

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA**

**COMPARAÇÃO DE DIFERENTES
CRUZAMENTOS COMERCIAIS DE SUÍNOS E
mtDNA ASSOCIADOS ÀS CARACTERÍSTICAS DE
QUALIDADE DE CARÇAÇA E DA CARNE**

**ALINE SILVA MELLO CESAR
Zootecnista**

**UBERLÂNDIA – MINAS GERAIS – BRASIL
Março de 2010**

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA**

ALINE SILVA MELLO CESAR

Orientador: Prof. Dr. Robson Carlos Antunes

Co-Orientador: Prof. Dr. Flávio Vieira Meirelles

**Dissertação apresentada à Faculdade de
Medicina Veterinária – UFU, como parte
das exigências para a obtenção do título
de Mestre em Ciências Veterinárias –
Produção Animal.**

UBERLÂNDIA – MINAS GERAIS – BRASIL

Março de 2010

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

C421c Cesar, Aline Silva Mello, 1975-
Comparação de diferentes cruzamentos comerciais de
suínos e mtDNA associados às características de qualidade de
carcaça e da
carne [manuscrito] / Aline Silva Mello Cesar. - 2010.

106 f.

Orientador: Robson Carlos Antunes.
Co-orientador: Flávio Vieira Meirelles.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de
Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Ciências
Veterinárias.
Inclui bibliografia.
1. Suíno - Genética - Teses. 2. Suíno - Melhoramento
genético -
Teses. I. Antunes, Robson Carlos. II. Meirelles, Flávio Vieira.
III. Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-
Graduação
em Ciências Veterinárias. IV. Título.

CDU:

636.4.01

DEDICATÓRIA

Esta dissertação é dedicada ao meu marido Albino Luchiari Filho e ao meu filho André Cesar Luchiari, grandes amores presentes em minha vida e incentivadores de meu estudo e trabalho e a todos aqueles que se dedicam à pesquisa e aos desafios da ciência.

AGRADECIMENTOS

Ao meu marido Albino pelo seu incondicional apoio e incentivo, ao meu filho André por toda sua compreensão e maturidade em alguns momentos de minha ausência em sua vida.

A todos da minha família, pais e irmãos que mesmo a distância sempre me apoiaram.

Ao meu orientador Robson Carlos Antunes que me apoiou e incentivou na condução do trabalho e que sempre me apoiou nas minhas decisões.

Ao meu co-orientador Flávio Meirelles que sempre me incentivou, apoiou, acreditou e em momentos difíceis me mostrou soluções oportunas e sábias.

Aos meus colegas Ana Carolina, Paulo, Diego, Lucas, Thiago e tantos outros pela ajuda, apoio e companheirismo.

Ao Laboratório de Nutrição Animal da Faculdade de Medicina Veterinária/ UFU coordenado pelo professor Evandro Fernandes, juntamente com o técnico Hugnei dos Santos pelo apoio nas análises do nosso projeto.

Ao Laboratório de Morfofisiologia Molecular e Desenvolvimento da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos/USP e a Giovana Krempel Merighe pelo apoio técnico no desenvolvimento das análises de biologia molecular.

Aos professores Júlio Balieiro e Ednaldo Guimarães por toda a ajuda e dedicação nas análises estatísticas aplicadas ao trabalho.

Ao Gismar Vieira pela disponibilidade de tempo para me orientar e ajudar com seus conhecimentos na área de molecular, definindo procedimentos nas análises do presente projeto.

Aos novos amigos de Uberlândia que pude conquistar durante meu tempo vivido nesta cidade os quais estarão sempre em minha memória e a todos os outros amigos que fazem parte da minha história e lembrança.

A CAPES pelo apoio financeiro que possibilitou minha formação acadêmica e pessoal ao desenvolver este trabalho de dissertação.

*"É fazendo que se aprende a fazer
aquilo que se deve fazer."
(Aristóteles)*

SUMÁRIO

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS.....	iii
LISTA DE FIGURAS.....	v
LISTA DE TABELAS.....	vi
RESUMO.....	vii
ABSTRACT.....	viii
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
1 Introdução.....	1
1.1 Revisão de Literatura.....	3
1.1.1 Mercado Suíno.....	3
1.1.2 Suínos e sua domesticação.....	4
1.1.3 Raças.....	9
1.1.4 Melhoramento Genético de Suínos.....	14
1.1.5 Mitocôndria.....	15
1.1.6 DNA mitocondrial.....	19
1.1.7 Qualidade da Carne Suína.....	23
REFERÊNCIAS.....	27
CAPÍTULO 2 - INFLUÊNCIA DAS RAÇAS CHINESAS SOBRE AS CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE DE CARÇAÇA E CARNE DE DIFERENTES LINHAGENS COMERCIAIS DE SUÍNO.....	39
RESUMO.....	39
ABSTRACT.....	40
INTRODUÇÃO.....	41
MATERIAL E MÉTODOS.....	42
RESULTADOS.....	44
DISCUSSÃO.....	44
CONCLUSÃO.....	46
REFERÊNCIAS.....	47

CAPÍTULO 3 - ASSOCIAÇÃO DE POLIMORFISMO NA REGIÃO D-LOOP DO mtDNA DE SUÍNOS E CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE DE CARÇAÇA E DE CARNE.....	51
RESUMO.....	51
ABSTRACT.....	52
INTRODUÇÃO.....	53
MATERIAL E MÉTODOS.....	54
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	57
CONCLUSÃO E PERSPECTIVAS.....	66
REFERÊNCIAS.....	67
APÊNDICES.....	72
APÊNDICE A.....	73
APÊNDICE B.....	75

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AOAC - Association of Official Analytical Chemists
ATP - adenosina trifosfato
CRA - capacidade de retenção de água
Cytb - citocromo b
DFD - carne escura, dura e seca
D-loop - região de deslocamento em alça
DNA - ácido desoxirribonucleico
DNTP - desoxirribonucleotídeos fosfatados
ET - espessura de toucinho
HAL - gene halotano
JPCS – padrão japonês da cor da carne suína
mtDNA - DNA mitocondrial
NADH - nicotinamida adenina dinucleótido fosfato
NPD - *National Pig Development Company*
NPPC - *National Pork Producers Council*
NRF-1 - fator de transcrição da mitocôndria 1
NRF-2 - fator de transcrição da mitocôndria 2
PCM - porcentagem de carne magra
PCR - reação em cadeia da polimerase
PDL - porcentagem de “drip loss”
PGIM - porcentagem de gordura intramuscular
pH24h - pH medido após 24h do abate
PIC - *Pig Improvement Company*
PSE - carne pálida mole e exsudativa
RFLP - fragmentos de restrição de comprimento polimórfico
RFN – carne normal ou ideal
RN - gene rendimento Napole
rRNA - RNA ribossômico
RSE - carne normal, porém exudativa e mole
SAS - sistema de análises estatísticas

SNP - polimorfismo de nucleotídeo único

SSCP - polimorfismo de conformação de fita simples

TFAM - fator de transcrição A da mitocôndria

tRNA - RNA transportador

USDA - Departamento de Agricultura dos Estados Unidos

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Estudo da relação filogenética da subordem <i>Suiformes</i> (Fonte: Luchini et al., 2005).....	6
Figura 2. Diversidade e relação filogenética da subordem <i>Suiformes</i> (Fonte: Chen et al., 2007).....	7
Figura 3. Representação esquemática da mitocôndria e uma eletromicrografia (http://cienciafundamental.com).....	16
Figura 4. Esquema do mtDNA de suíno (SMITH & ALCIVAR, 1993).....	21
Figura 5. Eletroforese em gel de agarose 2,0% mostrando os genótipos de mtDNA.....	57

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Diferenças de nucleotídeos e seqüência de aminoácidos entre genes codificadores de proteínas de suíno/bovino, suíno/baleia e bovino/baleia (adaptado de LIN et al., 1998).....	8
Tabela 2. Extensão (tamanho) e composição das bases da cadeia-L de genomas mitocondriais de eucariontes (adaptado de LIN et al., 1999).	22
Tabela 3. Parâmetros de qualidade de carcaça e da carne de duas linhagens maternas suínas A e B.....	44
Tabela 4. Número e porcentagem de animais de genótipo de origem citoplasmática asiática e européia encontrados na população estudada.....	61
Tabela 5. Valores de espessura de toucinho (ET em mm) medidos nas meias-carcaças direita dos animais dos diferentes cruzamentos (AI, AII, BII e CII) e origem citoplasmática (asiática e européia).....	62
Tabela 6. Porcentagem de carne magra obtida nos diferentes cruzamentos (AI, AII, BII e CII) e genótipos da origem citoplasmática (asiática ou européia).....	63
Tabela 7. pH24h medido em meias-carcaças direita dos animais dos diferentes cruzamentos (AI, AII, BII e CII) e origem citoplasmática (asiática e européia).....	64
Tabela 8. Porcentagem de “drip loss” (PDL) ou perda por gotejamento das meias-carcaças direita dos animais dos diferentes cruzamentos (AI, AII, BII e CII) e origem citoplasmática (asiática e européia).....	66
Tabela 9. Valores de cor atribuídos as meias-carcaças direitas avaliadas dos diferentes cruzamentos (AI, AII, BII e CII) e genótipos de origem citoplasmática (asiática e européia).....	66
Tabela 10. Porcentagem de gordura intramuscular (PGIM) obtida em meias-carcaças direita dos animais dos diferentes cruzamentos (AI, AII, BII e CII) e origem citoplasmática (asiática e européia).....	67

COMPARAÇÃO DE DIFERENTES CRUZAMENTOS COMERCIAIS DE SUÍNOS E SEU mtDNA ASSOCIADOS ÀS CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE DE CARÇAÇA E DA CARNE

RESUMO - Os objetivos deste trabalho foram comparar características de qualidade de carcaça e de carne como: pH após 24 horas (pH24h), espessura do toucinho (ET), porcentagem de “*drip loss*” (PDL), porcentagem de carne magra (PCM), cor e porcentagem de gordura intramuscular (PGIM) entre duas linhagens maternas de composição racial diferente e, verificar o efeito do cruzamento e do conhecimento de SNPs da região D-loop do mtDNA que caracterizam a origem citoplasmática Asiática ou Européia entre quatro diferentes cruzamentos de linhagens comerciais de suínos (AI, AII, BII, CII). Foram utilizadas 144 meias carcaças direitas de suínos para o estudo entre as duas linhagens maternas (A e B) e 288 para o estudo do efeito dos cruzamentos e da origem citoplasmática. Os animais foram abatidos com peso vivo médio de 108 kg, e após 24 horas do abate foram coletados os dados de pH e ET das carcaças e retiradas as amostras para as análises de cor, PDL, PGIM e extração do DNA. Para a caracterização dos animais quanto ao seu mtDNA foi realizada PCR-RFLP utilizando-se a enzima de restrição *ApoI*, e realizando-se eletroforese em gel de agarose 2% contendo brometo de etídeo. As bandas foram gravadas em scanner laser FLA 3000G (Fuji Film Co.). Os resultados foram submetidos à análise de variância em um delineamento inteiramente casualizado com um nível de significância de 5% e aplicado o teste de comparação entre as médias, utilizando os “softwares” dos programas BioEstat 5.0 e SAS (2004). As características ET, PCM, pH24h e PDL apresentaram diferença significativa ($p < 0.05$) entre as linhagens maternas e entre os cruzamentos estudados. Pode-se concluir que neste trabalho, houve efeito das linhagens maternas e dos cruzamentos sobre a qualidade de carcaça e de carne avaliadas, porém não foram influenciadas pelos genótipos do mtDNA estudado.

Palavras-chave: mtDNA, suíno, qualidade de carne, linhagem, cruzamento

COMPARISON AMONG COMMERCIAL CROSSES OF SWINE AND IT'S RESPECTIVE mtDNA RELATED TO CARCASS AND MEAT QUALITY

ABSTRACT - The aims of this work were to compare the quality of carcass and meat as pH after 24 hours (pH24h), fat thickness (ET), percentage of drip loss (PDL), percentage of lean (PCM), color and percentage of intramuscular fat (PGIM) between two maternal lines of different racial composition, and verify the effect of crossover and knowledge of SNPs in the mtDNA D-loop region that characterize the cytoplasmic origin Asian or European in four different crossed commercial lines of pigs (AI, AII, BII, CII). One hundred forty four right half-carcasses of pigs were used for the study between two maternal lineages (A and B) and 288 to study the effect of crossing and cytoplasmic origin. The animals were slaughtered at live weight of 108 kg, and after 24 hours of slaughter data were collected for pH and ET from carcasses and samples were collected for analysis of color, PDL, PGIM and DNA extraction. For the characterization of animals and their mtDNA was performed a PCR-RFLP using the restriction enzyme *ApoI*, and by running a electrophoresis on 2% agarose gel containing ethidium bromide. The bands were recorded on laser scanner FLA 3000G (Fuji Film Co.). The results were submitted to analysis of variance in a completely randomized design with a significance level of 5% and means compared by using the program BioEstat 5.0 and SAS (2004). The characteristics of ET, PCM and pH24h showed a significant difference ($p < 0.05$) between maternal lineages and between the crosses studied. It can be concluded that this work had no effect of maternal lines and the crosses on the carcass quality and meat studied, but were not influenced by mtDNA genotypes studied.

Key words: mtDNA, pig, pork quality, line, crossbreed

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1 INTRODUÇÃO

O DNA mitocondrial (mtDNA) dos animais caracteriza-se por ser altamente polimórfico, herança materna exclusiva, não existindo recombinação genética (DE ROBERTS, 2003) e tem sido amplamente utilizado para estudos filogenéticos (OKUMURA et al., 1996; JONES, 1998; GIUFFRA et al. 2000; KIM et al. 2002; LATTUADA et al., 2009).

Técnicas de biologia molecular como, Reação em Cadeia da Polimerase (PCR - *Polymerase Chain Reaction*), estudos de *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), *Single Strand Conformation Polymorphisms* (SSCP), estudos do DNA mitocondrial (mtDNA), RFLP (*Restriction fragment length polymorphisms*), têm sido comumente utilizada na análise do DNA mitocondrial para a identificação e acompanhamento de populações de animais domésticos (GIUFFRA et al., 2000; WATANOBE et al., 2001; KIM et al., 2002).

A região D-loop (região de transcrição e replicação) do mtDNA de mamíferos é altamente polimórfica dentro de diferentes raças (HORAI & HAYASAKA, 1990; LOFTUS et al. 1994; PEGORARO et al. 1996)., tendo grande potencial de diferenciação molecular do DNA citoplasmático (TAKEDA et al. 1995). Estas variações genéticas nesta região podem alterar a transcrição ou taxas de replicação do mtDNA , podendo influenciar diretamente a expressão de alguns fenótipos (SCHUTZ et al., 1994; MANNEN et al., 1998).

Alves et al. (2003) e Grossi et al. (2006) apresentaram polimorfismos do tipo SNPs na região D-loop do mtDNA de suínos utilizando as técnicas de SSCP e RFLP, que os diferenciam quanto á sua origem citoplasmática (asiática ou européia).

Gene como o do fator de transcrição mitocondrial A (TFAM) está relacionado com a atividade de transcrição mitocondrial (KANG et al., 2007), através da regulação do número de cópias do mtDNA de tecidos, incluindo os tecidos adiposos, auxiliando a deposição ou não de gordura branca no organismo.

Diversos estudos em diferentes espécies, como em suínos (TAKEDA et al., 1995; ALVES et al., 2003; YEN et al., 2007; FERNÁNDEZ et al., 2008) bovinos (SCHUTZ et al., 1994; BOETTCHER et al., 1996; SUTARNO et al., 2002; MANNEN et al., 2004; BIASE et al., 2007; PANETO et al., 2008), equinos (HARRISON & TURRION-GOMEZ, 2006; LEI et al., 2009), humanos (KAAMAN et al., 2007; PARK et al., 2009) e drosófila (DUBESSAY et al., 2007; BALTZER et al., 2009) foram desenvolvidos associando características como, exercício físico, obesidade, envelhecimento e desempenho animal com mtDNA, os quais demonstraram o efeito do mtDNA sobre algumas destas características avaliadas.

Sabendo-se que a gordura intramuscular é uma das principais características de importância econômica na produção animal, por ser responsável pela melhor palatabilidade, maciez, suculência da carne e fatores como, conversão alimentar e custo. Este trabalho testa a hipótese de que existe diferença nas características de carcaça e da carne entre animais de origens citoplasmáticas. Os objetivos deste trabalho foram associar o conhecimento de SNPs da região D-loop do mtDNA que caracterizam a origem citoplasmática asiática e europeia em quatro diferentes cruzamentos de suínos comerciais comparando suas características de qualidade de carcaça e da carne (gordura intramuscular, espessura do toucinho, perda por gotejamento (“drip loss”) e pH 24 horas). E comparar estas características de qualidade entre as diferentes linhagens maternas.

1.1 REVISÃO DE LITERATURA

1.1.1 Mercado Suíno

Com a abertura dos mercados e a globalização da economia, o crescimento do comércio de mercadorias passou a demandar uma melhoria na produtividade e na qualidade desses produtos. A primeira consequência desse processo é o aumento da concorrência, que leva o setor à necessidade de estabelecer um posicionamento estratégico sólido e complexo a fim de garantir o acesso dos produtos brasileiros aos exigentes mercados importadores, principalmente o europeu. Daí resulta um posicionamento imediato da produção, indústria e comércio no sentido de realizar toda uma reestruturação nas características básicas do produto, nas formas de produção e comercialização.

O setor industrial brasileiro assim como, de outros países produtores, sofrendo essas grandes pressões externas, necessita de criatividade, formulação estratégica e inovação tecnológica para que viabilize a sua participação nesse mercado. A indústria brasileira de carne suína faz parte deste setor em reestruturação, sendo responsável pela produção e oferta de proteína animal para a alimentação humana. Onde há necessidade de investimentos em tecnologias para melhoria da qualidade desta carne produzida (SPAREMBERGER, 2000).

Os suínos possuem um importante papel na economia mundial, uma vez que, a produção mundial de carne suína deverá atingir 100,32 milhões de toneladas em 2009, 1,91% a mais que o volume de 98,44 milhões de toneladas verificado no ano anterior. O Brasil está na quarta colocação no *ranking* dos países exportadores de carne suína, sendo responsável por mais de um bilhão de dólares de receita na balança comercial brasileira (ANUALPEC, 2007). Em dados numéricos, o setor representa 39% (FAO, 2009) de todo o consumo de carne mundial, seguido pela de aves e bovinos.

A produção nacional de carne suína cresceu quase 6,0% em 2006, apesar dos alojamentos terem crescido apenas 3,9%. Os fatores que mais influenciaram no aumento da produtividade foram as mudanças nos sistemas de produção,

aprimoramento da gestão nas granjas, manejo, alimentação, sanidade dos plantéis e biotecnologia (ABIPECS, 2007).

1.1.2 Suínos e sua domesticação

Alguns acreditam que os suínos foram os primeiros animais a serem domesticados, e não o cão ou gato. Pinturas e esculturas de suínos com mais de 25.000 anos atrás foram encontrados. Os suínos chineses foram domesticados há 7.000 anos atrás (PORTER, 1993). E sua carne possui proteínas de alto valor biológico, ácidos graxos monoinsaturados, vitaminas do complexo B (especialmente tiamina e riboflavina), ferro, selênio e potássio, compostos importantes para a nutrição humana.

O tradicional sistema de classificação da ordem *Artiodactyla* (ungulados) tem como subordens a *Ruminantia* (bovinos, cervos e bubalinos), a *Tylopoda* (camelos, lhamas), e a *Suisformes* (suínos, javalis, hipopótamos). E a *Suisformes* é considerada a mais primitiva linhagem dentro da ordem *Artiodactyla*, e é dividida em três famílias: *Hippopotamidae* (hipopótamos), *Tayassuidae* (cateto) e *Suidae* (suínos) (RUVINSKY & ROTHSCHILD, 1998).

Animais da família *Suidae* caracterizam-se por apresentarem boca alongada, focinho em forma de “disco”, dente canino grande, estômago simples, ceco funcional e são onívoros. Esta família é dividida em subfamílias e tribos, segundo Grubb (1993):

- subfamília *Babyrousinæ*
 - gênero *Babyrousa*
 - espécies *Babyrousa babyrussa* (Babirusa)
- subfamília *Phacchoerinae*
 - gênero *Phacochoerus*
 - espécies *Phacochoerus africanus* (Wharthog)
 - espécies *Phacochoerus aethiopicus* (Cape e Warthog da Somália)
- subfamília *Suinae*
 - tribo *Potamochoerini*
 - gênero *Potamochoerus*

- espécies *Potamochoerus porcus* (Red River Hog)
- espécies *Potamochoerus larvatus* (Bushpig)
- gênero *Hylochoerus*
 - espécies *Hylochoerus meinertzbageni* (Giant Forest Hog)
- tribo *Suini*
 - gênero *Sus*
 - espécies *Sus scrofa* (Javali da Eurásia)
 - espécies *Sus salvanius* (Pigmeu)
 - espécies *Sus verrucosus* (Javan Warty Pig)
 - espécies *Sus barbatus* (Bearded Pig)
 - espécies *Sus celebensis* (Sulawesi Warty Pig)
 - espécies *Sus philippensis* (Philippine Warty Pig)
 - espécies *Sus cebifrons* (Visayan Warty Pig)

Um estudo filogenético é representado nas figuras 1 e 2 , e estas relações filogenéticas acima demonstradas da família *Suidae* são baseadas na taxonomia dos animais. No entanto, os recentes estudos de filogenia têm utilizado DNA mitocondrial para estimar a relação genética entre as espécies de mamíferos, o que tem gerado novas classificações e perfis filogenéticos (Douzery & Catzeflis, 1995).

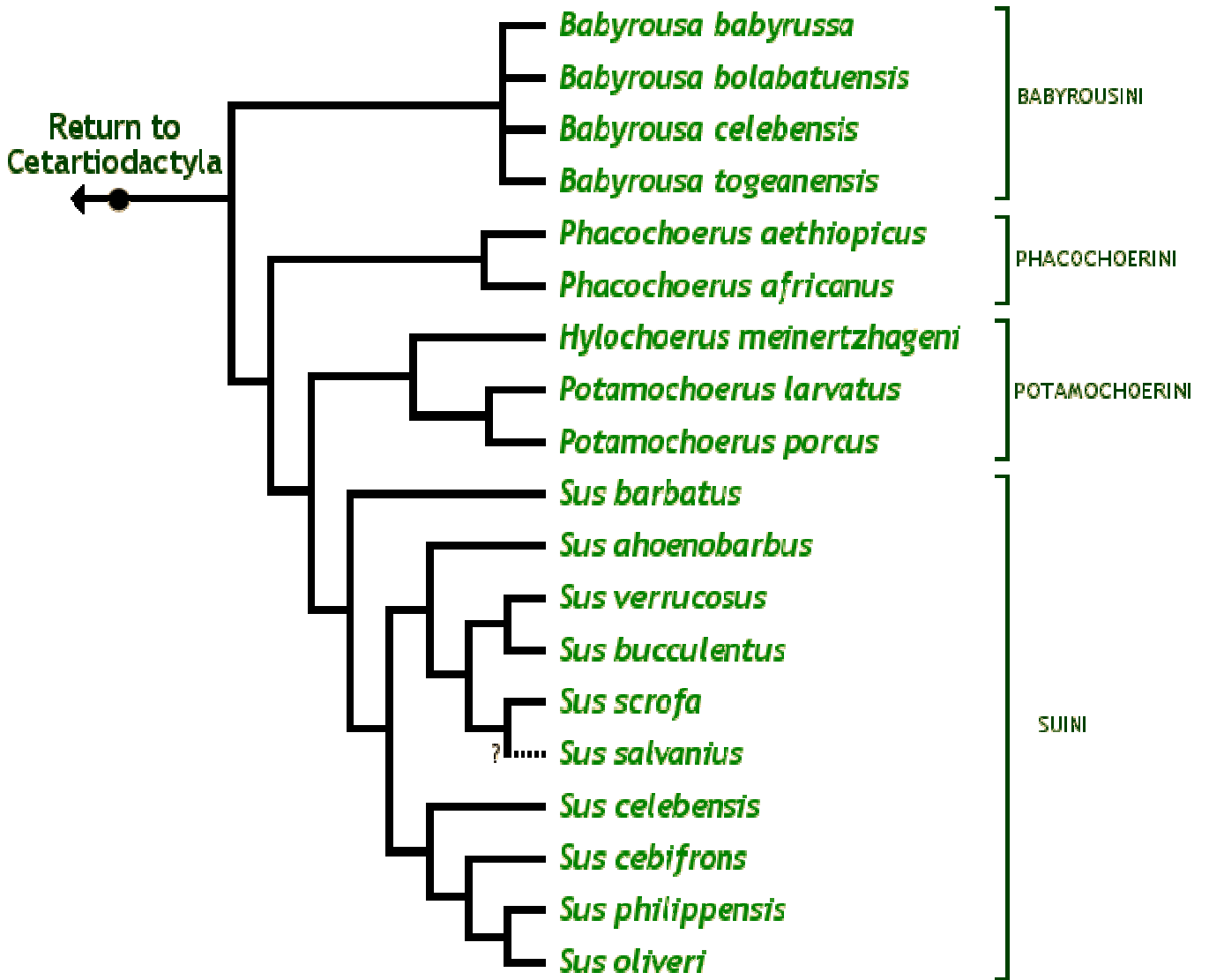


Figura 1. Estudo da relação filogenética da subordem *Suiformes* (Fonte: Luchini et al., 2005).

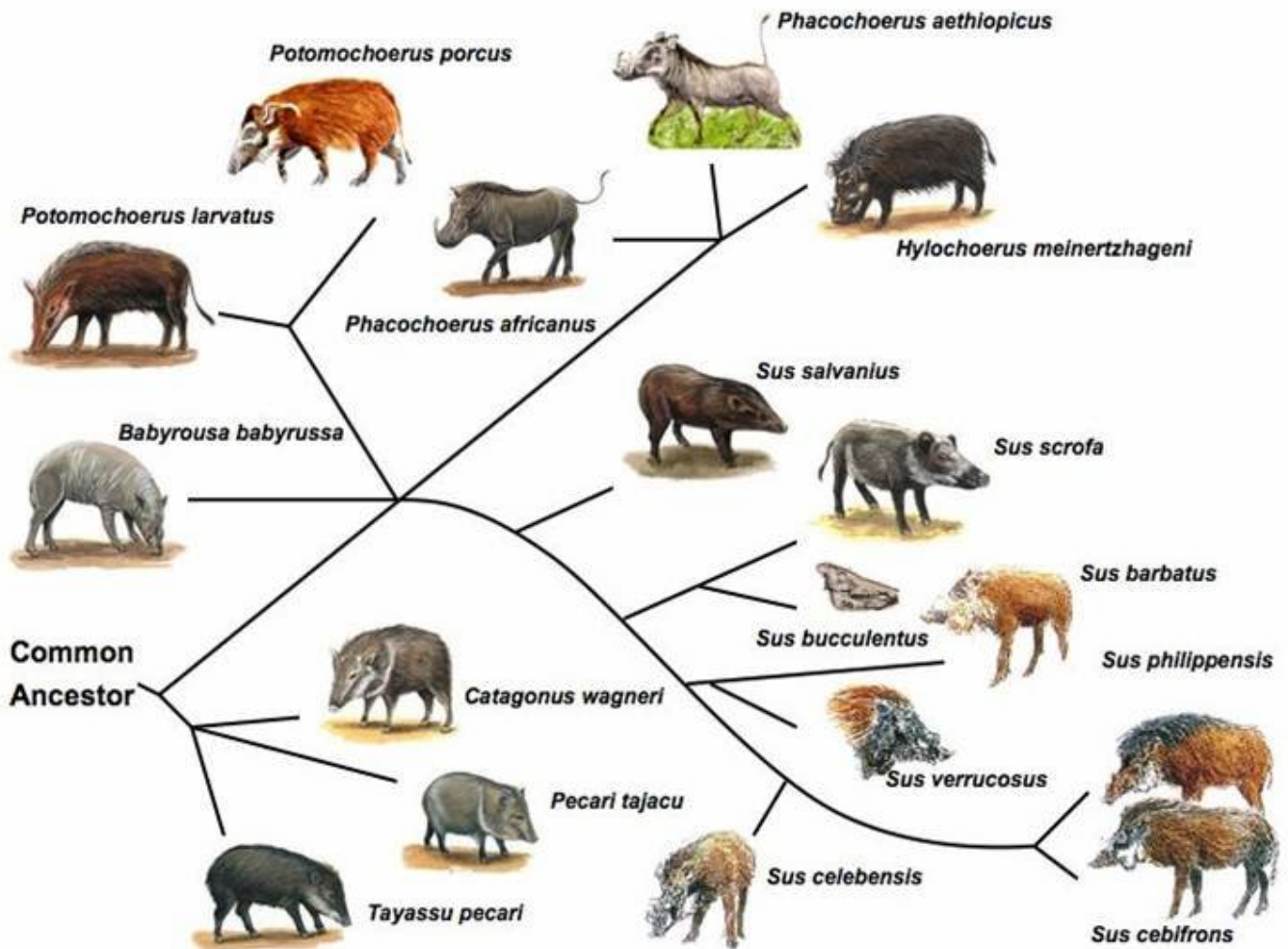


Figura 2. Diversidade e relação filogenética da subordem *Suiformes* (Fonte: Chen et al., 2007).

Uma destas novas classificações sugeridas é de que a ordem *Artiodactila* que abrange as três subordens, *Suisformes*, *Tylopoda* e *Ruminantia*, sofreria alteração nas posições filogenéticas, já que estudos de Arnason et al. (1991) e Ursing & Arnason (1998) demonstraram que os ruminantes (boi), estão mais próximos da ordem *Cetacea* (baleias) do que os suínos (LIN et al., 1998) que são não ruminantes (Tabela 1).

Tabela 1. Diferenças de nucleotídeos e seqüência de aminoácidos entre genes codificadores de proteínas de suíno/bovino, suíno/baleia e bovino/baleia (adaptado de LIN et al., 1998).

Diferença da seqüência (%) – nucleotídeo ^a/ aminoácido			
Gene	Suíno/Bovino	Suíno/Baleia	Bovino/Baleia
ND1	(7) 10,9/11,3 (8) ^b	(9) 10,8/12,3 (9)	(11) 9,8/11,0 (10)
ND2	(2) 17,5/24,5 (2)	(2) 18,0/25,1 (2)	(4) 14,8/21,6 (3)
COI	(13) 8,5/3,1 (12/13)	(13) 8,6/5,1 (12)	(13) 8,4/4,5 (13)
COII	(12) 8,6/3,1 (12/13)	(11) 9,5/4,8 (13)	(12) 9,2/4,8 (12)
ATPase8	(1) 20,4/37,9 (1)	(1) 22,9/36,5 (1)	(1) 18,2/31,7 (1)
ATPase6	(5/6) 11,9/17,3 (4)	(4) 15,1/19,5 (4)	(2) 17,5/23,5 (2)
COIII	(9) 10,5/6,1 (11)	(12) 9,3/7,3 (11)	(10) 10,0/7,3 (11)
ND3	(5/6) 11,9/9,6 (9)	(10) 10,7/11,3 (10)	(5) 13,3/11,3 (9)
ND4L	(10) 10,4/14,3 (5)	(6) 14,8/19,4 (5)	(7) 11,8/14,3 (6)
ND4	(4) 12,1/13,5 (6)	(7) 14,0/17,0 (7)	(8) 11,6/13,1 (7)
ND5	(3) 13,8/18,3 (3)	(3) 16,9/22,8 (3)	(3) 14,9/21,0 (4)
ND6	(11) 9,7/11,4 (7)	(5) 15,0/18,9 (6)	(6) 12,7/20,0 (5)
Cytb	(8) 10,7/9,5 (10)	(8) 12,0/12,7 (8)	(9) 11,2/11,9 (8)
Média	11,8/12,6	13,2/15,3	12,1/14,0

^a Diferença a respeito da substituição conservativa de nucleotídeos está apresentada na coluna de nucleotídeos.

^b A ordem dos genes apresentada nos parênteses está de acordo com a diferença decrescente baseada na substituição conservativa dos nucleotídeos e na seqüência de aminoácidos.

A domesticação dos animais teve por objetivo atender aos propósitos dos humanos, como, obtenção de energia e proteína, pele ou lã para vestimentas e tração para facilitar o trabalho manual. Porém esta prática teve limitações ligadas às particularidades das espécies e/ou raças, como por exemplo: os animais da raça Pigmeu que eram pequenos e nervosos e da Babirusa que eram dóceis e de vida longa, mas, criavam um ou dois leitões por ano. Warthog produziam uma leitegada limitada, uma vez que a fêmea possuía apenas quatro tetas.

No entanto na Europa e na Ásia existiam os javalis selvagens (*Sus scrofa*) os quais atendiam aos desejos do homem, eram prolíficos, viviam acima de 20 anos, as fêmeas possuíam 12 tetas, produziam carne considerada boa e a principal característica, facilmente adaptados aos diversos ambientes da época. Tornando-se a espécie domesticada mais importante da Eurásia, e responsável pelo surgimento do porco doméstico (*Sus domesticus*), segundo Ruvinsky & Rothschild (1998).

A domesticação ocorreu de forma independente em diferentes partes do mundo, havendo outras espécies ancestrais dos suínos modernos como *Sus vitatus*, que também habitavam em grandes números regiões da Ásia e da bacia do Mar Mediterrâneo. Os suínos surgiram a mais de 40 milhões de anos, e acredita-se que a domesticação teve início há aproximadamente 9.000 anos atrás (PORTER, 1993).

O processo de domesticação trouxe mudanças morfológicas e de comportamento a todas as espécies, ficando claro ao se comparar as evidências arqueológicas. O suíno foi se tornando mais alongado, cabeça pequena, ossos mais finos e leves, pelagem menos densa e seleção para pelagem menos selvagem. Trouxe também a formação das raças devido à diversidade geográfica, de adaptação e de cultura humana (PORTER, 1993). Originando desde então, a enorme diversidade de raças, hoje conhecidas pelo mundo, com suas características particulares e diversificadas, resultado de grande seleção exercida pelo homem.

1.1.3 Raças

Muitos autores têm se dedicado aos estudos da história e das características das raças suínas, tendo sido listadas em 1969 por Mason (apud PORTER, 1993), 330 raças não extintas, das quais apenas 89 eram consideradas importantes e reconhecidas. Em 1990, McLaren listou 201 raças, contudo muitas eram extintas e de pouca importância para a indústria de suínos. Atualmente, mais de 350 raças estão catalogadas, porém muito poucas possuem importância para a indústria.

1.1.3.1 Large White

Raça originária da Inglaterra, com pelagem branca, perfil cefálico e concavilíneo. A cabeça é moderadamente longa, orelhas grandes e eretas, do tipo asiático. O corpo é longo, com pernis cheios e profundos até os jarretes. Da carcaça se obtém um lombo comprido, mas com menor área de olho lombar que o da raça Landrace.

De 1770 a aproximadamente 1860 raças chinesas foram introduzidas nesta raça, resultando na redução da idade ao abate de 18 meses para nove meses, ossos mais leves, carcaças mais curtas e cabeças menores (PORTER, 1993).

Animais desta raça foram muito notados pela sua qualidade de bacon e prolificidade. No entanto, possui maturidade tardia e alto consumo de ração, sendo muito utilizada na produção de híbridos, uma vez que as fêmeas possuem boa habilidade materna e produção de leite. A raça é utilizada em cruzamento industrial para obtenção de reprodutores (RUVINSKY & ROTHSCHILD, 1998).

1.1.3.2 Pietrain

Raça originária da Bélgica, a pelagem é branca com manchas pretas e orelhas do tipo asiática com perfil cefálico concavilíneo, possuindo excelente massa muscular, sendo muito utilizado para cruzamento, dando um pernil de ótima qualidade e uma pequena camada de gordura.

Apresentam haplótipos Asiáticos, sendo justificado pela introgressão ocorrida através do uso das raças Berkshire e Large White com a raça Bélgica local originando a raça Pietrain (JONES, 1998).

A cabeça é larga, côncava, com orelhas médias, grossas, dirigidas para frente, horizontalmente. A carcaça é mais curta em relação à do Landrace e seus mestiços em comprimento, cobertura de toucinho, etc., mas apresenta maior olho do lombo. Tem boa precocidade e conversão alimentar.

Possui alto rendimento de carcaça, qualidade da carne baixa ou razoável (a maioria das linhagens, até hoje desenvolvidas comercialmente, são portadoras do gene de sensibilidade ao halotano, ou seja, induzem à produção de carne PSE – carne mole, pálida e exudativa) fato este que está determinando a seleção unicamente de animais halotanos negativos nas linhagens modernas.

1.1.3.3 Hampshire

Animais originários dos Estados Unidos, com pelagem preta com faixas brancas e membros anteriores, possuem orelhas asiáticas e perfil cefálico concavilíneo. Essa cinta, sendo incompleta, ou ocupando mais de um quarto do comprimento do corpo, é considerada defeito, porém os defeitos maiores que a desqualificam são: pés, ou membros posteriores brancos, branco na barriga, pequenas manchas pretas na cinta branca, pelagem inteiramente preta ou de cor vermelha. O couro é fino e macio. As cerdas são de comprimento médio, finas, lisas, regularmente distribuídas. Os olhos devem ser vivos, sem pregas em volta, com pescoço curto e leve, ligando bem a cabeça à paleta.

Animais de médio comprimento, ossatura regular, articulações e cascos fortes, quartelas quase direitas, dispostos em quadrilátero no solo, separados e aprumados. Os pernís são compridos, profundos, firmes, sem gordura excessiva, porém lhes faltam, às vezes, espessura e profundidade (RUVINSKY & ROTHSCHILD, 1998).

A raça possui boa qualidade de carcaça, com rusticidade. Aproveita bem os alimentos, levando neste ponto, vantagem sobre muitas raças. O crescimento é precoce e a deposição de gordura é tardia, constituindo uma vantagem para a produção de carne.

A prolificidade de nove leitões em média por parição, criando 7,5, pois as porcas são muito cuidadosas e de excelentes habilidades maternas.

Esta raça apresenta alta frequência do gene de Rendimento Napole (RN), localizado no cromossomo 15, o que confere à carne características indesejáveis como, pH final muito baixo, alta perda por gotejamento e cocção além das características de cor e marmorização. Porém, hoje, com a seleção e programas de melhoramento, utilizando-se de técnicas de biologia molecular, esta alta frequência do gene RN vem se reduzindo, e a raça se tornou popular como a raça paterna utilizada nos cruzamentos terminais (RUVINSKY & ROTHSCHILD, 1998).

1.1.3.4 Duroc

É originária do Nordeste dos Estados Unidos, proveniente de porcas vermelhas de New Jersey (Jersey Reds) e de cachaços também vermelhos de New York (The Durocs), em 1875.

A rusticidade e a fácil adaptação ambiental fizeram com que estes animais fossem utilizados em cruzamentos industriais propiciando uma melhoria na qualidade da carne das raças brancas. Aos 6 meses pesam 70 kg (podendo chegar até 90 kg) e aos 12 meses, 160 kg nos machos e 130 nas fêmeas. Nos machos adultos 270 kg e nas fêmeas 225.

Possui cabeça de tamanho médio, a face é um pouco cavada, o focinho é médio, a fronte larga entre as orelhas e os olhos. As orelhas possuem tamanho médio, inclinada para frente e ligeiramente para fora, com uma curva para frente e para baixo.

Os pernis são compridos, largos, cheios, firmes, porém observa-se nos tipos modernos que os animais possuem as pernas mais compridas, tendendo a serem deficientes em largura e profundidade.

É um tipo intermediário, servindo para carne e toucinho, tem prolificidade baixa, produzindo em média nove leitões por leitegada. É considerado um animal precoce, com bom rendimento de carcaça, boa velocidade no ganho de peso e boa conversão alimentar. Sua carcaça vale mais pela quantidade que pela qualidade, por isso, neste país é raramente criado em estado puro para a produção industrial, sendo cruzados com Landrace, Yorkshire, Wessex, etc. para a produção de carne magra, e com as porcas de raças nacionais e mestiças (onde a suinocultura é mais atrasada) para a produção do tipo intermediário. São animais que suportam bem o clima dos trópicos (PORTER, 1993).

As fêmeas possuem maior tempo de vida produtiva, com boa manutenção da condição corpórea e número baixo de dias entre o intervalo desmame-cio. Os machos desta raça se tornaram os mais importantes para o cruzamento terminal nos países como, Canadá, Japão, China, Tailândia, Taiwan e outros países (RUVINSKY & ROTHSCHILD, 1998).

1.1.3.5 Landrace

Esta raça foi desenvolvida nas regiões norte da Espanha, Portugal, França, Itália e em quase todo o noroeste da Europa, geralmente conhecida como uma raça de suíno Céltico. O grau de infusão de outras raças nativas da Dinamarca é discutível. Existem afirmações de que a genética importada da China e de outras partes do mundo, nos anos de 1800, foram claramente usados nas raças inglesas após os anos de 1800 (PORTER, 1993).

A raça Landrace vem sendo aperfeiçoada pelos Dinamarqueses há mais de um século, visando, além de conformação ideal para a produção de carne magra, excelentes qualidades maternas. Este objetivo foi conseguido por meio de uma persistente e racional seleção, baseada em prova da descendência. É o que se pode chamar de "tipo clássico" do produtor de carne magra. É uma raça com boa prolificidade, habilidade materna e muito utilizada para produção de híbridos.

Os animais desta raça apresentam a cabeça comprida, de perfil sub-côncavo, larga entre as orelhas e com mandíbulas leves. As orelhas são compridas, finas, inclinadas para frente, do tipo Céltico. O corpo com conformação para a produção de carne, bastante comprido e pouca gordura, de igual largura e espessura em todo o comprimento.

1.1.3.6 Meishan e Fengjing

Estas raças foram introduzidas nos Estados Unidos sob um esforço cooperativo do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (United States Department of Agriculture – USDA), a Universidade de Illinois e Iowa.

São oriundas da região dos lagos e vales da China. Eles são considerados suínos Taihu, seu nome deriva do lago Taihu, sua região de origem.

As raças chinesas caracterizam-se por terem um crescimento lento e apresentarem alta porcentagem de gordura em sua carne, o que lhe confere um agradável sabor. São animais resistentes a algumas doenças e são capazes de consumir grandes quantidades de volumoso.

Esta raça é conhecida pela pele enrugada. As porcas crescem até cerca de 60 centímetros de altura, 100 centímetros ao redor do tórax, e atingem em média

61,6 kg de peso vivo. Eles têm uma espessura média de toucinho de 2,5 cm e um rendimento de carcaça de 66,8% (RUVINSKY & ROTHSCHILD, 1998).

É uma das raças mais prolíficas de suíno no mundo, chegam a puberdade com 2,5 - 3 meses de idade, atingem altas taxas de sobrevivência de embriões, e um tamanho de leitegada de 15-16 leitões. Por estas importantes características reprodutivas, foi uma raça muito utilizada nos programas de melhoramento genético na Europa e em outros países.

1.1.4 Melhoramento Genético de Suínos

Na década de 60 deu-se o início do melhoramento genético de suínos no Reino Unido, onde após a II Guerra Mundial apenas a criação de bovinos e de ovinos possuíam subsídio. Desta forma era preciso uma produção em larga escala e com eficiência para que pudesse ser viável.

Os produtores de suíno passaram a considerar alguns parâmetros de produção como, por exemplo, a taxa de crescimento e principalmente os custos com a ração. Diante desta demanda, os geneticistas passaram a buscar raças de alta capacidade de conversão alimentar (fator de alta herdabilidade), excelente taxa de crescimento e ao mesmo tempo mudanças na preferência pública das características sensoriais da carne (carne mais magra).

No final dos anos 60, as indústrias de genética de suínos ainda eram dominadas pelo melhoramento baseado em *pedigree*, o que os produtores comerciais consideravam ser ineficiente, pois não conseguiram associar as necessidades dos produtores e dos consumidores. Surgindo então iniciativa de alguns geneticistas de formarem cooperativas ou empresas com o objetivo de aumentar o estoque de fêmeas e machos em fazendas comerciais. E a chave do sucesso deste processo foi a produção de híbridos (PORTER, 1993), que se caracterizou pelo esquema de formação da linhagem macho (boa conversão alimentar, alto ganho de peso, pernis grandes e área de olho de lombo grande) e da linhagem fêmea (alta fertilidade, boas qualidades leiteiras e máximo de leitões desmamados porca/ano).

Surgiram nesta época dois tipos de grupos de genética de suínos: um grupo caracterizado como uma empresa privada envolvida na pesquisa e desenvolvimento, e outro um grupo de cooperativas formadas por produtores familiares que produziam estoques de animais (matrizes e reprodutores) para atender a outros produtores, geralmente orientados por geneticistas. Alguns exemplos destas empresas são a Pig Improvement Company (PIC) formada por meia dúzia de produtores de Oxfordshire no Reino Unido em 1962; National Pig Development Company (NPD) que foi estabelecida em 1969 pela família Curtis; Masterbreeders que surgiu em 1979, após a fusão de duas empresas, uma grande processadora de carne suína (Wall's Meat Company) e a outra uma grande produtora de ração (BOCM Silcock); entre tantas outras empresas.

A partir da década de 70, houve grande alteração no hábito alimentar da população, que passou a desejar carne magra. Assim, os programas de seleção passaram a trabalhar com a redução da espessura de toucinho, buscando a diminuição do percentual de gordura na carcaça, prolificidade, melhores ganhos de peso, sanidade (incluindo resistência a doenças), sempre visando aumentos na produtividade (FACCIN, 2000).

No Brasil, em meados de 1980 inicia-se a introdução das grandes empresas estrangeiras de genética, juntamente com a estruturação de organizações privadas e públicas de melhoramento genético de suínos, com grande disseminação do uso dos índices econômicos de seleção. Passou-se então, a trabalhar com a conversão de alimento em carne magra, como objetivo de seleção e na década de noventa teve-se o grande avanço no genoma animal e nas técnicas de biologia molecular.

A espécie suína foi e é uma das que mais tem se beneficiado com estes avanços, devido a grandes investimentos em pesquisas.

1.1.5 Mitocôndria

A mitocôndria é uma organela presente no citoplasma das células eucarióticas, seu principal papel é a fosforilação oxidativa sendo providas de genoma próprio (DE ROBERTS, 2003). O mtDNA codifica aproximadamente 10%

das proteínas constitutivas da mitocôndrias, portanto, é necessária uma importante cooperação entre o DNA nuclear e DNA mitocondrial.

Esta organela possui fundamental papel na produção de energia (ATP) para a célula, produzindo esta energia num processo baseado em membranas conduzido por dois estágios interligados por complexos protéicos embebidos em uma membrana:

- estágio 1: o transporte de elétrons ativa a bomba que bombeia os prótons pela membrana;
- estágio 2: o gradiente de prótons é aproveitado pela ATPase para produzir ATP (ALBERTS et al, 1994).

Cada mitocôndria é envolvida por duas membranas altamente especializadas (uma cobrindo a outra). Estas membranas, a interna e a externa criam dois compartimentos mitocôndriais: um grande espaço interno chamado de matriz e um outro espaço intermembranas (Figura 3).

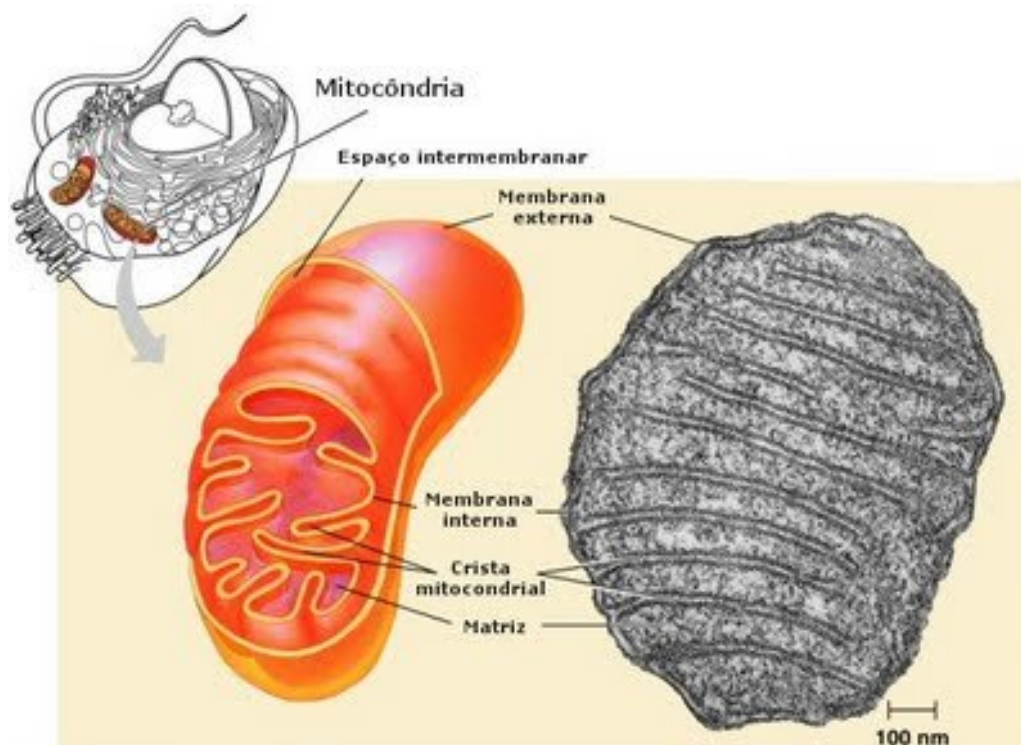


Figura 3. Representação esquemática da mitocôndria e uma eletromicrografia. (<http://cienciafundamental.com>)

As mitocôndrias são muito semelhantes às bactérias, em tamanho e forma, possuindo um processo de replicação muito semelhante a estes microrganismos, por bipartição. O processo de replicação do material genético mitocondrial e a divisão da mitocôndria na maioria das células ocorrem ao longo do ciclo celular. Sendo diferente na célula muscular, por se tratar de uma célula especializada sem a capacidade de divisão em situações normais. O que ressalta a existência de um fator externo que sinaliza a replicação do material genético da mitocôndria e a divisão desta organela (HOOD, 2001).

Na ausência da mitocôndria, as células animais seriam anaeróbias, dependendo da pouco eficiente glicólise anaeróbia para a produção energética. Existem evidências de que bactérias atuais produzem energia de forma similar à mitocôndria, o que faz avançar a teoria da descendência das células eucarióticas atuais de seres anaeróbios primitivos (ALBERTS et al, 1994).

Durante a origem simbiótica da organela, centenas de genes foram transferidas do genoma da organela para o núcleo (LIAUD et al, 2000). Isso tornou a mitocôndria dependente de numerosas proteínas codificadas pelo genoma nuclear para a realização de suas funções, incluindo a própria via oxidativa e seu processo de replicação. Em contrapartida, a célula hospedeira tornou-se dependente da energia gerada pela mitocôndria (ALBERTS et al, 1994).

Alterações nos tipos de fibras musculares, principalmente das fibras de contração lenta (Tipo I), que, em resposta ao estímulo de atividade física tornam-se de 7% a 22% maiores em comparação com as de contração rápida. Além disso, é apontado por Foss e Keteyian (2000) que pode haver uma conversão das fibras do tipo IIb (oxidativas glicolíticas) para o tipo IIa (brancas e anaeróbias).

Muitas dessas alterações estão sustentadas em mudanças bioquímicas e estruturais da célula muscular, sofridas pelas mitocôndrias, que têm seu número e tamanho, aumentados, além do incremento em sua capacidade oxidativa, provinda do aumento na atividade máxima de suas enzimas (STARRIT, ANGUS & HARGREAVES, 1999).

Segundo Alberts (1997) as mitocôndrias nunca são formadas de "novo", são originadas pela divisão de uma já existente. A observação de células vivas indica que essas organelas não só se dividem como também se fundem umas às outras.

"Em média, entretanto, cada organela deve dobrar a sua massa e então se dividir ao meio uma vez a cada geração celular".

Existem evidências que sugerem a existência de populações mitocondriais morfológica e bioquimicamente diferentes no músculo esquelético e cardíaco, com respostas diferenciadas ao treinamento físico (BIZEAU, WILLIS & HAZEL, 1998).

Geralmente, a transcrição celular é regida por proteínas chamadas de fatores de transcrição, que se ligam a regiões reguladoras de genes. Os fatores de transcrição implicados na biogênese da mitocôndria, presentes no núcleo, incluem o NRF-1 e NRF-2, sendo o NRF-1 ativador do fator A de transcrição mitocondrial, TFAM (HOOD, 2001).

Existe a hipótese de que o fator nuclear respiratório-1 (NRF-1), fator de transcrição que age sobre uma série de genes nucleares requeridos para a transcrição de proteínas respiratórias, assim como a transcrição e replicação mitocondrial, pode ser um agente chave no aumento da capacidade oxidativa das células do músculo esquelético em resposta ao estresse energético tal como o exercício e a alimentação (BERGERON et al, 2001).

Complementando, Gordon et al. (2001) conduziu um estudo para identificar o processo regulatório na expressão do TFAM e sua relação com a expressão do mtDNA durante a biogênese mitocondrial induzida pela atividade contrátil muscular. Seus resultados indicaram que o TFAM parece ser um fator chave responsável pelo aumento na expressão gênica mitocondrial e capacidade oxidativa, observada na biogênese mitocondrial induzida pela atividade contrátil do músculo esquelético.

O TFAM está relacionado com a atividade de transcrição mitocondrial, através da regulação do número de cópias do mtDNA de tecidos específicos incluindo os tecidos adiposos, auxiliando a deposição ou não de gordura branca no organismo (KANG et al., 2007, KAAMAN et al., 2007).

Em 2005, Jiang et al. comprovaram significativa associação entre os polimorfismos do tipo SNP no promotor TFAM de bovino e os escores de marmorização e profundidade de gordura subcutânea.

O TFAM desempenha um papel similar ao das histonas do núcleo e é fortemente associada com mtDNA. Foi demonstrado que uma molécula de DNA mitocondrial é envolvida com 900 moléculas de TFAM em média, o que torna o

mtDNA coberto. O TFAM controla o número de cópias de DNA mitocondrial em mamíferos (ALAM et al., 2003). Em um estudo usando uma combinação de camundongos com super expressão de TFAM com camundongos sem expressão de TFAM demonstrou que o número de cópias do mtDNA é diretamente proporcional à proteína total de TFAM em nível de embriões de camundongos (EKSTRAND et al., 2004).

Por muitos anos acreditou-se que o tecido adiposo desempenhava um papel central na regulação e manipulação de metabolismo energético através do armazenamento e síntese de triglicérides, através da liberação de fatores que interferem na saciedade e na utilização da energia vinda do alimento ingerido. No entanto, muitos aspectos chave da adipogênese são acompanhados por estimulação da biogênese mitocondrial (WILSON-FRITCH et al., 2003).

1.1.6 DNA mitocondrial

O DNA mitocondrial (mtDNA) de mamíferos é circular com um tamanho aproximado de 16.500 pb, com distribuição assimétrica de guaninas e citosinas gerando uma cadeia pesada (H) e outra cadeia leve (L) (GÓES, 2003). O mtDNA se reproduz por divisão simples, cresce e depois se separa em duas metades.

A região “displacement loop region” (D-loop) do mtDNA é uma região gerada pela síntese de um segmento curto da cadeia pesada H, onde se encontra a origem da replicação desta cadeia. Esta região é muito importante, por conter a região controle responsável pela regulação da replicação e da transcrição de todo o mtDNA. A replicação tem início nesta região ocorrendo o deslocamento de uma fita em relação à outra, formando uma alça, D-loop (ALBERTS, 1994). Seu genoma é haplóide devido sua herança ser estritamente materna (herança matrilinea), por isso não está submetido a processos de recombinação, sendo transmitido às gerações seguintes como blocos de gene denominados haplótipos.

Danos oxidativos, ausência de histonas, mtDNA polimerase com pobre atividade reparadora, heteroplasmia entre outros fatores fazem com que o mtDNA tenha uma taxa de evolução 5 a 10 vezes maior que o DNA nuclear, implicando em

uma hipervariabilidade entre os indivíduos de uma mesma espécie (JARRETA, 1999).

A heteroplasmia se caracteriza pela presença de mais de um genótipo de mtDNA em um mesmo indivíduo, podendo ocorrer devido à mutação do genoma de uma ou mais mitocôndrias, gerando uma mistura de moléculas mutantes e normais em uma mesma célula. Depois de vários ciclos de divisão celular, é possível que prevaleça, dentro de uma célula, somente uma das formas, ou o normal ou o mutante. Isto pode ocorrer em células somáticas e em células germinativas femininas (GÔES, 2003).

O mtDNA possui um caráter conservativo, sendo muito importante para estudos evolucionários dos animais, estrutura populacional e de fluxo gênico, segundo Moritz e Brown (1987). E ainda por ser de herança materna auxilia os estudos de filogenia e variabilidade genética entre os indivíduos de uma mesma população baseando-se nas fêmeas desta população (LIN et al., 1998).

Muitos conhecimentos da evolução animal foram possíveis através do estudo de polimorfismo na região D-loop do mtDNA, através da amplificação da desta região por meio de PCR e do seu sequenciamento. Então, são analisadas mutações pontuais, deleções ou inserções em relação à seqüência padrão através de técnicas como PCR-RFLP e SSCP para avaliar indivíduos dentro de grupos ou populações de interesse. E, atualmente, muitas empresas de genética empregam estes conhecimentos da biologia molecular na pesquisa de genes responsáveis pela expressão de características zootécnicas, ou de regiões do genoma que estejam relacionadas com manifestação destas características.

1.1.6.1 O DNA mitocondrial de suíno

O DNA mitocondrial dos suínos em particular da espécie *Sus scrofa* possui 16.613 pares de base de extensão, sendo esta extensão não específica, uma vez que a região D-loop apresenta número variável e aleatório de repetições (LIN et al., 1998). O genoma apresenta genes responsáveis por dois rRNAs (12S e 16S rRNA), 22 tRNAs e 13 genes codificadores de proteínas, (citocromo b (Cytb), citocromo c com sub-unidades oxidase I, II e III (COI, COII e COIII), ATPase sub-unidades 6 e 8

(ATPase6 e ATPase8), e NADH dehidrogenases subunidades 1-6 e 4L (ND1-6 e ND4L).

Muitos dos genes são codificados na cadeia pesada – H incluindo os dois rRNAs, 14 tRNAs e 12 das 13 proteínas codificadores de genes. O restante dos genes é codificado na cadeia leve – L. O genoma é quase que totalmente ocupado por genes estruturais, podendo existir ou não bases não codificantes entre os genes adjacentes, exceto na região D-loop (LIN et al., 1998). A região D-loop do mtDNA de suíno é flanqueada pelo gene tRNA prolina (Pro) e tRNA fenilalanina (Phe) e exibe um tamanho variável devido a inserção de seqüências repetitivas aleatórias (Figura 4).

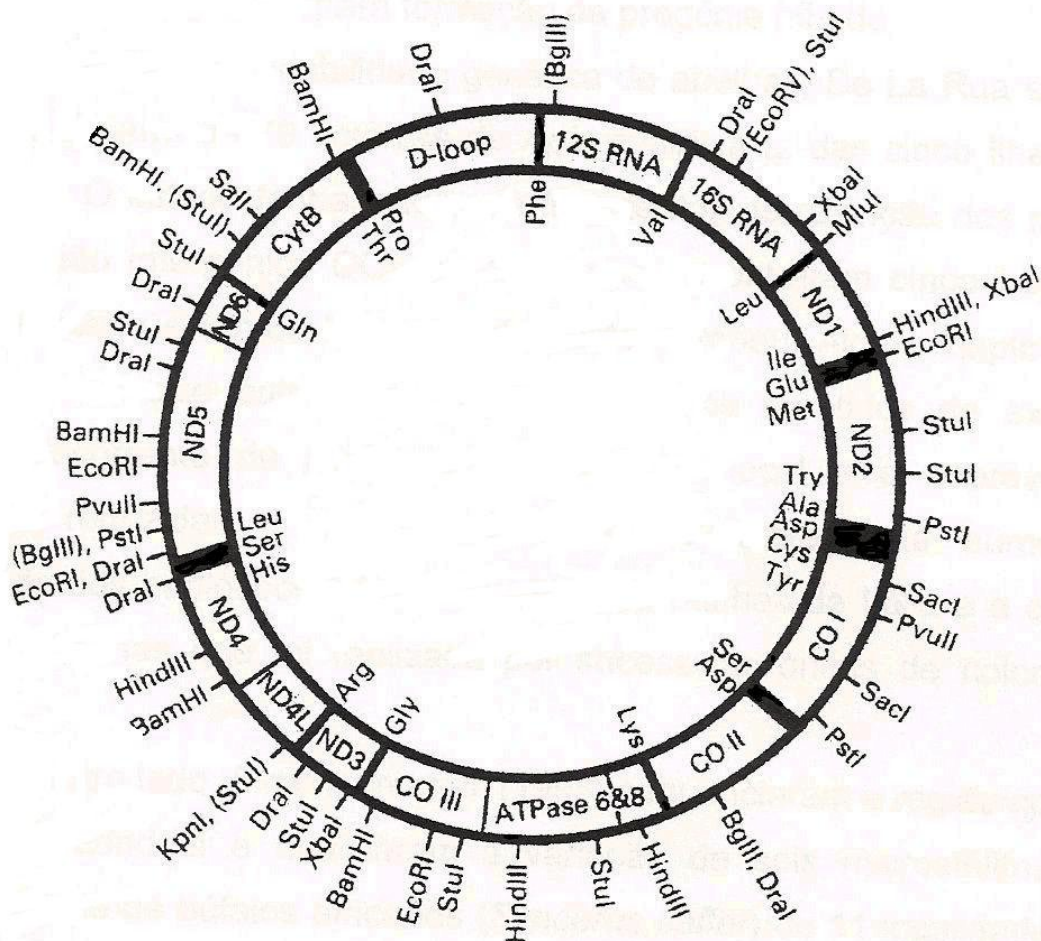


Figura 4. Esquema do mtDNA de suíno (SMITH & ALCIVAR, 1993).

Li et al. (1998) encontraram de 13 a 21 repetições na região D-loop em subclones e/ou preparações de mtDNA de suíno e estas repetições têm sido descritas em coelhos (DUFRESNE et al., 1996), cavalo (XU e ARNASON, 1994), foca (ARNASON e JOHNSON, 1992), ovelha (WOOD e PHUA, 1996) e gato (LOPEZ et al., 1996). Ainda não se tem conhecimento do verdadeiro papel destas repetições.

A cadeia-L do mtDNA de suíno é composta pela seguinte freqüência de bases: 34,7%, A; 25,8%, T; 26,2%, C e 13,3%, G. Em outras espécies esta freqüência se apresenta diferente, assim como o número de bases que compõem seu genoma mitocondrial (Tabela 2).

Tabela 2. Extensão (tamanho) e composição das bases da cadeia-L de genomas mitocondriais de eucariontes (adaptado de LIN et al., 1999).

Espécies	Extensão total (pb)	A (%)^a	T (%)	C (%)	G (%)
Suíno	16.613	34,7	25,8	26,3	13,3
Bovino	16.338	33,4	27,2	25,9	13,5
Baleia	16.398	32,7	26,7	27,3	13,3
Cavalo	16.660	32,2	25,9	28,5	13,4
Foca	16.826	33,0	25,3	27,4	14,3
Humano	16.570	30,9	24,7	31,3	13,1

^a As porcentagens calculadas foram baseadas no genoma completo de cada espécie.

Avanços na área da genética, bem como, das técnicas moleculares e sua difusão no meio científico tem proporcionado importantes estudos da evolução, níveis de variabilidade e distribuição geográfica dentro e entre grupos de animais.

Diferenças significativas entre suínos domesticados Europeus e Asiáticos foram encontradas por meio da utilização de marcadores nucleares (YANG et al., 2003; FANG et al., 2005; FANG & ANDERSSON, 2006) e análise de mutações no mtDNA (GIUFFRA et al., 2000; OKUMURA et al., 2001; KIM et al., 2002). Estes estudos também revelaram que a atividade humana influenciou na estrutura genética dos suínos, originando uma introgressão de suínos Asiáticos na Europa

(GIUFFRA et al., 2002; LARSON et al., 2005). Isto pode ser percebido analisando a raça Large White, considerada de origem européia, mas que estudos do seu mtDNA revelaram a presença dos dois haplótipos (Asiático e Europeu) sugerindo cruzamento entre raças européias e asiáticas durante a formação desta raça (OKUMURA et al., 1996).

Giuffra et al. (2000) após análise filogenética da região D-loop de várias raças e javalis selvagens da região Asiática e Européia, obteve três distintas classes de mtDNA, sendo uma Asiática e duas Européias. A Asiática inclui javali selvagem japonês, suínos da raça chinesa Meishan e algumas raças mestiças da Europa. A classe Européia I seria composta pela maioria das raças de javalis selvagens, javalis selvagens de Israel e grande parte das raças domesticadas da Europa. E a Européia II incluiria três raças do Sul da Europa (Itália).

1.1.7 Qualidade da Carne Suína

A carne é uma rica fonte de aminoácidos essenciais, vitamina A, B e minerais como o ferro e zinco, fornecendo a maior parte dos nutrientes necessários à saúde dos consumidores humanos. É um alimento de alto custo para o consumidor, e seu consumo tende a refletir riqueza (LAWRIE, 2005).

O consumidor moderno tem tido acesso a grandes campanhas de informação e esclarecimento quanto aos valores nutricionais, saúde e, sobretudo de qualidade da carne, o que o torna mais exigente.

Os parâmetros que melhor representam a qualidade físico-química da carne são o pH, a temperatura, a cor e a capacidade de retenção de água (CRA). Porém a qualidade final da carne é dependente de fatores intrínsecos como a espécie, o tipo de músculo e a variabilidade entre animais e, também, por fatores extrínsecos como o manejo pré e pós abate, nutrição e ambiência (LAWRIE, 2005). E se utilizando dos parâmetros previamente citados, a indústria brasileira classifica a carne em categorias bem definidas: RFN (vermelha, firme e normal ou ideal); RSE (vermelha, mole e exsudativa), DFD (escura, dura e seca) e a carne PSE (pálida, mole e exsudativa) que é o problema mais freqüente encontrado nos frigoríficos, tanto para

produtos *in natura* quanto para processados, principalmente para os embutidos cozidos (PELOSO, 1999).

No momento do abate, os processos biológicos do animal não cessam ocorrendo, ainda, diversas transformações bioquímicas e estruturais. Com a sangria o oxigênio deixa de ser transportado para os músculos, no qual os processos passam a ocorrer em ambiente anaeróbico. Neste ambiente anaeróbico ocorre a glicólise, na tentativa do organismo produzir energia (ATP) a partir do glicogênio presente no músculo, mas o resultado deste metabolismo anaeróbico é a produção de ácido láctico que ocasiona a queda do pH devido à liberação de íons H⁺ (LAWRIE, 2005). O aumento da concentração de ácido láctico resulta num decréscimo rápido no valor do pH do tecido muscular (HONIKEL, 1987). É desejável que o pH final, ou seja, medido 24 horas após o abate se encontre entre 5,7 e 5,9, para que se obtenha uma carne de qualidade, boa palatabilidade, maciez e cor (KAUFFMAN et al., 1993).

Segundo Lawrie (2005) a velocidade de queda do pH, bem como o pH final da carne após 24 horas, é muito variável. A queda do pH é mais rápida nos suínos, intermediária nos bovinos e mais lenta nos eqüinos. A velocidade e a extensão da redução do pH após o abate são influenciadas por fatores intrínsecos como, espécie, tipo de músculo e a variabilidade entre animais e, também, por fatores extrínsecos como manejo pré-abate, nutrição, ambiência. A decomposição acelerada do glicogênio antes e após o abate favorece o estabelecimento da condição de carne *Pale, Soft and Exsudative* (PSE) (SCHÄFER et al., 2002) E ainda a temperatura do músculo, próxima do estado fisiológico (> 38°C) e associada ao pH mais reduzido pode provocar desnaturação protéica. A desnaturação se causada pela temperatura é irreversível, mas se causada pelo pH é reversível e pode ser prevenido com um aumento do pH muscular (ZHU & BREWER, 2002).

Suínos com a condição PSE apresentam queda brusca do pH inicial. Testes com anestésico halotano em animais vivos indicaram que a frequência do gene é alta, de 0,30 a 0,90 nas raças Pietrain, Landace belga e Landrace alemã de linhas paternas; intermediária, de 0,07 a 0,22, em Landrace de linhas maternas, e muito baixa, de 0 a 3%, nas raças Large White, Duroc e Hampshire (Webb et al., 1982; Hubbard et al., 1990; Zhang et al., 1992).

A cor da carne é aferida pelos pigmentos de mioglobina existentes nos músculos. A carne de suínos caracteriza-se por possuir cor uniforme, entre rosada e avermelhada, possuindo uma pequena camada de gordura branca (SARCINELLI; VENTURINI & SILVA, 2007). A característica de cor é influenciada pelo acúmulo de metamioglobina – resultado da taxa relativa de oxidação de mioglobina e redução de metamioglobina – que caracteriza a cor da carne fresca (ZHU & BREWER, 2002).

Existe ainda uma interação entre cor, pH e temperatura que tem efeito sobre as características de qualidade do produto cárneo. Com temperaturas acima de 55°C ocorre um aumento significativo na desnaturação de metamioglobina. Com temperaturas entre 25-55°C é preciso uma interação entre pH e temperatura, uma vez que esta última sozinha não desnatura a metamioglobina. Temperaturas muito abaixo de 50°C e pH abaixo de 5,9 pode conduzir à desnaturação de metamioglobina na carne, deixando a carne com aparência de pálida (ZHU & BREWER, 2002). Carne com cor pálida, alta perda de água no cozimento, textura mole e exudativa sugere carne PSE e por isso é discriminada tanto pelo consumidor quanto pela indústria.

A cor, pH e CRA explicam cerca de 60% da variação total sofrida pela carne após o abate (BARBOSA et al., 2006).

O “drip loss” ou perda por gotejamento é influenciado pela permeabilidade da membrana celular à água e outros fatores (desnaturação de proteínas do citoesqueleto) (KRISTENSEN & PURSLOW, 2000). Tem-se sugerido que a desnaturação da miosina é a causa da alta taxa de perda por exsudação na carne suína PSE (OFFER, 1991). A desnaturação de proteínas sarcoplasmáticas e miofibrilas pode ser a causa de um aumento de “drip loss” devido a uma decrescente repulsão entre os filamentos, bem como a origem do “drip” a partir do fluido no espaço extracelular (HERTOG-MEISCHKE; LAACK & SMULDERS, 1997).

Variações no pH influenciam a CRA devido ao fato de, quando próximo do ponto isoelétrico, os balanços de cargas positivas e negativas poderem se igualar, neutralizando as cargas das proteínas e impedindo a ligação com a água. Em valores de pH distantes do ponto isoelétrico ocorre o inverso (ARAÚJO, 1995). O pH dentro das duas primeiras horas após a morte e 24 horas tem alta significância com a variação do “drip loss” (SCHÄFER et al., 2002). A queda acelerada do pH pode ser

acelerada por uma alta temperatura inicial e a temperatura até duas horas (exceto 30 minutos) contribui na variação do “drip loss” (SCHÄFER et al., 2002).

Estimativas de herdabilidade das características pH, cor da carne, capacidade de retenção de água e maciez da carne são geralmente inferiores a 0,50 (consideradas de baixas a moderadas), enquanto que as da gordura intramuscular geralmente são superiores a 0,50 (altas).

Correlações genéticas medidas em animais vivos, como a espessura de toucinho e a taxa de crescimento, com a gordura intramuscular, são positivas e geralmente baixas. Elas sugerem que a seleção para aumento da taxa diária de crescimento de carne não deve reduzir sensivelmente o teor de gordura intramuscular (IRGANG, 1996). As correlações genéticas e fenotípicas entre rendimento de carne e gordura intramuscular são negativas e moderadas, observando-se menor teor de gordura intramuscular em raças com alto rendimento de carne.

REFERÊNCIAS

ABIPECS - ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INDÚSTRIAS PROCESSADORAS E EXPORTADORAS DE CARNE SUÍNA. **Relatório Anual 2007**. Disponível em <<http://www.Abipecs.com.br>>. Acesso em 22 Fev. 2007.

ALAM, T. I.; KANKI, T.; MUTA, T.; UKAJI, K.; ABE, Y.; NAKAYAMA, H.; TAKIO, K.; HAMASAKI, N.; KANG, D. Human mitochondrial DNA is packaged with TFAM.

Nucleic acids research, Oxford, v. 31, p. 1640-1645, 2003.

ALBERTS, B. **Biologia molecular da célula**. 3. ed. Artes Médicas: Porto Alegre, 1997.

ALBERTS, B.; BRAY, D.; LEWIS, J.; RAFF, M.; ROBERTS, K.; WATSON, J. D. **Molecular biology of the cell**. 3. ed. Nova York: Garland Pub., 1994.

ALVES, E.; OVILO, C.; RODRÍGUEZ, M. C.; SILIÓ, L. Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations. **Animal Genetics**, Oxford, v. 34, n. 5, p. 319 – 324, 2003.

ANUALPEC., São Paulo: Instituto FNP p. 263 – 276, 2007. 368 p.

ARAÚJO, M.A. **Química de alimentos: teoria e prática**. Viçosa : Imprensa Universitária, 1995. 335p.

ARNASON, U.; GULLBERG, A.; WIDEGREN, B. The complete nucleotide sequence of the mitochondrial DNA of the fin whale, *Balaenoptera physalus*. **Journal of molecular evolution**, Nova York, v. 33, p. 556-568, 1991.

ARNASON, U.; JOHNSON, E. The complete mitochondrial DNA sequence of the harbor seal, *Phoca vitulina*. **Journal of molecular evolution**, Nova York, v. 34, p. 493-505, 1992.

BARBOSA, L.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J.; GUIMARÃES, S. E. F.; TORRES, R.A. Avaliação de características de qualidade de carne de suínos por meio de componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.35, n.4, p.1639-1645, 2006.

BALTZER, C.; TIEFENBOCK, S. K.; MARTI, M.; FREI, C. Nutrition Controls Mitochondrial Biogenesis in the Drosophila Adipose Tissue through Delg and Cyclin D/Cdk4. **PLoS ONE**, v. 4, p. e6935, 2009.

BERGERON, R., REN, J. M., CADMAN, K. S., MOORE, I. K., PERRET, P., PYPART, M., YOUNG, L. H., SEMENKOVICH, C. F., SHULMAN, G. I. Chronic activation of AMP kinase results in NRF1 activation and mitochondrial biogenesis. **American Journal of Physiology Endocrinology Metabolism**, Bethesda, v. 281, p. E1340-E1346, 2001.

BIASE, F. H.; FRANCO, M. M.; GOULART, L. R.; ANTUNES, R. C. Protocol for extraction of genomic DNA from swine tissues. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 3, p. 313 – 315, 2002.

BIASE, F. H.; MEIRELLES, F. V.; GUNSKI, R.; VOZZI, P. A.; BEZERRA, L. A. F.; VILA, R. A.; ROSA, A. J. M.; LÔBO, R. B.; MARTELLI, L. Mitochondrial DNA single nucleotide polymorphism associated with weight estimated breeding values in Nelore cattle (*Bos indicus*). **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 30, n. 4, p. 1058 – 1063, 2007.

BIZEAU, M. E., WILLIS, W. T., HAZEL, J. R. Differential responses to endurance training in subsarcolemmal and intermyofibrillar mitochondria. **Journal of Applied Physiology**, Bethesda, v. 85, n.4, p. 1270-1284, 1998.

BOETTCHER, P. J.; FREEMAN, A. E.; JOHNSTON, S.D.; SMITH, R. K.; BEITZ, D. C.; MCDANIEL, B. T. Relationships between polymorphism for mitochondrial deoxyribonucleic acid and yield traits of Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 79, p. 647-654, 1996.

CHEN, K.; BAXTER, T.; MUIR, W. M.; GROENEN, M. A.; SCHOOK, L. B. Genetic Resources, Genome Mapping and Evolutionary Genomics of the Pig (*Sus scrofa*). **International Journal of Biological Sciences**, Bethesda, v. 3, p. 153-165, 2007.

DE ROBERTS, H.P. **Biologia celular e molecular**. Guanabara-Koogan: Rio de Janeiro, 2003. 757 p.

DUBESSAY, P.; GARREAU-BALANDIER, I.; JARROUSSE, A. S.; FLEURIET, A.; SION, B.; DEBISE, R.; ALZIARI, S. Aging impact on biochemical activities and gene expression of *Drosophila melanogaster* mitochondria. **Biochimie**, Paris, v. 89, p. 988-1001, 2007.

DOUZERY E., CATZEFLIS, F. M. Molecular evolution of the mitochondrial 12S rRNA in Ungulata (Mammalia). **Journal of molecular evolution**, Nova York, v. 41, p. 622-636, 1995.

DUFRESNE, C.; MIGNOTTE, F.; GUÉRIDE, M. The presence of tandem repeats and the initiation of replication in rabbit mitochondrial DNA. **European Journal of Biochemistry**, Berlin, v. 235, p. 593-600, 1996.

EKSTRAND, M. I.; FALKENBERG, M.; RANTANEN, A.; PARK, C. B.; GASPARI, M.; HULTENBY, K.; RUSTIN, P.; GUSTAFSSON, C. M.; LARSSON, N. G. Mitochondrial transcription factor A regulates mtDNA copy number in mammals, **Human Molecular Genetics**, Oxford, v. 13, p. 935-944, 2004.

FACCIN, M. Sistema de produção: passado, presente e futuro. In: SEMINÁRIO INTERNACIONAL DE SUINOCULTURA, 5., 2000, São Paulo. **ANAIS...** São Paulo, 2000. p.17-24.

FANG, M.; ANDERSSON, L. Mitochondrial diversity in European and Chinese pigs is consistent with population expansions that occurred prior to domestication.

Proceedings of the Royal Society – Biology, Edinburgh, v. 273, n. 1595, p. 1803 – 1810, July 2006.

FANG, M.; HU, X.; JIANG, T.; BRAUNSCHWEIG, M.; HU, L.; DU, Z.; FENG, J.; ZHANG, Q.; WU, C.; LI, N. The phylogeny of Chinese indigenous pig breeds inferred from microsatellite markers. **Animal Genetics**, Oxford, v. 36, n. 1, p. 7 – 13, Feb. 2005.

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations). Available at: <http://faostat.fao.org/site/612/default.aspx#ancor> Accessed 10 Jun 2009.

FERNÁNDEZ, A. I.; ALVES, E.; FERNÁNDEZ, A.; DE PEDRO, E.; LÓPEZ-GARCIA, M.; OVILO, C.; RODRÍGUES, M. C.; SILIÓ, L. Mitochondrial genome polymorphisms associated with longissimus muscle composition in Iberian pigs. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 86, p. 1283 – 1290, 2008.

FOSS, M. L., KETEYIAN, S. J. **Bases fisiológicas do exercício e do esporte**. 6. ed. Guanabara Koogan: Rio de Janeiro, 2000.

GIUFFRA, E.; KIJAS, J. M.; AMARGER, V.; CARLBORG, O.; JEON, J. T.; ANDERSSON, L. The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression. **Genetics**, San Diego, v. 154, n. 4, p. 1785 – 1791, 2000.

GIUFFRA, E.; TÖRNSTEN, A.; MARKLUND, S.; BONGCAM-RUDLOFF, E.; CHARDON, P.; KIJAS, J.M.; ANDERSON, S. I.; ARCHIBALD, A. L.; ANDERSSON, L. A large duplication associated with dominant white color in pigs originated by homologous recombination between LINE elements flanking KIT. **Mammalian Genome**, Oak Ridge, v. 13, n. 10, p. 569 – 577, Oct. 2002.

GÓES, A.C.S. **Tipagem humana por DNA: otimização de condições para análise pos mortem**. Tese (Doutorado em Biologia) - Universidade do Rio de Janeiro, 2003. Rio de Janeiro, 2003.

GORDON, J. W., RUNGI, A. A., INAGAKI, H., HOOD, D. A. Effects of contractile activity on mitochondrial transcription factor A expression in skeletal muscle.

American Journal of Physiology, Bethesda, v. 90, p. 389-396, 2001.

GROSSI, S.F.; LUI, J.F.; GARCIA, J.E.; MEIRELLES, F.V. Genetic diversity in wild (*Sus scrofa scrofa*) and domestic (*Sus scrofa domestica*) pigs and their hybrids based on polymorphism of a fragment of the D-loop region in the mitochondrial DNA.

Genetics and Molecular Research, Ribeirão Preto, v. 5, n. 4, p. 564–568, 2006.

GRUBB, P. 1993. Order Artiodactyla, IN: WILSON, D.E.; REEDER, D.M. (eds.), **Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference**. 2nd. Edition. Smithsonian Institution Press, Washington. p. 377-414

HARRISON, S. P.; TURRION-GOMEZ, J. L. Mitochondrial DNA: An important female contribution to thoroughbred racehorse performance. **Mitochondrion**, Buffalo, v. 6, p. 53–66, 2006.

HERTOG-MEISCHKE, M. J. A.; LAACK, R. J. L. M.; SMULDERS, F. J. M. The water-holding capacity of fresh meat. **The Veterinary Quarterly**, Bilthoven, v.19, n.4, p.175-181, Nov. 1997.

HONIKEL, K. O. The water binding of meat. **Fleischwurstch**, v. 67, p. 1098-1102, 1987.

HOOD, D. A. Contractile activity-induced mitochondrial biogenesis in skeletal muscle. **Journal of Applied Physiology**, Bethesda, v. 90, p. 1137-1157, 2001.

HORAI, S.; HAYASAKA, K. Intraspecific nucleotide sequence differences in the major noncoding region of human mitochondrial DNA. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 46, p. 828-842, 1990.

IRGANG, R. Evaluacion y Tipificacion de Carcasas de Cerdos en Brasil. **Todo Cerdo Del Conosud**, BUENOS AIRES, ARGENTINA, v. -, n. 2, p. 32-39, 1996.

JARRETA, M. B. N. **La puebra Del ADN em Medicina Forense**. Masson: Editora, 1999.

JIANG, Z.; KUNEJ, T., MICHAL, J. J.; GASKINS, C. T.; REEVES, J. J.; BUSBOOM, J. R.; DOVC, P.; WRIGHT JR., R. W. 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**, Orlando, v. 334, p. 516–523, 2005.

JONES, G. F. Genetics aspects of domestication, common breeds and their origin. In: M. F. Rothschild; A. Ruvinsky. **The genetics of the pigs**, Wellingford: M. F. Rothschild & A. Ruvinsky, p. 17-50, 1998.

KAAMAN, M.; SPARKS, L. M.; VAN HARMELEN, V.; SMITH, S. R.; SJÖLIN, E.; DAHLMAN, I.; ARNER, P. Strong association between mitochondrial DNA copy number and lipogenesis in human white adipose tissue. **Diabetologia**, Nova York, v. 50, p. 2526-2533, 2007.

KANG, D.; KIM, H.S.; HAMASAKI, N. Mitochondrial transcription factor A (TFAM): Roles in maintenance of mtDNA and cellular functions. **Mitochondrion**, Buffalo, v.7, p.39-44, 2007.

KAUFFMAN, R.G.; SYBESMA, W.; SMULDERS, F.J.M.; EIKELENBOOM, G. The effectiveness of examining early post-mortem musculature to predict ultimate pork quality. **Meat Science**, Barking, v. 34, p. 283-300, 1993.

KIM. K. I.; LEE J. H.; LI K.; ZHANG Y. P.; LEE S. S.; GONGORA J.; MORAN C. Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by

mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism. **Animal Genetics**, Oxford, v. 33, n. 1, p. 19 – 25, Feb. 2002.

KRISTENSEN, L.; PURSLOW, P. P. The effect of ageing on the water-holding capacity of pork: role of cytoskeletal proteins. **Meat Science**, Barking, v.58, p.17-23, 2000.

LARSON, G.; DOBNEY, K.; ALBARELLA, U.; FANG, M.; MATISOO-SMITH, E.; ROBINS, J.; LOWDEN, S.; FINLAYSON, H.; BRAND, T.; WILLERSLEV, E.; ROWLEY-CONWY, P.; ANDERSSON, L.; COOPER, A. Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. **Science**, Nova York, v. 11, n. 5715, p. 1618 – 1621, March 2005.

LATTUADA, L.; QUAGLIA, F.; IANNELLI, F.; GISSI, C.; MANTECCA, P.; BSCCHETTA, R.; POLLI, M. Mitochondrial DNA sequence variations in some Italian wild boar populations. **Journal of Animal Breeds and Genetics**, v. 126, p. 154-163, 2009.

LAWRIE, R. A. **Ciência da carne**. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2005. 384 p.

LEI, C. Z.; SU, R.; BOWER, M. A.; EDWARDS, C. J.; WANG, X.B.; WEINING, S.; LIU, L.; XIE, W. M.; LI, F.; LIU, R. Y.; ZHANG, Y. S.; ZHANG, C. M.; CHEN, H. Multiple maternal origins of native modern and ancient horse populations in China. **Animal Genetics**, Oxford, v. 40, p. 1-23, 2009.

LIAUD, MARIE-FRANÇOISE, LICHTLÉ, C., APT, K., MARTIN, W., CERFF, R. Compartment-specific isoforms of TPI and GAPDH are imported into diatom mitochondria as a fusion protein: evidence in favor of a mitochondrial origin of the eukaryotic glycolytic pathway. **Molecular Biology and Evolution**, Chicago, v. 17, p. 213-223, 2000.

LIN, A. T.; CHEN, K. K.; YANG, C. H.; CHANG, L. S. Effects of outlet obstruction and its reversal on mitochondrial enzyme activity in rabbit urinary bladders. **American journal of urology and sexology**, Nova York, v. 160, p. 2258-2262, 1998.

LOFTUS, R. T.; MACHUGH, D. E.; NGERE, L. O.; BALAIN, D. S.; BADI, A. M.; BRADLEY, D. G.; CUNNINGHAM, E.P. **Animal Genetics**, Oxford, v. 25, p. 265-271, 1994.

LOPEZ, J. V.; CEVARIO, S.; O'BRIEN, S. J. Complete nucleotide sequences of the domestic cat (*Felis catus*) mitochondrial genome and a transposed mtDNA tandem repeat (Numt) in the nuclear genome. **Genomics**, San Diego, v. 33, p. 229–246, 1996.

LUCCHINI, V.; MEIJAARD, E.; DIONG, C. H.; GROVES, C. P.; RANDI, E. New phylogenetic perspectives among species of South-east Asian wild pig (*Sus* sp.) based on mtDNA sequences and morphometric data. **Journal of Zoology**, Londres, v. 266, p. 25-35, 2005.

MANNEN, H.; KOJIMA, T.; OYAMA, K.; MUKAI, F.; ISHIDA, T.; TSUJI, S. Effect of mitochondrial DNA variation on carcass traits of Japanese Black cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 76, p. 36-41, 1998.

MANNEN, H.; KOHNO, M.; NAGATA, Y.; TSUJI, S.; BRADLEY, D. G.; YEO, J. S.; NYAMSAMBA, D.; ZAGDSUREN, Y.; YOKOHAMA, M.; NOMURA, K.; AMANO, T. Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation in North Eastern Asian cattle. **Molecular phylogenetics and evolution**, Orlando, v. 32, p. 539-544, 2004.

MCLAREN, D. G. Potential of Chinese pig breeds to improve pork production efficiency in the USA. **Animal Breeding**, Londres, v. 58, p. 347-349, 1990.

MORITZ, C.; BROWN, W. M. Tandem duplications in animal mitochondrial DNAs: variation in incidence and gene content among lizards. **Proceedings of the National**

Academy of Sciences of the United States of America, Washington, v. 20, p. 7183-187, 1987.

OFFER, G. “drip loss”es in pork meat. **Meat Science**, Barking, v.30, p.157, 1991.

OKUMURA, N.; ISHIGURO, N.; NAKANO, M.; HIRAI, K.; MATSUI, A.; SAHARA, M. Geographic population structure and sequence divergence in the mitochondrial DNA control region of the Japanese wild boar (*Sus scrofa leucomystax*), with reference to those of domestication pigs. **Biochemical Genetics**, Texas, v. 34, n. 5 – 6, p. 179 – 189, Jun. 1996.

OKUMURA, N.; KUROSAWA, Y.; KOBAYASHI, E.; WATANOBE, T.; ISHIGURO, N.; YASUE, H.; MITSUHASHI, T. Genetic relationship amongst the major non-coding regions of mitochondrial DNAs in wild boars and several breeds of domesticated pigs. **Animal Genetics**, Oxford, v. 32, n. 3, p. 139 – 147, Jun. 2001.

PANETO, J. C. C.; FERRAZ, J. B. S.; BALIEIRO, J. C. C. J.; BITTAR, F. F.; FERREIRA, M. B. D.; LEITE, M. B.; MERIGHE, G. K. F.; MEIRELLES, F. V. *Bos indicus* or *Bos taurus* mitochondrial DNA - comparison of productive and reproductive breeding values in a Guzerat dairy herd. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, v. 7, p. 592-602, 2008.

PARK, J. Y.; WANG, P. Y.; MATSUMOTO, T.; SUNG, H. J.; WENZHE, M.; CHOI, J. W.; ANDERSON, S. A.; SCOT, C. L.; BALABAN, R. S.; KANG, J. G.; HWANG, P. M. p53 Improves Aerobic Exercise Capacity and Augments Skeletal Muscle Mitochondrial DNA Content. **Circulation Research**, Baltimore, v. 25, p. 705-712, 2009.

PEGORARO, L.; YANG, Z.; SAMAKÉ, S.; MEIRELLES, F.V.; BORDINGNON, V.; MOQUIN, L. C.; SMITH, L. C. Sequence comparison of mitochondrial tRNA genes and origin of light strand replication in *Bos taurus* and Nellore (*Bos indicus*) breeds. **Animal Genetics**, Oxford, v.27, p. 91-94, 1996.

PELOSO, J. V. **Qualidade da Carne**. 1999. Disponível em:
<<http://www.bichoonline.com.br/artigos/gsuino0013.htm>>. Acesso em 14 de agosto de 2007.

PORTER, V. **Pigs: A handbook to the breeds of the world**. Cornell University, Nova York: Ithaca, 1993. 256 p.

RUVINSKY, A.; ROTHSCHILD, M. F. Systematics and evolution of the pig. 1998 **The genetics of the pigs**, Wellingford, p. 1–16, 1998. Ed. M.F. Rothschild & A. Ruvinsky.

SARCINELLI, M. F.; VENTURINI, K. S.; SILVA, L. C. **Características da carne suína**. Espírito Santo: Universidade Federal do Espírito Santo, 2007. 7p. (Boletim Técnico, PIE-UFES:00907).

SCHÄFER, A.; ROSENVOLD, K.; PURSLOW, P.P., ANDERSEN, H.J.; HENCKEL, P. Physiological and structural events post mortem of importance for “drip loss” in pork. **Meat Science**, Barking, v.61, n.4, p.355-366, 2002.

SCHUTZ, M. M.; FREEMAN, A. E.; LINDBERG, G. L.; KOEHLER, G. M.; BEITZ, D. C. The effects of mitochondrial DNA on milk production and health of dairy cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 37, p. 283 – 295, 1994.

SMITH, L. C.; ALCIVAR, A. A. Cytoplasmic inheritance and its effects on development and performance. **Journal of Reproduction and Fertility: Supplement**, Oxford, v. 48, p. 31-43, 1993.

SPAREMBERGER, A. **As estratégias de uma Empresa Abroindustrial: O Caso do Frigorífico Cotrijuí**. Florianópolis: Insular, 2000. 135 p.

STARRIT, E., ANGUS, D., HARGREAVES, M. Effect of short-term training on mitochondrial ATP production in human skeletal muscle. **Journal of Applied Physiology**, Bethesda, v. 86, n. 2, p. 450-454, 1999.

SUTARNO; CUMMINS J. M.; GREEFF, J.; LYMBERY, A. J. Mitochondrial DNA polymorphisms and fertility in beef cattle. **Theriogenology**, Stoneham, v. 57, p. 1603-1610, 2002.

TAKEDA, K.; ONISHI, A.; ISHIDA, N.; KAWAKAMI, K.; KOMATSU, M.; INUMARU, S. SSCP analysis of pig mitochondrial DNA D-loop region polymorphism. **Animal Genetics**, Oxford, v. 26, p. 321-326, 1995.

URSING, B.M.; ARNASON, U. Analyses of mitochondrial genomes strongly support a hippopotamus-whale clade. **Proceedings. Biological sciences**, Londres, v. 265, p. 2251-2255, 1998.

WATANOBE, T.; ISHIGURO, N.; OKUMURA, N.; NAKANO, M.; MATSUI, A.; HONGO, H.; USHIRO, H. Ancient mitochondrial DNA reveals the origin of *Sus scrofa* from Rebutan Island, Japan. **Journal of Molecular Evolution**, Nova York, v. 52, p. 281-9, 2001.

WILSON-FRITCH, L.; BURKART, A.; BELL, G.; MENDELSON, K.; LESZYK, J.; NICOLORO, S.; CZECH, M.; CORVERA, S. Mitochondrial biogenesis and remodeling during adipogenesis and in response to the insulin sensitizer rosiglitazone. **Molecular and Cellular Biology**, Washington, v. 23, p. 1085-1094, 2003.

WOOD, N. J.; PHUA, S. H. Variation in the control region sequence of the sheep mitochondrial genome. **Animal Genetics**, Oxford, v. 27, p. 25-33, 1996.

XU, X.; ARNASON, U. The complete mitochondrial DNA sequence of the horse, *Equus caballus*: extensive heteroplasmy of the control region. **Gene**, Amsterdam, v. 148, p. 357-362, 1994.

YANG, S. L.; WANG, Z. G.; LIU, B.; ZHANG, G. X.; ZHAO, S. H.; YU, M.; FAN, B.; LI, M. H.; XIONG, T. A.; LI, K. Genetic variation and relationships of eighteen Chinese

indigenous pig breeds. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 35, n. 6, p. 657 – 71, Nov. / Dec. 2003.

YEN, N.T.; LIN, C.S.; JU, C.C.; WANG, S.C.; HUANG, M.C. Mitochondrial DNA polymorphism and determination of effects on reproductive trait in pigs.

Reproduction in Domestic Animal, Berlin, v. 42, n. 4, p. 387 – 92, Aug. 2007.

ZHU. L.G.; BREWER, M.S. Effects of pH and temperature on metamyoglobin solubility in a model system. **Meat Science**, Barking, v.61, p.419-424, 2002.

CAPÍTULO 2

INFLUÊNCIA DAS RAÇAS CHINESAS SOBRE AS CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE DE CARÇAÇA E CARNE DE DIFERENTES LINHAGENS COMERCIAIS DE SUÍNO

RESUMO - O objetivo do presente trabalho foi comparar as características de qualidade de carcaça e carne de duas linhagens fêmea, A ($\frac{1}{4}$ Landrace, $\frac{1}{2}$ Large White, $\frac{1}{8}$ Chinese breeds (Meishan, Fengjing, Jiaying) e $\frac{1}{8}$ Large White, Duroc and Pietrain e linhagem B ($\frac{1}{2}$ Large White e $\frac{1}{2}$ Pietrain). Um total de 144 animais foram utilizados. Os animais foram abatidos com peso vivo médio de 108 kg. Espessura do toucinho (ET), porcentagem de carne magra (PCM), pH após 24 horas do abate (pH24), cor, porcentagem de “drip loss” (PDL) e porcentagem de gordura intramuscular (PGIM) foram medidos e submetidos a análise de variância em um delineamento inteiramente casualizado e aplicado o teste de Tukey para a comparação de médias. Foi utilizado o programa BioEstat 5.0 com nível de significância de 5%. A medida da ET foi significativamente ($p < 0.05$) menor na linhagem A (12,78mm) do que na B (15,90mm). O pH medido 24 horas após o abate foi significativamente ($p < 0.05$) inferior na linhagem A (5,68) comparado à B (5,84). A PCM foi significativamente ($p < 0.05$) superior para a linhagem A (61,21%) comparado à B (59,72%). PDL teve uma maior porcentagem para a linhagem A (2,73%) em relação à B (2,23%), sendo significativamente diferente ($p < 0.05$). Para as características PGIM e cor não houve diferença nem entre as linhagens. Diante dos resultados obtidos no presente estudo, foi possível verificar diferenças nas características de qualidade da carcaça e da carne entre as duas linhagens maternas estudadas. A linhagem que continha sangue de raças chinesas apresentou alta porcentagem de carne magra e menor espessura de toucinho, importantes características para programas comerciais de melhoramento genético.

Palavras-chave: carne suína, raça, pH, músculo, drip loss

THE CHINESE BREEDS INFLUENCE ON PORK QUALITY OF COMMERCIAL LINES OF PIGS

ABSTRACT: The purpose of this study was to compare carcass and meat quality of animals from the same sire line and two different dam lines, line A ($\frac{1}{4}$ Landrace, $\frac{1}{2}$ Large White, $\frac{1}{8}$ Chinese breeds (Meishan, Fengjing, Jiaying) and $\frac{1}{8}$ Large White, Duroc and Pietrain) and line B ($\frac{1}{2}$ Large White e $\frac{1}{2}$ Pietrain). A total of 144 animals were used in the study. The animals were slaughtered at live weight of 108 kg. Backfat thickness (ET), percentage of lean meat (PCM), pH 24 hours after slaughter (pH24h), meat color, percentage of “drip loss” (PDL) and percentage of intramuscular fat (PGIM) were measured and compared using analysis of variance in a completely randomized design and applied the BioEstat 5.0 test for the comparison of means at the significance level of 5% for all analysis (Ayres et al., 2007). The measurement of ET (mm) was significantly ($p < 0.05$) lower for line A (12.78 mm) than for line B (15.90 mm). The pH measured 24 hours after slaughter was significantly ($p < 0.05$) lower in line A (5.68) compared to line B (5.84). PCM was significantly ($p < 0.05$) higher for line A (61.21%) compared to line B (59.72%). PDL was higher for line A (2.73%) than line B (2.23%), being statistically different ($p < 0.05$). For PGIM and meat color, no statistical difference ($p > 0.05$) was observed between lines. Results obtained in this study, showed differences in carcass and meat quality between the two dam lines studied. The line which had Chinese blood showed a higher percentage of lean meat and lower fat thickness, important traits in commercial breeding programs.

Key-words: pork, breed, pH, muscle, drip loss

2.1 INTRODUÇÃO

Muitos estudos têm demonstrado diferenças de qualidade de carcaça e de carne entre várias raças e linhagens (LATORRE et al., 2008). Contudo, trabalhos que relacionem diferenças de qualidade de carcaça e de carne entre raças chinesas ou linhagens compostas por estas raças são limitados. Uma vez que estas raças são utilizadas para melhorar características reprodutivas como, prolificidade e habilidade materna.

Desde a domesticação o homem tem exercido um importante papel através da seleção sobre os animais de maior potencial genético, e, durante várias décadas, numerosos autores têm focado seus estudos na descrição das características mais importantes de produção de várias raças suínas ao redor do mundo (YOUNG et al., 1992; NEWCOM et al., 2004 e ZHANG et al., 2007).

Os suínos domésticos são descendentes dos javalis selvagens da espécie *Sus scrofa* domesticados na região da Europa e da espécie *Sus vitattus* na região da Ásia (FANG & ANDERSSON, 2006), cada qual apresentando particularidades fenotípicas e genotípicas quanto às características produtivas e reprodutivas.

No século XVIII houve uma intensa utilização das raças asiáticas nos cruzamentos com as típicas raças brancas europeias, as quais introduziram características como, ossos mais leves, deposição de gordura precoce, puberdade precoce, prolificidade, maior espessura de toucinho, menor quantidade de pêlos, e em geral, melhor qualidade de carne.

Nos anos 60, apareceram as primeiras empresas de melhoramento genético, principais responsáveis pelo surgimento dos híbridos e das chamadas linhagens sintéticas ou comerciais dando origem à suinocultura moderna (PORTER, 1993). Criou-se então a possibilidade de escolha de uma linhagem ou raça possuidora de um perfil genético que atenda a mercados consumidores específicos e aos seus respectivos custos de produção.

Com grande potencial de abertura de novos mercados importadores como o Japão, União Européia, Estados Unidos e México (ABIPECS, 2007), o Brasil precisa repensar o seu objetivo de comercialização, procurando produzir qualidade, o que

exige mudança na genética dos animais. Estes mercados possuem diferentes exigências de qualidade, como, cor mais escura e maior marmorização, o que as raças chinesas podem oferecer juntamente com características reprodutivas desejadas.

Assim, a hipótese deste trabalho foi que as características de qualidade de carcaça e carne seriam diferentes entre as linhagens maternas estudadas, uma vez que uma delas era formada pelas raças chinesas, Meishan e Fengjing. O objetivo do presente trabalho foi comparar as características de qualidade de carcaça e carne de duas linhagens maternas A X B.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

2.2.1 Tratamentos

Este estudo comparou duas linhagens fêmea (A e B). O protocolo para este estudo foi aprovado pelo Comitê de ética da Universidade Federal de Uberlândia.

2.2.2 Animais e Manejo

Os animais foram criados em granjas de terminação da região sul do Brasil. Os galpões possuíam ventilação mecânica, parte do piso era concreto e parte era concreto ripado, com densidade 0,90 m²/suíno e receberam ração de terminação com 14,3% de proteína, 0,82% de lisina e 3386 kcal/kg de EM. Quando o peso vivo médio dos animais atingiu 108 kg, foram transportados em caminhões apropriados para o frigorífico e mantidos nas baias de espera por aproximadamente 12 horas com acesso a água fresca.

Cento e quarenta e quatro meias carcaças direita foram utilizadas de animais da mesma linhagem macho formada por ¼ Pietrain, ¼ Large White, ¼ Duroc e ¼ Hampshire, sendo 72 animais da linhagem fêmea A (¼ Landrace, ½ Large White, 1/8 Chinese breeds (Meishan, Fengjing, Jiaxing) e 1/8 Large White, Duroc e Pietrain) e 72 animais da linhagem fêmea B (½ Large White e ½ Pietrain). Todos os animais foram genotipados para o gene Halotano, resultando em 100% de homozigotos dominantes (NN).

2.2.3 Abate e medidas de qualidade de carcaça e carne

Todos os animais foram abatidos no mesmo dia, sob as mesmas condições de manejo pré-abate. Os animais passaram por um corredor com chuveiros para minimizar o efeito do calor e facilitar a insensibilização, a qual foi elétrica em dois pontos. Após a insensibilização foi realizada a sangria na horizontal e logo após a sangria o animal foi dependurado pelo pé esquerdo para entrar no túnel de escaldagem, a escalda realizada a 62 °C por 3 minutos, esfolagem (retirada dos pêlos), a evisceração, a lavagem, a inspeção, pesagem da carcaça quente (PCQ) e a armazenagem em câmara de resfriamento com temperatura entre 1°C e 2°C. Após 24 horas do abate o pH foi medido no músculo semimembranoso (coxão mole) utilizando-se um medidor digital de pH (modelo Texto 205, marca Instrumentos Texto S.A.), com eletrodo de perfuração de vidro. A medida da espessura do toucinho (ET) foi tomada na altura da última vértebra lombar, sobre o pernil, na linha de corte da serra com auxílio de uma régua. Para o cálculo da porcentagem de carne magra da carcaça (PCM) foi utilizada a seguinte fórmula: $PCM = 67,31240 - 0,47691 \times \text{medida da espessura do toucinho}$ (ANTUNES, 2002). A meia carcaça foi desossada e uma amostra de aproximadamente 100g do músculo semimembranoso foi coletada para a análise de cor, “drip loss” (PDL) e porcentagem de gordura intramuscular (PGIM). A avaliação da cor foi realizada em sala climatizada a 15°C, onde as amostras permaneceram em repouso por 30 minutos para oxigenação da superfície das mesmas, e com segundo *Japanese Pork Color Standards* (JPCS) (TAN et al., 2000) com seis classes de cor variando de 1 a 6 (1 = *pale* - 6 = *very dark*) as amostras foram avaliadas. As amostras de carne com coloração igual a 2,5 ou superior são consideradas normais e as amostras de carne com coloração inferior a 2,5 são consideradas PSE. A análise de “drip loss” foi realizada segundo Berg (2000) e PGIM seguiu a análise de extrato etéreo segundo AOAC (1996).

2.2.4 Análise dos Resultados

Os dados de qualidade de carcaça e de carne foram analisados usando-se o programa BioEstat 5.0 (AYRES et al., 2007). O modelo usado incluiu os efeitos da linhagem fêmea. Foram realizadas análises de variância no delineamento

inteiramente casualizado com nível de significância de 5% e aplicado o teste de Tukey para a comparação de médias.

2.3 RESULTADOS

Para algumas medidas de qualidade de carcaça e carne foram observadas diferenças significativas para os efeitos de linhagem (Tabela 3).

Tabela 3. Parâmetros de qualidade de carcaça e da carne de duas linhagens maternas suínas A e B.

Características	Linhagem A	Linhagem B	p
PCM (%)	61.2	59.7	< 0,05
pH24	5.68	5.84	< 0,05
PDL (%)	2.7	2.2	< 0,05
PGIM (%)	2.0	2.0	0,7521
Cor	2.8	2.8	0,5374
ET (mm)	12.8	15.9	< 0,05

O pH medido após 24 horas do abate foi significativamente ($p < 0,05$) inferior na linhagem A (5,68) comparado à linhagem B (5,84).

A medida de ET (mm) foi significativamente ($p < 0,05$) menor para a linhagem A (12,78mm) do que para a linhagem B (15,90mm).

Foi observada PCM significativamente ($p < 0,05$) superior para a linhagem materna A (61,21%) comparado à linhagem B (59,72%).

Para a medida PDL foi obtida uma maior porcentagem para a linhagem A (2,73%) em relação à linhagem B (2,23%).

Já para as características PGIM e cor não houve diferença ($p > 0,05$) estatística nem entre as linhagens.

2.4 DISCUSSÃO

Embora o pH24 tenha apresentado uma diferença significativa entre as linhagens, encontra-se dentro do intervalo adequado para carne suína, que segundo Lawrie (2005), o mesmo deve variar de 5,5 a 6,2. A linhagem B, composta pela raça

Pietrain, apresentou um valor mais alto de pH₂₄, resultado este que difere de Hamilton et al. (2003) que ao estudarem linhagens paternas compostas por Pietrain apresentaram valores médios de 5,43. No entanto, o presente estudo se assemelha aos resultados de Latorre et al. (2008) ao encontrar diferença significativa no valor de pH entre as linhagens estudadas.

A linhagem A apresentou maior PCM e menor ET que a linhagem B, representando uma maior porcentagem de carne na carcaça diferindo de Rothschild et al. (1991) que relataram características de carcaça de mestiços descendentes de Hampshire, Landrace, Meishan, Fengjing e Minzhu, cujos suínos filhos de Hampshire e Landrace apresentaram menos espessura de toucinho do que filhos de suínos das raças chinesas.

Legault et al. (1985) relataram as características de carcaça de animais compostos por raça chinesa, em comparação com os suínos Pietrain puro. Animais Pietrain puro apresentaram menor espessura de toucinho e gordura intramuscular do que animais Meishan x Pietrain e Jiaying Black x Pietrain. A PCM estimada foi 54,4, 45,6 e 45,7 para Pietrain, Meishan x Pietrain, e Jiaying Preto x suínos Pietrain, respectivamente. Estes resultados não foram semelhantes aos deste estudo, quando comparados à linha materna A composta por raças chinesas.

No entanto, em estudos de comparação de raças chinesas com Duroc, este último tem apresentado maior PCM, ET e PGIM (YOUNG, 1992).

A perda por gotejamento (“drip loss”) é inversamente proporcional ao pH da carne, assim neste estudo a linhagem A apresentou menor valor de pH e maior porcentagem de “drip loss”, porém dentro dos padrões de qualidade (LAWRIE, 2005). Valores de pH muito baixos resultam em baixa capacidade de retenção de água (CRA), conseqüente desnaturação protéica e qualidade inferior da carne. A água é o maior constituinte da carne (aproximadamente 75% do peso) e é um parâmetro essencial de qualidade, tanto para a indústria como para o consumidor final. Baixos valores de CRA implicam para a indústria, maior incidência de carne PSE (pale, soft and exudative), além de problemas no processamento de embutidos e curados, e para o consumidor problemas com a aparência da carne fresca (DEN HERTOOG-MEISCHKE et al., 1997). Os principais fatores que afetam a CRA e, por

consequente o DL, são: genótipo (genes HAL e RN⁺), manejo pré abate e métodos de insensibilização (CLAEYS et al., 2001; SCHÄFER et al., 2002).

As características PGIM e cor neste estudo não apresentaram diferenças estatísticas entre as linhagens, o que também foram diferentes dos resultados encontrados por Hamilton et al. (2003) e Franco et al. (2008) ao estudarem marmorização do lombo de animais de diferentes raças incluindo Pietrain e de Newcom et al. (2004) encontraram diferenças significativas da cor da carne ao avaliar o lombo de raças distintas, entre elas, Berkshire, Duroc, Hampshire, Landrace, Poland China e Yorkshire. Já Edward et al. (2003) não encontraram diferenças no parâmetro cor, avaliado por colorimetria entre as raças Duroc e Pietrain.

2.5 CONCLUSÃO

Foi possível concluir que houve diferença nas características de qualidade de carcaça e de carne entre as duas linhagens maternas estudadas, enfatizando a importância da participação das fêmeas num programa de melhoramento genético que tem como foco a produção de carne.

REFERÊNCIAS

ABIPECS - ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INDÚSTRIAS PROCESSADORAS E EXPORTADORAS DE CARNE SUÍNA. **Relatório Anual 2007**. Available at: <<http://www.Abipecs.com.br>>. Accessed 22 Fev. 2009.

ANTUNES, R. C.; COSTA, F. V. P.; FRANCO, M. M.; GOULART FILHO, L. R. A influência da composição racial da linha materna e do genótipo Hal sobre a qualidade da carne em suínos abatidos entre 90 e 110 kg de peso vivo. **Ars Veterinaria**, v. 18, n. 1, p. 33-42, 2002.

AOAC. 1996. Official Methods of Analysis. 16th ed. Assoc. Off. Anal. Chem., Arlington, VA.

AYRES, M., AYRES JR, M., AYRES, D.L., SANTOS A.S. & AYRES, L.L. **BioEstat 5.0**. Aplicações estatísticas nas áreas das ciências bio-médicas. Sociedade Civil de Mamirauá. Belém, Brazil, 2007.

BERG, E. **Pork Composition and Quality Assessment Procedures**. American Meat Science Association, 2000. 42 p.

CLAEYS, E.; DE SMET, S.; DEMEYER, D.; GEERS, R.; BUYS, N. Effect of rate of pH decline on muscle enzyme activities in two pig lines. **Meat Science**, v. 57, p. 257-263, 2001.

DEN HERTOOG-MEISCHKE, M. J. A.; VAN LAACK, R. J. L. M.; SMULDERS, F. J. M. The water-holding capacity of fresh meta. **The Veterinary Quarterly**, v. 19. n. 4, p. 175-181, 1997.

EDWARDS, D. B.; BATES, R. O.; OSBURN, W. N. Evaluation of Duroc- vs. Pietrain-sired pigs for carcass and meat quality measures. **Journal of Animal Science**, v. 81, p.1895-1899, 2003.

ELLIS, M.; WEBB, A. J.; AVERY, P. J.; BROWN, I. The influence of terminal sire genotype, sex, slaughter weight, feeding regime, and slaughter house on growth performance and carcass and meat quality in pigs and on the organoleptic properties of fresh pork. **Journal of Animal Science**, v. 65, p. 521-530, 1996.

FANG, M.; ANDERSSON, L. Mitochondrial diversity in European and Chinese pigs is consistent with population expansions that occurred prior to domestication.

Proceedings of the Royal Society – Biology, Edinburgh, v. 273, n. 1595, p. 1803 – 1810, 2006.

FRANCO, M. M.; ANTUNES, R. C.; BORGES, M.; MELO, E. O.; GOULART, L. R. Influence of breeds, sex and growth hormona and halhane genotypes on carcass composition and meta quality traits in pigs. **Journal of Muscle Foods**, v. 19, p. 34-49, 2008.

HAMILTON, D. N.; ELLIS, M.; WOLTER, B. F.; MCKEITH, T. K.; WILSON, E. R. Carcass and meat quality characteristics of the progeny of two swine sire lines reared under differing environmental conditions. **Meat Science**, Barking, v. 63, p. 257-263, 2003.

LATORRE, M. A.; POMAR, C.; FAUCITANO, L.; GARIEPY, C.; METHOT, S. The relationship within and between production performance and meat quality characteristics in pigs from three different genetic lines. **Livestock Science**, v. 115, p. 258-267, 2008.

LAWRIE, R. A. **Ciência da carne**. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2005. 384 p.

LEACH, L. M.; ELLIS, M.; SUTTON, D. S.; MCKEITH, F. K.; WILSON, E. R. The growth permorfance, carcass characteristics, and meat quality of halothane carrier and negative pigs. **Journal of Animal Science**, v. 74, p. 934-943, 1996.

LEGAULT, C.; SELIER, P.; CARITEZ, J. C.; DANDO, P.; GRUAND, J.
L' experimentation sur le porc chinois en France. 11. Performances de production en croisement avec les races europeennes. **Genetics Selection Evolution**, v. 17, p. 133-136, 1985.

NEWCOM, D. W.; STALDER, K. J.; BAAS, T. J.; GOODWIN, R. N.; PARRISH, F. C.; WIEGAND, B. R. Breed differences and genetic parameters of myoglobin concentration in porcine longissimus muscle. **Journal of Animal Science**, v. 82, p. 2264–2268, 2004.

NII, M.; HAYASHI, T.; MIKAWA, S.; TANI, F.; NIKI, A.; MORI, N.; UCHIDA, Y.; FUJISHIMA-KANAYA, N.; KOMATSU, M.; AWATA, T. Quantitative trait loci for meat quality and muscle fiber traits in a Japanese wild boar x Large White intercross. **Journal Animal Science**, v. 83, p. 308-315, 2005.

PORTER, V. **Pigs: A handbook to the breeds of the world**. Cornell University, Nova York: Ithaca, 1993. 256 p.

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

ROTHSCHILD, M. F.; CHRISTIAN, L. L.; HSIEH, C. Y. Reproduction, growth and carcass performance of Chinese pigs and their crosses. **Swine Research Report**, ASL-R855, p. 23-26, 1991.

ROTHSCHILD, M. F.; CHRISTIAN, L. L.; HSIEH, C. Y. Reproduction, growth and carcass performance of Chinese pigs and their crosses. **Iowa State University of Swine Research and Reproduction**, ASL-R855, p. 23-26, 1991.

ROTHSCHILD, M. F.; RUVINSKY, A. **The Genetics of the Pig**. CAB International, Wallingford: Oxon, 1998. 622 p.

SCHÄFER, A.; ROSENVOLD, K.; PURSLOW, P. P., ANDERSEN, H. J.; HENCKEL, P. Physiological and structural events post mortem of importance for drip loss in pork. **Meat Science**, v. 61, p. 355-366, 2002.

TAN, F. J.; MORGAN, M. T.; LUDAS, L. I.; FORREST, J. C.; GERRARD, D. E. Assessment of fresh pork color with color machine vision. **Journal Animal Science**, v. 78, p. 3078-3085, 2000.

YOUNG, L. D. Effects of Duroc, Meishan, Fengjing, and Minzhu Boars on Carcass Traits of First-Cross Barrows. **Journal of Animal Science**, v. 70, p. 2030-2037, 1992.

YOUNG, L. D. Survival, body weights, feed efficiency, and carcass traits of 7/8 White Composite and 1/8 Duroc, 1/8 Meishan, 1/8 Fengjing, or 1/8 Minzhu pigs. **Journal of Animal Science**, v. 76, p. 1550-1558, 1998.

ZHANG, S.; KNIGHT, T. J.; STALDER, K. J.; GOODWIN, R. N.; LONERGAN, S. M.; BEITZ, D. C. Effects of breed, sex, and halothane genotype on fatty acid composition of pork longissimus muscle. **Journal of Animal Science**, v. 85, p. 583-591, 2007.

CAPÍTULO 3

ASSOCIAÇÃO DE POLIMORFISMO NA REGIÃO D-LOOP DO mtDNA DE SUÍNOS E CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE DE CARCAÇA E DE CARNE

RESUMO: O objetivo foi associar o conhecimento de SNPs da região D-loop do mtDNA que caracteriza a origem citoplasmática e quatro diferentes cruzamentos de suínos comerciais com suas características de qualidade da carne (gordura intramuscular, espessura do toucinho, cor, “drip loss” e pH 24 horas). Foram utilizadas meias-carcaças direitas de 288 suínos híbridos comerciais provenientes de quatro cruzamentos (AI, AII, BII e CII). Para caracterização do polimorfismo na região D-Loop do DNA mitocondrial (mtDNA) foi utilizada a técnica de PCR-RFLP utilizando a enzima de restrição *ApoI*, e o fragmento amplificado e digerido foi submetido à eletroforese em gel de agarose 2,0%, corado com brometo de etídeo e visualizado com filtro apropriado em scanner laser FLA 3000G (Fuji Film Co.). A presença do sítio de restrição da enzima *ApoI* dentro da região amplificada é indicativo de mtDNA de animais com origem citoplasmática europeia. Os resultados foram analisados pelo pacote PROC MIXED do Software SAS (1999). As características ET, PCM, pH24h e PDL apresentaram diferença significativa ($p < 0.05$) entre os cruzamentos, porém não houve efeito da origem citoplasmática. Finalmente, não houve diferença significativa entre os cruzamentos e a origem citoplasmática ao se avaliar GIM. Com os resultados obtidos pode-se concluir que houve efeito de cruzamento para as características ET, PCM, pH24h e PDL, e efeito de origem citoplasmática sobre a característica cor. Resultados estes que podem ser importantes num programa de melhoramento genético suíno.

Palavras-chave: mtDNA, suíno, qualidade de carne, linhagem, cruzamento

POLYMORPHISM IN D-LOOP REGION OF MITOCHONDRIAL DNA OF PIGS AND CARCASS AND MEAT QUALITY

ABSTRACT: This work was designed to verify the crossbreeding effects and the SNP knowledge of the mtDNA D-loop region which characterize the cytoplasmic origin Asian or European from a swine population on its carcass and meat quality characteristics 24h pH, fat thickness in millimeters (ET), “drip loss” percentage (PDL), lean meat percentage (PCM), meat color and intramuscular fat percentage (PGIM). 288 right side half carcasses of commercial hybrids from 4 different treatments (AI, AII, BII and CII) were used for quality characteristics evaluation and extraction from genomic DNA from the semimembranosus muscle. For the characterization of animals and their mtDNA was performed a PCR-RFLP using the restriction enzyme *ApoI*, and by running an electrophoresis on 2% agarose gel containing ethidium bromide. The bands were recorded on laser scanner FLA 3000G (Fuji Film Co.). The presence of the *ApoI* restriction site within the amplified region is indicative of European mtDNA. The results were analyzed by the PROC MIXED software of SAS (SAS Inst. Inc., Cary, NC, 1999). Fat thickness, lean meat percentage, 24h pH, and “drip loss” showed a significant difference ($p < 0.05$) among crosses although no effects of cytoplasmic origin were observed. Finally, there was not a significant difference among crosses and mtDNA for intramuscular fat percentage. Based on these results one can conclude that there was an effect for crosses for fat thickness, lean meat percentage, 24hr pH and “drip loss” and effect of cytoplasmic origin for color of the lean. All these results obtained are of surmount importance in swine crossbreeding program.

Key words: mtDNA, pig, pork quality, lineage, crossbreed

3.1 INTRODUÇÃO

O DNA mitocondrial (mtDNA) dos animais caracteriza-se por ser altamente polimórfico, herança materna exclusiva, não existindo recombinação genética (DE ROBERTS, 2003) e tem sido amplamente utilizado para estudos filogenéticos (OKUMURA et al., 1996; JONES, 1998; GIUFFRA et al. 2000; KIM et al. 2002).

Técnicas de biologia molecular como, Reação em Cadeia da Polimerase (PCR - *Polymerase Chain Reaction*), marcadores moleculares, estudos de *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), *Single Strand Conformation Polymorphisms* (SSCP), RFLP (*Restriction fragment length polymorphisms*), têm sido comumente utilizadas na análise do DNA mitocondrial para a identificação e acompanhamento de populações de animais domésticos (GIUFFRA et al., 2000; WATANOBE et al., 2001; KIM et al., 2002).

A região D-loop (região de transcrição e replicação) do mtDNA de suínos é altamente diversificada dentro de diferentes raças (HORAI et al. 1990; LOFTUS et al. 1994; PEGORARO et al. 1996, YANG et al., 2003)., tendo grande potencial de diferenciação molecular do DNA citoplasmático (TAKEDA et al. 1995). Estas variações genéticas nesta região podem alterar a transcrição ou taxas de replicação do mtDNA, podendo influenciar diretamente a expressão de alguns traços fenotípicos (SCHUTZ et al., 1994; MANNEN et al., 1998).

Alves et al. (2003) e Grossi et al. (2007) apresentaram polimorfismos do tipo SNPs na região D-loop do mtDNA de suínos utilizando as técnicas de SSCP e RFLP, que os diferenciam quanto á sua origem citoplasmática (asiática ou européia).

Genes como o do fator de transcrição mitocondrial A (TFAM) está relacionado com a atividade de transcrição mitocondrial (KANG et al., 2007), através da regulação do número de cópias do mtDNA de tecidos, incluindo os tecidos adiposos, auxiliando a deposição ou não de gordura branca no organismo.

Diversos estudos em diferentes espécies, como em suínos (TAKEDA et al., 1995; ALVES et al., 2003; YEN et al., 2007; FERNÁNDEZ et al., 2008) bovinos (SCHUTZ et al., 1994; BOETTCHE et al., 1996; SUTARNO et al., 2002; MANNEN et al., 2004; BIASE et al., 2007; PANETO et al., 2008), equinos (HARRISON & TURRION-GOMEZ, 2006; LEI et al., 2009), humanos (KAAMAN et al., 2007; PARK

et al., 2009) e drosófila (DUBESSAY et al., 2007; BALTZER et al., 2009) foram desenvolvidos associando características como, exercício físico, obesidade, envelhecimento e desempenho animal com mtDNA, os quais demonstraram o efeito do mtDNA sobre algumas destas características avaliadas.

Sendo a quantidade de gordura intramuscular é uma das principais características de importância econômica na produção animal, por ser responsável pela melhor aceitabilidade da carne por parte dos consumidores devido à fatores como, palatabilidade, maciez e suculência. Além de seu grande poder de decisão na produção animal devido aos fatores econômicos de conversão alimentar, ou seja, custo. Este trabalho tem como hipótese de que animais de cruzamentos e origem citoplasmática diferentes apresentam diferenças significativas em suas características de carcaça e da carne. E o objetivo foi associar o conhecimento de SNPs da região D-loop do mtDNA que caracterizam a origem citoplasmática (asiática ou européia) e quatro diferentes cruzamentos de suínos comerciais com suas características de qualidade da carne (gordura intramuscular, espessura do toucinho, cor, “drip loss” e pH 24 horas).

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1 Animais e Manejo

Os animais foram criados em granjas de terminação da região sul do Brasil. Os galpões possuíam ventilação mecânica, parte do piso era concreto e parte era concreto ripado, com densidade 0,90 m²/suíno e receberam ração de terminação com 14,3% de proteína, 0,82% de lisina e 3386 kcal/kg de EM. Quando o peso vivo médio dos animais atingiu 108 kg, foram transportados em caminhões apropriados para o frigorífico e mantidos nos baias de espera por aproximadamente 12 horas com acesso a água fresca.

Duzentos e oitenta e oito meias carcaças direita de suínos foram utilizadas, sendo: 72 animais do cruzamento da linhagem macho A: ¼ Pietrain, ¼ Large White, ¼ Duroc e ¼ Hampshire com a linhagem fêmea I: ¼ Landrace, ½ Large White, 1/8 Chinese breeds (Meishan, Fengjing, Jiaying) e 1/8 Large White, Duroc and Pietrain; 72 do cruzamento da linhagem macho A: ¼ Pietrain, ¼ Large White, ¼ Duroc e ¼

Hampshire com a linhagem fêmea II: $\frac{1}{2}$ Large White e $\frac{1}{2}$ Pietrain; 72 do cruzamento da linhagem macho B: Pietrain alemão puro com a linhagem fêmea II: $\frac{1}{2}$ Large White e $\frac{1}{2}$ Pietrain; e 72 do cruzamento da linhagem macho C: $\frac{3}{4}$ Pietrain e $\frac{1}{4}$ Duroc com a linhagem fêmea II: $\frac{1}{2}$ Large White e $\frac{1}{2}$ Pietrain.

3.2.2 Abate e medidas de qualidade de carcaça e carne

Todos os animais foram abatidos no mesmo dia, sob as mesmas condições de manejo pré-abate. Os animais passaram por um corredor com chuveiros para minimizar o efeito do calor e facilitar a insensibilização, a qual foi elétrica em dois pontos. Após a insensibilização foi realizada a sangria na horizontal e logo após a sangria o animal foi dependurado pelo pé esquerdo para entrar no túnel de escaldagem, a escalda foi realizada a 62 °C por 3 minutos, esfolagem (retirada dos pêlos), a evisceração, a lavagem, a inspeção, pesagem da carcaça quente (PCQ) e a armazenagem em câmara de resfriamento com temperatura entre 1°C e 2°C. Após 24 horas do abate o pH foi medido no músculo semimembranoso (coxão mole) utilizando-se um medidor digital de pH (modelo Texto 205, marca Instrumentos Texto S.A.), com eletrodo de perfuração de vidro. A medida da espessura do toucinho (ET) foi tomada na altura da última vértebra lombar, sobre o pernil, na linha de corte da serra com auxílio de uma régua. Para o cálculo da porcentagem de carne magra da carcaça (PCM) foi utilizada a seguinte fórmula: $PCM = 67,31240 - 0,47691 \times \text{medida da espessura do toucinho}$ (ANTUNES, 2002). A meia carcaça foi desossada e uma amostra de aproximadamente 100g do músculo semimembranoso foi coletada para a análise de cor, “drip loss” (PDL) e porcentagem de gordura intramuscular (PGIM). A avaliação da cor foi realizada em sala climatizada a 15°C, onde as amostras permaneceram em repouso por 30 minutos para oxigenação da superfície das mesmas, e com segundo *Japanese Pork Color Standards* (JPCS) (TAN et al., 2000) com seis classes de cor variando de 1 a 6 (1 = *pale* - 6 = *very dark*) as amostras foram avaliadas. As amostras de carne com coloração igual a 2,5 ou superior são consideradas normais e as amostras de carne com coloração inferior a 2,5 são consideradas PSE. A análise de “drip loss” foi realizada segundo Berg (2000) e PGIM seguiu a análise de extrato etéreo segundo AOAC (1996).

3.2.3 Extração de DNA e PCR-RFLP

O DNA genômico das amostras foi extraído segundo Biase et al. (2002) e para caracterização do polimorfismo na região D-Loop do DNA mitocondrial (mtDNA) foi utilizada a técnica de PCR-RFLP usando os seguintes *primers* específicos: forward 5' - CCAAAAACAAAGCAGAGTGAC - 3' e reverse - 5' CCATCTAGGCATTTTCAGTG 3' (GenBank: AF276928), amplificando um fragmento de 300 pb. A reação da PCR foi realizada num volume final de 25 µL com tampão enzima 10X (200 mM Tris-HCl, pH 8,4, 500 mM KCl), 2,5 mM de MgCl₂, uma unidade de Taq DNA polimerase, 0,2 mM de cada DNTP, 10 pMol de cada *primer* e 60 ng de DNA genômico. As condições de amplificação foram: um ciclo de 94 °C por 2 minutos, seguido por 39 ciclos a 94 °C por 30 segundos, 65 °C por 30 segundos e 72 °C por 45 segundos, e finalmente para a extensão final a 72 °C por 5 minutos. O produto de PCR foi digerido com a enzima *ApoI* por 3 horas a 37 °C. O produto da digestão foi submetido a eletroforese em gel de agarose 2% contendo brometo de etídeo. As bandas foram visualizadas sob luz ultravioleta, o tamanho dos fragmentos foi determinado por comparação com o marcador de peso molecular (100 pb – leader) e os resultados obtidos foram gravados com scanner laser FLA 3000G (Fuji Film Co.). Foi realizada a caracterização da região D-loop do mtDNA dos animais segundo o corte ou não do fragmento pela enzima.

3.2.4 Polimorfismo na região D-loop do mtDNA e genotipagem

A partir do estudo realizado por Grossi et al. (2006), o qual demonstrou uma mutação do tipo SNP na posição 959, cujo nucleotídeo desta posição em animais de origem citoplasmática europeia (*Sus scrofa scrofa*) era um T e em animais de origem asiática (*Sus scrofa riukyuanus* e *Sus scrofa leucomystax*) apresentou uma substituição por C, selecionou-se a enzima de restrição *ApoI* (programa: NEBcutter versão 2.0). Esta enzima é de sítio único, a qual corta o fragmento originado do material genético dos animais de origem citoplasmática europeia.

3.2.5 Análise dos Resultados

A associação da origem do animal e os quatro cruzamentos diferentes com as características de qualidade de carne e carcaça foram analisados de acordo com o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + C_i + O_j + (CO)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Onde Y_{ij} é a espessura de toucinho (ET), quantidade de carne magra (QCM), pH após 24 horas do abate (pH 24h), cor, perda por gotejamento (“*drip loss*”), umidade e gordura intramuscular (GIM), μ é a constante comum de todas as observações, C_i é o efeito do cruzamento, O_j é o efeito da origem, $(CO)_{ij}$ interação entre cruzamento e origem, e ε_{ijk} é o efeito residual. Foram realizadas Análises de Variância com nível de significância de 5% e em caso de resultados significativos para os efeitos principais, foi utilizado o teste de t de Student para comparações múltiplas. Todas as análises foram feitas com a utilização do programa SAS (*Statistical Analysis System*, version 8.02; SAS, 2004).

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.1 PCR-RFLP e Genotipagem dos animais

O fragmento da região D-loop foi amplificada com os *primers* utilizados e a clivagem deste fragmento pela enzima Apol na posição pretendida teve sucesso no presente trabalho. Com este resultado foi possível se obter dois padrões de bandas no gel de agarose, um apresentando duas bandas (160pb e 140pb) e o outro apresentando apenas uma banda (300pb), como demonstrado na figura 5. O padrão com duas bandas representa os animais de origem citoplasmática europeia e de uma banda animais de origem citoplasmática asiática.

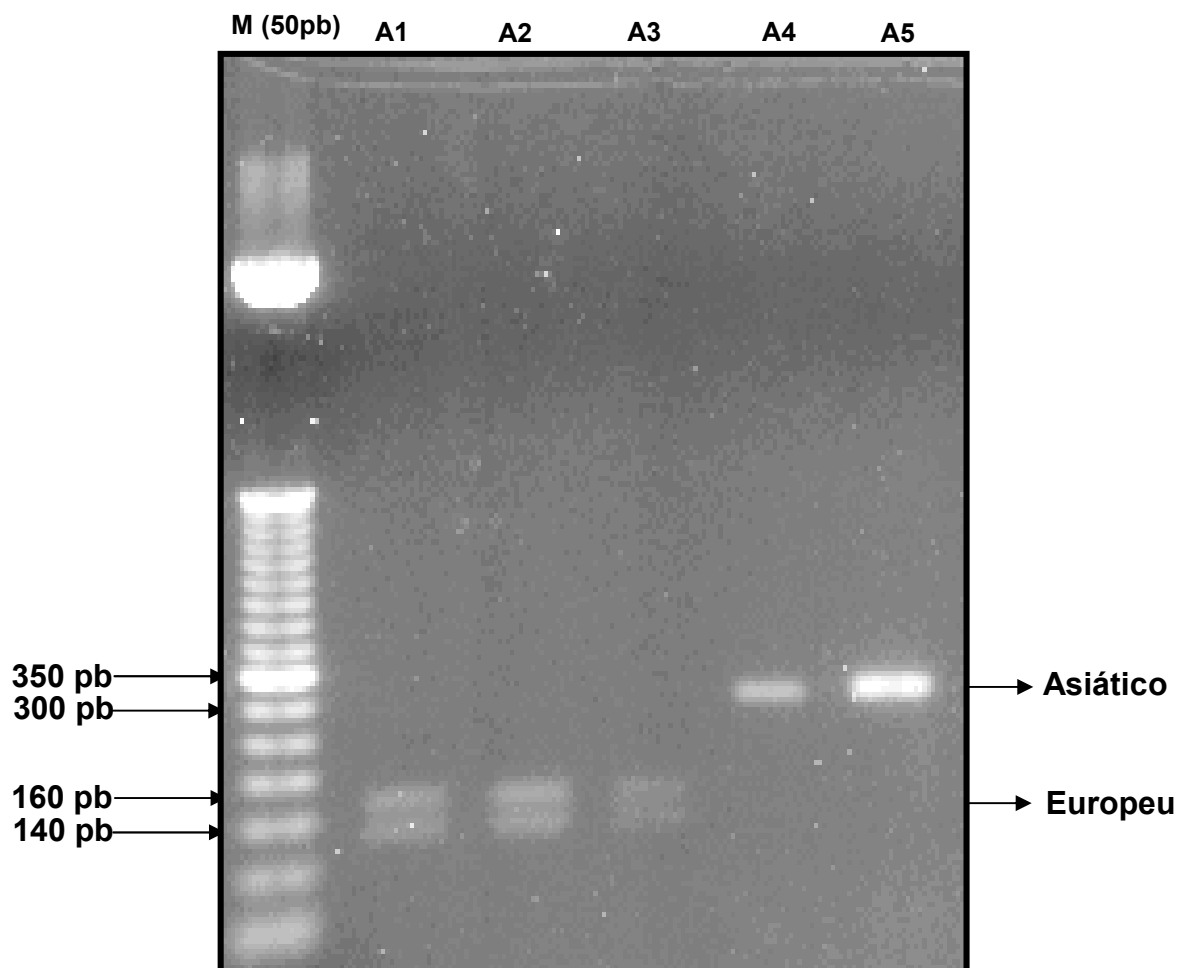


Figura 5. Eletroforese em gel de agarose 2,0% mostrando os genótipos de mtDNA.

Num total de 288 animais genotipados, 30,2% (n=87) apresentaram o padrão de origem citoplasmática asiática e 69,8% (n=201) apresentaram padrão de origem europeia. Dentro de cada cruzamento verificou-se a presença de animais dos dois tipos de origem citoplasmática (Tabela 4).

Tabela 4. Número e porcentagem de animais de genótipo de origem citoplasmática asiática e europeia encontrados na população estudada.

Cruzamento	AI	AII	BII	CII	Total	%
Or. Asiática	25(34,7%)	21(29,2%)	10(13,9%)	31(43,0%)	87	30,2
Or. Europeia	47(65,3%)	51(70,2%)	62(86,1%)	41(57,0%)	201	69,8

Os cruzamentos estudados neste trabalho são compostos por linhagens comerciais, que por sua vez constituem-se de raças como, Large White Francês,

Large White, Pietrain, Landrace, Duroc, Hampshire e raças chinesas Meishan, Feijing e Jiaxing.

Com os resultados obtidos neste estudo foi possível confirmar a participação de raças chinesas na formação de animais de linhagens consideradas de origem européia, uma vez que foram encontrados tantos animais de origem citoplasmática européia quanto de origem asiática dentro de cruzamentos sem a participação concreta de raças chinesas, porém com a participação da raça Large White. O que assemelha aos resultados de Porter (1993), que relatou importações de animais de raças chinesas por parte de países da Europa, durante os anos de 1800 e que essas raças chinesas foram certamente introduzidas em animais de raças britânicas, principalmente, na raça Yorkshire também conhecida como Large White. Giuffra et al. (2000), Kim et al. (2002) e Yang et al. (2003) em estudos filogenéticos da região hipervariável D-loop do mtDNA e do genoma mtDNA de animais domésticos das raças Large White, Landrace, Hampshire, Duroc e Meishan, também indicaram alta proporção de mtDNA asiático na raça Large White, afirmando introgressão de genes originados de raças asiáticas.

3.3.2 Comparação entre cruzamentos e associação de mtDNA em relação às características de qualidade da carne

Letras maiúsculas, comparação de origem asiática com origem européia e letras minúsculas comparação entre cruzamentos. Não houve interação entre origem e cruzamentos.

A espessura de toucinho foi significativamente ($p < 0,05$) menor no cruzamento AI nos animais de origem asiática, porém sem diferença significativa ($p = 0,3702$) entre os genótipos mitocondriais asiático e europeu (Asiático = 12,04mm e Europeu = 13,17mm). As combinações de linhagem AII, BII e CII, cuja linhagem materna era a mesma entre estes cruzamentos apresentaram valores de espessura de toucinho estatisticamente iguais (Tabela 5).

Tabela 5. Valores de espessura de toucinho (ET em mm) medidos nas meias-carcaças direita dos animais dos diferentes cruzamentos (AI, AII, BII e CII) e origem citoplasmática (asiática e européia).

Espessura de Toucinho (mm)				
Origem Cit./Cruzamento	AI	AII	BII	CII
Asiática	12,04 ^{b; A}	17,73 ^{a; A}	19,48 ^{a; A}	18,37 ^{a; A}
Européia	13,17 ^{c; A}	15,77 ^{b; A}	19,32 ^{a; A}	17,72 ^{a, b; A}

* média seguida de letras minúsculas iguais na linha não diferem entre si pelo teste de Tukey com 5% de significância (teste de diferença entre os cruzamentos)

* média seguida de letras maiúsculas iguais na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey com 5% de significância (teste de diferença entre os genótipos de origem citoplasmática)

A porcentagem de carne magra (PCM) na carcaça foi significativamente ($P < 0,05$) superior no cruzamento AI do que nos demais cruzamentos, porém não houve diferença significativa entre os animais de origem citoplasmática asiática e européia (Tabela 6).

Tabela 6. Porcentagem de carne magra obtida nos diferentes cruzamentos (AI, AII, BII e CII) e genótipos da origem citoplasmática (asiática ou européia).

Porcentagem de Carne magra				
Origem Cit./Cruzamento	AI	AII	BII	CII
Asiática	61,57 ^{a; A}	58,85 ^{b; A}	58,02 ^{b; A}	58,55 ^{b; A}
Européia	60,03 ^{a; A}	59,79 ^{b; A}	58,10 ^{c; A}	58,86 ^{b, c; A}

* média seguida de letras minúsculas iguais na linha não diferem entre si pelo teste de Tukey com 5% de significância (teste de diferença entre os cruzamentos)

* média seguida de letras maiúsculas iguais na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey com 5% de significância (teste de diferença entre os genótipos de origem citoplasmática)

As raças chinesas têm sido muito utilizadas em cruzamentos comerciais devido às suas habilidades maternas, prolificidade (PORTER, 1993). No entanto,

são animais que possuem deposição de gordura mais precoce, produzindo carcaças de maior espessura de toucinho (ROTHSCHILD e RUVINSKY, 1998). No presente estudo foi possível verificar que o cruzamento AI, o qual possui em sua formação raças chinesas, apresentou menor valor de ET e maior PCM, estatisticamente diferentes dos outros cruzamentos.

O cruzamento AI possui em seu genoma uma participação de 1/8 de raças chinesas e o restante de raças européias com genótipos para produção de carne. Já os cruzamentos AII, BII e CII apesar de serem formados por linhagens macho compostas pela raça Pietrain (grande potencial genético para produção de carcaça magra), possuem em sua composição raças européias como Landrace e Large White de linhas maternas com genética para prolificidade. Raças estas com características de deposição de gordura precoce e conseqüentemente menor porcentagem de carne magra (PORTER, 1993), o que pode ter influenciado na maior ET e menor PCM encontrados nas carcaças estudadas neste trabalho.

Estes valores de ET e PCM encontrados nos animais avaliados neste projeto discordam de Rothschild et al. (1991) que mostraram carcaças de mestiços descendentes de Hampshire e Landrace com menor ET do que filhos de suínos das raças chinesas. E em estudos de comparação entre raças chinesas e Duroc, este último tem apresentado maior PCM, ET e PGIM (YOUNG, 1992).

O pH medido após 24 horas do abate do animal apresentou diferença significativa ($p < 0,05$) entre o cruzamento AI e CII, e os cruzamentos AII e BII foram estatisticamente iguais aos cruzamentos AI e CII para o genótipo de origem citoplasmática asiática. E para o genótipo citoplasmático europeu o AI foi estatisticamente igual ao BI e com valores inferiores que os cruzamentos AII e CII que por sua vez foram estatisticamente ($p < 0,05$) iguais. Nenhum cruzamento apresentou diferença significativa ($p > 0,05$) para as origens citoplasmáticas asiática ou européia (Tabela 7).

Todos os animais estudados apresentaram o pH₂₄ dentro do intervalo ideal (5,7 a 5,9) para carne de suínos, segundo Kauffman e colaboradores (1993).

Tabela 7. pH24 medido em meias-carcaças direita dos animais dos diferentes cruzamentos (AI, AII, BII e CII) e origem citoplasmática (asiática e européia).

pH 24 horas				
Origem Cit./Cruzamento	AI	AII	BII	CII
Asiática	5,68 ^{b; A}	5,73 ^{a, b; A}	5,72 ^{a, b; A}	5,81 ^{a; A}
Européia	5,68 ^{b; A}	5,86 ^{a; A}	5,71 ^{b; A}	5,88 ^{a; A}

* média seguida de letras minúsculas iguais na linha não diferem entre si pelo teste de Tukey com 5% de significância (teste de diferença entre os cruzamentos)

* média seguida de letras maiúsculas iguais na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey com 5% de significância (teste de diferença entre os genótipos de origem citoplasmática)

Uma importante característica de qualidade da carne é o pH, e a queda dos seus valores durante as primeiras duas horas até 24 horas *post-mortem* contribuem significativamente para a explicação da perda por gotejamento (“drip loss”). A redução do pH é importante para determinar a capacidade de retenção de água da carne (DEN HERTOOG-MEISCHKE et al., 1997). Valores de pH muito baixos resultam em baixa capacidade de retenção de água (CRA), conseqüente desnaturação protéica e qualidade inferior da carne. A água é o maior constituinte da carne (aproximadamente 75% do peso) e é um parâmetro essencial de qualidade, tanto para a indústria como para o consumidor final.

Os principais fatores que afetam a CRA e, por conseguinte “drip loss”, são: genótipo (genes HAL e RN⁻), manejo pré abate e métodos de insensibilização (CLAEYS et al., 2001; SCHÄFER et al., 2002).

O cruzamento CII que apresenta a raça Duroc na sua composição apresentou em média valores mais altos de pH, em relação aos demais cruzamentos. Estes resultados concordam com Lonergan et al. (2001) ao estudar duas linhagens de Duroc, uma selecionada para maior produção de carne magra e a outra sem seleção. Mostrando que os animais sem seleção e que apresentavam o gene da carne ácida (RN) tiveram valores médios de pH 24h superiores (5,88) aos animais selecionados (5,73) e diferentes estatisticamente ($p < 0,05$).

Valores médios de pH24 do cruzamento All foram estatisticamente ($p < 0,05$) superior também, mesmo tendo a presença da raça Pietrain, porém esta raça utilizada é oriunda de uma população livre do gene halotano (Hal). O nome do gene deriva do fato de que suínos homozigotos recessivos apresentam rigidez muscular e hipertermia quando expostos ao gás anestésico halotano. O gene Hal favorece o aumento da deposição de carne, porém de alguns efeitos indesejáveis também, tais como susceptibilidade ao estresse e morte súbita, e produção de carne pálida, mole e exudativa (PSE), de baixo valor para produção de presuntos cozidos (IRGANG, 1996).

Não houve diferença significativa para PDL entre os cruzamentos para os animais de origem citoplasmática asiática, no entanto para os animais de origem citoplasmática europeia o cruzamento AI foi significativamente ($p < 0,05$) mais alto que nos cruzamentos All, BII e CII que não diferem estatisticamente ($p > 0,05$) entre si. E os resultados não apresentaram diferença significativa entre os animais de diferentes genótipos para origem citoplasmática (Tabela 8).

Ao se comparar a PDL verificou-se que os animais de origem citoplasmática europeia apresentaram diferenças entre os cruzamentos, o que não se observou nos animais de origem asiática.

Tabela 8. Porcentagem de “drip loss” (PDL) ou perda por gotejamento das miocarcasas direita dos animais dos diferentes cruzamentos (AI, All, BII e CII) e origem citoplasmática (asiática e europeia).

Porcentagem de “drip loss”				
Origem Cit./Cruzamento	AI	All	BII	CII
Asiática	2,67 ^{a; A}	2,65 ^{a; A}	2,02 ^{a; A}	2,24 ^{a; A}
Europeia	2,77 ^{a; A}	2,13 ^{b; A}	2,20 ^{b; A}	2,01 ^{b; A}

* média seguida de letras minúsculas iguais na linha não diferem entre si pelo teste de Tukey com 5% de significância (teste de diferença entre os cruzamentos)

* média seguida de letras maiúsculas iguais na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey com 5% de significância (teste de diferença entre os genótipos de origem citoplasmática)

Para as características cor e PGIM não houve diferença significativa ($p>0,05$) nem entre os cruzamentos nem entre os genótipos da origem citoplasmática (Tabelas 9 e 10).

Tabela 9. Valores de cor atribuídos as meias-carcaças direitas avaliadas dos diferentes cruzamentos (AI, AII, BII e CII) e genótipos de origem citoplasmática (asiática e européia).

Cor (valores de 1-6)				
Origem Cit./Cruzamento	AI	AII	BII	CII
Asiática	2,72 ^{a; A}	2,45 ^{a; A}	3,09 ^{a; A}	2,55 ^{a; A}
Européia	2,79 ^{a, b; A}	2,93 ^{a; A}	2,53 ^{b; A}	2,50 ^{b; A}

* média seguida de letras minúsculas iguais na linha não diferem entre si pelo teste de Tukey com 5% de significância (teste de diferença entre os cruzamentos)

* média seguida de letras maiúsculas iguais na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey com 5% de significância (teste de diferença entre os genótipos de origem citoplasmática)

A cor da carne é um importante fator de decisão de compra por parte dos consumidores, que preferem carne suína com a cor mais escura (JURIE et al., 2007). Segundo Newcom et al. (2004), a raça Duroc juntamente com a Hampshire apresentou maior valor médio 3,3 e 3,5 respectivamente, diferindo estatisticamente da raça Large White (2,5), sendo valores mais altos que o encontrado neste trabalho. No entanto, Edwards et al. (2003) não encontraram diferenças de cor, quando avaliada por colorimetria, entre as raças Duroc e Pietrain. O mercado japonês tem preferência por carne suína com escore de cor acima de 3 (TAN et al., 2000) valores estes, que os animais aqui estudados, em média, não apresentaram.

Tabela 10. Porcentagem de gordura intramuscular (PGIM) obtida em meias-carcaças direita dos animais dos diferentes cruzamentos (AI, AII, BII e CII) e origem citoplasmática (asiática e europeia).

Porcentagem de Gordura Intramuscular				
Origem Cit./Cruzamento	AI	AII	BII	CII
Asiática	2,02 ^{a; A}	2,03 ^{a; A}	1,96 ^{a; A}	2,07 ^{a; A}
Européia	1,97 ^{a; A}	1,96 ^{a; A}	1,98 ^{a; A}	2,06 ^{a; A}

* média seguida de letras minúsculas iguais na linha não diferem entre si pelo teste de Tukey com 5% de significância (teste de diferença entre os cruzamentos)

* média seguida de letras maiúsculas iguais na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey com 5% de significância (teste de diferença entre os genótipos de origem citoplasmática)

Um gene com grande efeito sobre a qualidade da carne, denominado HIMF, está associado ao conteúdo de gordura intramuscular. O gene foi identificado em suínos resultantes de cruzamentos entre raças europeias e a raça chinesa Meishan (SELLIER, 1998). Animais homozigotos apresentam em torno de 3,9% de gordura intramuscular, comparado com 1,8% em animais não-portadores ou portadores de apenas um alelo.

Duroc e seus cruzamentos são a que apresenta o maior conteúdo de gordura intramuscular, seguida da Hampshire, Landrace, Large White, Landrace belga e Pietrain, de acordo com Affentranger et al. (1996). No Brasil tem se verificado um grande interesse em aumentar o rendimento de carne em carcaças de suínos, e a estratégia para a obtenção de ganhos rápidos tem sido, na maioria dos casos, a utilização da raça Pietrain como genótipo paterno (Irgang, 1996). Suínos produzidos por machos Pietrain apresentam pH inicial significativamente mais baixo e menor capacidade de retenção de água do que os suínos de abate produzidos por machos Large White e Duroc, caracterizando carne de baixa qualidade tanto no ponto de vista industrial como comercial. A progênie de Duroc apresenta maior conteúdo de gordura intramuscular. No entanto, no presente estudo não se verificou diferença estatística entre os cruzamentos avaliados, os quais apresentaram baixa porcentagem de GIM.

Ao se estudar o genótipo da origem citoplasmática, ou seja, o mtDNA dos animais deste estudo e associa-los às características produtivas (qualidade de carcaça e de carne) não foi observada diferença significativa ($p>0,05$). O que concorda com outros autores (YEN et al., 2007; PANETO et al., 2008; LEI et al., 2009) ao estudarem diferentes espécies quanto às características produtivas.

Em bovinos Gunski et al. (2001) ao estudar mtDNA de animais de origem *Bos taurus* e *Bos indicus* não encontrou diferença quanto a características reprodutivas, diferentemente de Yen et al. (2007) que ao estudar suínos observou diferenças significativas destas características entre animais de origem asiática e europeia.

O trabalho teve como hipótese que os animais de diferentes mtDNA apresentariam diferenças significativas em suas características de qualidade de carcaça e da carne e um modelo foi desenvolvido para testar esta hipótese. Foram avaliados diferentes cruzamentos de linhagens comerciais de suíno com mtDNA distantes entre si e características de qualidade de carcaça e de carne relevantes para a produção de suínos.

3.4 CONCLUSÃO E PERSPECTIVAS

A origem Asiática/Europeia do mtDNA não interfere nas características avaliadas neste trabalho, porém o efeito dos cruzamentos das linhagens comerciais de suíno estudados interfere na qualidade de carcaça e da carne. Em trabalhos futuros, genes mitocondriais ou nucleares responsáveis por atividades específicas das mitocôndrias, deveriam ser investigados, assim como, outras linhagens maternas e características de interesse econômico.

REFERÊNCIAS

ABIPECS - ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INDÚSTRIAS PROCESSADORAS E EXPORTADORAS DE CARNE SUÍNA. **Relatório Anual 2007**. Available at: <<http://www.Abipecs.com.br>>. Accessed 22 Fev. 2009.

AFFENTRANGER, P.; GERWIG, C.; SEEWER, G.J. Growth and carcass characteristics as well as meat and fat quality of three types of pigs under different feeding regimens. **Livestock Production Science**, v.45, n.2/3, p.187-96, 1996.

ANTUNES, R. C.; COSTA, F. V. P.; FRANCO, M. M.; GOULART FILHO, L. R. A influência da composição racial da linha materna e do genótipo Hal sobre a qualidade da carne em suínos abatidos entre 90 e 110 kg de peso vivo. **Ars Veterinaria**, v. 18, n. 1, p. 33-42, 2002.

AYRES, M., AYRES JR, M., AYRES, D.L., SANTOS A.S. & AYRES, L.L. **BioEstat 5.0**. Aplicações estatísticas nas áreas das ciências biomédicas . Sociedade Civil de Mamirauá. Belém, Brazil, 2007.

BERG, E. **Pork Composition and Quality Assessment Procedures**. American Meat Science Association, 2000. 42 p.

BREWER, M. S.; JENSEN, J.; SOSNICKI, A. A.; FIELDS, B.; WILSON, E.; MCKEITH, F. K. The effect of pig genetics on palatability, color and physical characteristics of fresh pork loin chops. **Meat Science**, v. 61, p. 249-256, 2002.

CLAEYS, E.; DE SMET, S.; DEMEYER, D.; GEERS, R.; BUYS, N. Effect of rate of pH decline on muscle enzyme activities in two pig lines. **Meat Science**, v. 57, p. 257-263, 2001.

DEN HERTOOG-MEISCHKE, M. J. A.; VAN LAACK, R. J. L. M.; SMULDERS, F. J. M. The water-holding capacity of fresh meta. **The Veterinary Quaterly**, v. 19. n. 4, p. 175-181, 1997.

EDWARDS, D. B.; BATES, R. O.; OSBURN, W. N. Evaluation of Duroc- vs. Pietrain-sired pigs for carcass and meat quality measures. **Journal Animal Science**, v. 81, p.1895-1899, 2003.

FANG, M.; ANDERSSON, L. Mitochondrial diversity in European and Chinese pigs is consistent with population expansions that occurred prior to domestication. **Proceedings of the Royal Society – Biology**, Edinburgh, v. 273, n. 1595, p. 1803 – 1810, 2006.

GIUFFRA, E.; KIJAS, J. M.; AMARGER, V.; CARLBORG, O.; JEON, J. T.; ANDERSSON, L. The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression. **Genetics**, v. 154, n. 4, p. 1785 – 1791, 2000.

IRGANG, R. Evaluacion y Tipificacion de Carcasas de Cerdos en Brasil. **Todo Cerdo Del Conosud**, BUENOS AIRES, ARGENTINA, v. -, n. 2, p. 32-39, 1996.

JONES, G. F. Genetics aspects of domestication, common breeds and their origin. In: M. F. Rothschild; A. Ruvinsky. **The genetics of the pigs**, Wellingford: M. F. Rothschild & A. Ruvinsky, p. 17-50, 1998.

JURIE, C.; CASSAR-MALEK, I.; BONNET, M.; LEROUX, C.; BAUCHART, D.; BOULESTEIX, P.; PETHICK, D.W.; HOCQUETTE, J.F. Adipocyte fatty acid-binding protein and mitochondrial enzyme activities in muscles as relevant indicators of marbling in cattle. **Journal Animal Science**, v. 85, p. 2660-2669, 2007.

LAWRIE, R. A. **Ciência da carne**. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2005. 384 p.

LEGAULT, C.; SELIER, P.; CARITEZ, J. C.; DANDO, P.; GRUAND, J.
L' experimentation sur le porc chinois en France. II. Performances
de production en croisement avec les races europeennes. **Genetics Selection
Evolution**, v. 17, p. 133, 1985.

LEROY, P.; MONIN, O.; ELSEN, J. M.; CORTIEZ, J. C.; TALMONT, A.; LEBRET, B.;
LEFAUCHEUR, L.; MOUROT, J.; JUIN, H.; SELIER, P. Effect of the RN gene on
technological and sensory meat quality in crossbred pigs with Hampshire as terminal
sire. **47th EAAP**. Lillehammer, Norway: European Association for Animal Production,
1996.

MONIN, G.; OUALI, A. Muscle differentiation and meat quality. In: RALSTON, L.
(Ed.) **Developments in meat science**. Elsevier Applied Science, 1991. p. 89-138.

NEWCOM, D. W.; STALDER, K. J.; BAAS, T. J.; GOODWIN, R. N.; PARRISH, F. C.;
WIEGAND, B. R. Breed differences and genetic parameters of myoglobin
concentration in porcine longissimus muscle. **Journal Animal Science**, v. 82, p.
2264–2268, 2004.

NGUYEN, N. H.; MCPHEE, C. P.; TROUT, G. R. Responses in carcass lean pH 24
hours post-mortem in lines of Large White pigs selected for growth rate on a fixed
ration over a set time. **Livestock Production Science**, v.100, p. 84-90, 2006.

NII, M.; HAYASHI, T.; MIKAWA, S.; TANI, F.; NIKI, A.; MORI, N.; UCHIDA, Y.;
FUJISHIMA-KANAYA, N.; KOMATSU, M.; AWATA, T. Quantitative trait loci for meat
quality and muscle fiber traits in a Japanese wild boar x Large White intercross.
Journal of Animal Science, v. 83, p. 308-315, 2005.

OKUMURA, N.; KUROSAWA, Y.; KOBAYASHI, E.; WATANOBE, T.; ISHIGURO,
N.; YASUE, H.; MITSUHASHI, T. Genetic relationship amongst the major non-coding
regions of mitochondrial DNAs in wild boars and several breeds of domesticated
pigs. **Animal Genetics**, v. 32, n. 3, p. 139 – 147, 2001.

PORTER, V. **Pigs: A handbook to the breeds of the world**. Cornell University, Nova York: Ithaca, 1993. 256 p.

ROTHSCHILD, M. F.; CHRISTIAN, L. L.; HSIEH, C. Y. Reproduction, growth and carcass performance of Chinese pigs and their crosses. **Swine Research Report**, ASL-R855, p. 23-26, 1991.

ROTHSCHILD, M. F.; RUVINSKY, A. **The Genetics of the Pig**. CAB International, Wallingford: Oxon, 1998. 622 p.

SAS INSTITUTE (Statistical Analysis System Institute). **User's Guide: Statistics**. SAS Institute Inc., Cary, 2004.

SCHÄFER, A.; ROSENVOLD, K.; PURSLOW, P. P., ANDERSEN, H. J.; HENCKEL, P. Physiological and structural events post mortem of importance for drip loss in pork. **Meat Science**, v. 61, p. 355-366, 2002.

SELLIER, P. Genetics of meat and carcass traits. In: ROTHSCHILD, M.F. & RUVINSKY, A. **The Genetics of the Pig** CAB International, p. 463 - 510, 1998.

SINDIRAÇÕES/ANFAL. **Compêndio Brasileiro de Alimentação Animal**. São Paulo: Campinas: CBNA/SDR/MA, 1998. 37 p.

TAN, F. J.; MORGAN, M. T.; LUDAS, L. I.; FORREST, J. C.; GERRARD, D. E. Assessment of fresh pork color with color machine vision. **Journal Animal Science**, v. 78, p. 3078-3085, 2000.

WATANABE, T.; HAYASHI, Y.; KIMURA, J.; YASUDA, Y.; SAITOU, N.; TOMITA, T.; OGASAWARA, N. Pig mitochondrial DNA: polymorphism, restriction map orientation, and sequence data. **Biochemical Genetics**, v. 24, p. 385-396, 1986.

YOUNG, L. D. Effects of Duroc, Meishan, Fengjing, and Minzhu Boars on Carcass Traits of First-Cross Barrows. **Journal Animal Science**, v. 70, p. 2030-2037, 1992.

YOUNG, L. D. Survival, body weights, feed efficiency, and carcass traits of 7/8 White Composite and 1/8 Duroc, 1/8 Meishan, 1/8 Fengjing, or 1/8 Minzhu pigs. **Journal Animal Science**, v. 76, p. 1550-1558, 1998.

ZHANG, S.; KNIGHT, T. J.; STALDER, K. J.; GOODWIN, R. N.; LONERGAN, S. M.; BEITZ, D. C. Effects of breed, sex, and halothane genotype on fatty acid composition of pork longissimus muscle. **Journal Animal Science**, v. 85, p. 583-591, 2007.

APÊNDICES

APÊNDICE A - Estatística capítulo 2

CM%

FONTES DE VARIAÇÃO	GL	SQ	QM
Tratamentos	1	79.953	79.953
Erro	142	702.202	4.945

$$F = 16.1683$$

$$(p) = 0.0003$$

$$\text{Média (Cruzamento A)} = 61.2194$$

$$\text{Média (Cruzamento C)} = 59.7292$$

Tukey:	Diferença	Q	(p)
Médias (1 a 2) =	1.4903	5.6865	< 0.01

pH

FONTES DE VARIAÇÃO	GL	SQ	QM
Tratamentos	1	0.877	0.877
Erro	142	6.432	0.045

$$F = 19.3702$$

$$(p) = 0.0001$$

$$\text{Média (Cruzamento A)} = 5.6831$$

$$\text{Média (Cruzamento C)} = 5.8392$$

Tukey:	Diferença	Q	(p)
Médias (1 a 2) =	0.1561	6.2241	< 0.01

“drip loss” %

FONTES DE VARIAÇÃO	GL	SQ	QM
Tratamentos	1	9.201	9.201
Erro	142	200.319	1.411

$$F = 6.5224$$

$$(p) = 0.0113$$

$$\text{Média (Cruzamento A)} = 2.7361$$

$$\text{Média (Cruzamento B)} = 2.2306$$

Tukey:	Diferença	Q	(p)
Médias (1 a 2) =	0.5056	3.6118	< 0.05

GIM %

FONTES DE VARIAÇÃO	GL	SQ	QM
Tratamentos	1	0.029	0.029
Erro	142	41.925	0.295

F = 0.0988
(p) = 0.7521

Cor

FONTES DE VARIAÇÃO	GL	SQ	QM
Tratamentos	1	0.293	0.293
Erro	142	105.205	0.741

F = 0.3960
(p) = 0.5374

ET mm

FONTES DE VARIAÇÃO	GL	SQ	QM
Tratamentos	1	351.563	351.563
Erro	142	30.9 e+02	21.752

F = 16.1624
(p) = 0.0003
Média (Cruzamento A) = 12.7778
Média (Cruzamento C) = 15.9028

Tukey: Diferença Q (p)
Médias (1 a 2) = 3.1250 5.6855 < 0.01

APÉNDICE B- Estadística capítulo 3

The SAS System

The MEANS Procedure

Variable	N	Mean	Coeff of Std Dev	Variation	Minimum	Maximum
TOUC	288	16.5451389	5.6208339	33.9727214	4.0000000	32.0000000
CMREZ	288	59.4218578	2.6806319	4.5111883	52.0512800	65.4047600
PH24	288	5.7728819	0.2423557	4.1981745	5.1400000	6.6100000
COR	288	2.7100694	0.8472970	31.2647704	1.0000000	5.0000000
DRIP	288	2.3038767	1.2619971	54.7771112	0	6.9257446
GIM	288	1.9994792	0.5347050	26.7422163	0.9000000	4.1000000
PCQ	246	81.1134146	11.0208311	13.5869401	45.9000000	107.0000000

The SAS System

The Mixed Procedure

Model Information

Data Set WORK.B
Dependent Variable **ET**
Covariance Structure Diagonal
Estimation Method REML
Residual Variance Method Profile
Fixed Effects SE Method Model-Based
Degrees of Freedom Method Residual

Class Level Information

Class Levels Values

GENOT 2 A E
L_PAI 3 a b c
L_MAE 2 i ii

Number of Observations

Number of Observations Read	288
Number of Observations Used	288
Number of Observations Not Used	0

Covariance Parameter Estimates

Cov Parm	Estimate
Residual	25.8722

Fit Statistics

-2 Res Log Likelihood	1733.2
AIC (smaller is better)	1735.2
AICC (smaller is better)	1735.2
BIC (smaller is better)	1738.8

Type 3 Tests of Fixed Effects

Effect	Num DF	Den DF	F Value	Pr > F
GENOT	1	280	0.35	0.5540
GENOT(L_PA I*L_MAE)	6	280	11.70	<.0001

Tests of Effect Slices

Effect	GENOT	Num DF	Den DF	F Value	Pr > F
GENOT(L_PA I*L_MAE)	A	3	280	10.38	<.0001
GENOT(L_PA I*L_MAE)	E	3	280	13.02	<.0001

The SAS System

----- Effect=GENOT(L_PA I*L_MAE) ADJUSTMENT=LSD(P<.01)
bygroup=1 -----

Obs	GENOT	L_PA I	L_MAE	Estimate	StdErr	MSGROUP
1	A	a	i	12.0400	1.0173	B

2	A	a	ii	17.7273	1.5336	A
3	A	b	ii	19.4762	1.1100	A
4	A	c	ii	18.3750	0.8992	A

----- Effect=GENOT(L_PAI*L_MAE) ADJUSTMENT=LSD(P<.01)
bygroup=2 -----

Obs	GENOT	L_PAI	L_MAE	Estimate	StdErr	MSGROUP
5	E	a	i	13.1702	0.7419	C
6	E	a	ii	15.7742	0.6460	B
7	E	b	ii	19.3200	0.7193	A
8	E	c	ii	17.7250	0.8042	AB

Tests of Effect Slices

Effect	L_PM	Num	Den	F Value	Pr > F
		DF	DF		
GENOT(L_PM)	AI	1	280	0.81	0.3702
GENOT(L_PM)	All	1	280	1.38	0.2415
GENOT(L_PM)	BII	1	280	0.01	0.9061
GENOT(L_PM)	CII	1	280	0.29	0.5904

The SAS System

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.01) bygroup=1 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
1	A	AI	12.0400	1.0173	A
2	E	AI	13.1702	0.7419	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.01) bygroup=2 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
3	A	All	17.7273	1.5336	A
4	E	All	15.7742	0.6460	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.01) bygroup=3 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
-----	-------	------	----------	--------	---------

5	A	BII	19.4762	1.1100	A
6	E	BII	19.3200	0.7193	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.01) bygroup=4 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
7	A	CII	18.3750	0.8992	A
8	E	CII	17.7250	0.8042	A

The SAS System

The Mixed Procedure

Model Information

Data Set WORK.B
Dependent Variable % CM
Covariance Structure Diagonal
Estimation Method REML
Residual Variance Method Profile
Fixed Effects SE Method Model-Based
Degrees of Freedom Method Residual

Class Level Information

Class Levels Values

GENOT	2	A E
L_PA1	3	a b c
L_MAE	2	i ii

Number of Observations

Number of Observations Read	288
Number of Observations Used	288
Number of Observations Not Used	0

Covariance Parameter
Estimates

Cov Parm	Estimate
----------	----------

Residual 5.8845

Fit Statistics

-2 Res Log Likelihood 1318.6
 AIC (smaller is better) 1320.6
 AICC (smaller is better) 1320.6
 BIC (smaller is better) 1324.2

The SAS System

The Mixed Procedure

Type 3 Tests of Fixed Effects

Effect	Num DF	Den DF	F Value	Pr > F
GENOT	1	280	0.35	0.5540
GENOT(L_PA I*L_MAE)	6	280	11.70	<.0001

Tests of Effect Slices

Effect	Num GENOT	Den DF	DF	F Value	Pr > F
GENOT(L_PA I*L_MAE) A	A	3	280	10.38	<.0001
GENOT(L_PA I*L_MAE) E	E	3	280	13.02	<.0001

The SAS System

----- Effect=GENOT(L_PA I*L_MAE) ADJUSTMENT=LSD(P<.01)
 bygroup=1 -----

Obs	GENOT	L_PA I	L_MAE	Estimate	StdErr	MSGROUP
1	A	a	i	61.5704	0.4852	A
2	A	a	ii	58.8581	0.7314	B
3	A	b	ii	58.0240	0.5294	B
4	A	c	ii	58.5492	0.4288	B

----- Effect=GENOT(L_PA I*L_MAE) ADJUSTMENT=LSD(P<.01)
 bygroup=2 -----

Obs	GENOT	L_PA I	L_MAE	Estimate	StdErr	MSGROUP
-----	-------	--------	-------	----------	--------	---------

5	E	a	i	61.0314	0.3538	A
6	E	a	ii	59.7895	0.3081	B
7	E	b	ii	58.0985	0.3431	C
8	E	c	ii	58.8592	0.3836	BC

Tests of Effect Slices

Effect	L_PM	Num	Den	F Value	Pr > F
		DF	DF		
GENOT(L_PM)	AI	1	280	0.81	0.3702
GENOT(L_PM)	All	1	280	1.38	0.2415
GENOT(L_PM)	BII	1	280	0.01	0.9061
GENOT(L_PM)	CII	1	280	0.29	0.5904

The SAS System

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.01) bygroup=1 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
1	A	AI	61.5704	0.4852	A
2	E	AI	61.0314	0.3538	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.01) bygroup=2 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
3	A	All	58.8581	0.7314	A
4	E	All	59.7895	0.3081	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.01) bygroup=3 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
5	A	BII	58.0240	0.5294	A
6	E	BII	58.0985	0.3431	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.01) bygroup=4 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
-----	-------	------	----------	--------	---------

7	A	CII	58.5492	0.4288	A
8	E	CII	58.8592	0.3836	A

The SAS System

The Mixed Procedure

Model Information

Data Set	WORK.B
Dependent Variable	PH24
Covariance Structure	Diagonal
Estimation Method	REML
Residual Variance Method	Profile
Fixed Effects SE Method	Model-Based
Degrees of Freedom Method	Residual

Class Level Information

Class	Levels	Values
-------	--------	--------

GENOT	2	A E
L_PAI	3	a b c
L_MAE	2	i ii

Number of Observations

Number of Observations Read	288
Number of Observations Used	288
Number of Observations Not Used	0

Covariance Parameter Estimates

Cov Parm	Estimate
----------	----------

Residual	0.05361
----------	---------

Fit Statistics

-2 Res Log Likelihood	3.0
AIC (smaller is better)	5.0
AICC (smaller is better)	5.0
BIC (smaller is better)	8.7

The SAS System

The Mixed Procedure

Type 3 Tests of Fixed Effects

Effect	Num DF	Den DF	F Value	Pr > F
GENOT	1	280	2.33	0.1279
GENOT(L_PA I*L_MAE)	6	280	5.41	<.0001

Tests of Effect Slices

Effect	Num GENOT	Den DF	DF	F Value	Pr > F
GENOT(L_PA I*L_MAE) A	A	3	280	1.63	0.1824
GENOT(L_PA I*L_MAE) E	E	3	280	9.20	<.0001

The SAS System

----- Effect=GENOT(L_PA I*L_MAE) ADJUSTMENT=LSD(P<.01)
bygroup=1 -----

Obs	GENOT	L_PA I	L_MAE	Estimate	StdErr	MSGROUP
1	A	a	i	5.6816	0.04631	A
2	A	a	ii	5.7273	0.06981	A
3	A	b	ii	5.7233	0.05053	A
4	A	c	ii	5.8131	0.04093	A

----- Effect=GENOT(L_PA I*L_MAE) ADJUSTMENT=LSD(P<.01)
bygroup=2 -----

Obs	GENOT	L_PA I	L_MAE	Estimate	StdErr	MSGROUP
5	E	a	i	5.6838	0.03377	B
6	E	a	ii	5.8629	0.02941	A
7	E	b	ii	5.7112	0.03274	B
8	E	c	ii	5.8785	0.03661	A

Tests of Effect Slices

Num	Den
-----	-----

Effect	L_PM	DF	DF	F Value	Pr > F
GENOT(L_PM)	AI	1	280	0.00	0.9690
GENOT(L_PM)	All	1	280	3.21	0.0745
GENOT(L_PM)	BII	1	280	0.04	0.8404
GENOT(L_PM)	CII	1	280	1.42	0.2349

The SAS System

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.01) bygroup=1 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
1	A	AI	5.6816	0.04631	A
2	E	AI	5.6838	0.03377	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.01) bygroup=2 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
3	A	All	5.7273	0.06981	A
4	E	All	5.8629	0.02941	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.01) bygroup=3 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
5	A	BII	5.7233	0.05053	A
6	E	BII	5.7112	0.03274	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.01) bygroup=4 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
7	A	CII	5.8131	0.04093	A
8	E	CII	5.8785	0.03661	A

The SAS System

The Mixed Procedure

Model Information

Data Set WORK.B
Dependent Variable COR
 Covariance Structure Diagonal
 Estimation Method REML
 Residual Variance Method Profile
 Fixed Effects SE Method Model-Based
 Degrees of Freedom Method Residual

Class Level Information

Class Levels Values

GENOT 2 A E
 L_PA1 3 a b c
 L_MAE 2 i ii

Number of Observations

Number of Observations Read	288
Number of Observations Used	288
Number of Observations Not Used	0

Covariance Parameter
Estimates

Cov Parm Estimate

Residual 0.6956

Fit Statistics

-2 Res Log Likelihood	720.7
AIC (smaller is better)	722.7
AICC (smaller is better)	722.7
BIC (smaller is better)	726.3

The SAS System

The Mixed Procedure

Type 3 Tests of Fixed Effects

Effect	Num DF	Den DF	F Value	Pr > F
GENOT	1	280	0.03	0.8732
GENOT(L_PA I*L_MAE)	6	280	2.70	0.0144

Tests of Effect Slices

Effect	GENOT	Num DF	Den DF	F Value	Pr > F
GENOT(L_PA I*L_MAE)	A	3	280	2.25	0.0832
GENOT(L_PA I*L_MAE)	E	3	280	3.16	0.0251

The SAS System

----- Effect=GENOT(L_PA I*L_MAE) ADJUSTMENT=LSD(P<.05)
bygroup=1 -----

Obs	GENOT	L_PA I	L_MAE	Estimate	StdErr	MSGROUP
1	A	a	i	2.7200	0.1668	A
2	A	a	ii	2.4545	0.2515	A
3	A	b	ii	3.0952	0.1820	A
4	A	c	ii	2.5469	0.1474	A

----- Effect=GENOT(L_PA I*L_MAE) ADJUSTMENT=LSD(P<.05)
bygroup=2 -----

Obs	GENOT	L_PA I	L_MAE	Estimate	StdErr	MSGROUP
5	E	a	i	2.7872	0.1217	AB
6	E	a	ii	2.9274	0.1059	A
7	E	b	ii	2.5300	0.1179	B
8	E	c	ii	2.5000	0.1319	B

Tests of Effect Slices

Effect	L_PM	Num DF	Den DF	F Value	Pr > F
GENOT(L_PM)	AI	1	280	0.11	0.7449
GENOT(L_PM)	All	1	280	3.00	0.0842

```

GENOT(L_PM)  BII    1  280    6.79  0.0096
GENOT(L_PM)  CII    1  280    0.06  0.8128
The SAS System

```

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.05) bygroup=1 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
1	A	AI	2.7200	0.1668	A
2	E	AI	2.7872	0.1217	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.05) bygroup=2 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
3	A	All	2.4545	0.2515	A
4	E	All	2.9274	0.1059	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.05) bygroup=3 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
5	A	BII	3.0952	0.1820	A
6	E	BII	2.5300	0.1179	B

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.05) bygroup=4 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
7	A	CII	2.5469	0.1474	A
8	E	CII	2.5000	0.1319	A

The SAS System

The Mixed Procedure

Model Information

Data Set	WORK.B
Dependent Variable	% DRIP
Covariance Structure	Diagonal
Estimation Method	REML
Residual Variance Method	Profile
Fixed Effects SE Method	Model-Based
Degrees of Freedom Method	Residual

Class Level Information

Class	Levels	Values
-------	--------	--------

GENOT	2	A E
L_PA1	3	a b c
L_MAE	2	i ii

Number of Observations

Number of Observations Read	288
Number of Observations Used	288
Number of Observations Not Used	0

Covariance Parameter
Estimates

Cov Parm	Estimate
----------	----------

Residual	1.5523
----------	--------

Fit Statistics

-2 Res Log Likelihood	945.4
AIC (smaller is better)	947.4
AICC (smaller is better)	947.5
BIC (smaller is better)	951.1

The SAS System

The Mixed Procedure

Type 3 Tests of Fixed Effects

Effect	Num DF	Den DF	F Value	Pr > F
GENOT	1	280	0.48	0.4883
GENOT(L_PA I*L_MAE)	6	280	2.36	0.0305

Tests of Effect Slices

Effect	Num GENOT	Den DF	DF	F Value	Pr > F
GENOT(L_PA I*L_MAE)	A	3	280	1.31	0.2730
GENOT(L_PA I*L_MAE)	E	3	280	3.42	0.0178

The SAS System

----- Effect=GENOT(L_PA I*L_MAE) ADJUSTMENT=LSD(P<.05)
bygroup=1 -----

Obs	GENOT	L_PA I	L_MAE	Estimate	StdErr	MSGROUP
1	A	a	i	2.6668	0.2492	A
2	A	a	ii	2.6552	0.3757	A
3	A	b	ii	2.0281	0.2719	A
4	A	c	ii	2.2410	0.2203	A

----- Effect=GENOT(L_PA I*L_MAE) ADJUSTMENT=LSD(P<.05)
bygroup=2 -----

Obs	GENOT	L_PA I	L_MAE	Estimate	StdErr	MSGROUP
5	E	a	i	2.7735	0.1817	A
6	E	a	ii	2.1328	0.1582	B
7	E	b	ii	2.2048	0.1762	B
8	E	c	ii	2.0127	0.1970	B

Tests of Effect Slices

Effect	Num L_PM	Den DF	DF	F Value	Pr > F
GENOT(L_PM)	AI	1	280	0.12	0.7297
GENOT(L_PM)	All	1	280	1.64	0.2011
GENOT(L_PM)	BII	1	280	0.30	0.5859

GENOT(L_PM) CII 1 280 0.60 0.4404
The SAS System

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.05) bygroup=1 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
1	A	AI	2.6668	0.2492	A
2	E	AI	2.7735	0.1817	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.05) bygroup=2 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
3	A	All	2.6552	0.3757	A
4	E	All	2.1328	0.1582	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.05) bygroup=3 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
5	A	BII	2.0281	0.2719	A
6	E	BII	2.2048	0.1762	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.05) bygroup=4 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
7	A	CII	2.2410	0.2203	A
8	E	CII	2.0127	0.1970	A

The SAS System

The Mixed Procedure

Model Information

Data Set WORK.B
Dependent Variable PGIM
 Covariance Structure Diagonal
 Estimation Method REML
 Residual Variance Method Profile
 Fixed Effects SE Method Model-Based
 Degrees of Freedom Method Residual

Class Level Information

Class Levels Values

GENOT 2 A E
 L_PAI 3 a b c
 L_MAE 2 i ii

Number of Observations

Number of Observations Read	288
Number of Observations Used	288
Number of Observations Not Used	0

Covariance Parameter Estimates

Cov Parm	Estimate
----------	----------

Residual	0.2913
----------	--------

Fit Statistics

-2 Res Log Likelihood	476.9
AIC (smaller is better)	478.9
AICC (smaller is better)	478.9
BIC (smaller is better)	482.6

The SAS System

The Mixed Procedure

Type 3 Tests of Fixed Effects

Effect	Num DF	Den DF	F Value	Pr > F
GENOT	1	280	0.14	0.7114
GENOT(L_PA I*L_MAE)	6	280	0.24	0.9624

Tests of Effect Slices

Effect	GENOT	Num DF	Den DF	F Value	Pr > F
GENOT(L_PA I*L_MAE)	A	3	280	0.16	0.9200
GENOT(L_PA I*L_MAE)	E	3	280	0.32	0.8122

The SAS System

----- Effect=GENOT(L_PA I*L_MAE) ADJUSTMENT=LSD(P<.05)
bygroup=1 -----

Obs	GENOT	L_PA I	L_MAE	Estimate	StdErr	MSGROUP
1	A	a	i	2.0168	0.1079	A
2	A	a	ii	2.0336	0.1627	A
3	A	b	ii	1.9629	0.1178	A
4	A	c	ii	2.0684	0.09540	A

----- Effect=GENOT(L_PA I*L_MAE) ADJUSTMENT=LSD(P<.05)
bygroup=2 -----

Obs	GENOT	L_PA I	L_MAE	Estimate	StdErr	MSGROUP
5	E	a	i	1.9745	0.07872	A
6	E	a	ii	1.9577	0.06854	A
7	E	b	ii	1.9810	0.07632	A
8	E	c	ii	2.0605	0.08533	A

Tests of Effect Slices

Effect	L_PM	Num DF	Den DF	F Value	Pr > F
GENOT(L_PM)	AI	1	280	0.10	0.7516

GENOT(L_PM)	All	1	280	0.18	0.6676
GENOT(L_PM)	BII	1	280	0.02	0.8972
GENOT(L_PM)	CII	1	280	0.00	0.9506

The SAS System

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.05) bygroup=1 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
1	A	AI	2.0168	0.1079	A
2	E	AI	1.9745	0.07872	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.05) bygroup=2 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
3	A	AI	2.0336	0.1627	A
4	E	AI	1.9577	0.06854	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.05) bygroup=3 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
5	A	BII	1.9629	0.1178	A
6	E	BII	1.9810	0.07632	A

----- Effect=GENOT(L_PM) ADJUSTMENT=LSD(P<.05) bygroup=4 -----

Obs	GENOT	L_PM	Estimate	StdErr	MSGROUP
7	A	CII	2.0684	0.09540	A
8	E	CII	2.0605	0.08533	A

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)