



VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008

Influência de polimorfismos genéticos sobre maciez de carne em bovinos da raça Nelore

Fernanda Marcondes de Rezende¹, José Bento Sterman Ferraz², Roulber Carvalho Gomes da Silva², Júlio Cesar Balieiro², Joanir Pereira Eler², Flávio Vieira Meirelles², Marina de Nadai Bonin², Minos Esperândio de Carvalho², Diego de Córdova Cucco²

¹Mestranda em Zootecnia pela FZEA/USP, e-mail: frezende@usp.br, bolsista da FAPESP

²Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, Departamento de Ciências Básicas da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Pirassununga-SP

Resumo – Dados de 630 animais da raça Nelore foram utilizados para avaliar as associações entre polimorfismos ligados aos genes DGAT1, FABP4, TFAM1, TFAM2 e SCD1 e a maciez da carne após 7, 14 e 21 dias de maturação medidas em amostras do músculo *Longissimus dorsi*. O marcador DGAT1 foi o único que teve influência significativa sobre a maciez, entretanto devido à baixa frequência de um de seus alelos na população estudada não foi possível uma conclusão mais incisiva sobre o efeito verificado.

Palavras-chave: bovinos de corte, qualidade de carne, marcador molecular, SNP

Influence of genetic polymorphisms on meat tenderness of Nelore beef cattle

Abstract – Data from beef samples of 630 Nelore young bulls was used to study the association with SNP linked to the genes DGAT1, FABP4, TFAM1, TFAM2, and SCD1 with beef tenderness in samples aged for 7 (MAC7), 14 (MAC14), and 21 days (MAC21), measured by Warner-Bratzler shear force in the muscle *Longissimus dorsi*. The marker DGAT1 was the only one that influenced MAC7 and MAC14, but the small gene frequency of allele G indicates that better samples, obtained from heterozygous or homozygous animals (GG), should be used to correctly detect the effect.

Keywords: beef cattle, meat quality, molecular marks, SNP

Introdução

A descoberta de polimorfismos genéticos do tipo *single nucleotide polymorphism* (SNP) associados a genes cuja expressão está relacionada a características ligadas à qualidade da carcaça e da carne de bovinos, que são de difícil mensuração, pode ser um fator que facilitará a inclusão dessas nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil.

Além dos marcadores ligados ao sistema calpaína-calpastatina, como, por exemplo, CAPN316, CAPN530, CAPN4751, existem outros SNPs ligados aos genes que codificam a enzima diacilglicerol aciltransferase (DGAT1), as proteínas de ligação dos ácidos graxos 4 (FABP4), o fator de transcrição mitocondrial A (TFAM1 e TFAM2) e a enzima esteroil-CoA dessaturase (SCD1), que também podem estar

relacionados com características de qualidade e composição de carcaça e de carne bovina. Polimorfismos associados a esses genes são marcadores disponíveis comercialmente em painéis para *Bos taurus* que estão relacionados entre outros, à maciez da carne, ao crescimento muscular, à deposição de gordura subcutânea, à marmorização da carne, à biossíntese e ao metabolismo lipídico e ao perfil de ácidos graxos (Goll et al., 1998; Thaller et al., 2003; Taniguchi et al., 2004; Jiang et al., 2005; White et al., 2005; Michal et al., 2006). As seqüências de nucleotídeos que contêm esses marcadores estão depositadas no GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) sob os números de acesso AF252504, AF248054, AF248054, AY065621, AF327855, AF264733, AF264733 e AH011561.

O efeito dos genes ligados ao sistema calpaína-calpastatina tem sido descrito em várias raças, especialmente as de origem *Bos taurus*. No entanto, os outros SNPs citados, por estarem ligados ao metabolismo de lipídeos, podem ter algum efeito sobre a maciez da carne bovina de *Bos indicus*. Entretanto, para a utilização dos marcadores moleculares, descobertos em animais *Bos taurus*, em larga escala na pecuária brasileira, se faz necessária a validação de seu efeito nas mesmas condições e nos rebanhos para os quais serão utilizados, em especial dos bovinos da raça Nelore.

Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar as freqüências gênicas e genotípicas de polimorfismos associados aos genes DGAT1, FABP4, TFAM1, TFAM2 e SCD1, bem como avaliar a associação entre esses e a maciez da carne de novilhos da raça Nelore, uma das mais importantes características para determinação da preferência do consumidor.

Material e Métodos

Foram avaliadas características de qualidade de carne de 630 novilhos inteiros da raça Nelore pertencentes ao projeto de melhoramento genético da Agro-Pecuária CFM Ltda. e participantes do programa de avaliação de animais para emissão de certificado especial de identificação e produção (CEIP). Esses animais tinham idades entre 21 a 28 meses e permaneceram em pastagem até cerca de 18 meses de idade, sendo transferidos para a terminação em confinamento, onde receberam alimentação à base de silagem de milho e concentrado de média energia. Os animais foram abatidos ao atingirem peso vivo final de, aproximadamente, 560 kg, em abatedouro comercial. Após o abate, as carcaças foram resfriadas por 24 horas, quando se deu a mensuração do pH com auxílio de pHmetro digital, com sonda apropriada para carne (pH24). Na meia carcaça esquerda, na altura da 12^a e 13^a costelas foram retiradas três amostras de cerca de 2,5 cm de espessura do músculo *Longissimus dorsi*, que foram embaladas a vácuo para maturação em câmara frigorífica a 2° C por 7, 14 e 21 dias.

As análises de maciez foram realizadas segundo procedimento proposto pelo American Meat Science – USA (1995). Os bifes foram cozidos em forno elétrico à temperatura de 170°C até atingirem a temperatura interna de 71°C. Para a determinação da força de cisalhamento utilizou-se o aparelho de Warner-Bratzler Shear Force mecânico com capacidade de 25 kg e velocidade do seccionador de 20 cm/minuto. De cada amostra foram retirados, mecanicamente, oito cilindros de 1,27 cm de diâmetro, cortados perpendicularmente à superfície do bife. A maciez das amostras em cada período de maturação foi determinada pela média da força de cisalhamento de oito medidas em cada amostra em cada período (MAC7, MAC14 e MAC21).

Amostras de DNA foram extraídas a partir de 10 ml de sangue venoso por precipitação em NaCl. Os animais foram genotipados para os SNP associados aos genes DGAT1, FABP4, TFAM1, TFAM2 e SCD1 em laboratórios terceirizados *Geneseek*

Molecular Solutions for Breeding and Genetics, de Lincoln, Nebraska (<http://www2.geneseek.com>).

As frequências gênicas e genóticas para cada marcador foram estimadas por contagem simples dos alelos e dos diferentes genótipos. O modelo estatístico misto considerou como efeitos fixos os marcadores moleculares, o grupo de contemporâneos, além das covariáveis idade ao abate, pH24 e temperatura das amostras na ocasião das medidas de força de cisalhamento e como efeitos aleatórios, o touro (pai do animal abatido) e o efeito residual. As análises estatísticas foram realizadas com a utilização dos procedimentos FREQ e MIXED do sistema SAS, versão 9.1.

Resultados e Discussão

As frequências genóticas e gênicas dos marcadores moleculares estudados estão apresentadas na Tabela 1. Apenas os marcadores TFAM1 e TFAM2 apresentaram segregação satisfatória nessa população, estando os demais próximos da fixação de um dos alelos.

Tabela 1 – Número de animais (N) por genótipo observado na população avaliada e frequências genóticas e gênicas dos polimorfismos associados aos genes DGAT1, FABP4, SCD1, TFAM1 e TFAM2.

Marcador	Genótipo	N	Frequência genotípica	Frequência gênica
DGAT1	AA	619	98,88	f(A) = 99,360 f(G) = 0,640
	AG	6	0,96	
	GG	1	0,16	
FABP4	CC	623	99,20	f(C) = 99,600 f(G) = 0,400
	CG	5	0,80	
	GG	0	0,00	
SCD1	CC	573	98,45	f (C) = 99,225 f (T) = 0,775
	CT	9	1,55	
	TT	0	0,00	
TFAM1	CC	539	88,22	f (C) = 93,620 f (T) = 6,380
	CT	66	10,80	
	TT	6	0,98	
TFAM2	AA	479	76,40	f(A) = 87,405 f(C) = 12,595
	AC	138	22,01	
	CC	10	1,59	

Os níveis de significância para os marcadores moleculares analisados em relação à maciez do músculo *Longissimus dorsi* depois de 7 (MAC7), 14 (MAC14) e 21 (MAC21) dias de maturação são apresentados na Tabela 2.

Tabela 2 - Níveis de significância para os marcadores moleculares analisados em relação à maciez do músculo *Longissimus dorsi* após 7, 14 e 21 dias de maturação.

Marcadores	MAC7	MAC14	MAC21
DGAT1	0,0409*	0,0128*	0,1521
FABP4	0,5774	0,2031	0,8277
TFAM1	0,8820	0,7754	0,2386
TFAM2	0,4792	0,3639	0,1219
SCD1	0,5762	0,7901	0,5880

* estatisticamente significativo a 5%

A análise dessa tabela indica que apenas o marcador DGAT1 teve influência estatisticamente significativa ($P < 0,05$) sobre a maciez da carne. Os demais marcadores não influenciaram as características estudadas, quer por terem sido desenvolvidos em *Bos taurus* e não apresentarem efeitos em *Bos indicus*, quer por não estarem realmente ligados aos atributos analisados ou ainda devido à frequência gênica muito baixa observada nessa população.

A literatura é pobre em trabalhos que relacionaram esses polimorfismos com a maciez da carne de bovinos Nelore. No entanto, as frequências genóticas de indivíduos AG (0,96%) e GG (0,16%) para o gene DGAT1 são muito baixas e não suportam uma conclusão mais incisiva sobre o efeito verificado. Estudos posteriores, utilizando-se maiores quantidades de animais heterozigotos e homozigotos GG são necessários para a definição do efeito desse marcador sobre a maciez de carne na raça Nelore.

Conclusões

Os marcadores DGAT1, FABP4 e SCD1 apresentam um dos alelos próximo a fixação na população. Já os SNPs TFAM1 e TFAM2 apresentam melhor distribuição dos alelos na população estudada. Apesar do efeito significativo do marcador DGAT1 associado à maciez da carne aos 7 e 14 dias de maturação na população estudada, outros estudos devem ser feitos para a definição do efeito desse marcador sobre a maciez de carne na raça Nelore, buscando animais heterozigotos ou homozigotos para o alelo G, para que, com o aumento da frequência gênica e genotípica, ocorra aumento do poder de inferência da análise.

Literatura Citada

- AMERICAN MEAT SCIENCE ASSOCIATION. **Research guidelines for cookery, sensory evaluation, and instrumental tenderness measurements of meat.** Chicago: American Meat Science Association, 1995.
- GOLL, D.E.; THOMPSON, V.F.; TAYLOR, R.G.; OUALI, A. The calpain system and skeletal muscle growth. **Canadian Journal of Animal Science**, v.78, p.503-512, 1998.
- JIANG, Z.; KUNEJ, T.; MICHAL, J.J. et al. Significant associations of the mitochondrial transcription factor A promoter polymorphisms with marbling and subcutaneous fat depth in Wagyu x Limousin F2 crosses. **Biochemical and Biophysical Research Communications**, v.334, p.516-523, 2005.
- MICHAL, J.J.; ZHANG, Z.W.; GASKINS, C.T. et al. The bovine fatty acid binding protein 4 gene is significantly associated with marbling and subcutaneous fat depth in Wagyu x Limousin F2 crosses. **Animal Genetics**, v.37, p.400-402, 2006.
- TANIGUCHI, M.; UTSUGI, T.; OYAMA, K. et al. Genotype of stearyl-CoA desaturase is associated with fatty acid composition in Japanese Black cattle. **Mammalian Genome**, v.14, p.142-148, 2004.
- THALLER, G.; KÜHN, C.; WINTER, A. et al. DGAT1, a new positional and functional candidate gene for intramuscular fat deposition in cattle. **Animal Genetics**, v.34, p.354-357, 2003.
- WHITE, S.N.; CASAS, E.; WHEELER, T.L. et al. A new single nucleotide polymorphism in CAPN1 extends the current tenderness marker test to include cattle of *Bos indicus*, *Bos taurus*, and crossbred descent. **Journal of Animal Science**, v.83, p.2001-2008, 2005.