmente, os marcadores SNP são bi-alélicos, o que quer dizer que são encontradas apenas duas variantes em uma espécie, por exemplo um alelo que corresponde a um par de bases A/T e um outro a um G/C.

Os SNPs podem ocorrer em regiões codificadoras ou com função regulatória, mas na maior parte das vezes são encontrados em espaços intergênicos, sem função determinada. São marcadores altamente abundantes nos genomas de espécies que não apresentam endogamia, além de que, suas bases moleculares permitem que se tenha uma distribuição homogênea de SNPs pelo genoma.

Vale ressaltar que os marcadores SNPs são a base molecular de vários tipos de marcadores moleculares como os RFLPs e RAPDs por exemplo (CAETANO, 2009).

Diversas foram as vantagens do uso de marcadores moleculares SNP, como: a

associação e mapeamento genético, como ensaios para confirmação de paternidade, rastreabilidade (identificação individual), detecção de doenças genéticas e polimorfismo que estão diretamente ligados a produção (CAETANO, 2009).

Um dos principais métodos utilizados para empregar marcadores SNPs, é o método padrão de prospecção, esse é baseado no método de sequenciamento Sanger, que consiste em detectar a presença de SNPs distribuídos de forma aleatória pelo genoma, através do alinhamento de uma sequência de um fragmento aleatório do genoma com uma sequência consenso, sendo necessário para esse método que se tenha a sequência de referência, que no caso é o genoma da espécie de forma sequenciada (CAETANO, 2009).

Grandes conjuntos de SNPs foram detectados em todas as espécies que tiveram seus genomas sequenciados utilizando esta metodologia. Alternativas para prospectar SNPs em regiões específicas do genoma, utilizando sequenciamento Sanger também foram desenvolvidas e extensamente aplicadas. O sequenciamento direto de fragmentos específicos do genoma amplificados por PCR, e subsequente alinhamento e comparação das sequências, permite a mineração de SNPs em uma região de interesse. Vários estudos utilizaram essa metodologia para prospectar SNPs em genes de interesse (Abatepaulo *et al.*, 2008).

A última geração de tecnologias de genotipagem SNPs, são aquelas baseadas em microarranjos de DNA fabricados através da fixação de oligonucleotídeos em lâminas de vidro (Hacia *et al.*, 1999) chamados de “SNP Chips”, esses foram responsáveis por trazer novos avanços, principalmente por suas aplicações nas espécies de interesse pecuário. Cada “chip” é composto por dezenas ou até centenas de milhares de pontos microscópicos contendo sondas de DNA específicas. A hibridização de uma sequência alvo com a sonda é detectada e quantificada por fluorescência ou quimioluminescência. Essas tecnologias permitem a análise de centenas de milhares de SNP em um único ensaio reduzindo significativamente custos de geração de dados. Porém, o sucesso da implementação desse método está na fase de produção dos microarranjos que por sua vez requer grande expertise, além de não ser simples sua padronização (CAETANO, 2009).

5.6 Variação no Números de Cópias – CNV

Nos últimos anos, pesquisas realizadas com o intuito de avaliar de forma mais detalhada a variação de sequências entre indivíduos de uma população relataram que, através do genoma, os indivíduos diferem substancialmente quanto ao número de cópias dos segmentos cromossômicos, cujos tamanhos variam de 1 até 5.000 kb (quilobase), sequência de 1000 bases), com a média de 250 kb. Essa variação ocorre em mais de 10% do genoma,

sendo denominada de variação no número de cópias (CNV), ou polimorfismo de número de cópias, do inglês, *copy number polymorphism* - CNP (NICHOLAS, 2009). Desta forma, as CNVs são definidas como fragmentos de DNA maiores que um 1 kb com um número variado de cópias no genoma (Pinto *et al.*, 2007).

Considerando que os indivíduos diferem quanto ao número de cópias genômicas, existem evidências de que essa diferença pode ser determinante na variação genética nas chamadas características multifatoriais, responsáveis por apresentar grande importância na identificação da etiologia das doenças genômicas (NICHOLAS, 2009).

Os rearranjos das CNVs são formados por quebras e junções de determinados segmentos genômicos, podendo ser divididas em dois grandes grupos: as CNVs recorrentes e as não recorrentes, ambas mediadas por diferentes mecanismos na formação de rearranjos estruturais (KLOPOCKI E MUNDLOS, 2011).

As CNVs recorrentes, são compostas de quebras frequentemente localizadas em determinadas regiões, sendo descritas como alterações que possuem pontos de quebra entre sequências muito parecidas, ou seja, são mediadas por sequências altamente repetitivas, conhecidas como LCRs (*low copy repeats*). Essas sequências altamente similares, com tamanho aproximado de 10 kb, geram uma ampla oportunidade para a ocorrência da recombinação homóloga não alélica (NAHR, do inglês *Non-allelic homologous recombination*) (LUPSKI E STANKIEWICZ, 2005).

Já no segundo grupo, estão presentes as CNVs consideradas não recorrentes, onde as sequências que flanqueiam os pontos de quebra possuem uma similaridade mais limitada, abrangendo apenas poucos pares de bases de 2 a 15 pb (Hastings *et al.*, 2009). Essas CNVs são caracterizadas principalmente por ocorrer através do mecanismo de união terminal não homóloga (NHEJ do inglês, *Non-homologous end joining*) e por apresentar rearranjos complexos, incluindo a presença de sequências de outras regiões inseridas na junção dos pontos de quebra, duplicações, triplicações, inversões e deleções, muitas vezes intercaladas por sequências com número normal de cópias (GAJECKA *et al.*, 2008).

Embora as CNVs não recorrentes não sejam frequentemente flanqueadas por sequências repetitivas, esses rearranjos podem ocorrer em regiões ricas em LCRs, e assim aparecerem no sentido invertido das sequências de DNA, alterando a arquitetura genômica (STANKIEWICZ *et al.*, 2003).

6 GENES QUE INFLUENCIAM NAS CARACTERÍSTICAS DA CARNE

6.1 Gene Halotano

No início dos anos 60, foram observados que alguns animais da espécie suína, apresentavam uma maior predisposição ao estresse do que outros, desta forma, suspeitava-se que esse problema fosse herdado geneticamente (CHAGAS, 2014). Já na década seguinte, nos anos 70, foi desenvolvido um teste para comprovar essa teoria, onde os animais eram expostos a uma anestesia inalatória com o gás Halotano, e desta forma, sendo possível segregar os animais resistentes à anestesia, dos com predisposição ao estresse excessivo. Com este teste tornou-se possível direcionar os acasalamentos de forma a encontrar o modo de herança do gene do Halotano, denominado HAL. Na década de 80 várias pesquisas foram realizadas de forma a caracterizar as diferenças entre os animais normais e os susceptíveis ao estresse, tanto no nível fisiológico quanto bioquímico e principalmente genético (ANTUNES, 2002).

Vale ressaltar que outras pesquisas relatavam que o genótipo Halotano, além de aumentar a sensibilidade dos animais ao estresse, era capaz de influenciar na composição das carcaças com maior deposição de carne magra e paralelamente influenciava o aumento de carnes com desvio de qualidade do tipo PSE, sendo um problema bastante significativo para a indústria processadora de carne suína. Nos anos 90, pesquisas na área da biologia molecular, trabalharam de forma a conseguir mapear, sequenciar e clonar o gene, que codifica uma proteína que faz parte do canal de cálcio da célula, apontando-o como o responsável pela chamada síndrome do estresse suíno ou hipertermia maligna suína (PSS) (FUJII *et al.*, 1991).

A síndrome do estresse suíno, é caracterizada pelo estado de rigidez muscular, onde ocorre aumento do metabolismo tanto aeróbico como anaeróbico e conseqüentemente aumento da produção de calor endógeno, quando expostos aos anestésicos halogênicos e outros agentes estressores. Pelo fato de haver uma reação muscular muito forte no animal vivo e pelos problemas que ocorrem na carne no pós-abate, há uma grande indicação de que haja um defeito na regulação dos canais de cálcio da célula, onde a concentração de Ca^{++} do retículo sarcoplasmático se mantém alta (MICKELSON e LOUIS, 1992).

Quando um animal normal é abatido, o conteúdo de glicogênio que permanece dentro do músculo, se o retículo sarcoplasmático estiver funcionando da forma correta, faz com que a diminuição do pH ocorra de forma lenta até que atinja seu valor final. Porém se algo influenciar a atividade do retículo sarcoplasmático, fazendo com que diminua a sua

atividade de regular a taxa de Ca^{++} , a velocidade da glicólise aumenta e o pH diminui muito rápido (MICKELSON e LOUIS, 1992).

Salientando que no músculo do animal vivo a concentração dos íons Ca^{++} no sarcoplasma é controlada por sistemas enzimáticos que regulam essa concentração, esses se encontram localizados no sarcolema, incluindo os túbulos T, tanto na membrana do retículo sarcoplasmático como na membrana mitocondrial (MICKELSON E LOUIS, 1992).

Nos animais que apresentam o gene Halotano, a velocidade em que ocorre o processo da liberação do Ca^{++} pelo retículo sarcoplasmático é quase o dobro quando comparado a animais normais. A consequência disso é que a concentração de Ca^{++} no sarcoplasma, devido ao estímulo na junção mioneural, provoque um aumento exagerado da quantidade necessária, para proporcionar um ciclo de contração, mesmo que tenha a presença de uma alta atividade da ATPase de Ca^{++} do retículo sarcoplasmático, que tem como função recompor a concentração de Ca^{++} no sarcoplasma até atingir o nível de repouso do músculo. Essa alta concentração de íons Ca^{++} no sarcoplasma estende o estímulo da atividade de contração do músculo, conseqüentemente estimulando um acelerado desdobramento de glicogênio, ocasionando uma elevação do metabolismo com alta produção de calor (MICKELSON e LOUIS, 1992).

Para explicar esse contexto, Fuji *et al.* (1991), relataram uma mutação no gene que codifica o receptor rianodina do canal de Ca^{++} do retículo sarcoplasmático da célula muscular no músculo esquelético, que está diretamente ligada a hipertermia maligna. Foram responsáveis por desenvolver um teste não invasivo, onde foi usado a PCR-RFLP (reação em cadeia de polimerase - polimorfismos no comprimento dos fragmentos de restrição), tornando possível diferenciar três genótipos: HALNN (normal, dominante), HALNn (heterozigoto) e HALnn (sensível, recessivo) e com esse conhecimento é possível que estudos sejam realizados para determinar a consequência do gene Halotano nas diferentes raças suínas, para se trabalhar com a melhor estratégia de cruzamentos.

A técnica de PCR-RFLP, tornou possível encontrar no DNA retirado de amostras de tecidos, um fragmento de 81 pares de bases que, quando expostos à digestão pela enzima de restrição Hhal (CGC/C) produz dois fragmentos de 49 e 32 pares de bases em suínos homozigotos normais com dois alelos dominantes (HALNN). Já nos animais heterozigotos (HALNn), são encontrados três fragmentos de 49, 32 e 81 pares de bases respectivamente e apenas um fragmento de DNA de 81 pares de bases para suínos com PSS mutantes homozigotos recessivos (HALnn) (FUJI *et al.*, 1991).

Para explicar essa mutação, primeiro é importante entender que o receptor de rianodina (RYR) é uma proteína de 350 kDa que compõe o canal de Ca^{++} do retículo sarcoplasmático. A mutação ocorre na posição 1843, onde uma base citosina é trocada por uma base timina, que resulta na substituição de um resíduo de arginina na posição 615 da sequência normal da proteína para um resíduo de cisteína na sequência mutante. (FUJII *et al.*, 1991; MICKELSON e LOUIS, 1992).

O gene HAL apresenta efeito pleiotrópico (propriedade em que um gene, influencia em mais de uma característica) em relação a susceptibilidade dos suínos ao estresse, quanto ao conteúdo de carne na carcaça e qualidade desta carne, quando em homozigose recessiva (nn), o gene está ligado com o surgimento de carnes com aspecto PSE (ANTUNES 1997; e CULAU 1999). A correlação entre os animais que apresentam o gene HAL e produção da carne do tipo PSE (SILVEIRA, 1996), não está ligado somente ao genótipo Halotano (WARRIS, 1995), pois sabe-se que o processo do abate, já apresenta diversos fatores que são estressantes a esses animais (GRANDIN, 1994). Animais portadores do gene HAL, apresenta maior tendência a desvios de qualidade da carne, quando submetidos a abates inadequados, aqueles que expõe o animal ao nível de estresse exacerbado, desde o transporte, até a insensibilização (SELLIER, 1995; CULAU, 1999).

É importante salientar que o genótipo Halotano não afeta somente as características de qualidade da carne de animais homozigotos recessivos, afetando também os animais de genótipo heterozigoto (SATHER *et al.*, 1991). Os animais heterozigotos conseguem apresentar um rendimento de carne muito maior do que os homozigotos dominantes, além de apresentar um efeito significativo na diminuição da espessura de toucinho, mostrando que o genótipo heterozigoto é superior ao homozigoto recessivo, quando falamos de perfil da carcaça (ANTUNES, 1997). Além de que suínos com genótipo homozigoto recessivo, apresenta qualidade de carne inferior quando comparados com os genótipos homozigoto dominante e heterozigoto (SMET *et al.*, 1996). Isso acontece pois ocorre uma liberação muito rápida de íons Ca^{++} pelo retículo sarcoplasmático, fazendo com que a concentração desses íons se eleve para uma quantidade muito acima da necessária para iniciar um ciclo de contração, além de que, a alta atividade enzimática da ATPase de Ca^{++} da membrana do retículo sarcoplasmático (bomba de cálcio) não é suficiente para restaurar a concentração de íons Ca^{++} no sarcoplasma para os níveis que proporcionem o relaxamento muscular (RÜBENSAM, 2000).

No caso dos músculos de animais com gene HAL, é preciso de uma concentração de quase dez vezes maior de íons Ca^{++} para inativar os receptores rianodina dos canais de

Ca⁺⁺ do retículo. Já animais heterozigotos, tem características medianas na liberação deste cálcio, quando comparado com homozigotos recessivos e animais normais (RÜBENSAM, 2000).

A rápida elevação de íons Ca⁺⁺ no sarcoplasma aumenta a velocidade de uso do ATP muscular e do processo da glicogenólise, fazendo com que a queda do pH seja muito rápida, sendo este o efeito mais importante do gene halotano, fazendo com que esta carne chegue a valores menores que 5,8 em menos de uma hora do processo de post mortem. Ressaltando que paralelamente a temperatura da carcaça, atinge valores de 36 °C ou mais, dependendo de que fatores externos o animal foi exposto no momento do pré-abate e de como o animal reagiu a eles. A junção de pH ácido e temperatura quente, causa desnaturação das proteínas, principalmente as miofibrilares, que são responsáveis pela retenção da água dentro da carne, (RÜBENSAM, 2000) resultando em carnes pálidas, flácidas e que exsudam muita água, causando desta forma um imenso impacto econômico, considerando que essas carnes são impróprias para a industrialização e de aparência desagradável para o consumidor (RÜBENSAM, 2000).

Em animais portadores do gene HAL, a observação de aspectos alterados ocorre mais nas fibras musculares brancas, como no caso dos músculos: longo dorsal, semimembranoso, bíceps femoral e glúteo médio, que apresentam baixa concentração de mioglobina, fazendo com que o metabolismo glicolítico fique totalmente dependente das reservas de glicogênio, pois o sistema enzimático das fibras brancas decompõe muito rápido essas reservas, tanto em condições de anoxia (músculo vivo) como de anaerobiose (falta de oxigênio após a sangria) (RÜBENSAM, 2000).

Os músculos utilizados para a avaliação da qualidade da carne suína são, o lombo e o pernil respectivamente longo dorsal (*Longissimus dorsi*) e o semimembranoso (*Semimembranosus*). Essa avaliação é feita através de valores de pH e índices de refletância, por serem passíveis de medição em carcaças intactas. Os valores do pH desses dois músculos, quando medidas no mesmo tempo, se relacionam entre si, mostrando que o padrão de queda do pH num músculo é muito semelhante ao do outro músculo, sendo que o pH inicial do lombo é sempre um pouco inferior ao do pernil (OURIQUE, 1989).

6.2 Gene Rendimento Napole

O gene do Rendimento Napole (RN), é bastante conhecido na indústria suinícola, principalmente pelo fato de apresentar uma relação direta com a produção das chamadas “carnes ácidas”, onde o potencial glicolítico dos músculos ricos em fibras do tipo brancas, apresenta influência negativa direta na capacidade de retenção de água, causando perdas de 4 a 6%, durante o resfriamento (*drip loss*) e durante o cozimento (*heat loss*), e conseqüentemente há uma diminuição do rendimento de produtos curados cozidos, como por exemplo o presunto, por apresentarem pH final muito ácido, causando perdas de até 56% em comparação com carnes suínas normais (MOELLER *et al.*, 2003; GARIÉPY *et al.*, 1997).

As “carnes ácidas” apresentam características muito semelhantes das encontradas nas carnes com desvio PSE, porém nesse caso, a observação desse fenômeno só é passível de visualização no final do resfriamento das carcaças, quando o pH atinge valores muito ácidos, como 5,4 ou até menos. Sendo nessas carnes, a velocidade de queda inicial do pH normal, mas, a rapidez com que ocorre o desdobramento do glicogênio muscular é muito mais rápida do que a que ocorre nos animais normais, por isso a característica da carne ácida, só é manifestada no final do processo do post mortem ou resfriamento (EMBRAPA, 2001).

Devido ao gene RN apresentar impactos no ganho da carcaça, qualidade muscular e por conseguinte na eficiência da produção, passou-se a ter um maior interesse em entender qual seriam os efeitos do gene nessas características, visando contornar os efeitos causados por ele. A primeira pesquisa que tinha como o intuito entender como funcionava o gene RN, foi através de um método indireto, em que foi possível determinar que o genótipo RN por meio de uma medida do potencial glicolítico (GP) do músculo, sendo desenvolvido para permitir a identificação de animais que fossem portadores do gene RN, tornando possível retirá-los por completo dos plantéis de animais selecionados (Milan *et al.*, 2000).

Hoje, sabe-se que a produção de carne ácida está diretamente ligada a um alelo dominante RN^- quando comparado com seu alelo recessivo rn^+ (LUNDSTRÖM *et al.*, 1998), sendo os animais que apresentam alto potencial glicolítico em seus músculos, caracterizados como homozigotos dominantes (RN^-RN^-) ou heterozigotos (RN^-rn^+). Já os animais como genótipo homozigotos recessivos (rn^+rn^+), são classificados como animais normais, gerando no final do post mortem, carne com aspecto normal. O principal efeito do gene RN^- é o aumento da concentração de glicogênio muscular, aumento esse que pode chegar a 70% acima do que é considerado normal, no caso do *Longissimus dorsi* (SELLIER, 1995).

Vale ressaltar que a mutação dominante, o chamado RN⁻, foi primeiramente encontrado em animais da raça Hampshire, sendo provável que a mutação tenha surgido na raça e tenha aumentado em frequência, principalmente devido aos seus efeitos benéficos sobre a taxa de crescimento e conteúdo de carne da carcaça (MILAN *et al.*, 2000). Devido à frequência desse gene ser alta na raça Hampshire, levou alguns pesquisadores a caracteriza-lo inicialmente como efeito Hampshire. Essa relação com a raça pode ser comprovada pelo estudo de Milan *et al.* (2000), que encontraram uma frequência genotípica de 0,397 (RN⁻RN⁻), 0,466 (RN⁻ rn⁺) e 0,137 (rn⁺ rn⁺) nos suínos Hampshire e 100% de homocigotos normais (rn⁺ rn⁺) nos suínos Yorkshire (VRIES *et al.*, 1998).

Inicialmente pensava-se que o gene RN, era somente um problema encontrado em animais Hampshire, mas em um experimento conduzido por Meadus *et al.* (2000), relatou a presença do gene em populações comerciais de pelagem branca, possivelmente devido ao uso de machos Hampshire nos cruzamentos terminais (FÁVERO e PEREIRA, 2009).

O gene RN apresenta-se localizado no cromossomo 15 dos suínos, sendo responsável por causar um surgimento de depósitos elevados de glicogênio muscular e consequentemente baixo pH final. Os prejuízos causados à qualidade da carne desses animais são diversos como baixo pH, maior índice de refletância de luz devido ao aspecto de cor pálida, menor gordura intramuscular, menor escore de marmoreio e maior perda por gotejamento, sendo suas vantagens bastante semelhantes aos encontrados no gene HAL, como maior rendimento de carcaça. Porém, não apresentando uma queda de pH inicial tão baixa, quando comparada com animais com gene HAL (Moeller *et al.*, 2003).

Estudos tem mostrado que o gene PRKAG3 é um dos principais genes que causam essa variação da carne suína em relação ao valor do pH, cor da carne e perda por gotejamento. A proteína codificada pelo gene PRKAG3 do músculo esquelético é específica de células da subunidade reguladora gama 3 da proteína quinase AMP-ativada (AMPK). AMPK é um sensor de energia que, quando é ativado em resposta a um agente estressor metabólico celular, atua fosforilando e inativando as principais enzimas responsáveis por regular os processos envolvidos na biossíntese de ácidos graxos e colesterol, sendo uma mutação dominante identificada pelo gene PRKAG3 responsável por causar uma substituição de arginina por uma glutamina correspondente ao gene RN⁻ (MILAN *et al.*, 2000).

Outra característica observada em animais com genótipo RN é a substituição de isoleucina na posição 199 por valina, juntamente com a mutação no loco 200, responsável por causar acúmulo de glicogênio (CIOBANU *et al.*, 2001). Sendo a mutação mais conhecida no PRKAG3 é a 200Q, encontrada apenas na raça suína Hampshire (MILAN *et al.*, 2000). Sendo

o alelo 200Q responsável por provocar um alto conteúdo de glicogênio que fica armazenado nos músculos esqueléticos brancos, consequentemente resultando em um baixo pH muscular *post mortem*, baixa capacidade de retenção de água e pouco rendimento nos processamentos, características que influenciam na qualidade da carne (MILAN *et al.*, 2000).

Vries *et al.*, (1998) relataram uma perda de 5 a 6% no processamento de presunto cozido em animais portadores do gene RN, além de perdas recorrentes do processo de fatiamento. O alelo RN é de considerável importância econômica na suinocultura industrial, sendo a eliminação da mutação necessária devido a seus efeitos negativos sobre o processamento da carne (MILAN *et al.*, 2000). Atualmente, as indústrias e os produtores de suínos destinam-se a eliminar a frequência do gene RN, a fim de fornecer carne de qualidade superior a carne, para atender as exigências do mercado consumidor.

6.3 Gene da gordura intramuscular

Considerando que o conteúdo de gordura intramuscular (IMF), é uma das principais características que influenciam os consumidores na hora da compra, visto que é uma que está diretamente ligada à aparência e maciez da carne suína, isso fez com que esta característica passasse a ter relevância para estudos, de forma a direcioná-la para melhorar as características da carne.

Desta forma, JANSS *et al.* (1997), realizou um experimento, utilizando a análise de segregação, para verificar a existência de um gene de efeito principal recessivo para a IMF. Foram utilizados animais F2 do cruzamento entre Meishan com linhagens comerciais holandesas de raças brancas, sendo encontrado um aumento de 2,1% de IMF no lombo dos animais homozigotos recessivos em relação aos dominantes.

Vale ressaltar que algumas pesquisas estão sendo realizadas para verificar a presença em raças puras, bastante utilizadas nos cruzamentos comerciais, como a Duroc (MONIN *et al.*, 1997). Desta forma, podendo levar a realização de testes de DNA que proporcionassem melhor controle desse marmoreio na carne, tornando-a mais atrativa para o comércio. Um desafio da utilização de animais com marcadores de genes para a IMF em cruzamentos seria trabalhar de forma que houvesse aumento somente na característica de marmoreio, sem interferir na gordura subcutânea, abdominal e intermuscular.

A localização de genes para IMF é algo que ainda não é uma informação conhecida, pois no experimento de DE KONING *et al.* (1998), o gene foi encontrado nos marcadores dos cromossomos 1 e 3, já para ROTHSCCHILD e PLASTOW (1999) estaria nos cromossomos 4 e 7.

Os genes H-FABP e o A-FABP (GERBENS *et al.*, 2001) fazem parte de uma família de proteínas que tem função de se ligar e transportar ácidos graxos e outros componentes com características hidrofóbicas (VERKAAMP e MAATMAN, 1995). Ressaltando que o A-FABP é encontrado no tecido adiposo e o H-FABP em vários tecidos, como a musculatura esquelética e cardíaca.

Os animais de populações vindas de cruzamentos com a raça Meishan, apresentaram associação entre o H-FABP e gene IMF, mas, não foram encontradas ligações com o A-FABP (GERBENS *et al.* 1998 e 2000). Ressaltando que a sequência do gene H-FABP foi patenteada e poderá ser incorporada em programas para melhoramento da qualidade e características da carne.

7 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Conhecer as características da carne que influenciam na sua qualidade, tais como pH da carne, capacidade desta em reter água, cor, textura, suculência é uma etapa crucial, pois somente conhecendo-as e possível trabalhar de forma a melhora-las através da inserção de várias tecnologias como o uso dos diversos tipos de marcadores moleculares, principalmente os do tipo SNP que hoje são bastante usados juntamente ao melhoramento tradicional, aquele que se baseia na seleção dos animais superiores, para que o produto final (carne) se adeque da melhor forma as exigências do mercado consumidor, tanto de consumidores da carne in natura, como para as indústrias de processamento.

É importante entender como funciona a expressão dos genes que acabam influenciando nas características da carne e que conseqüentemente afeta sua qualidade, como no caso do gene halotano, que é considerado até hoje o principalmente gene que interferem na carne suína, e que por muitos anos acarretou diversos problemas e prejuízos para toda a indústria desta carne, além dos genes Napole e IMF, que juntos, são os principais responsáveis por influenciar na produção de carnes ideais para consumo.

REFERÊNCIAS

- ANDERSSON. A mutation in PRKAG3 associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle. **Science** v.288, p.1248-1251, 2000.
- ANTUNES, R. C. **O efeito do genótipo HAL sobre o rendimento de carne em partes da carcaça de suínos cruzados**. Uberlândia: Universidade Federal de Uberlândia, 1997. 64p. Dissertação (Mestrado em Genética e Bioquímica) – Universidade Federal de Uberlândia, 1997.
- ABATEPAULO, A.R.; CAETANO, A.R.; MENDES JR., C.T. et al. Detection of SNPs in bovine immune-response genes that may mediate resistance to the cattle tick *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*. **Animal Genetics**, v.39, n.3, p.328-329, 2008.
- ALBUQUERQUE, L. F.; BATISTA, A. S. M.; ARAÚJO FILHO, J. T. Fatores que influenciam na qualidade da carne de cordeiros Santa Inês. **Essentia**, Sobral, vol. 16, n° 1, p. 43-60, jun/nov. 2014.
- AMERICAN MEAT SCIENCE ASSOCIATION. **Meat evaluation handbook**. Savoy: – AMSA, 2001. p.83-116.
- AMIN, M.; KIEFER, C.; FEIJO, G. L.D. Níveis de energia líquida e ractopamina na qualidade da carne suína. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v.15, n.2, p.484-492 abr./jun., 2014.
- ANIL, M.H; YESILDERE, Y; AKSU, H; MATUR, E; MCKINSTRY, J.L; WEAVER, H.R; BATISTA, A. S. M.; ALBUQUERQUE, L. F.; MENDES, F. W. V. Qualidade da carne ovina. **Essentia**, Sobral, vol. 14, n° 2, p. 189-206, 2013.
- BENEVENUTO JÚNIOR, A. A. **Avaliação de rendimento de carcaça e de qualidade da carne de suínos comerciais, de raça nativa e cruzados**. Viçosa:MG, UFV, 2001. 98p. Dissertação (Mestrado em Tecnologia de Alimentos) – Universidade Federal de Viçosa. 2001.
- BERED, F.; BARBOSA NETO, J. F.; CARVALHO. Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento genético de plantas. **Ciência Rural**. Santa Maria. vol. 27, n. 3, p. 513-520, 1997.
- BERTOLONI, W; SILVEIRA, E.T.F.; LUDTKE, C.B.; ANDRADE, J. C. Avaliação de diferentes híbridos suínos submetidos à insensibilização elétrica e gasosa (CO²). Parte 1 - mensuração de indicadores sanguíneos de estresse. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v.26, n.3, p.564-570, 2006.
- BEZERRA, J. M. M ; ADERBAL, C. N. ; SILVA, L. P. G. . et al. Caracterização do consumidor e do mercado da carne suína na microrregião de Campina Grande, Estado da Paraíba. **Ciência Animal Brasileira**, v. 8, n. 3, p. 485-494, 2007.
- BOTSTEIN, D., WHITE, R.L., SKOLNICK, M., et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 32, p. 314-331, 1980.

BRASIL. Ministério da Agricultura. Instrução Normativa n. 3, de 07 de janeiro de 2000. **Regulamento técnico de métodos de insensibilização para o abate humanitário de animais de açougue**. S.D.A./M.A.A. Diário Oficial da União, Brasília, p.14-16, 24 de janeiro de 2000, Seção I.

BRIDI, A. M.; SILVA, C. A. Qualidade da carne suína e fatores que a influenciam. In: NUCLEOVET. (Org.). **Anais do VI Simpósio Brasil Sul de Suinocultura**. 1ed. Concórdia: EMBRAPA, v. 1, p. 46-62, 2013.

CAETANO, A. R. Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 8, p. 64-71, 2009.

CALDARA, F.R.; SANTOS, V.M.O.; SANTIAGO, J.C. et al. Propriedades físicas e sensoriais da carne suína PSE. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v.13, n.3, p.815-824, 2012.

CHURCHILL, G.A. & DOERGE, R.W. **Mapping quantitative trait loci in experimental populations**. In: Molecular Dissection of Complex Traits. p. 31-42. Editor: Paterson, A. H., CRC Press, Nova York, 1998.

CIOBANU D., BASTIAANSEN J., MALEK M. et al. Características Sensoriais da Carne Ovina: Sabor e Aroma. **Revista Científica de Produção Animal**, v.11, n.2, p.157-171, 2009.

CULAU, P. O. V.; LÓPEZ, J.; RUBENSAM, J. M.; LOPES, R. F. F.; NICOLAIEWSKY, S. Influência do Gene Halotano sobre a Qualidade da Carne Suína. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.2, p.954-961, 2002.

DALLA COSTA, O.A.; COLDEBELLA, A.; COSTA, M.J.R.P. et al. Período de descanso dos suínos no frigorífico e seu impacto na perda de peso corporal e em características do estômago. **Ciência Rural**, v.36, n.5, p.1582-1588, 2006.

DE KONING, D.J., JANSS L.L.G. JANSS, ARENDONK J.A.M. VAN ARENDONK, et al. Mapping major genes affecting meat quality in Meishan crossbreds using standard linkage software. **Proc. World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.**, 26:410. [CD-ROM]. 1998

DE VRIES, A.G ; SOSNICK, A ; GARNIER, J. P. . et al. The role of major genes and DNA technology in selection for meat quality in pigs. **Meat Science**, v. 49, suppl. 1, s245-s255, 1998.

DUTRA, R. L. **Investigação da variação no número de cópias genômicas (CNVs) em pacientes com anomalias congênitas e atraso de desenvolvimento neuropsicomotor (ADNPM) pela técnica de MLPA (Multiplex Ligation-dependent Probe Amplification)**. 2014. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisas Agropecuária. **Conferência Internacional Virtual sobre Qualidade de Carne Suína**. - Concórdia: Embrapa Suínos e Aves, 2001.253p.:(Embrapa Suínos e Aves. Documentos, 69).

ENFALT, A. C., K. LUNDSTROM, I. HANSSON et al. Comparison of non-carriers and heterozygous carriers of the RN-allele for carcass composition, muscle distribution, and technological meat quality in Hampshire-sired pigs. **Livestock Production Science** 47:221–229. 1997.

ERDOGAN, O. Comparison of Hal al Slaughter With Captive Bolt Stunning And Neck Cutting In Cattle: Exsanguination And Quality Parameters. **Animal Welfare**, V.15, p.325-330 ISSN 0962-7286. 2006.

FÁVERO, J.A.; BELLAVER, C. **Produção de carne de suínos**. In: Congresso Brasileiro de Ciência e Tecnologia de Carnes. São Pedro e SP: ITAL, Instituto de Tecnologia de Alimentos, 2001.

FÁVERO, J.A; PEREIRA DE FIGUEIREDO, E.A. Evolução do melhoramento genético de suínos no Brasil. **Revista Ceres**, vol. 56, núm. 4, julho-agosto, 2009, pp. 420-427

FUJII, J.; OTSU, K.; ZORZATO, F. et al. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. **Science**, v.253, n.2, p.448-451, 1991.

GAJECKA, M; GENTLES, A. J; TSAI, D. arzena *et al.* Unexpected complexity at breakpoint junctions in phenotypically normal individuals and mechanisms involved in generating balanced translocations t (1; 22)(p36; q13). **Genome research**, v. 18, n. 11, p. 1733-1742, 2008.

GARIÉPY, C., GODBOUT, D., FERNANDEZ, X. et al. The effect of RN gene on yields and quality of extended cooked cured hams. **Meat Science**, v.52, p. 57–64, 1999.

GARIÉPY, C., RIENDEAU, L., PETTIGREW, D. **Assessment of ham quality**. 1997. NSIF HOME PAGE. Web page, 2000.

GERBENS, F., A.J.M. Van Erp, T.H.E. Meuwissen, J.H. Veerkamp, and M.F.W. te Pas. 1998. Heart fatty-acid binding protein gene variants are associated with intramuscular fat content and backfat thickness in pigs. In: **Proc. World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.**26:187 [CD-ROM].

GERBENS, F., D.J. De Koning, F. Harders et al. The effect adipocyte and heart fatty acid-binding protein genes on intramuscular fat and backfat content in Meishan crossbred pigs. **Journal of Animal Science**, v. 78, n. 3, p. 552-559, 2000.

GERBENS, F., F.J. Verburg, H.T.B. Van Moerkerk, et al. Associations of heart and adipocyte fatty acid-binding protein gene expression with intramuscular fat content in pigs. **Journal of Animal science**, v. 79, n. 2, p. 347-354, 2001.

GRANDIN, T. Methods to reduce PSE and Blood splash. **Proc. Allen D. Leman Swine Confr.** University of MN. v.21, p.206-209, 1994.

GUEVARA, L.Q.I.Z. **Microestructura y Fracción Proteica de Carne congen RN**. Tese de Doutorado. Autónoma de Chihuahua - Faculdade de Zootecnia. México, 2005.

GUIMARÃES, S.E.F. **Fingerprinting de DNA de bovinos utilizando-se reação em cadeia**

da polimerase com primers randômicos. p.89. 1994. Belo Horizonte: UFMG-Escola de Veterinária (Tese, doutorado).

HACIA, J.G.; FAN, J.B.; RYDER, O. *et al.* Determination of ancestral alleles for human single-nucleotide polymorphisms using high density oligonucleotide arrays. **Nature Genetics**, v.22, n.2, p.164-7, 1999.

HASTINGS, P. J.; IRA, G.; LUPSKI, J.; R. A microhomology-mediated break-induced replication model for the origin of human copy number variation. **PLoS genetics**, v. 5, n. 1, p. e1000327, 2009.

JANSS, L. L. G.; VAN ARENDONK, J. A. M.; BRASCAMP, E. W. Bayesian statistical analyses for presence of single genes affecting meat quality traits in a crossed pig population. **Genetics**, v. 145, n. 2, p. 395-408, 1997.

JANSS, L. L. G.; VAN ARENDONK, J. A. M.; BRASCAMP, E. W. Identification of a single gene affecting intramuscular fat in Meishan crossbreds using Gibbs sampling. **In: Proc. 5th World Congr. Genetics applied to livestock production**, Guelph. Vol. 18 - p. 361 - 364. 1994.

JOSELL Í., MARTINSSON L., BOGAARD C. *et al.* Determination of RN phenotype in pigs at slaughter-line using visual and near-infrared spectroscopy. **Meat Science** v.55, p.273-278, 2000.

JUDGE, M.; ABERLE, E. D.; FORREST, J. C. *et al* (Ed.) **Principles of Meat Science**. Dubuque: Kendall/Hunt, 1989.351 p.

KLOPOCKI, Eva; MUNDLOS, Stefan. Copy-number variations, noncoding sequences, and human phenotypes. **Annual review of genomics and human genetics**, v. 12, p. 53-72, 2011.

LANZA, M. A.; GUIMARÃES, C. T.; SCHUSTER, I. **Aplicação de marcadores moleculares no melhoramento genético**. Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em periódico indexado (ALICE), 2000.

LE ROY, P.; ELSÉN, J.M.; CARITEZ, J.C. *et al* . Comparison between the three porcine RN genotypes for growth, carcass composition and meat quality traits. **Genetics Selection Evolution**. v.32, p.165-186, 2000.

LEHNINGER, A. L. **Bioquímica**; trad. da 2a edição americana, supervisão: José Reinal Magalhães. São Paulo, Edgard Blücher. 1976. 4v. ilustr.

LIU, B.H. **Computacional tools for study of complex traits**. In: Molecular Dissection of Complex Traits. p.43-80. Editor: Paterson, A. H., CRC Press Nova York, 1998.

LOPES, P. S. **Melhoramento genético de suínos**. Material Didático da Disciplina de ZOO 460, 2004.

LUNDSTRÖM K., ENFÄLT A.C., TORNBERG E. *et al.* Sensory and technological meat quality in carriers of the RN- allele in Hampshire crosses and in purebred Yorkshire pigs. **Meat Science** 48, 115-124, 2008.

LUPSKI, J. R.; STANKIEWICZ, P. Genomic disorders: molecular mechanisms for rearrangements and conveyed phenotypes. **PLoS genetics**, v. 1, n. 6, p. e49, 2005.

MADRUGA, M.S.; SOUSA, W. H.; ROSALES, M.D.; CUNHA, M. G.; RAMOS, J. L.F. Qualidade da carne de cordeiros Santa Inês terminados com diferentes dietas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.1, p.309-315, 2005.

MAGNONI, D.; PIMENTEL, I. A importância da carne suína na nutrição humana. **São Paulo: UNIFEST**, 2007.

MEADUS W.J., MCINNIS R., DUGAN M.E.R. **The frequency of the PRKAG3 mutation (RN-) in the commercial pig population and its' cost to ham production**. 1998. Disponível em <[http //www.cpc-ccp.com/res/frequency_of_the_prkag3_mutation.html](http://www.cpc-ccp.com/res/frequency_of_the_prkag3_mutation.html)>. Acesso em: 20/04/2018.

MICKELSON, J.R., LOUIS, C.F. Malignant hyperthermia: excitation-contraction coupling, Ca⁺⁺ release channel, and cell Ca⁺⁺ regulation defects. **Physiological Reviews**, 72 (2): 537–592, 1992.

MIELE, M.; WAQUIL, P.D. Cadeia produtiva da carne suína no Brasil. **Revista de Política Agrícola**, v. 16, n. 1, p. 75-87, 2007.

MILAN, D., J. T. JEON, C. LOOFT, V. AMARGER et al. Sensory Evaluation of Pork. **Pork Quality Series**, National Pork Board. Des Moines, IA, 1998.

MILAN, Denis et al. Uma mutação no PRKAG3 associada ao excesso de conteúdo de glicogênio no músculo esquelético de suínos. **Science** , v. 288, n. 5469, p. 1248-1251, 2000.

MINOLTA. **Precise color communication: color control from perception to instrumentation** [Japan: Minolta co., 1998]. p.19.

MOELLER, S. J.; BAAS, T. J.; LEEDS, T. D.; EMNETT, R. S.; IRVIN, K. M. Rendement Napole gene effects and a comparison of glycolytic potential and DNA genotyping for classification of Rendement Napole status in Hampshire-sired pigs. **Journal of Animal Science** v.81, p.402-410, 2003.

MONTEIRO, J. M. C. **Desempenho, composição da carcaça e características de qualidade da carne de suínos de diferentes genótipos**. 2007. 127 f. Tese (Doutorado) - Curso de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal - São Paulo, 2007.

MOURA, J. W. F ; MEDEIROS F. M ; ALVES M.G.M. . et al. Fatores influenciadores na qualidade da carne suína. **Revista Científica de Produção Animal**, v. 17, n. 1, p. 18-29, 2015.

MURRAY, A. C. Reduzindo perdas da porteira da granja até o abatedouro—uma perspectiva canadense. **In: Conferência Internacional Virtual sobre Qualidade de Carne Suína**. 2000.

MURRAY, A. C. Relationships among intramuscular fat content, marbling and the PSE condition in Alberta pigs. **Advances in Pork Production**, v. 10, 1999.

NICHOLAS, F. W. **Introdução à genética veterinária**. Artmed Editora, 2009.

OSÓRIO, J. C. S.; OSÓRIO, M. T. M.; SANUDO, C. Características sensoriais da carne ovina. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, supl. esp, p. 292-300, 2009.

OURIQUE, J.M.R. **Características físico-químicas e organolépticas e suas relações na avaliação de qualidade da carne suína**. Porto Alegre, 1989. 104 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Zootecnia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal do Rio grande do Sul, Porto Alegre, 1989.

PEREIRA, J. C. C.. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. JCC Pereira, 1999.

PINTO, D; MARSHALL, C; FEUK, L. . *et al.* Copy-number variation in control population cohorts. **Human molecular genetics**, v. 16, n. R2, p. R168-R173, 2007.

ROSA, A. F.; GOMES, J.D.F.; MARTELLI, M.R. et al. Qualidade da carne de suínos de três linhagens genéticas comerciais em diferentes pesos de abate. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.38, n.5, p.1394-1401, 2008.

ROSENVOLD, K.; ANDERSEN, H.J. Factors of significance for pork quality - review. **Meat Science**, v.64, n.3, p.219- 237, 2003.

ROTHSCHILD M.. Evidence for new alleles in the protein kinase adenosine monophosphateactivated.3-subunit gene associated with low glycogen content in pig skeletal muscle and improved meat quality. **Genetics**, v.159, p.1151-1162. 2001.

ROTHSCHILD, M.F., H.C. LIU, C.K. TUGGLE et al. Analysis of pig chromosome 7 genetic markers for growth and carcass performance traits. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 112, n. 1-6, p. 341-348, 1995.

RÜBENSAM, Jane Maria. Transformações post mortem e qualidade da carne suína. **In: 1ª Conferência Internacional Virtual sobre Qualidade de Carne Suína**. 2000.

SATHER, A.P.; MURRAY, A.C; ZAWADSKI, S.M. et al. The effect of the halothane genotype on pork production and meat quality of pigs reared under commercial conditions. **Canadian Journal of Animal Science**, v.71, p.959-967, 1991.

SELLIER, P. Genetics of pork quality. **In: Conferência Internacional sobre Ciência e Tecnologia de Produção e Industrialização de Suínos**, 1., 1995, Campinas. Anais ... Campinas: ITAL, 1995. p. 1–36.

SILVA SOBRINHO, A.G; PURCHAS, R.W.; KADIM, I.T.; YAMAMOTO, S. M. Características de qualidade da carne de ovinos de diferentes genótipos e idades ao abate. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.1070-1078, 2005.

SILVEIRA, E.T.F. Impacto da qualidade na industrialização da carne suína. **In: Conferência Internacional sobre Ciência e Tecnologia de Produção e Industrialização de Suínos**, 2., 1996. Campinas. Anais: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1996. p. 99-122.

SMET, M.S.de, PAUWELS, H., VERVAEKE, I. Meat and carcass quality of heavy muscle belgian slaughter pigs as influenced by halothane sensitivity and breed **Animal Science**, v. 61, n. 1, p. 109-114, 1995.

STANKIEWICZ, Paweł *et al.* Genome architecture catalyzes nonrecurrent chromosomal rearrangements. **The American Journal of Human Genetics**, v. 72, n. 5, p. 1101-1116, 2003.

SUTTON, D. S. 1997. **The meat quality and processing characteristics of RN carrier and non-carrier pigs**. Ph.D. Thesis, Univ. of Illinois, Urbana.

TERRA, N. N.; FRIES, L.L.M. A qualidade da carne suína e sua industrialização. **In: Conferência Virtual Internacional sobre Qualidade de Carne Suína**. 2000. p. 1-5.

VEERKAMP, J.; H.; MAATMAN, R.; GHJ. Proteínas citoplasmáticas de ligação a ácidos graxos: sua estrutura e genes. **Progresso na pesquisa lipídica**, v. 34, n. 1, p. 17-52, 1995.

SARCINELLI, M.F.; VENTURINI, K.S.; SILVA, L.C. **Abate de suínos**. Universidade Federal do Espírito Santo – UFES: Programa Institucional de Extensão, 2007. 7p. WOOD, J.D.

WARRIS, P. New developments in preslaughter handling of pigs. **In: Conferência Internacional sobre Ciência e Tecnologia de Produção e Industrialização de Suínos**, 1., 1999, Campinas. Anais ...: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1995. p.81-107.

WARRISS, P.D. Environmental influences on meat quality. **In: Annual Meeting of EAAP**, 41. Toulouse, 1990. Proceedings. Toulouse: Francis Publishers, 1990. P.304-322.

WATSON, J.D., HOPKINS, N.H., ROBERTS, J.W., et al. **Molecular biology of the gene**. 4 ed. Menlo Park: The Benjamin/Cummings Publishing Company, 1987.744 p.

WELSH, J.; MCCLELLAND. M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. **Nucleic Acids Research**, London, v.18. p. 7213-7218, 1990.

WILLIAMS, J.G.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J. et al. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research** v 18 p.6531-6535, 1990.