

JOSÉ VICENTE PELOSO

**QUALIDADE DA CARÇA E NÍVEIS DE EXPRESSÃO DOS GENES
FABP3 E FABP4 EM SUÍNOS DESTINADOS À PRODUÇÃO
INDUSTRIAL DE PRESUNTOS MATURADOS**

Tese apresentada a Universidade
Federal de Viçosa, como parte das
exigências do Programa de Pós-
Graduação em Zootecnia, para
obtenção do título de *Doctor
Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2006

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

**P392q
2006**

Peloso, José Vicente, 1962-

**Qualidade da carcaça e níveis de expressão dos genes
FABP3 e FABP4 em suínos destinados à produção
industrial de presuntos maturados / José Vicente Peloso.**

– Viçosa : UFV, 2006.

xi, 104f. : il. ; 29cm.

Inclui apêndice.

Orientador: Paulo Sávio Lopes.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

- 1. Suíno - Carcaças. 2. Carne de porco - Qualidade.**
- 3. Óleos e gorduras. 4. Regulação de expressão gênica.**
- 5. Carne de porco - Indústria. I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.**

CDD 22.ed. 636.40883

JOSÉ VICENTE PELOSO

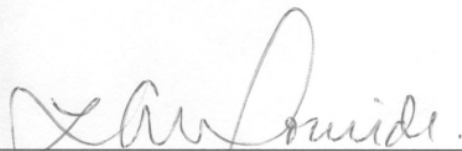
**QUALIDADE DA CARCAÇA E NÍVEIS DE EXPRESSÃO DOS GENES
FABP3 E FABP4 EM SUÍNOS DESTINADOS À PRODUÇÃO
INDUSTRIAL DE PRESUNTOS MATURADOS**

Tese apresentada a Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 29 de agosto de 2006.



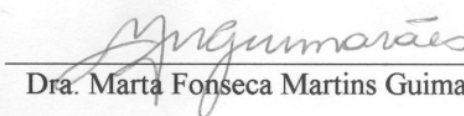
Prof^a Simone Eliza Facioni Guimarães
(Co-Orientadora)



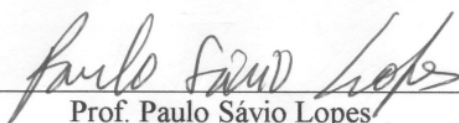
Prof. Lúcio Alberto de Miranda Gomide
(Co-Orientador)



Prof. Robledo de Almeida Torres



Dra. Marta Fonseca Martins Guimarães



Prof. Paulo Sávio Lopes
(Orientador)

*À Silvana, ao Matheus, à Beatris e ao Assis e à Valda,
com todo o amor que houver nesta vida.*

AGRADECIMENTOS

A realização deste trabalho só foi possível devido ao esforço coletivo de diversas pessoas que, de uma forma ou de outra, contribuíram para o resultado gratificante alcançado, graças ao somatório de exaustivas ações e tarefas, as quais nem sempre lhes eram de dever ou obrigação.

Sou muito grato às seguintes organizações e aos respectivos profissionais, pela competente condução das diferentes etapas desta longa jornada: *Sadia S.A.*: Amaury Maciel, André Costa, Antoninho Zanuzzo, Cleomar Piola, Cleusa Spricigo, Flávio Munaretto, Flávio Fávero, Francisco Carnino, Iraldo Ebertz, José Luiz Costa, José Schwartz, José Zucchi, Marcelo Teixeira, Moacir Pegorini, Nelson Bauerman, Paulo Magalhães, Rafael Menute, Renato Dalla Costa, Roberto Detoni, Robson Pereira, Ronaldo Muller, Rosevaldo Zampronio e Vanderlei Lara.

Ao Amaury, pelo equilíbrio e apoio dentro e fora da Sadia.

Ao André, Pegorini, Iraldo, Bauerman e Renato “Galo” Dalla Costa, pelo sempre competente trabalho durante a formação da população experimental e pelo infinito senso de humor.

Ao Zanuzzo, nosso eterno mestre, cujos incentivos se sobressaem a qualquer obstáculo.

Ao Piola, pela ternura das suas atitudes perante este trabalho.

À Cleusa, ao “Zé” Schwartz, “Zé” Luiz, Robson, Rosevaldo e Zucchi, pelo integral apoio administrativo e operacional.

Ao “Flavião” Munareto, Marcelo, Rafael, Paulo e Roberto “Marola” e Vanderlei, pelas divertidas horas, mesmo diante das grandes responsabilidades.

Ao Sr. Flávio Fávero, pelo apoio e interesse demonstrado com os resultados desta pesquisa, e finalmente, ao Sr. Ronaldo Müller, pela ajuda em diversas situações, pela visão estratégica e pela consideração desde o início deste grande sonho, tornado agora realidade, provando mais uma vez que sonhar é possível e necessário.

Universidade Federal de Viçosa – UFV: aos professores Paulo Sávio Lopes, Simone Elisa Facioni Guimarães, Lúcio Alberto Miranda Gomide, Robledo Torres, Juarez Donzele e Paulo Cecon.

Ao meu orientador, professor Paulo Sávio, pelo apoio, pela amizade, pela consideração, pelo trabalho e pela infinita paciência diante de minhas limitações.

À professora Simone, pela incansável busca do saber, enriquecendo ainda mais cada trecho desta obra.

Ao professor Lúcio Gomide, pelo apoio e pela disponibilidade de sempre ensinar e corrigir.

Aos professores Robledo, Juarez e Cecon, pelos ensinamentos e pela ajuda nos momentos de maior dificuldade.

À Celeste e ao Adilson, pela sempre competente cooperação administrativa e aos inesquecíveis colegas de aulas, pelo incansável trabalho dentro do laboratório.

À Daniele, Dani Farias, Frederico, Guilherme, Kleibe e Paula.

Ao Leandro, pela sensacional ajuda no trabalho estatístico e pelo companheirismo durante todo o curso no Departamento de Zootecnia.

Universidade Estadual Paulista – UNESP Botucatu: À Dra. Charli Ludkte, pela amizade e dedicada colaboração nos trabalhos de qualidade de carne, sobretudo na quantificação da gordura intramuscular das muitas amostras sob sua responsabilidade.

Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC: ao professor Renato Irgang, pela consideração, pelas sugestões de melhoria e pelas análises estatísticas.

EMBRAPA Suínos e Aves: ao Dr. Antonio Guidoni, meu mentor matemático e inesgotável fonte de consultas e aprendizado durante e depois das análises estatísticas.

Editora Gênese InfoService Ltda.: ao Sr. Paulo Afonso e à sua esposa professora Eliane Ventura da Silva, pela formatação e revisão de Português desta tese, sempre sabendo melhorar o que já estava escrito.

Meu muito, mas muito obrigado mesmo, a todos vocês.

BIOGRAFIA

JOSÉ VICENTE PELOSO, filho de Vicente de Paula Mendes Peloso e Valda de Oliveira Peloso, nasceu na cidade do Rio de Janeiro, em 8 de novembro de 1962.

Em março de 1982, iniciou o curso de Medicina Veterinária na Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro-UFRRJ.

Em 1985, realizou estágio final curricular na EMBRAPA Suínos e Aves e na Sadia Concórdia, em 1986.

Em 1987, após obter o título de Médico Veterinário em 1986, iniciou carreira profissional na Pearson Saúde Animal.

Em 1989, iniciou o curso de Mestrado na *School of Agriculture, La Trobe University* em Melbourne, na Austrália, onde obteve o título de *Master of Agricultural Science* em julho de 1992.

Em agosto de 1992, iniciou atividade profissional na Sadia S.A., como pesquisador da Vice-Presidência Agropecuária, e posteriormente da Diretoria de Produção de Suínos.

Em 2002, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, em nível de Doutorado, na Universidade Federal de Viçosa – UFV, na área de Melhoramento Genético Animal.

Em agosto de 2006, submeteu-se aos exames finais de defesa de tese, para obtenção do título de *Doctor Scientiae* em Zootecnia.

Em 2006, iniciou atividade profissional na Elanco (*Eli Lilly and Company*), como Gerente de Processamento Industrial.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	viii
ABSTRACT.....	x
1. INTRODUÇÃO	1
1.1. Objetivos	3
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1. Formação da matéria-prima	4
2.2. Melhoramento genético quantitativo e molecular	4
2.3. O RNA mensageiro e a expressão gênica no tecido muscular	7
2.4. Métodos de quantificação de RNA e análise da expressão gênica	8
2.5. PCR quantitativo em tempo real (<i>q</i> PCR)	9
2.6. Características do tecido muscular	11
2.7. Seleção e desenvolvimento muscular	12
2.8. A importância da gordura intramuscular nos derivados de carne suína ..	13
2.9. A utilização da raça Duroc na produção de presuntos maturados	14
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	16
Características da carcaça e do pernil de suínos Duroc x Large White destinados à produção industrial de presuntos maturados	24
Resumo	24
Abstract	25
1. Introdução	26
1.1. Objetivos	27

	Página
2. Material e Métodos	27
2.1. Produção da população experimental	27
2.2. Abates e tipificação das carcaças	29
2.3. Biometria do pernil e qualidade da carne	31
2.4. Quantificação da porcentagem de gordura intramuscular	33
2.5. Análise estatística	33
3. Resultados e Discussão	35
3.1. Análise da qualidade da carcaça e do pernil dentro do peso de abate de 130 kg	35
3.2. Análise da qualidade do pernil dentro do peso de abate de 130 kg	40
3.3. Análise da qualidade da carcaça e do pernil dentro do peso de abate 160 kg	49
3.4. Qualidade da carcaça e do pernil no grupo de 130 + 160 kg	57
4. Conclusões	59
Referências Bibliográficas	60
Nível de expressão dos genes FABP3 e FABP4 em uma população de suínos Large White X Duroc destinados à produção industrial de presuntos maturados	67
Resumo	67
Abstract	68
1. Introdução	69
1.1. Objetivos	70
2. Material e Métodos	71
2.1. Coleta de amostras de músculo para a extração do mRNA e qPCR.....	71
2.2. Extração do RNA das amostras do músculo <i>Semimembranosus</i>	72
2.3. Tratamento com DNase	73
2.4. Síntese, amplificação, detecção e quantificação do cDNA	74
2.5. Análise estatística	75
3. Resultados e Discussão	76
4. Conclusões	83
Referências Bibliográficas	84
CONCLUSÕES GERAIS	89
APÊNDICES	92

RESUMO

PELOSO, José Vicente, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2006.
Qualidade da carcaça e níveis de expressão dos genes FABP3 e FABP4 em suínos destinados à produção industrial de presuntos maturados. Orientador: Paulo Sávio Lopes. Co-Orientadores: Simone Eliza Facioni Guimarães e Lúcio Alberto de Miranda Gomide.

O presunto maturado seco possui alto valor agregado para a indústria processadora de carne suína. Aliada ao longo tempo de maturação, a produção deste tipo de presunto demanda o abate de suínos pesados e com quantidades adequadas de gordura extra e intramuscular no pernil. O presente trabalho foi composto de dois estudos. Os objetivos do primeiro foram comparar e correlacionar as características de carcaça e pernil em uma população com distintos pesos de abate (130 e 160 kg). Objetivou-se também identificar quais grupos, dentro de cada peso de abate e sexo, melhor atenderiam às características de qualidade para o processamento de presuntos maturados. Foram utilizados 1.121 suínos, divididos em cinco grupos genéticos, formados por meio de cruzamentos entre Duroc, Large White e Landrace, e dois sexos (machos castrados e fêmeas). As características avaliadas nas carcaças e nos respectivos pernis foram: peso da carcaça quente (PCQ), espessura de toucinho (ET), profundidade do lombo (PM), peso bruto do pernil (PB), peso refilado do pernil (PR), espessura da gordura interna do pernil (EIN), espessura da gordura externa do pernil (EEX), pH (PH), cor (COR) e % gordura intramuscular (GIM). Os efeitos de grupo genético, peso de abate e sexo nas características da carcaça e do pernil foram determinados por meio

do Modelo Linear Geral (GLM). As médias de cada característica foram comparadas entre si, dentro de cada peso de abate, por meio do teste de Student-Newman-Keuls (SNK). Aos 130 kg, os grupos genéticos formados por cruzamentos entre Duroc e Large White apresentaram ET intermediária, quando comparados aos grupos formados por animais puros Duroc (DUDU) e Large White (WIWI). Este último, assim como as fêmeas, produziu carcaças com menor quantidade de gordura. A EIN foi igual entre todos os grupos e a EEX foi maior no DUDU. O pH não foi diferente entre os grupos, e somente o DUDU apresentou GIM significativamente diferente dos demais. Houve efeito significativo de sexo para PB, PR, EEX e EIN. Aos 160 kg, as carcaças dos machos apresentaram maior ET, EIN e EEX e menor PM, PR e COR que as das fêmeas. Não houve diferença para essas características entre os grupos genéticos. Estes resultados permitem concluir que a inclusão da raça Duroc, concomitante ao uso de machos castrados, atende às características de qualidade do pernil destinado à maturação, principalmente no peso de 160 kg. O segundo estudo objetivou medir a expressão dos genes FABP3 e FABP4 na musculatura do pernil por meio da Reação em Cadeia da Polimerase Quantitativa (*qPCR*) apenas dentro do peso 130 kg. Objetivou-se também comparar a expressão destes genes entre os grupos genéticos e os sexos, assim como associar a expressão gênica do FABP3 e FABP4 às características da carcaça e pernil. Foram utilizadas 54 amostras do músculo *Semimembranosus* para a extração do RNA total. A expressão dos genes FABP3 e FABP4 foi determinada por meio de PCR em tempo real, com a tecnologia Taqman™, empregando o método de quantificação relativa (comparativo) nas avaliações. Os níveis médios de expressão foram comparados entre os grupos genéticos e os sexos, por meio do teste de Student-Newman-Keuls. A quantidade relativa de mRNA dos genes FABP3 e FABP4 apresentaram alta variabilidade. Não houve efeito significativo de grupo genético e sexo nos níveis de expressão do FABP4. Houve interação entre grupo genético e sexo na quantidade relativa de mRNA do gene FABP3. Foi encontrada correlação significativa entre os níveis de expressão dos genes FABP3 e FABP4, mas as correlações obtidas entre a quantidade relativa destes genes e a ET, PB, PR, EIN, EEX e GIM foram baixas e não-significativas. Estes resultados indicam forte associação entre a expressão gênica do FABP3 e FABP4 nesta população. Entretanto, não foi encontrada, entre os grupos genéticos e os sexos avaliados, diferença significativa a 5% nos níveis de expressão de ambos os genes.

ABSTRACT

PELOSO, José Vicente, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August of 2006.
Carcass quality and FABP3 and FAPB4 contents in pigs used for dry-cured ham production. Adviser: Paulo Sávio Lopes. Co-Advisers: Simone Eliza Facioni Guimarães and Lúcio Alberto de Miranda Gomide.

Dry cured ham has a high added value in the pork processing industry. Combined with long curing time, the production of this type of ham requires the slaughtering of heavy pigs exhibiting the adequate amounts of extra and intramuscular ham fatness. The present work consisted of two studies. The first study aimed to compare and correlate the carcass and ham traits of a pig population with different weights at slaughter (130 and 160 kg) as well as to identify which weight at slaughter and sex groups would better meet the quality traits for cured ham processing. A total of 1.121 pigs were divided into five genetic groups, formed by Duroc, Large White and Landrace crosses, and two sexes (castrates and females). The carcass and respective ham traits evaluated were: hot carcass weight (HCW), backfat thickness (BT), loin depth (LD), gross ham weight (GHW), trimmed ham weight (THW), ham internal fat thickness (HIFT), ham external fat thickness (HEFT), pH (PH), color (COL) and % intramuscular fat (IMF). The effects of genetic group, weight at slaughter and sex on carcass and ham traits were determined by the General Linear Model (GLM). The means of each trait were compared to one another for each weight at slaughter, using the Newman-Keuls-Student test (SNK). At 130 kg, the genetic groups formed by Duroc and Large White crosses presented intermediary BT, compared to the groups formed by

pure Duroc (DUDU) and Large White (WIWI). The latter as well as the females produced carcass with less fat. HIFT was equal for all groups and HEFT was higher than in DUDU; pH was not different among the groups and only DUDU presented IMF significantly different from the others. A significant sex effect was observed for GHW, THW, HEFT and HIFT. At 160 kg, the male carcasses presented higher BF, HIFT and HEFT and lower LD, THW and COL than the females. No difference was found for these traits among the genetic groups. These results allow the conclusion that Duroc inclusion, concomitantly to the use of castrates, meets the quality traits of ham selected for curing, especially at the 160 kg weight. The second study aimed to measure the expression of the genes FABP3 and FABP4 in ham musculature by means of Quantitative Polymerase Chain Reaction (qPCR) but only in the 130 kg weight group. Another objective was to compare the mRNA content among the genetic groups and sexes, as well as to associate FABP3 and FABP4 expression to the carcass and ham traits. A total of 54 samples of the *Semimembranosus* muscle were used for total RNA extraction. FABP3 and FABP4 content was determined by means of real time PCR, applying Taqman™ technology and the comparative method of relative quantification.. The mean expression levels were compared between the genetic groups and sexes by the Newman-Keuls-Student test (SNK). The relative mRNA amount of the genes FABP3 and FABP4 presented high variability. No significant genetic group and sex effect on FABP4 content were observed. Genetic group x sex interaction was observed in the relative amount of mRNA in FABP3. A significant correlation was found between the FABP3 and FABP4 contents but the correlations obtained between the relative contents of these genes and BF, GHW, THW, HIFT, HEFT and IMF were low and non-significant. These results indicate a strong association between FABP3 and FABP4 expression in this population. However, no significant difference at 5% in the contents of both genes was found between the genetic groups and the sexes evaluated.

1. INTRODUÇÃO

A espécie suína passou, e ainda passa, por uma intensa transformação qualitativa nas últimas cinco décadas. A partir de 1960 houve aumento na sua capacidade de depositar proteína em crescentes quantidades de tecido magro na carcaça. Nesse período, boa parte dos ganhos em massa muscular foi obtida por meio da aplicação de métodos de melhoramento genético quantitativo. A seleção de animais para características de desempenho e volume muscular, aliada à especialização e à introdução de melhorias tecnológicas nos seus modos de produção (granjas, nutrição e sanidade) e no seu modo de obtenção e uso (abates, frigoríficos, processamento e comercialização), tornou a carne suína uma *commodity* possível de ser produzida e consumida em escala global. Seus derivados formam hoje o conjunto de proteínas de origem animal terrestre mais utilizado na alimentação humana, tendo ultrapassado a preferência dos consumidores pela carne bovina. Atualmente é a segunda carne mais consumida no mundo, depois da carne de animais marinhos e de água-doce (peixes e crustáceos) (DESOUZART, 2004).

Admite-se uma contribuição genética de 20 a 30% na composição da qualidade tecnológica da musculatura e da carne do suíno. O restante da variação é consequência de fatores de ambiente do pré e do pós-abate (GUÀRDIA *et al.*, 2004; HAMBRECHT, 2004), com destaque para as condições inadequadas de abate e respectivos prejuízos ao bem-estar animal e à qualidade final da carne (FÀBREGA *et al.*, 2002; NANI COSTA *et al.*, 2002). Interagindo com fatores ambientais, a segregação na geração de abate de genes controladores de características quantitativas da carne e da gordura define a

formação da matéria-prima para industrialização, a qualidade dos respectivos produtos dela derivados e, invariavelmente, a aceitação ou rejeição de produtos à base de carne suína pelos consumidores (STALDER *et al.*, 1998; FERNANDEZ *et al.*, 2002).

A seleção genética voltada para o aumento da qualidade da carne e da gordura não permite somente a adequação da cor, da maciez e do “marmoreio” (% gordura intramuscular – GIM), estando também relacionada à diminuição da variabilidade, já que a seleção, contra ou a favor, de determinado gene permite que grandes avanços sejam obtidos na direção desejada (PLASTOW *et al.*, 2005). Outro aspecto é que a seleção permite diferenciação para mercados específicos. Um teor de gordura intramuscular geralmente acima de 2,8% é desejado em presuntos maturados e lombos temperados, enquanto quantidades de gordura abaixo deste valor são necessárias em derivados como o presunto cozido e o bacon fatiado (VIRGILI e SCHIVAZAPPA, 2002; PASTORELLI *et al.*, 2003). Para os interessados no controle dessa característica, o desafio é atender a uma determinada GIM nos produtos processados, sem promover significativa alteração nos outros depósitos de gordura da carcaça (subcutânea, abdominal e intermuscular).

Os genes que codificam para as proteínas transportadoras de ácidos-graxos nos adipócitos (*A-FABP*) e no coração (*H-FABP*) têm sido sugeridos como marcadores moleculares para GIM em determinadas populações sob seleção (GERBENS, 2004). Inicialmente, a seleção para GIM tornou-se possível devido ao mapeamento desses genes nos cromossomos 6 e 4, com a utilização de análises de segregação em populações divergentes Meishan X Landrace e Duroc X Large White (GERBENS *et al.*, 1998; 2001). A possibilidade de atingir a porcentagem ótima de GIM por meio de marcadores moleculares em populações de suínos especializados na produção de presuntos de longa maturação é bastante atraente e demanda novas investigações. A avaliação da expressão desses genes em populações produzidas a partir de cruzamentos de machos Duroc com fêmeas Large White e Large White X Landrace e o abate destes animais com mais de 130 kg fornecem uma oportunidade de utilização desses genes na produção industrial de presuntos de alto valor agregado.

1.1. Objetivos

- Avaliar, *post mortem*, as características da carcaça, da qualidade da carne e da quantidade de gordura no pernil de suínos de diferentes grupos genéticos, em dois sexos e com dois pesos de abate.

- Quantificar a expressão dos genes *FABP3* e *FABP4* no músculo *Semimembranosus* e associá-la às características de qualidade da carcaça e do pernil destinado à produção industrial de presuntos maturados.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Formação da matéria-prima

No chamado “peso econômico de abate”, isto é, algo entre os 110 e os 130 kg, o suíno possui em média 40% de tecido muscular estriado esquelético e aproximadamente 15 a 17% de gordura (intra + extramuscular + *toucinho*), o que representa para a indústria processadora um conteúdo entre 42 e 48 kg de carne magra e 16 e 20 kg de gordura por animal abatido, nesta amplitude de peso (KOLSTAD, 2001; MONZIOLS *et al.*, 2006). Ao final da fase de terminação, os suínos estão, em teoria, prontos para a transformação em matéria-prima, visando agregação de valor por meio da industrialização. Assumindo que o início da formação dessa matéria-prima passe a ser medido a partir do momento da concepção, em vez do momento do nascimento, verifica-se que uma proporção considerável do tempo necessário para se atingir o peso de abate é passada dentro do útero (Tabela 1).

2.2. Melhoramento genético quantitativo e molecular

Os objetivos dos programas de melhoramento genético dos animais de carne têm sido até aqui focados em índices de desempenho no meio criatório e na qualidade da carcaça, e com o suíno não foi diferente. Somados, esses critérios de seleção resultaram em melhorias substanciais em características como prolificidade, taxa de crescimento,

Tabela 1 – Tempo aproximado de crescimento (dias) até o peso de abate a partir do momento da concepção, em espécies produtoras de carne

Desenvolvimento	Bovino	Ovino	Suíno	Frango
Membros anteriores	24	20	16-17	2,2
Membros posteriores	26	21	17-18	2,2
Feto	45	21	20	5
Nascimento	285	150	112	22
Até o abate	850	350	270	70
% tempo pré-natal	33	43	42	31

Fonte: Swatland (1984).

conversão alimentar e também na relação carne/gordura da carcaça (DE VRIES *et al.*, 1998). É aceito que uma característica quantitativa é influenciada por diversos genes localizados em seus respectivos *loci* nos cromossomos, os quais, em geral, têm pequenos efeitos individuais relativos à variação total da característica (DE VRIES *et al.*, 2000; WEBB, 2000). Na variância fenotípica total, a parte que é determinada pelo efeito aditivo dos genes que controlam a característica investigada é denominada de herdabilidade (h^2) (DE VRIES e VAN DER WAL, 1993). A herdabilidade é, entretanto, uma propriedade não somente de uma característica, mas também da população e das circunstâncias de ambiente às quais os indivíduos estão submetidos. Maiores variações destas condições reduzem a h^2 , enquanto maiores uniformidades aumentam-na. Conseqüentemente, diferentes determinações da h^2 de uma mesma característica mostram uma considerável faixa de variação (Tabela 2). Este fato é parcialmente atribuído à amostragem, porém algumas variações refletem diferenças reais entre as populações ou nas condições sob as quais elas foram estudadas (FALCONER, 1987).

O material genético dos suínos contido nos 19 pares de cromossomos constitui um dos genomas mais complexos entre os seres vivos eucariotos. Estima-se que nesta espécie o genoma possua 3,3 bilhões de pares de bases, que contêm mais de 100.000 genes estruturais (MEADUS, 2000). Entretanto, o número exato de genes nas células, o que codificam e como ocorre a regulação entre eles próprios ainda estão para ser elucidados. Alguns estudos sugerem que menos de 10% do DNA da espécie suína corresponda a seqüências que codificam proteínas, o que representa uma pequena porção do genoma. O restante do material genético tem função ainda desconhecida. Contudo, nestes últimos anos tem-se demonstrado que essas seqüências podem interferir na regulação dos genes. Essas observações, além de mostrarem a complexidade do

Tabela 2 – Características de qualidade da carcaça, da carne e da gordura suína e suas respectivas herdabilidades (h^2)

Características	h^2	Referências
Ácido esteárico C18:0	0,41	Fernández <i>et al.</i> (2003)
Ácido linoléico C18:2	0,29	Fernández <i>et al.</i> (2003)
Ácido oléico C18:1	0,30	Fernández <i>et al.</i> (2003)
Ácido palmítico C16:0	0,31	Fernández <i>et al.</i> (2003)
Área de olho de lombo	0,47	Cameron (1990)
CRA ¹	0,20 – 0,30	Knapp <i>et al.</i> (1997); Tribout e Bidanel (2000)
Catepsina B	0,23 – 0,28	Russo <i>et al.</i> (2000)
Colágeno	0,30	Tribout e Bidanel (2000)
Comprimento de carcaça	0,50	Hermesch <i>et al.</i> (2000); Sonesson <i>et al.</i> (1998)
Cor (minolta L*; FOP ²)	0,29 – 0,30	Hovenier <i>et al.</i> (1992); Andersen e Pedersen (2000)
Espessura de toucinho	0,50	Hermesch <i>et al.</i> (2000a); van Wijk <i>et al.</i> (2005)
Força para o corte (<i>Shear</i>)	0,30	Cameron (1990)
Gordura intramuscular	0,50 – 0,61	Sonesson <i>et al.</i> (1998); Newcom <i>et al.</i> (2002)
Maciez	0,30	Tribout e Bidanel (2000)
Perda no cozimento	0,20	Tribout e Bidanel (2000)
pH último	0,20 – 0,39	Hovenier (1993); de Vries e van der Wal (1993)
Rendimento de carcaça	0,30	Hermesch <i>et al.</i> (2000a)
Rendimento de carne	0,48	Hermesch <i>et al.</i> (2000a)
Rendimento de pernil	0,57	Andersen e Pedersen (2000)

¹ Capacidade de retenção de água.

² *Fibre optic probe*.

genoma, indicam a dificuldade em explicar as interações entre os genes e os seus produtos. Dados experimentalmente acumulados favorecem a hipótese de que essas interações, que são mais numerosas em animais do que em plantas, podem contribuir para a complexidade do genoma. Isto significa que um gene pode ter várias funções, de acordo com as células nas quais é expresso e também com a fase de desenvolvimento do animal (HOUBA e TE PAS, 2004).

Atualmente, o maior esforço da genética molecular é a identificação de seqüências codificadoras ou unidades de transcrição do DNA que são associadas a uma característica expressa em um órgão ou tecido específico (EGGEN e HOCQUETTE, 2003). O verdadeiro desafio não é o conhecimento do genoma físico propriamente dito, mas a compreensão de quais genes são transcritos e traduzidos em produtos protéicos e como esses processos são regulados. Essas seqüências codificadoras são responsáveis

por uma função particular ou um fenótipo específico. Algumas dessas proteínas são expressas no tecido muscular (carne) ou no tecido adiposo (gordura), possuindo comprovado efeito em características de interesse para o processamento industrial e, conseqüentemente, para o consumo humano, sendo ao mesmo tempo passíveis de seleção (MEADUS, 1998; HOUEBINE, 2002).

Aproxima-se de 2.000 o número de genes publicados em mapas genéticos, e atualmente estão identificados diversos genes candidatos de grande importância para a qualidade final da carne e da gordura suína. O respectivo aproveitamento industrial desses genes pela indústria de processamento da carne suína foi recentemente demonstrado e discutido (HENCKEL, 2002; ROTHCHILD, 2002, 2003, 2004; PLASTOW, 2003; PLASTOW *et al.*, 2005).

2.3. O RNA mensageiro e a expressão gênica no tecido muscular

A genética está dividida em duas áreas: a caracterização da natureza física do genoma total (*genômica estrutural*) e a caracterização dos modelos gerais da expressão gênica do mRNA e de proteínas (*genômica funcional*). Entende-se por expressão gênica os processos pelos quais a informação contida na estrutura do DNA é transmitida para os RNAs e produtos protéicos (EGGEN e HOCQUETTE, 2003). Nos suínos, o músculo esquelético é um dos tecidos-alvo para o isolamento de genes que possuem efeitos em importantes características de desempenho e qualidade de carne (DAVOLI *et al.*, 2002; FONTANESI *et al.*, 2003). Este fato se justifica, por exemplo, pela relação entre genes expressos, miogênese e características da fibra muscular (HOUBA e TE PAS, 2004). Ao mesmo tempo, o conhecimento dos transcritos de RNA obtidos a partir da musculatura dos suínos ajuda a explicar as variações freqüentemente encontradas em características de qualidade da carne avaliadas *post-mortem* (HOUBA e TE PAS, 2004).

Assim como em outras células eucarióticas, existem três classes mais abundantes de ácido ribonucléico – RNA – na célula muscular ou miofibril: o RNA mensageiro (mRNA), o RNA transportador (tRNA) e o RNA ribossomal (rRNA). Estes dois últimos são freqüentemente referidos como RNA estáveis, por possuírem uma meia-vida bem mais extensa do que a do mRNA. Porém, o rRNA constitui sozinho mais de 80% do RNA total da célula (JONES *et al.*, 1994). A maioria das células contém de 60 a 70 diferentes tRNAs, enquanto o número de mRNAs passa dos milhares e tem tamanho amplamente variado. Os mRNAs eucarióticos representam apenas uma pequena fração

do RNA celular total (~3% da massa) e são bastante heterogêneos com relação ao seu tamanho, refletindo a diversidade de produtos dos genes que eles codificam. O mRNA possui a mesma função em todas as células, embora existam importantes diferenças nos detalhes da síntese e da estrutura entre mRNAs procarióticos e eucarióticos (DARNELL *et al.*, 1990). Uma das principais diferenças na produção do mRNA depende dos locais onde a transcrição e a tradução ocorrem. Em uma célula eucariótica, como a miofibrila, a síntese e a maturação do mRNA ocorrem exclusivamente no núcleo. Somente depois que estes eventos forem completados é que o mRNA é transportado para o citoplasma, onde é traduzido por ribossomos. A meia-vida ou estabilidade do mRNA em células animais varia entre 4 e 24 horas (LEWIN, 2001).

Uma típica célula muscular pode conter até 40.000 moléculas de mRNA, as quais, em qualquer momento, representam aproximadamente 5.000 espécies moleculares de mRNA. A maioria dos transcritos está presente em apenas uma ou duas cópias por célula, codificando para as proteínas de menor abundância. Cada célula possui cerca de 1 bilhão de moléculas de proteínas; as 100 mais abundantes representam cerca de 90% da massa protéica celular. Levando em consideração o *splicing* alternativo em nível da transcrição e as modificações co e pós-traducionais dos polipeptídeos, o número de proteínas é muito maior do que o número de genes ativos e tipos de mRNA. É estimado que cada célula expressa até 100.000 diferentes proteínas derivadas de 5.000 moléculas de mRNA (WIMMERS *et al.*, 2004).

O primeiro mapa do transcrito genômico da musculatura esquelética em suínos foi produzido por meio de bibliotecas de cDNA por Davoli *et al.* (2000, 2002), abrangendo 107 genes (correspondentes a 171140 pb), que se expressam no tecido muscular, incluindo o *CTSB* (enzima lisossomal catepsina B) e o *CSTB* (enzima inibidora cistatina B) (RUSSO *et al.*, 2002, 2003). Tanto o *CTSB* como o *CSTB* impactam na produção de presuntos maturados, pois a maciez excessiva, freqüente problema de qualidade encontrado na produção industrial desses presuntos, é causada pelo aumento da atividade da *CTSB*, mantida durante todo o tempo (10 a 13 meses) de maturação (GARCÍA-GARRIDO *et al.*, 2000).

2.4. Métodos de quantificação de RNA e análise da expressão gênica

Uma célula contém milhares de genes, mRNAs e proteínas, resultando, após homogeneização em laboratório, em uma mistura complexa de todas as suas

macromoléculas. Assim, é praticamente impossível investigar a expressão de determinado gene com técnicas que não possam discriminar a sua sequência e forma. Reações de hibridização, isto é, a renaturação da dupla hélice do DNA após o rompimento das pontes de hidrogênio por ação de alta temperatura ou pH alcalino, e que empregam sondas moleculares (fragmentos específicos de DNA purificados e marcados com radioisótopo ou quimicamente) de DNA ou RNA, possibilitam investigar as variações na expressão de um determinado gene, bem como determinar se estas mudanças estão agindo durante a transcrição ou na tradução do mRNA.

Segundo Alvares (2001), a transcrição reversa, seguida pela reação em cadeia da polimerase (RT-PCR), é uma das técnicas mais utilizadas para investigação da expressão gênica em laboratórios de biotecnologia. Esta técnica consiste na síntese de um DNA complementar (cDNA) a partir de um RNA-molde, por meio da enzima Transcriptase Reversa. O cDNA sintetizado é então amplificado exponencialmente pela reação em cadeia da polimerase (PCR) e pode ser facilmente detectado. A detecção de qualquer marcador tecido específico por RT-PCR requer a determinação de sua sequência gênica, sendo o método mais sensível para detecção de mRNA (ou RNA total) em pequena quantidade, obtido a partir de amostras limitadas de tecido (VALASEK e REPA, 2005).

2.5. PCR quantitativo em tempo real (qPCR)

A aplicação de técnicas de fluorescência para a RT-PCR, juntamente com equipamentos adequados capazes de combinar amplificação, detecção e quantificação, tem conduzido ao desenvolvimento de metodologias de RT-PCR cinética que estão revolucionando as possibilidades para quantificação de ácidos nucléicos (GABRIEL, 2001). Todos os equipamentos disponíveis no mercado funcionam sem a necessidade de manipulação pós-amplificação. Existem atualmente várias técnicas capazes de detectar o produto amplificado com aproximadamente a mesma sensibilidade. Elas utilizam corantes fluorescentes e combinam os processos de amplificação e detecção de um RNA-alvo para permitir o monitoramento da PCR em tempo real. Sua alta sensibilidade elimina a necessidade de uma segunda etapa de amplificação e reduz as chances de aparecimento de resultados falso-positivos (WACKER e GODARD, 2005). O método mais simples usa corantes fluorescentes que se ligam especificamente ao DNA fita dupla. Os outros métodos baseiam-se em sondas de hibridização marcadas com

fluorescência para o *amplicon* correto. Os métodos diferem na sua especificidade, embora nos últimos ciclos de amplificação todos possam mostrar habilidades não correlacionadas ao acúmulo de produtos específicos (VALASEK e REPA, 2005).

Na *qPCR* as curvas de amplificação são mostradas graficamente em tempo real pelo *software*, para auxiliar na determinação do ciclo no qual a fluorescência alcança o “nível limiar” (*Threshold level* ou C_T). Durante a amplificação, quanto mais rápido o sinal fluorescente alcança o C_T na fase exponencial da reação, maior é a quantidade da sequência-alvo na amostra original, permitindo, deste modo, a quantificação. O valor do C_T é inversamente proporcional à quantidade de sequências específicas de ácidos nucléicos contidas na amostra inicial. Tanto a quantificação relativa quanto a absoluta da expressão gênica utilizam o valor do C_T para quantificar o cDNA e, conseqüentemente, para determinar a expressão gênica.

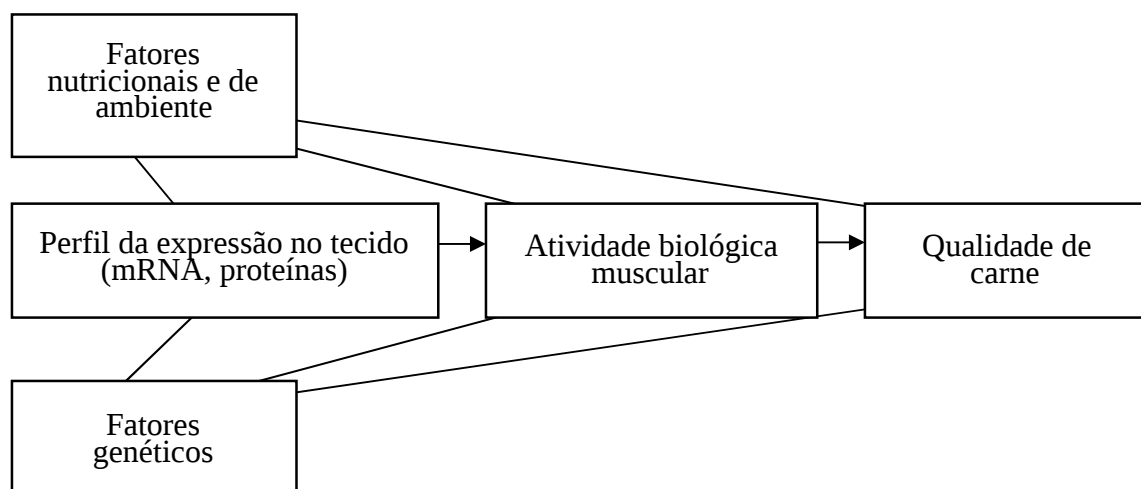
Apesar de ser uma técnica que vem sendo utilizada com crescente freqüência em estudos de expressão gênica que envolvem humanos (AERTS *et al.*, 2001) e animais de importância zootécnica, como bovinos (YANG *et al.*, 2003; TANIGUCHI *et al.*, 2004), ovinos (DANIEL *et al.*, 2004) e suínos (DUGAN *et al.*, 2002; CARRODEGUAS *et al.*, 2005; RAMSAY e RICHARDS, 2005), a *qPCR* possui seus percalços. Para que os resultados obtidos tenham validade biológica, é muito importante atentar para os seguintes detalhes durante a execução da *qPCR*: 1) *Qualidade do RNA* – Diferente do DNA, que é uma molécula bastante resistente, o RNA é extremamente frágil tão logo é removido do seu ambiente celular. Portanto, sua purificação é muito mais complicada do que a do DNA, e um molde adequado para ser incluído em uma *qPCR* deve preencher as seguintes condições: *i*) tem de ser de alta qualidade para que os resultados quantitativos sejam relevantes; *ii*) precisa ser livre de DNA, especialmente se o alvo é um gene sem introns; *iii*) não pode haver uma co-purificação de inibidores da etapa da RT; e *iv*) necessita ser livre de nucleases para um prolongado armazenamento. Uma segunda questão está relacionada à presença de inibidores em preparações de RNA-molde. Por exemplo, o músculo esquelético contém inibidores de polimerases, por exemplo, a *Taq* (BUSTIN e NOLAN, 2004). 2) *Análise dos dados* – O C_T se tornou o parâmetro mais convenientemente e mais freqüentemente apresentado quando da apresentação de resultados da *qPCR*. Entretanto, é importante considerar cuidadosamente o que o C_T revela e indagar se o valor do C_T é informativo o suficiente para permitir uma avaliação confiável de qualquer conclusão obtida a partir de um experimento envolvendo *qPCR*. A escolha do C_T é arbitrária e está condicionada à

fluorescência calculada da reação. A palavra crítica é a “escolha” do C_T , já que a fluorescência não possui valor constante ou absoluto, mas é influenciada pelas mudanças nas condições de reação. Desta forma, se a fluorescência varia, o valor do C_T atribuído à qualquer amostra em particular também irá variar. Um C_T positivo (definido como uma leitura fluorescente menor do que o número do ciclo final) pode acontecer devido à verdadeira amplificação, mas alguns valores de C_T não são devidos a amplificações genuínas, e algumas genuínas amplificações não produzem um C_T válido (BUSTIN e NOLAN, 2004).

2.6. Características do tecido muscular

Os músculos estriados esqueléticos são responsáveis pelo movimento corporal, e eles são compostos de células fusiformes multinucleadas arranjadas em miofibrilas. Cada miofibrila é formada por dois tipos de filamentos longitudinais. O filamento grosso contém majoritariamente a proteína miosina, que por sua vez consiste de duas cadeias polipeptídicas idênticas. Pequenas projeções globulares em uma das cadeias formam a cabeça, as quais possuem sítios de ligação e capacidade enzimática de hidrolizar ATP. Os filamentos finos contêm as proteínas actina, tropomiosina e troponina. Uma característica única da musculatura esquelética é a sua diversidade, que é oriunda do seu desenho ou formato, do seu tipo de fibra, ou, ainda, da composição e heterogeneidade individual das fibras (LEFAUCHEUR *et al.*, 2002). É sabido que nenhum músculo do suíno é idêntico a outro, devendo ser ressaltado que entre distintos grupos genéticos músculos homólogos exibem diferenças na composição da fibra (GRANT e GERRARD, 1998; KARLSSON *et al.*, 1999). Em toda sua extensão, uma única fibra pode conter centenas de micronúcleos, cada um controlando a síntese de proteínas ao redor do seu citoplasma. Assim sendo, uma fibra ou célula muscular pode ser considerada uma série de domínios mionucleares, cada um respondendo a distintos e localizados mecanismos de sinalização, que podem resultar em expressão gênica diferenciada dentro da fibra (ROSSER e BANDMAN, 2003).

A expressão gênica por meio da quantificação do mRNA é freqüentemente citada para genes que codificam proteínas ou enzimas com participação na miogênese, lipogênese ou na rota metabólica de deposição da gordura corporal, o que se justifica pela relação entre genes expressos, miogênese e características da fibra muscular (Figura 1).



Fonte: adaptado de Eggen e Hocquette (2003).

Figura 1 – Alinhamento dos fatores genéticos, nutricionais e de ambiente envolvidos na determinação da qualidade final da carne e da gordura em animais de corte.

2.7. Seleção e desenvolvimento muscular

Determinadas características de desempenho e qualidade da carcaça possuem correlação negativa com a miogênese e com o crescimento celular pós-natal da fibra muscular (BROCKS *et al.*, 2000; REHFELDT *et al.*, 2000). Somados, os efeitos da seleção fenotípica para estas características limitam o ganho genético no melhoramento da qualidade da carne devido ao aumento aleatório na frequência de genes com efeitos indesejáveis no desenvolvimento da fibra muscular e na quantidade e na qualidade da gordura (NÜRNBERG *et al.*, 1998; HENCKEL, 2002). Alterações no volume e na quantidade de fibras brancas em detrimento de fibras vermelhas têm, por exemplo, sido associadas ao aumento do potencial glicolítico e à excessiva diminuição dos depósitos de gordura intramusculares, causando acentuada acidez, perda da capacidade de retenção de água e comprometimento da maciez da carne (RAUW *et al.*, 1998; VAN LAACK *et al.*, 2001). Estas propriedades são indesejáveis do ponto de vista industrial, pois invariavelmente perpetuam problemas na qualidade final durante a transformação do músculo em carne e no produto acabado, impactando negativamente na atratividade de produtos cárneos perante o consumidor.

2.8. A importância da gordura intramuscular nos derivados de carne suína

Os dois depósitos de gordura de maior interesse para indústria da carne suína são a gordura subcutânea (*toucinho*) e a intramuscular (*marmoreio*). A espessura do *toucinho* (ET) continua sendo utilizada como um critério de seleção para rendimento de carne em grande parte dos programas de melhoramento genético de suínos. A seleção fenotípica para mais carne na carcaça resultou na diminuição da quantidade de gordura intramuscular e na piora da qualidade da carne, quando foram comparadas linhagens com menor e maior pressão de seleção para musculosidade (OKSBJERG *et al.*, 2000; LONERGAN *et al.*, 2001). Este efeito é devido à moderada e positiva correlação genética entre a ET e o *marmoreio*, correlação esta obtida em diferentes condições experimentais (HERMESCH *et al.*, 2000b; HUFF-LONERGAN *et al.*, 2002; WOOD *et al.*, 2004).

Suínos que se destinam à produção de presuntos de longa maturação (tipo *Parma*TM e tipo *Serrano*TM, entre outros) devem possuir alta concentração de GIM e espessura regular de toucinho no pernil, preferencialmente maior que 8 mm (SABBIONI *et al.*, 2005). A gordura do pernil é rica em ácidos graxos mono e polinsaturados (MUFA e PUFA, respectivamente), e este fato possui implicações sensoriais e nutricionais. O aspecto nutricional está relacionado à composição dos ácidos graxos devido aos efeitos que dietas ricas em PUFA e MUFA possuem na diminuição dos níveis de colesterol no sangue e por estarem relacionadas à baixa incidência de doenças cardiovasculares em humanos. Por outro lado, a gordura influencia as características químicas e sensoriais do presunto, pois durante a maturação os lipídios estão sujeitos a ambos os processos lipolíticos e oxidativos. A lipólise produz ácidos graxos livres, que podem sofrer oxidação, com a subsequente produção de compostos voláteis que são os responsáveis pelo aroma e pelo sabor característicos identificados em análises sensoriais realizadas ao fim da maturação (BOSI *et al.*, 2000; PASTORELLI *et al.*, 2003). Como dificultador, a GIM é uma característica de medição imprecisa nos animais vivos, sendo de uso restrito e de pouca utilização como critério de seleção em programas de melhoramento genético. Apenas recentemente técnicas que utilizam varreduras de ultra-som demonstraram sua viabilidade comercial para medir GIM nos suínos antes do abate (FAUCITANO *et al.*, 2005; MÖRLEIN *et al.*, 2005). Para determinação da quantidade de gordura intramuscular em músculos da carcaça utilizam-se técnicas laboratoriais, como extração por solvente etéreo ou por meio de

espectrofotômetro, utilizando comprimento de onda perto do infravermelho - *NIRS* (GEERS *et al.*, 1995).

2.9. A utilização da raça Duroc na produção de presuntos maturados

Após um longo período de certo ostracismo, suínos da raça Duroc caminham para reconquistar o prestígio dentro da produção industrial de derivados da carne suína. Os atuais programas de melhoramento genético começam a utilizar esta raça como uma alternativa para melhorar a qualidade da carne e, conseqüentemente, a apresentação dos produtos processados (FÁVERO, 2004). O uso do Duroc como macho terminal é particularmente indicado para obtenção de animais de abate em que as características de qualidade da carne e gordura do pernil destinado à industrialização de produtos maturados são determinantes para a aceitação do mercado consumidor. Dentre essas características desejáveis destacam-se a proporção do ácido oléico na gordura, a GIM, o pH final e os atributos sensoriais, como coesividade, penetração do sal e sabor durante a mastigação (CILLA *et al.*, 2006).

Ao comparar a qualidade da carcaça e da carne entre suínos filhos de machos Duroc e machos Pietrian, Edwards *et al.* (2003) demonstram um valor de pH significativamente maior e perda por gotejamento menor nos animais filhos de Duroc. Nesse mesmo estudo, os filhos de Duroc também apresentaram maiores marmoreio e firmeza no músculo *Longissimus* (lombo). Todas essas características favorecem o processamento de produtos maturados, como salames e presuntos tipo ParmaTM ou SerranoTM. Dentro das características de processamento, Čandek-Potokar *et al.* (2002) obtiveram perda de peso significativamente menor durante a maturação do pernil oriundo de cruzamentos Duroc x Large White e Duroc x Landrace, quando comparada à do pernil obtido a partir de suínos Landrace x Landrace e Large White x Landrace. Resultados semelhantes e ainda favoráveis ao uso de animais de abate cruzados com Duroc foram obtidos por Sabbioni *et al.* (2004), durante o processamento de presuntos tipo ParmaTM. Entretanto, esses autores sugerem que a proporção da raça Duroc na população de abate não deve ultrapassar os 50%, devido à dificuldade de depilação da carcaça e ao excesso de GIM no pernil. Segundo Virgili e Schivazappa (2002), a raça Duroc contribui para aumentar a proporção de gordura no pernil destinado à obtenção de presuntos de alto valor agregado. O contrário, isto é, a utilização de pennis com alta deposição de carne, aumenta a umidade e o teor de ácidos graxos polinsaturados

(PUFA), concomitante com a diminuição do pH. Estas características são indesejáveis para a maturação, devido à suscetibilidade da gordura à rancificação e ao aumento da proteólise muscular.

Do ponto de vista da genética molecular, há ainda resultados favoráveis com o uso da raça Duroc na produção de presuntos maturados. Ao investigar, por meio de PCR, a frequência alélica de genes relacionados à qualidade de carne em amostras de músculo, Stalder *et al.* (2005) demonstram a baixa frequência do Halⁿ e do RN⁻ (2,5 e 1,7%, respectivamente) e a alta frequência do CAST Arg638 (80,2%) em uma população de Durocs fornecedora de pernis para produção deste tipo de presunto. A baixa frequência do Halⁿ e do RN⁻ está associada a características positivas para a maturação, como maior valor de pH e maior CRA. Já a alta frequência do CAST Arg638 está relacionada ao aumento do rendimento industrial devido à diminuição da perda de peso do pernil durante a maturação (STALDER *et al.*, 2005).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AERTS, J.; WYNENDAELE, W.; PARIDAENS, R.; CHRISTIAENS, M. -R.; BOGAERT, W. van den; OOSTEROM; van A. T.; VANDEKERCKHOVE, F. A real-time quantitative reverse transcriptase polymerase chain reaction (RT-PCR) to detect breast carcinoma cells in peripheral blood. *Annals of Oncology*, v. 12, p. 39-46, 2001.

ALVARES, L. E. Aplicação da RT-PCR nos estudos de expressão gênica. In: REGITANO, L. C. A.; COUTINHO, L. L. (Ed.) *Biologia molecular – Aplicada à produção animal*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001.

ANDERSEN, S.; PEDERSEN, B. Genetic parameters for colour traits and pH and correlation to production traits. In: WENK, C.; FERNÁNDEZ, J. A.; DUPUIS, M. (Ed.) *Quality of meat and fat in pigs as affected by genetics and nutrition*. Wageningen: Wageningen Press, 2000. p. 123-126.

BOSI, P.; CACCIAVILLANI, J. A.; CASINI, L.; Lo FIEGO, D. P.; MARCHETTI, M.; MATTUZZI, S. Effects of dietary high-oleic acid sunflower oil, copper and vitamin E levels on the fatty acid composition and the quality of dry cured Parma ham. *Meat Science*, v. 54, p. 119-126, 2000.

BROCKS, L.; KLONT, R. E.; BUIST, W.; de GREEF, K.; TIEMAN, M.; ENGEL, B. The effects of selection of pigs on growth rate vs leanness on histochemical characteristics of different muscles. *Journal of Animal Science*, v. 78, p. 1247-1254, 2000.

CAMERON, N. D. Genetic and phenotypic parameters for carcass traits, meat and eating quality traits in pigs. *Livestock Production Science*, v. 26, p. 119-135, 1990.

CARRODEGUAS, J. A.; BURGOS, C.; MORENO, C.; SÁNCHEZ, A. C.; VENTANAS, S.; TARRAFETA, L.; BARCELONA, J. A.; LÓPEZ, M. O.; ORIA, R.; LÓPEZ-BUESA, P. Incidence in diverse pig populations of an IGF2 mutation with potential influence on meat quality and quantity: An assay based on real time PCR (RT-PCR). *Meat Science*, v. 71, p. 577-582, 2005.

DANIEL, Z. C. T. R.; SALTER, A. M.; BUTTERY, P. J. Vitamin A regulation of stearoyl-CoA desaturase mRNA levels and fatty acid composition in sheep tissues. *Animal Science*, v. 78, p. 237-243, 2004.

DARNELL, J.; LODISH, H.; BALTIMORE, D. *Molecular cell biology*. 2. ed., New York: Scientific American Books, 1990.

DAVOLI, R.; BIGI, D.; FONTANESI, L.; ZAMBONELLI, P.; YERLE, M.; ZIJLSTRA, C.; BOSMA, A. A.; ROBIC, A.; RUSSO, V. Mapping of 14 expressed sequence tags (ESTs) from porcine skeletal muscle by somatic cell hybrid analysis. *Animal Genetics*, v. 31, p. 400-403, 2000.

DAVOLI, R.; FONTANESI, L.; ZAMBONELLI, P.; BIGI, D.; GELLIN, J.; YERLE, M.; MILC, J.; BRAGLIA, S.; CENCI, V.; CAGNAZZO, M.; RUSSO, V. Isolation of porcine expressed sequence tags for the construction of a first genomic transcript map of the skeletal muscle in pig. *Animal Genetics*, v. 33, p. 3-18, 2002.

de KONING, D. J.; HARLIZIUS, B.; RATTINK, A. P.; GROENEN, M. A. M.; BRASCAMP, E. W.; van ARENDONK, J. A. M. Detection and characterization of quantitative trait loci for meat quality traits in pigs. *Journal of Animal Science*, v. 79, p. 2812-2819, 2001.

de VRIES, A. G.; VAN DER WAL, P. G. Breeding for pork quality. In: PUOLANNE, E.; DEMEYER, D. I. (Ed.). *Pork quality: Genetic and metabolic factors*. Wallingford, UK: C.A.B. International, 1993. p. 58-75.

de VRIES, A. G.; FAUCITANO, L.; SOSNICKI, A.; PLASTOW, G. S. The use of gene technology for optimal development of pork meat quality. *Food Chemistry*, v. 69, p. 397-405, 2000.

DESOUZART, O. Como adaptar as novas tendências de demanda com o objetivo de aumentar o consumo de carne suína. In: ANAIS DO 2º CONGRESSO LATINO AMERICANO DE SUINOCULTURA E 4º CONGRESSO DE SUINOCULTURA DO MERCOSUL, Foz do Iguaçu, Paraná, Brasil, 2004.

DUGAN, M. E. R.; ROLLAND, D. C.; BEST, D. R.; MEADUS, W. J. The effects of feeding conjugated linoleic acid on pig liver vitamin A and retinol binding protein mRNA. *Canadian Journal of Animal Science*, v. 82, p. 461-463, 2002.

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.

EGGEN, A.; HOCQUETTE, J.-F. Genomic approaches to economic trait loci and tissue expression profiling: application to muscle biochemistry and beef quality. *Meat Science*, v. 66, p. 1-9, 2003.

FÀBREGA, E.; MANTECA, X.; FONT, J.; GISPERT, M.; CARRIÓN, D.; VELARDE, A.; RUIZ-DE-LA-TORRE, J. L.; DIESTRE, A. Effects of halothane gene and pre-slaughter treatment on meat quality and welfare from two pig crosses. *Meat Science*, v. 62, p. 463-472, 2002.

- FALCONER, D. S. Herdabilidade. In: UFV: Imprensa Universitária. *Introdução à genética quantitativa*. 1987. p. 128-160.
- FAUCITANO, L.; HUFF, P.; TEUSCHER, F.; GARIEPY, C.; WEGNER, J. Application of computer image analysis to measure pork marbling characteristics. *Meat Science*, v. 69, p. 537-543, 2005.
- FÁVERO, J. A. Retrospectiva – Duroc revalorizado. *Anuário da Suinocultura Industrial*, v. 175, n. 1, 2004.
- FERNÁNDEZ, A.; de PEDRO, E.; NÚÑEZ, N.; SILIÓ, L.; GARCÍA-CASCO, J.; RODRÍGUEZ, C. Genetic parameters for meat and fat quality and carcass composition traits in Iberian pigs. *Meat Science*, v. 64, p. 405-410, 2003.
- FERNANDEZ, X.; GILBERT, S.; VENDEUVRE, J.-L. Effects of halothane genotype and pre-slaughter treatment on pig meat quality. Part 2. Physico-chemical traits of cured-cooked ham and sensory traits of cured-cooked and dry-cured hams. *Meat Science*, v. 62, p. 439-446, 2002.
- GABRIEL, J. A. Emprego das técnicas de biologia molecular nos estudos de expressão gênica. In: REGITANO, L. C. A.; COUTINHO, L. L. (Ed.) *Biologia molecular – Aplicada à produção animal*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001.
- GARCÍA-GARRIDO, J. A.; QUILES-ZAFRA, R.; TAPIADOR, J.; LUQUE De CASTRO, M. D. Activity of cathepsin B, D, H and L in Spanish dry-cured ham of normal and defective texture. *Meat Science*, v. 56, p. 1-6, 2000.
- GEERS, R.; DECANNIERE, C.; VILLÉ, H.; van HECKE, P.; BOSSCHAERTS, L. Variability within intramuscular fat content of pigs as measured by gravimetric, FTIR and NMR Spectroscopy. *Meat Science*, v. 40, p. 373-378, 1995.
- GERBENS, F. Genetic control of intramuscular fat accretion. In: te PAS, M.F.W.; EVERTS, M. E.; HAAGSMAN, H. P. (Ed.) *Muscle development of livestock animals – Physiology, genetics and meat quality*. Wallingford, UK: CABI Publishing, 2004. p. 343-361
- GRANT, A. L.; GERRARD, D. E. Cellular and molecular approaches for altering muscle growth and development. *Canadian Journal of Animal Science*, v. 78, p. 493-502, 1998.
- GRINDFLEK, E.; SZYDA, J.; LIU, Z.; LIEN, S. Detection of quantitative trait loci for meat quality in a commercial slaughter pig cross. *Mammalian Genome*, v. 12, p. 299-304, 2001.
- GUÀRDIA, M. D.; ESTANY, J.; BALASCH, S.; OLIVER, M. A.; GISPERT, M.; DIESTRE, A. Risk assessment of PSE condition due to pre-slaughter conditions and RYR1 gene in pigs. *Meat Science*, v. 67, p. 471-478, 2004.
- HAMBRECHT, E. *Critical pre- and postslaughter factors in relation to pork quality*. Ph. D. thesis. Wageningen, Holland: Wageningen University, Wageningen Institute of Animal Sciences, 2004.

HENCKEL, P. Genetic improvement in meat quality: potentials and limitations. In: 7th *World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, França, 2002.

HERMESCH, S.; LUXFORD, B.G.; GRASER, H.-U. Genetic parameters for lean meat yield, meat quality, reproduction and feed efficiency traits for Australian pigs. 1. Description of traits and heritability estimates. *Livestock Production Science*, v. 65, p. 239-248, 2000a.

HERMESCH, S., LUXFORD, B.G., GRASER, H.-U. Genetic parameters for lean meat yield, meat quality, reproduction and feed efficiency traits for Australian pigs. 2. Genetic relationships between production, carcass and meat quality traits. *Livestock Production Science*, v. 65, p. 249-259, 2000b.

HOUBA, P. H. J., te PAS, M. F. W. The muscle regulatory factors gene family in relation to meat production. In: te PAS, M. F. W.; EVERTS, M. E.; HAAGSMAN, H. P. (Ed.) *Muscle development of livestock animals – Physiology, genetics and meat quality*. Wallingford, UK: CABI Publishing, 2004. p. 201-223.

HOUDEBINE, L.-M. Transgenesis to improve animal production. *Livestock Production Science*, v. 74, p. 255-268, 2002.

HOVENIER, R. *Breeding for meat quality in pigs*. Ph. D Thesis. Wageningen, Holland: Department of Animal Breeding, Wageningen Agricultural University, 1993.

HOVENIER, R.; KANIS, E.; van ASSELDONK, Th.; WESTERINK, N. G. Genetic parameters of pig meat quality traits in a halothane negative population. *Livestock Production Science*, v. 32, p. 309-321, 1992.

HUFF-LONERGAN, E.; BAAS, T. J.; MALEK, M.; DEKKERS, J. C. M.; PRUSA, K.; ROTHSCILD, M. F. Correlations among selected pork quality traits. *Journal of Animal Science*, v. 80, p. 617-627, 2002.

JONES, P.; QIU, J.; RICKWOOD, D. *RNA isolation and analysis*. Oxford, UK: BIOS Scientific Publishers Ltd., 1994.

KARLSSON, A. H.; KLONT, R. E.; FERNANDEZ, X. Skeletal muscle fibres as factors for pork quality. *Livestock Production Science*, v. 60, p. 255-269, 1999.

KNAPP, P.; WILLAM, A.; SÖLKNER, J. Genetic parameters for lean meat content and meat quality traits in different pig breeds. *Livestock Production Science*, v. 52, p. 69-73, 1997.

KOLSTAD, K. Fat deposition and distribution measured by computer tomography in three genetic groups of pigs. *Livestock Production Science*, v. 67, p. 281-292, 2001.

LEFAUCHEUR, L.; ECOLAN, P.; PLANTARD, L.; GUEGUEN, N. New insights into muscle fiber types in the pig. *The Journal of Histochemistry e Cytochemistry*, v. 50, p. 719-730, 2002.

LEWIN, B. *Genes VII*. Porto Alegre: Artmed Editora, 2001.

LONERGAN, S. M.; HUFF-LONERGAN, E.; ROWE, L. J.; KUHLLERS, D. L.; JUNGST, S. B. Selection for lean growth efficiency in Duroc pigs influences pork quality. *Journal of Animal Science*, v. 79, p. 2075-2085, 2001.

MEADUS, W. J. Molecular techniques used in the search for genetic determinants to improve meat quality. *Canadian Journal of Animal Science*, v. 78, p. 483-492, 1998.

MONZIOLS, M.; COLLEWET, G.; BONNEAU, M.; MARIETTE, F.; DAVENEL, A.; KOUBA, M. Quantification of muscle, subcutaneous fat and intermuscular fat in pig carcasses and cuts by magnetic resonance imaging. *Meat Science*, v. 72, p. 146-154, 2006.

MÖRLEIN, D.; ROSNER, F.; BRAND, S.; JENDERKA, K.-V.; WICKE, M. Non-destructive estimation of the intramuscular fat content of the *longissimus* muscle of pigs by means of spectral analysis of ultrasound echo signals. *Meat Science*, v. 69, p. 187-199, 2005.

NANNI COSTA, L.; LO FIEGO, D. P.; DALL'OLIO, S.; DAVOLI, R.; RUSSO, V. Combined effects of pre-slaughter treatments and lairage time on carcass and meat quality in pigs of different halothane genotype. *Meat Science*, v. 61, p. 41-47, 2002.

NEWCOM, D. W.; BAAS, T. J.; MABRY, J. W.; GOODWIN, R. N. Genetic parameters for pork carcass components. *Journal of Animal Science*, v. 80, p. 3099-3106, 2002.

NÜRNBERG, K.; WEGNER, J.; ENDER, K. Factors influencing fat composition in muscle and adipose tissue of farm animals. *Livestock Production Science*, v. 56, p. 145-156, 1998.

OKSBJERG, N.; PETERSEN, J. S.; SØRENSEN, I. L.; HENCKEL, P.; VESTERGAARD, M.; ERTBJERG, P.; MØLLER, A. J.; BEJERHOLM, C.; STØIER, S. Long-term changes in performance and meat quality of Danish Landrace pigs: a study on a current compared with an unimproved genotype. *Animal Science*, v. 71, p. 81-92, 2000.

OVILO, C.; CLOP, A.; NOGUERA, J. L.; OLIVER, M. A.; BARRAGÁN, C.; RODRÍGUEZ, C.; SILIÓ, L.; TORO, M. A.; COLL, A.; FOLCH, J. M.; SÁNCHEZ, A.; BABOT, D.; VARONE, L.; PÉREZ-ENCISO, M. Quantitative trait locus mapping for meat quality traits in an Iberian x Landrace F₂ pig population. *Journal of Animal Science*, v. 80, p. 2801-2808, 2002.

PASTORELLI, G.; MAGNI, S.; ROSSI, R.; PAGLIARINI, E.; BALDINI, P.; DIRINCK, P.; van OPSTAELE; CORINO, C. Influence of dietary fat, on fatty acid composition and sensory properties of dry-cured Parma ham. *Meat Science*, v. 65, p. 571-580, 2003.

PLASTOW, G. S. The changing world of genomics and its impact on the pork chain. . *Advances in Pork Production*, v. 14, p. 67-71, 2003.

PLASTOW, G. S.; CARRIÓN, D.; GIL, M.; GARCÍA-REGUEIRO, FONT i FURNOLS, M.; GISPERT, M.; OLIVER, M. A.; VELARDE, A.; GUÀRDIA, M. D.; HORTÓS, M.; RIUS, M. A.; SÁRRAGA, C.; DIAZ, I.; VALERO, A.; SOSNICKI, A;

KLONT, R.; DORNAN, S.; WILKINSON, J. M.; EVANS, G.; SARGENT, C.; DAVEY, G.; CONNOLY, D.; HOUEIX, B.; MALTIN, C. M.; HAYES, H. E.; ANANDAVIJAYAN, V.; FOURY, A.; GEVERINK, N.; CAIRNS, M.; TILLEY, R. E.; MORMÈDE, P.; BLOTT, S. C. Quality pork genes and meat production. *Meat Science*, v. 70, p. 409-421, 2005.

RAMSAY, T. G.; RICHARDS, M. P. Leptin and leptin receptor expression in skeletal muscle and adipose tissue in response to in vivo porcine somatotropin treatment. *Journal of Animal Science*, v. 83, p. 2501-2508, 2005.

RAUW, W. M.; KANIS, E.; NOORDHUIZEN-STASSEN, E. N.; GROMMERS, F. J. Undesirable side effects of selection for high production efficiency in farm animals: a review. *Livestock Production Science*, v. 56, p. 15-33, 1998.

REECY, J. M.; MILLER, S. A.; WEBSTER, M. Recent advances that impact skeletal muscle growth and development research. *Journal of Animal Science*, v. 81, p. E1-E8, 2003.

ROSSER, B. W. C.; BANDMAN, E. Heterogeneity of protein expression within muscle fibers. *Journal of Animal Science*, v. 81, p. E94-E101, 2003.

ROTHSCHILD, M. F. From a sow's ear to a silk purse: real progress in porcine genomics. *Cytogenetic and Genome Research*, v. 102, p. 95-99, 2003.

ROTHSCHILD, M. F. Porcine genomics delivers new tolls and results: This little piggy did more than just go to market. *Genetic Research Cambridge*, v. 83, p. 1-6, 2004.

ROTHSCHILD, M. F. The role of genomics in the future of the pork industry. In: *Proceedings of the 17th International Pig Veterinarian Society (IPVS) Congress*, Ames, EUA, 2002.

RUSSO, V.; BUTTAZZONI, L.; BAIOTTO, C.; DAVOLI, R.; NANNI COSTA, L.; SCHIVAZAPPA, C.; VIRGILI, C. Heritability of muscular cathepsin B activity in Italian Large White pigs. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 117, p. 37-42, 2000.

RUSSO, V.; DAVOLI, R.; NANNI COSTA, L.; FONTANESI, L.; BAIOTTO, C.; BUTTAZZONI, L.; GALLI, S.; VIRGILI, R. Association of the CTSB, CTSF and CSTB genes with growth, carcass and meat quality traits in heavy pigs. *Italian Journal of Animal Science*, v. 2, p. 67-69, 2003.

RUSSO, V.; FONTANESI, L.; DAVOLI, R.; NANNI COSTA, L.; CAGNAZZO, M.; BUTTAZZONI, L.; VIRGILI, R.; YERLE, M. Investigation of candidate genes for meat quality in dry-cured ham production: the porcine cathepsin B (*CTSB*) and cystatin (*CSTB*) genes. *Animal Genetics*, v. 33, p. 123-131, 2002.

SABBIONI, A.; BERETTI, V.; ZANON, A.; SUPERCHI, P.; SUSSI, C.; BONOMI, A. Effect of the proportion of Duroc genes in crosses with Large White and Landrace pigs on the characteristics of seasoned Parma ham. *Italian Journal of Animal Science*, v. 3, p. 31-39, 2004.

SONESSON, A. K.; de GREEF, K. H.; MEUWISSEN, T. H. E. Genetic parameters and trends of meat quality, carcass composition and performance traits in two selected lines of large white pigs. *Livestock Production Science*, v. 57, p. 23-32, 1998.

STALDER, K. J.; MAYA, J.; CHRISTIAN, L. L.; MOELLER, S. J.; PRUSA, K. J. Effects of pre-slaughter management on the quality of carcasses from porcine stress syndrome heterozygous market hogs. *Journal of Animal Science*, v. 76, p. 2435-2443, 1998.

STALDER, K. J.; ROTHSCCHILD, M. F.; LONERGAN, S. M. Associations between two gene markers and indicator traits affecting fresh and dry-cured ham processing quality. *Meat Science*, v. 69, p. 451-457, 2005.

SWATLAND, H. J. Animal growth and development. In: *Structure and development of meat animals*. Englewood Cliffs: New Jersey, Prentice-Hall, Inc. 1984.

TANIGUCHI, M.; MANNEN, H.; OYAMA, K.; SHIMAKURA, Y.; OKA, A.; WATANABE, H.; KOJIMA, T.; KOMATSU, M.; HARPER, G. S.; TSUJI, S. Differences in stearoyl-CoA desaturase mRNA levels between Japanese Black and Holstein cattle. *Livestock Production Science*, v. 87, p. 215-220, 2004.

TRIBOUT, T.; BIDANEL, J. P. Genetic parameters of meat quality traits recorded on Large White and French Landrace station-tested pigs. In: WENK, C. FERNÁNDEZ, J. A.; DUPUIS, M. *Quality of meat and fat in pigs as affected by genetics and nutrition*. Wageningen, Holland: Wageningen Pers, 2000. p. 37-41.

VALASEK, M. A.; REPA, J. J. The power of real-time PCR. *Advances in Physiology Education*, v. 29, p. 151-159, 2005.

VAN LAACK, R. L. J. M.; STEVENS, S. G.; STALDER, K. J. The influence of ultimate pH and intramuscular fat content on pork tenderness and tenderization. *Journal of Animal Science*, v. 79, p. 392-397, 2001.

VAN WIJK, H. J.; ARTS, D. J. G.; MATTHEWS, J. O.; WEBSTER, M.; DUCRO, B. J.; KNOL, E. F. Genetic parameters for carcass composition and pork quality estimated in a commercial production chain. *Journal of Animal Science*, v. 83, p. 324-333, 2005.

VIRGILI, R.; SCHIVAZAPPA, C. Muscle traits for long matured dried meats. *Meat Science*, v. 62, p. 331-343, 2002.

WACKER, M. J.; GODARD, M. P. Analysis of one-step and two-step real-time RT-PCR using superscript III. *Journal of Biomolecular Techniques*, v. 16, p. 266-271, 2005.

WEBB, J. New opportunities for genetic change in pigs. *Advances in Pork Production*, v. 11, p. 83-95, 2000.

WOOD, J. D.; NUTE, G. R.; RICHARDSON, R. I.; WHITTINGTON, F. M.; SOUTHWOOD, O.; PLASTOW, G.; MANSBRIDGE, R.; da COSTA, N.; CHANG, K. C. Effects of breed, diet and muscle on fat deposition and eating quality in pigs. *Meat Science*, v. 67, p. 651-667, 2004.

YANG, S. H.; MATSUI, T.; KAWACHI, H.; YAMADA, T.; NAKANISHI, N.; YANO, H. Fat depot-specific differences in leptin mRNA expression and its relation to adipocyte size in steers. *Animal Science Journal*, v. 74, p. 17-21, 2003.

Características da carcaça e do pernil de suínos Duroc x Large White destinados à produção industrial de presuntos maturados

Resumo: A produção industrial de presuntos de longa maturação é mais bem atendida quando o peso de abate dos suínos ultrapassa os 130 kg. Os músculos do pernil destinados à salga e maturação precisam possuir gorduras internas (GIM) e externas (ET) em quantidade suficiente para garantir aroma e sabor adequados ao fim do processamento. Objetivou-se neste trabalho avaliar as características de qualidade da carcaça e do pernil de uma população dividida em cinco grupos genéticos, dois sexos e dois pesos de abate. As características avaliadas foram: peso da carcaça quente (PCQ), espessura de toucinho (ET), profundidade do lombo (PM), peso bruto do pernil (PB), peso refilado do pernil (PR), espessura da gordura interna do pernil (EIN), espessura da gordura externa do pernil (EEX), pH (PH), cor (COR) e %gordura intramuscular (GIM). Aos 130 kg, as características de carcaça PCQ, ET e PM foram diferentes na comparação entre os grupos formados por animais puros Duroc x Duroc (DUDU) e Large White x Large White (WIWI) e iguais entre os cruzados Duroc x Large White (DUWI), Duroc x Landrace (DULA) e Duroc x (Landrace x Large White (DULL). Neste peso de abate, o PCQ foi igual para machos e fêmeas, porém a ET foi menor nas fêmeas e a PM menor nos machos. Também aos 130 kg, os grupos DUDU e WIWI foram diferentes para PB, PR EEX, COR e GIM e iguais para EIN e PH. Aos 160 kg, sem o grupo genético DUDU, apenas o PR do grupo WIWI foi diferente dos demais grupos. Entretanto, diferenças foram detectadas entre machos e fêmeas para todas as características avaliadas, exceto o PCQ. Quando os dois pesos de abate foram agrupados, foram evidenciadas interações entre peso de abate e grupo genético para PCQ e COR e entre peso de abate e sexo para ET, PM e PB. As correlações entre as características de carcaça e pernil foram diferentes dentro de cada grupo genético, notadamente a correlação entre ET e GIM e entre PH e COR, o que possibilita identificar carcaças na linha de abate com adequada qualidade no pernil destinado à maturação industrial.

Palavras-chave: suínos, carcaça, carne, qualidade, presunto maturado, melhoramento animal.

Carcass and ham traits of Duroc x Large White pigs used for dry-cured ham production

Abstract: Dry-cured ham production has better acceptability when pig weight at slaughter is above 130 kg. The ham muscles undergoing salting and curing process must have internal and external fatness in sufficient amounts to assure adequate aroma and flavor at the final processing stage. This work aimed to evaluate the carcass and ham quality traits of a population grouped into five genetic groups, two sexes and two weights at slaughter. The traits evaluated were: hot carcass weight (HCW), backfat thickness (BT), loin depth (LD), gross ham weight (GHW), trimmed ham weight (THW), ham internal fat thickness (HIFT), ham external fat thickness (HEFT), pH (PH), color (COL) and % of intramuscular fat (IMF). At 130 kg, the carcass traits HCW, BT and LD differed when compared between the groups formed by the pure breeds Duroc x Duroc (DUDU) and Large White x Large White (WIWI) and did not differ between the crossed bred Duroc x Large White (DUWI), Duroc x Landrace (DULA) and Duroc x (Landrace x Large White (DULL). At this slaughter weight, HCW was the same for males and females, while BF was lower for the females and LD was lower for the males. Also at 130 kg, the groups DUDU and WIWI were different for GHW, THW, HEFT, COL and IMF, and the same for HIFT and PH. At 160 kg, without the genetic group DUDU, only the HTW of the group WIWI differed from the remaining groups. However, differences were detected between males and females in all the traits evaluated, except for HCW. When the two weights at slaughter were grouped, weight at slaughter x genetic group interactions were observed for HCW and COL and weight at slaughter x sex interactions for BF, LD and HGW. The correlations between carcass and ham traits differed within each genetic group, especially the correlation between BF and IMF and between PH and COL, making possible to identify carcasses in the slaughter exhibiting hams with adequate industrial curing quality.

Keywords: pigs, carcass, pork quality, cured ham, animal breeding.

1. Introdução

A indústria de transformação da carne suína trabalha com uma diversidade de produtos e formulações, abrangendo desde a carne *in natura* resfriada ou congelada, passando pelos semiprocessados e continuando até os industrializados de alto valor agregado. A composição majoritária da matéria-prima utilizada na manufatura desses produtos é formada pela musculatura estriada esquelética e pelo tecido adiposo, depositado entre as fibras musculares como gordura intramuscular (*marmoreio*), ou entre os músculos, como gordura intermuscular, como também pela gordura depositada fora dos músculos (*toucinho*). Entretanto, qualquer que seja a sua forma de apresentação ao mercado, a qualidade final desses produtos é dependente da qualidade intrínseca dessas matérias-primas que entram na sua composição. Esta qualidade desejada pelos processadores é mais bem traduzida pela alta uniformidade ou pela baixa variabilidade daqueles atributos que influenciam a transformação e o rendimento industrial da carne e da gordura (MØLLER *et al.*, 1993; ANDERSEN, 2000). Para esse fim, as principais e mais frequentemente características avaliadas nos músculos e na gordura são, respectivamente: pH, capacidade de retenção de água, cor, maciez, textura, conteúdo de gordura intra e intermuscular, oxidação dos lipídios e perfil dos ácidos graxos (HONIKEL, 1993; KAUFFMAN E WARNER, 1993). Estas características são importantes por que estão diretamente relacionadas ao rendimento durante o processamento e o armazenamento e ainda à atratividade, à palatabilidade e ao preparo do produto final, conseqüentemente implicam perdas econômicas associadas à carne e à gordura de baixa qualidade (VAN DER WAL *et al.*, 1995; MONIN, 1998).

Suínos que se destinam à produção de presuntos de longa maturação (tipo *Parma*TM, tipo *Serrano*TM, entre outros) devem possuir uma grossa camada de toucinho no pernil e uma quantidade de gordura intramuscular (GIM) acima de 2,5% (VIRGILI E SCHIVAZAPPA, 2002). A relação entre a quantidade de GIM no pernil e a qualidade do produto final é freqüentemente investigada em presuntos crus de longa maturação, devido à sua alta correlação com maciez, suculência, sabor e aroma, sendo, portanto, determinante na aceitação desses produtos pelo público consumidor (RUIZ-CARRASCAL *et al.*, 2002; SCHIVAZAPPA *et al.*, 2002). Todavia, a GIM é uma característica de difícil medição nos suínos vivos, seja com procedimentos invasivos ou não-invasivos, por exemplo, por meio de biópsias. Conseqüentemente, esta importante característica fenotípica ainda é pouco utilizada como critério de seleção em programas

de melhoramento genético. Apenas recentemente, técnicas que utilizam varreduras de ultra-som demonstraram sua viabilidade comercial para medir GIM nos suínos antes do abate (MÖRLEIN *et al.*, 2005; FAUCITANO *et al.*, 2005).

Aumentar o peso de abate tem sido sugerido como alternativa para redução dos custos operacionais, principalmente dentro dos frigoríficos (WEATHERUP *et al.*, 1998; LEBRET *et al.*, 2000, 2001). Ao mesmo tempo, o abate de suínos mais pesados é particularmente indicado quando estes são destinados à manufatura de produtos de longa maturação, com destaque para os presuntos ParmaTM, SerranoTM e BayonneTM, produzidos, respectivamente, na Itália, na Espanha e na França (VIRGILI e SCHIVAZAPPA, 2002; VIRGILI *et al.*, 2003; LATORRE *et al.*, 2003, 2004). Diversas linhagens de suínos têm sido utilizadas para obtenção de uma geração de abate que atenda às características de qualidade definidas como as ideais nesses tipos de presunto. Para tanto, é quase unanimidade que o uso de suínos da raça Duroc em diferentes cruzamentos, inclusive com raças nativas, atende às exigências de qualidade da carne e da gordura, determinadas pelos processadores ao longo do processo de maturação do pernil (SABBIONI *et al.*, 2004; CILLA *et al.*, 2006).

1.1. Objetivos

Avaliar, *post mortem*, as características de qualidade da carcaça e do pernil de suínos pesados Duroc x Large White, divididos em cinco grupos genéticos, dois pesos de abate e dois sexos.

Testar as diferenças entre grupos genéticos, pesos de abate e sexos, para definir quais cruzamentos atendem melhor às especificações da matéria-prima para industrialização de presuntos maturados.

2. Material e Métodos

2.1. Produção da população experimental

Para formação da população experimental, foram produzidos, no total 1.106 suínos, obedecendo a critérios estabelecidos de acordo com os tratamentos previamente definidos, ficando, ao final, toda a população dividida em:

Cinco grupos genéticos (GG):

Duroc x Duroc (DUDU);

Duroc x Landrace (DULA);

Duroc x Large White (DUWI);

Duroc x (Landrace x Large White) (DULL); e

Large White x Large White (WIWI).

Dois pesos vivos de abate (PV):

130 kg; e

160 kg.

Dois sexos (SE):

machos castrados (M); e

fêmeas (F).

Os animais nessa população são oriundos de cruzamentos dirigidos em três raças, sob seleção há mais de dez gerações, para critérios de desempenho como espessura de toucinho, conversão alimentar e idade para atingir os 100 kg de peso vivo. A combinação DUDU de 160 kg não foi produzida, devido ao prévio conhecimento da sua pequena viabilidade industrial. Desta forma, o arranjo final do experimento passou a ser: $[(5 \text{ GG} \times 2 \text{ PV} \times 2 \text{ SE}) - 2] \Rightarrow (20 - 2) = 18$ tratamentos (Tabela 1). Para produzir os grupos genéticos DUDU, DULA, DUWI e DULL, foram utilizados sete machos Duroc, cruzados, respectivamente, com 28 fêmeas Duroc, 43 fêmeas Landrace, 44 fêmeas Large White e 44 fêmeas Landrace X Large White. Para produzir o grupo genético WIWI, foram utilizados oito machos Large White cruzados com 28 fêmeas Large-White.

Toda a população foi produzida em Granjas Multiplicadoras da Sadia S.A. (Integração e Processamento), localizadas no oeste de Santa Catarina-SC. Seguindo as práticas estabelecidas nas granjas, após o nascimento, os leitões foram pesados individualmente, identificados por meio de molas nas orelhas, ocorrendo ainda amputação de metade da cauda. Os leitões machos foram castrados cirurgicamente, mantidos juntos com as fêmeas nas leitegadas, sendo todos desmamados aos 28 dias de idade, com um peso médio de 6,5 kg. Após a desmama, todos foram transferidos para as baias coletivas de creche e crescimento (ou recria) em grupos de 20 leitões exclusivamente dentro de cada grupo genético, porém misturados por sexo. Nessas fases, os animais permaneceram até a média de idade de 83 dias com peso médio de 48,3 kg, quando foram todos transferidos para os galpões de terminação. Na terminação

Tabela 1 – Número de animais terminados em cada tratamento (T)

T	Fontes de Variação: Grupo Genético, Sexo e Peso de Abate	Nº Suínos por Trat.
1	DUDU – ♂ Duroc x ♀ Duroc – M – 130 kg	78
2	DUDU – ♂ Duroc x ♀ Duroc – F – 130 kg	72
3	DULL – ♂ Duroc x ♀ (Lan x LW) – M – 130 kg	117
4	DULL – ♂ Duroc x ♀ (Lan x LW) – F – 130 kg	86
5	DULL – ♂ Duroc x ♀ (Lan x LW) – M – 160 kg	60
6	DULL – ♂ Duroc x ♀ (Lan x LW) – F – 160 kg	30
7	DULA – ♂ Duroc x ♀ Landrace (Lan) – M – 130 kg	130
8	DULA – ♂ Duroc x ♀ Landrace (Lan) – F – 130 kg	110
9	DULA – ♂ Duroc x ♀ Landrace (Lan) – M – 160 kg	64
10	DULA – ♂ Duroc x ♀ Landrace (Lan) – F – 160 kg	30
11	DUWI – ♂ Duroc x ♀ Large White (LW) – M – 130 kg	100
12	DUWI – ♂ Duroc x ♀ Large White (LW) – F – 130 kg	62
13	DUWI – ♂ Duroc x ♀ Large White (LW) – M – 160 kg	40
14	DUWI – ♂ Duroc x ♀ Large White (LW) – F – 160 kg	22
15	WIWI – ♂ Large White x ♀ Large White – M – 130 kg	40
16	WIWI – ♂ Large White x ♀ Large White – F – 130 kg	48
17	WIWI – ♂ Large White x ♀ Large White – M – 160 kg	20
18	WIWI – ♂ Large White x ♀ Large White – F – 160 kg	12

M = macho castrado e F = fêmea.

os animais foram mantidos em baias coletivas, em uma densidade de 1,1 m²/suíno, em grupos de cinco a oito, sempre mantendo o mesmo grupo genético e o mesmo sexo em cada baia. Todos os animais consumiram, à vontade, ração de igual formulação nas últimas semanas antes do abate, no seguinte manejo nutricional: ambos os grupos com peso-alvo de 130 e 160 kg foram alimentados com a ração *A* (Tabela 2), durante seis semanas. Após esse período, o grupo com peso-alvo de 130 kg consumiu a ração *B* (Tabela 3) por mais cinco semanas e meia, até o abate. Por sua vez, o grupo com peso-alvo de 160 kg foi alimentado com a ração *B* nas 11 semanas subseqüentes, também até o abate. O peso-alvo de 130 kg foi atingido com uma média de idade de 163 dias. O peso-alvo de 160 kg foi atingido com uma média de idade de 202 dias.

2.2. Abates e tipificação das carcaças

Fechados os lotes de acordo com o peso-alvo, os animais foram submetidos à pesagem individual final e foi dado início ao jejum pré-abate, ficando sem acesso à ração desde a pesagem até o momento da sangria no abatedouro, completando assim um total de 20 horas em dieta hídrica. Neste mesmo momento, foi aplicada uma tatuagem

Tabela 2 – Composição da ração *A* fornecida aos suínos durante a fase de terminação

Níveis Nutricionais da Ração	Mínimo	Obtido
Energia digestível		3.400 K Calorias
Proteína bruta (%)	16,00	17,81
Cálcio (%)	0,70	0,70
Cálcio/fósforo (%)	2,00	2,33
Fósforo (%)	0,30	0,30
Lisina (%)	0,90	0,90
Metionina (%)	0,27	0,28
Metionina + cistina (%)	0,54	0,54
Treonina (%)	0,59	0,59
Triptofano (%)	0,16	0,18
Sódio (%)	0,20	0,20
Colina (ppm)	900,00	1.113,39

Tabela 3 – Composição da ração *B* fornecida aos suínos durante a fase de terminação

Níveis Nutricionais da Ração	Mínimo	Obtido
Energia digestível		3.400 K Calorias
Proteína bruta (%)	14,50	14,50
Cálcio (%)	0,65	0,65
Cálcio/fósforo (%)	2,00	2,33
Fósforo (%)	0,25	0,25
Lisina (%)	0,70	0,70
Metionina (%)	0,21	0,28
Metionina + cistina (%)	0,42	0,44
Treonina (%)	0,46	0,48
Triptofano (%)	0,13	0,14
Sódio (%)	0,20	0,20
Colina (ppm)	800,00	926,31

Individual, que identificou o GG, o sexo e o pai de cada suíno. Uma segunda tatuagem, contendo uma dezena seqüencial, também foi aplicada no pernil. Esta segunda marcação foi utilizada para identificação das carcaças e dos respectivos pernis durante toda a coleta de dados do experimento. Para facilitar a separação dos lotes experimentais dos demais animais abatidos na rotina do frigorífico, cada suíno foi destacado com tinta colorida no dorso, cada cor correspondendo a um grupo genético. Os lotes destinados ao abate foram sempre fechados dentro de cada peso-alvo, isto é, 130 ou 160 kg. Isto significa que dentro de cada dia de abate não houve mistura de animais de distintos grupos de peso. Entretanto, dentro de cada GG os dois sexos foram misturados em cada abate.

Foram realizados 25 abates consecutivos (dois por semana), com o número de animais por abate variando entre 13 e 60 suínos. Os abates foram efetuados em um frigorífico comercial com capacidade para abater 500 suínos/hora, no município de Concórdia (SC), a 86 km das granjas de origem dos animais. Os animais foram conduzidos até o abatedouro em caminhões equipados com carrocerias destinadas exclusivamente ao transporte de suínos, em uma densidade de 278 kg/m^2 , e, após o descarregamento, os suínos permaneceram em descanso durante 3 horas, de acordo com as práticas recomendadas por WARRISS (1994) e WARRISS *et al.* (1992, 1998). Na chegada ao frigorífico, os suínos de cada lote experimental foram separados dos demais abatidos na rotina comercial. O abate seguiu os padrões operacionais da rotina do frigorífico, desta forma: atordoamento elétrico automático com 700 Volts e um mínimo de 1,25 Ampéres, com sangria horizontal imediata após atordoamento, seguida de escaldagem, depilação, passagem pelo “chamuscador”, toalete final, evisceração e inspeção das carcaças, conforme as normas técnicas do Serviço de Inspeção Federal (SIF) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br>>. Acesso em: 25 abr. 2006). As carcaças condenadas pelo SIF, por razões higiênico-sanitárias, foram desconsideradas na coleta de dados do experimento. Na seqüência da linha de abate, as carcaças foram tipificadas, isto é, captura do peso da carcaça quente (PCQ) em balança dinâmica, concomitantemente com a medida da espessura do toucinho (ET) e da profundidade do músculo *Longissimus* (PM) na altura da 10ª vértebra lombar. As medidas de ET e PM foram efetuadas com a pistola de ultra-som UF 300 (SFK Technology A/S, Herlev, Dinamarca).

2.3. Biometria do pernil e qualidade da carne

No dia seguinte ao abate, estando a temperatura interna do pernil igual ou inferior a 7°C , foi efetuado o corte das carcaças nas quatro partes primárias: pernil, paleta, costado e barriga. Cada pernil, numerado na pele com giz *crayon*, foi pesado em balança eletrônica e enviado para a sala de refile, onde foram medidas, com paquímetro digital, a espessura interna (EIN) da cobertura de gordura do músculo *Semimembranosus* (SM) e a espessura externa da cobertura (EEX) de gordura do músculo *Biceps femoris* (BF) (Figuras 1 e 2). Na seqüência, cada pernil foi refilado e formatado dentro do padrão anatômico de atendimento do processo de maturação. Após o refile, os pernis foram novamente pesados na balança eletrônica. Antes de prosseguir

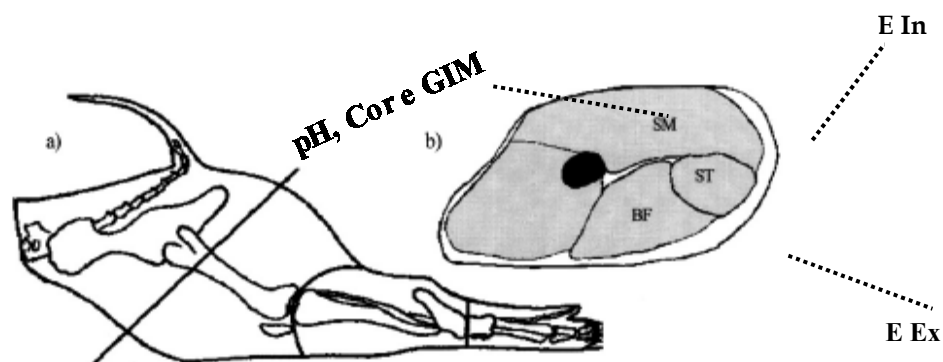


Figura 1 – Corte transversal do pernil com localização anatômica das avaliações no músculo e na gordura. **SM** = músculo *Semimembranosus*; **BF** = músculo *Biceps femoris*; e **ST** = músculo *Semitendinosus* (adaptado de ČANDEK-POTOKAR *et al.*, 2002).



Figura 2 – *Esquerda*: medida de pH do coxão-mole (músculo *Semimembranosus*); *centro*: espessura externa de gordura do pernil; *direita*: espessura interna de gordura do pernil.

para a fábrica de presuntos maturados, foi medido o pH final (PH) no músculo *Semimembranosus*, utilizando um pHmetro digital Mettler™ 340, equipado com eletrodo Ingold Xerolyt® (Mettler Toledo, Gießen, Suíça). Posteriormente, foi avaliada a cor superficial (COR) por meio do fotômetro específico Opto-Star™ (SFK Technology A/S, Herlev, Dinamarca), na escala *Göfo*, de acordo com o descrito em *Pork Composition and Quality* (2000). Por motivos operacionais, tanto as medidas de pH e cor, como as EIN e EEX, não foram realizadas em todos os pernis produzidos.

2.4. Quantificação da porcentagem de gordura intramuscular

Do pernil esquerdo de cada carcaça obtida entre os abates de número 15 até o abate de número 25, foi integralmente retirado o músculo *Semimembranosus* (coxão-mole). Este foi imediatamente embalado a vácuo e mantido congelado a -25° C, até as análises da porcentagem de gordura intramuscular (GIM), realizadas no Laboratório de Análises Químicas do Departamento de Gestão e Tecnologia Agroindustrial, da Universidade Estadual Paulista – UNESP – *campus* Botucatu (SP). Para as extrações de gordura, foi empregado o método de *Soxhlet*, conforme adaptação aos procedimentos descritos por Braganolo e Rodriguez-Amaya (2002): foram preparadas placas de *Petri*, colocando areia tratada suficiente para formar uma camada fina, que cobriu o seu fundo, e uma baqueta. Foram também pesados 10 g de amostra de músculo nas placas de *Petri* previamente preparadas, que na seqüência foram levadas para uma estufa a 110° C, por 24 horas. Após este período, as amostras secas foram maceradas em almofariz e transferidas para o cartucho, com o auxílio de algodão, pinça e éter de petróleo para limpeza da placa e do almofariz.

A extração da gordura foi realizada em aparelho *Soxhlet* (cujo balão foi previamente tarado por 1 hora em estufa a 110° C, resfriado em dessecador e pesado). A extração foi realizada com éter de petróleo por um período de 24 a 48 horas. Após esse tempo, o cartucho foi retirado do extrator, aguardado mais um refluxo e iniciada a recuperação do éter. O balão foi colocado na estufa a 110° C por 1 hora, resfriado em dessecador e novamente pesado. Para cada amostra, a GIM foi calculada pela seguinte fórmula:

$$\text{GIM} = [(\text{peso do balão com gordura} - \text{peso do balão}) / \text{peso da amostra}] \times 100.$$

2.5. Análise estatística

Para determinar os efeitos dos respectivos GG, sexo e PV nas características de qualidade da carcaça e do pernil, foram utilizados os procedimentos do *General Linear Model* (GLM) do programa estatístico *Statistical Analysis System* (SAS[®] Institute), versão 9.1, para o ambiente Windows[®]. Foram realizadas duas distintas análises de variância, visto que o grupo genético DUDU não foi abatido aos 160 kg. Na primeira foram considerados os dados somente dentro de PV, isto é, 130 kg, incluído o grupo

genético DUDU, ou 160 kg, excluído o grupo genético DUDU (Apêndice 1). Na segunda análise, foram considerados os dados dos grupos de 130 e 160 kg juntos, excluído o grupo genético DUDU, por este não existir aos 160 kg. Entretanto, nesta segunda análise, optou-se por comparar as médias apenas quando houve interações significativas (duplas ou triplas) entre os efeitos fixos (GG, Sexo e PV) (Apêndice 1). O modelo adotado na análise de variância dentro de peso vivo (130 ou 160 kg) foi:

$$y_{ij} = \mu + GG_i + SE_j + GG \times SE_{ij} + e_{ij}$$

em que

y_{ij} = valor observado da característica;

μ = média;

GG_i = grupo genético (i = DUDU, DULA, DUWI, DULL ou WIWI);

SE_j = sexo (j = macho ou fêmea);

$GG \times SE_{ij}$ = interação grupo genético x sexo; e

e_{ij} = erro aleatório associado a cada observação.

O modelo adotado na análise de variância, incluindo os dois PV (130 e 160 kg), foi:

$$y_{ijk} = \mu + GG_i + PV_j + SE_k + GG \times PV_{ij} + GG \times SE_{ik} + PV \times SE_{jk} + GG \times PV \times SE_{ijk} + e_{ijkl}$$

em que

y_{ijkl} = valor observado da característica;

μ = média;

GG_i = grupo genético (i = DULA, DUWI, DULL ou WIWI);

PV_j = peso vivo (j = 130 kg ou 160 kg);

SE_k = sexo (k = macho ou fêmea);

$GG \times PV_{ij}$ = interação grupo genético x peso;

$GG \times SE_{ik}$ = interação grupo genético x sexo;

$PV \times SE_{jk}$ = interação peso x sexo;

$GG \times PV \times SE_{ijk}$ = interação grupo genético x peso x sexo; e

e_{ijkl} = erro aleatório associado a cada observação.

Em ambas as análises, as médias foram comparadas entre si pelo teste de Student-Newman-Keuls (SNK), adotando-se o nível mínimo de probabilidade $p < 0,05$.

3. Resultados e Discussão

Na Tabela 4 estão os dados gerais do experimento, divididos entre os dois PV. Destacam-se nestas observações as altas variabilidades (CV%) da EIN e da GIM, ambas aos 130 e 160 kg. Aos 130 kg, a média da EIN foi aproximadamente seis vezes menor do que a média da EEX, enquanto aos 160 kg a média da EIN do pernil foi aproximadamente 3,5 vezes menor do que a média da EEX. Portanto, as oscilações das medidas manuais contribuíram para aumentar a variabilidade da EIN mais do que a variabilidade da EEX.

Além da variação natural da característica, notadamente em suínos pesados, o alto CV% observado na GIM provavelmente foi resultante do método utilizado na medição. O método gravimétrico empregado no presente experimento (Soxhlet – extração por éter de petróleo) produz resultados médios com maior desvio-padrão do que, por exemplo, a espectroscopia (GEERS *et al.*, 1995; NEWCOM *et al.*, 2002; MÖRLEIN *et al.*, 2005).

3.1. Análise da qualidade da carcaça e do pernil dentro do peso de abate de 130 kg

Na Tabela 5 estão os resultados para as características avaliadas na carcaça. Não houve interação significativa entre grupo genético e sexo em nenhuma dessas características. No entanto, as médias de PCQ, ET e PM foram diferentes entre os grupos genéticos e os sexos. O PCQ, entretanto, não foi afetado pelo sexo dos animais abatidos. O grupo DUDU apresentou a maior ET e o menor PCQ ($p < 0,05$), produzindo, conseqüentemente, as carcaças mais leves e com maior quantidade de gordura dentre os grupos. Em situação oposta, as carcaças do grupo WIWI foram as mais pesadas, apresentando também a menor ET e a maior PM entre os grupos. Os resultados aqui obtidos eram esperados e semelhantes aos mostrados em outros experimentos, em que a superioridade de Large White sobre Duroc puros em idades assemelhadas foi demonstrada para ganho de peso e ET (IRGANG e FÁVERO, 1993; BLANCHARD *et al.*, 1999b; SABBIONI *et al.*, 2002; CHANNON *et al.*, 2004). Também eram esperadas maior ET e menor PM nas carcaças dos machos. Com PCQ iguais (Tabela 5), estes

Tabela 4 – Número de observações (n), médias observadas (Média), desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV%) e valores mínimos (Mín.) e máximos (Máx.) das características mensuradas aos 130 e 160 kg de peso vivo

Características	130 kg						160 kg					
	n	Média	DP	CV%	Mín.	Máx.	n	Média	DP	CV%	Mín.	Máx.
PCQ (kg)	599	95,04	5,30	5,57	76,60	114,90	341	116,13	7,32	6,30	91,60	138,30
ET (mm)	601	18,88	4,79	25,38	7,50	41,40	341	23,34	6,46	27,66	10,60	42,30
PM (mm)	601	56,24	6,07	10,80	35,80	70,00	341	53,96	6,45	11,96	38,40	70,60
PB (kg)	416	15,20	0,86	5,69	12,98	18,95	94	18,77	1,37	7,28	15,87	22,43
PR (kg)	416	10,84	0,68	6,29	5,01	13,40	94	12,99	0,98	7,56	10,88	15,85
EIN (mm)	416	4,46	3,22	72,18	0,50	33,39	94	6,44	4,32	67,13	2,29	28,29
EEX (mm)	416	26,54	9,31	35,06	6,53	60,20	94	23,09	5,91	25,61	11,48	37,86
PH ¹	416	5,57	0,16	2,82	5,24	6,35	94	5,67	0,13	2,37	5,45	6,11
COR ^{1,2} (Göfo)	416	55,29	5,53	9,99	5,53	76,40	94	56,72	4,10	7,24	49,60	71,40
GIM ¹ (%)	143	2,17	1,03	47,63	0,57	5,85	212	2,28	0,89	39,13	0,51	5,98

PCQ = peso da carcaça quente; ET = espessura do toucinho; PM = profundidade do músculo *Longissimus*; PB = peso bruto do pernil; PR = Peso refilado do pernil; EIN = espessura da gordura interna do pernil; e EEX = espessura da gordura externa do pernil.

¹ Músculo *Semimembranosus* (coxão-mole)

² Escala *Göfo* de 0 a 100: quanto maior o valor, mais clara a superfície do músculo.

GIM = gordura intramuscular do *Semimembranosus*.

Tabela 5 – Médias $\pm$ erro-padrão das características de carcaça dos suínos abatidos aos 130 kg

Características de Carcaça	Grupos Genéticos					Sexo	
	DUDU	DULA	DUWI	DULL	WIWI	Machos	Fêmeas
PCQ (kg)	93,74 $\pm$ 0,44 ^b (129)	95,00 $\pm$ 0,41 ^{ab} (159)	95,70 $\pm$ 0,49 ^a (116)	95,14 $\pm$ 0,49 ^{ab} (132)	96,40 $\pm$ 0,66 ^a (63)	94,91 $\pm$ 0,30 ^a (327)	95,19 $\pm$ 0,31 ^a (272)
ET (mm)	20,87 $\pm$ 0,46 ^a (129)	18,71 $\pm$ 0,34 ^b (159)	19,17 $\pm$ 0,43 ^b (115)	18,30 $\pm$ 0,40 ^b (135)	15,93 $\pm$ 0,46 ^c (63)	20,06 $\pm$ 0,26 ^a (329)	17,46 $\pm$ 0,28 ^b (272)
PM (mm)	55,30 $\pm$ 0,57 ^a (129)	55,51 $\pm$ 0,48 ^a (159)	56,04 $\pm$ 0,55 ^a (115)	56,73 $\pm$ 0,50 ^a (135)	59,31 $\pm$ 0,68 ^b (63)	55,21 $\pm$ 0,34 ^a (329)	57,47 $\pm$ 0,35 ^b (272)

DUDU = Duroc x Duroc.

DULL = Duroc x (Landrace x Large White).

DUWI = Duroc x Large White.

DULA = Duroc x Landrace.

WIWI = Large White x Large White.

(n) = número de observações.

^{a,b,c} Médias seguidas de mesma letra na linha, dentro de grupo genético e sexo, não diferem entre si, a 5% de probabilidade, pelo teste de SNK.

PCQ = peso da carcaça quente (eviscerada, sem rabo, sem cabeça, sem a gordura da cavidade abdominal e sem os pés dianteiros).

ET = espessura de toucinho.

PM = profundidade do músculo *Longissimus lumborum* (“lombo”).

resultados tornam-se comparáveis, demonstrando, mais uma vez, que as fêmeas produzem carcaças mais magras que os machos.

Em suínos de abate, características de carcaças estão invariavelmente relacionadas ao desempenho durante os períodos de engorda e terminação. Por exemplo, dentro do mesmo sexo e do mesmo grupo genético, carcaças com maior quantidade de gordura (maior ET e menor PM) estão associadas a animais com pior conversão alimentar e menor ganho de peso diário. Resultados obtidos em diferentes trabalhos experimentais, utilizando cruzamentos Duroc x Large White, divergem para determinadas características de desempenho e de carcaça. Irgang e Fávero (1993) relataram menor idade para atingir 100 kg de peso vivo em suínos produzidos por meio do cruzamento de machos Duroc x fêmeas Landrace x Large White, quando comparados a suínos produzidos por meio do cruzamento de machos Landrace e Large White. Latorre *et al.* (2003a) também demonstraram maior ganho de peso diário em grupos genéticos com 50% Duroc, comparados a grupos com 25 e 0%, todos abatidos aos 122 e 136 kg de peso vivo. Em outro estudo (SUZUKI *et al.*, 2003), constatou-se que o aumento do percentual de Duroc na composição genética (75 e 100%) diminui o ganho de peso diário quando abatidos aos 155 dias de idade, com peso vivo médio de 107 kg. No mesmo trabalho a ET foi igual para machos castrados e fêmeas e também entre os grupos com 100 e 75 % Duroc e, de forma não esperada, menor em ambos os grupos, quando comparada à ET do grupo com 25%. De maneira semelhante, Stoller *et al.* (2003) obtiveram maior ET em um grupo de 100% Duroc, comparado com cruzamentos Landrace x Large White, com PCQ médio de 83 kg.

Wood *et al.* (2004) não encontraram diferenças significativas para as médias de peso da carcaça e ET entre suínos Duroc e Large White abatidos inteiros (não-castrados), aos 86 kg. Resultados semelhantes foram relatados por Channon *et al.* (2004), que também não encontraram diferenças significativas para PCQ e ET entre cruzamentos com 100% Duroc, 50% Duroc X Large White e 100% Large White, todos abatidos aos 157 dias de idade. Apesar da utilização de cruzamentos afins, as avaliações de Channon *et al.* (2004) e Wood *et al.* (2004) e as do presente experimento foram realizadas com diferentes pesos médios de carcaça (respectivamente 66,4, 64,1 e 93,8 kg), diferentes manejos nutricionais (restrito e à vontade) e diferentes sexos (machos inteiros, castrados e fêmeas), contribuindo, assim, para obtenção de resultados discrepantes.

Em contraste com os resultados aqui apresentados, Čandek-Potokar *et al.* (2002) demonstraram que a inclusão de Duroc em cruzamentos com linhagens Large White e Landrace, abatidos aos 209 dias de idade com 89,25 kg de peso de carcaça, favorece significativamente o aumento do PCQ, sendo também uma característica com valor médio maior nos machos castrados do que nas fêmeas. Por outro lado, Blanchard *et al.* (1999), constataram que a inclusão de 50% de Duroc não alterou o peso de final de abate, quando comparado a suínos Large White X Landrace sem o uso da raça Duroc. Nesse mesmo estudo, ao contrário dos resultados aqui obtidos, o PCQ e a PM foram significativamente maiores nos animais 50% Duroc, comparados ao grupo com 0% Duroc (ou 100% Large White). Entretanto, da mesma forma que no presente trabalho, os resultados de Blanchard *et al.* (1999) demonstraram maior ET no grupo com 50% de Duroc, quando comparado ao grupo com 0%, devendo ser ressaltado que para esta característica nenhum efeito de sexo foi informado por esses autores. Estes resultados foram posteriormente confirmados por Lebret *et al.* (2001), que verificaram que o grupo genético com 50% Duroc foi igual ao grupo com 0% Duroc, ambos alcançando o peso de abate de 110 kg, aos 185 dias de idade. Esses autores ainda relataram PCQ igual entre os dois grupos genéticos e entre os dois sexos e menor ET nas carcaças das fêmeas e também no grupo com 0% Duroc.

Na suinocultura industrial, os métodos mais utilizados para alterar a relação carne/gordura nas carcaças são o aumento do peso de abate e a modificação do regime nutricional. Como em todos os mamíferos monogástricos produtores de carne, no suíno a elevação do peso de abate e, conseqüentemente, do PCQ promove acréscimo de gordura subcutânea (ET) (BEATTIE *et al.*, 1999; BLANCHARD *et al.*, 1999) e da gordura contida no pernil, na paleta, no costado e na barriga (AALHUS *et al.*, 1991; DOESCHL-WILSON *et al.*, 2005; CORREA *et al.*, 2006), conseqüentemente piorando a relação carne/gordura na carcaça como um todo (WEATHERUP *et al.*, 1998). Ao descrever a taxa de agregação proporcional de três depósitos de gordura em crescentes pesos de abate, Kolstad (2001) demonstrou que até os 50 kg a participação porcentual da ET diminui e que a das gorduras inter e intramuscular aumenta na carcaça. A partir daí até o abate aos 105 kg, a participação porcentual da ET volta a crescer, com menor ímpeto em suínos da raça Landrace e mais acentuadamente naqueles da raça Duroc, produzindo carcaças com maior quantidade de gordura neste último.

Quando há aproximação entre os PCQ aqui praticados e os encontrados nas demais investigações, os resultados apresentam maior similaridade para as

características de carcaça. Ao trabalharem com pesos de abate muito semelhantes aos do presente experimento, Cisneros *et al.* (1996) mostraram não haver diferença significativa no PCQ entre machos castrados e fêmeas de dois grupos genéticos com e sem Duroc, e também maior ET no grupo com Duroc do que no grupo sem Duroc. Estes resultados são, de certa forma, diferentes dos encontrados por Latorre *et al.* (2003a), em que suínos abatidos aos 129 kg de peso vivo produziram carcaças com iguais PCQ entre grupos com 50, 25 e 0% Duroc, mais pesadas nos machos castrados do que nas fêmeas e com menor ET nos grupos genéticos com 50 e 25%, comparados ao grupo com 0% Duroc. Ao investigarem animais abatidos aos 117 kg e com 50 e 0% de Duroc, Latorre *et al.* (2003b) concluíram não haver diferença no PCQ entre os grupos genéticos e nem entre machos castrados e fêmeas. Nessa mesma investigação, a ET do grupo genético com 50% Duroc foi igual à do grupo com 0% Duroc e maior nos castrados do que nas fêmeas.

3.2. Análise da qualidade do pernil dentro do peso de abate de 130 kg

Na Tabela 6 estão os resultados para as características de qualidade do pernil analisadas dentro do grupo de suínos abatidos no peso de 130 kg. Nenhuma das características avaliadas foi afetada pela interação entre grupo genético e sexo. De forma previsível, o PB acompanhou os resultados verificados para o PCQ, isto é, o grupo WIWI apresentou o maior PB entre todos os grupos. Por sua vez, o PB do DUDU também foi menor, porém não diferiu significativamente do PB dos grupos DULA e DULL. A mesma tendência entre PCQ e PB não foi observada entre os sexos, já que as fêmeas possuíam um PCQ igual ao dos machos, mas produziram um PB significativamente mais pesado.

Comparando dois grupos, respectivamente com 0 e 25% de Duroc, com PCQ praticamente igual ao do presente experimento, Cisneros *et al.* (1996) também mostraram PB maior nas fêmeas do que nos machos, porém igual entre os grupos genéticos. Este resultado é diferente do apresentado por Latorre *et al.* (2004), que obtiveram PB igual para fêmeas e machos, com carcaças pesando 97,1 kg. Da mesma forma que para o PB, no presente trabalho o PR também foi maior nas fêmeas do que nos machos, o que contrasta com o apresentado por Cisneros *et al.* (1996) e Latorre *et al.* (2003b), que não observaram diferença entre os sexos para esta característica do pernil.

Tabela 6 – Média $\pm$ erro-padrão das características do pernil dos suínos abatidos aos 130 kg

Características do Pernil	Grupos Genéticos					Sexo	
	DUDU	DULA	DUWI	DULL	WIWI	Machos	Fêmeas
PB ¹ (kg)	14,90 $\pm$ 0,08 ^c (89)	15,16 $\pm$ 0,07 ^{bc} (123)	15,32 $\pm$ 0,11 ^b (60)	15,20 $\pm$ 0,08 ^{bc} (109)	15,96 $\pm$ 0,14 ^a (34)	15,09 $\pm$ 0,05 ^a (236)	15,34 $\pm$ 0,07 ^b (180)
PR ¹ (kg)	10,69 $\pm$ 0,06 ^b (89)	10,80 $\pm$ 0,05 ^b (123)	10,95 $\pm$ 0,09 ^b (60)	10,79 $\pm$ 0,08 ^b (108)	11,31 $\pm$ 0,10 ^a (34)	10,70 $\pm$ 0,04 ^a (236)	11,01 $\pm$ 0,05 ^b (180)
EEX (mm)	29,86 $\pm$ 0,99 ^a (89)	26,67 $\pm$ 0,83 ^b (123)	23,68 $\pm$ 1,14 ^c (60)	25,95 $\pm$ 0,85 ^{bc} (109)	24,30 $\pm$ 1,59 ^{bc} (34)	28,29 $\pm$ 0,60 ^a (236)	24,25 $\pm$ 0,67 ^b (180)
EIN (mm)	4,55 $\pm$ 0,34 ^a (89)	4,52 $\pm$ 0,26 ^a (123)	4,82 $\pm$ 0,57 ^a (60)	4,26 $\pm$ 0,27 ^a (109)	3,95 $\pm$ 0,44 ^a (34)	5,36 $\pm$ 0,25 ^a (236)	3,28 $\pm$ 0,12 ^b (180)
PH ¹	5,59 $\pm$ 0,02 ^a (89)	5,55 $\pm$ 0,01 ^a (123)	5,59 $\pm$ 0,02 ^a (60)	5,58 $\pm$ 0,02 ^a (109)	5,58 $\pm$ 0,02 ^a (34)	5,58 $\pm$ 0,01 ^a (236)	5,57 $\pm$ 0,01 ^a (180)
COR ^{1,2}	54,47 $\pm$ 0,54 ^c (89)	54,23 $\pm$ 0,36 ^c (123)	56,81 $\pm$ 0,65 ^{ab} (60)	55,40 $\pm$ 0,66 ^{bc} (109)	58,23 $\pm$ 1,02 ^a (34)	55,00 $\pm$ 0,39 ^a (236)	56,68 $\pm$ 0,36 ^a (180)
GIM ¹ (%)	3,15 $\pm$ 0,25 ^a (26)	1,93 $\pm$ 0,15 ^b (29)	2,09 $\pm$ 0,12 ^b (45)	1,85 $\pm$ 0,23 ^b (20)	1,81 $\pm$ 0,15 ^b (23)	2,32 $\pm$ 0,13 ^a (73)	2,02 $\pm$ 0,12 ^a (70)

DUDU = Duroc x Duroc.

DULA = Duroc x Landrace.

DUWI = Duroc x Large White.

DULL = Duroc x (Landrace x Large White).

WIWI = Large White x Large White.

(n) = número de observações.

^{a,b,c} Médias seguidas de mesma letra na linha, dentro de grupo genético e sexo, não diferem entre si, a 5% de probabilidade pelo teste de SNK.

PB = peso bruto.

PR = peso refilado.

EIN = espessura da gordura interna.

EEX = espessura da gordura externa.

¹ Músculo *Semimembranosus* (coxão-mole).

² Escala *Göfo* de 0 a 100: Quanto maior o valor, mais clara está a superfície do músculo.

GIM = gordura intramuscular.

Entre os grupos genéticos, apenas o WIWI diferiu dos demais, tendo sido o mais pesado. Isto acontece por que a característica PR não é própria do pernil, sendo definida pelo padrão anatômico que o pernil deve possuir antes de prosseguir para a fábrica de presuntos maturados. Portanto, após o refile, as peças passam a ser bastante semelhantes no formato e no peso. Houve efeito significativo de grupo genético para a EEX, e este foi demonstrado quando da comparação do grupo DUDU com os demais. Além desse grupo genético, apenas entre os grupos DULA e DUWI houve diferença significativa para a EEX. Resultado diferente foi demonstrado por Latorre *et al.* (2003b), que relataram não haver diferença na EEX entre grupos genéticos com 50, 25 e 0% de Duroc, abatidos, em média, aos 129 kg.

De acordo com o esperado, a EEX foi significativamente afetada pelo sexo dos animais, com as fêmeas apresentando valor médio inferior ao dos machos. Resultados semelhantes já haviam sido demonstrados por Latorre *et al.* (2003a,b, 2004) em suínos abatidos aos 117 e 133 kg, em que as fêmeas também apresentaram EEX média significativamente menor do que a dos machos castrados. Este efeito de sexo foi posteriormente confirmado no estudo de Correa *et al.* (2006), no qual fêmeas Duroc x (Landrace x Large White) também apresentaram EEX significativamente menor que a dos machos cruzados, ambos abatidos com 125 kg.

Diferentemente da EEX, não houve efeito ($p>0,05$) de grupo genético para a EIN, ou seja, todos os cruzamentos apresentaram médias de EIN estatisticamente iguais entre si. Entretanto, a EIN também foi afetada pelo sexo, com os machos, mais uma vez, apresentando valor médio significativamente ($p<0,05$) maior que o das fêmeas. Os resultados obtidos no presente experimento, aliados aos das demais investigações, confirmam a aptidão de as fêmeas suínas produzirem carcaças e cortes significativamente mais magros do que os machos, no peso de abate entre 120 e 130 kg. O fato de ter havido efeito de grupo genético apenas para a EEX, e não para a EIN, pode ser explicado pelo alto coeficiente de variação (CV) desta última característica. Geralmente, altos CV impedem a detecção de diferenças entre tratamentos. Neste caso, com CV de 72,18%, a EIN não apresentou diferença significativa entre os grupos genéticos. Por sua vez, a EEX apresentou CV de 35,06 (Tabela 4), ou seja, um pouco menor que a metade do CV da EIN.

Não houve efeito de sexo ($p>0,05$) para PH e COR, assim como também não houve efeito da interação grupo genético x sexo para essas duas características. O grupo genético afetou apenas a COR ($p<0,05$), mas não o PH, que foi igual ($p>0,05$) entre os

grupos. O pH_u é um dos critérios de qualidade muscular mais freqüentemente avaliado em estudos que envolvem carcaças suínas. Quando medido após o resfriamento, a variação do pH é determinada majoritariamente pelos efeitos de dia de abate (HAMBRECHT *et al.*, 2003, 2004), pela interação entre a quantidade de energia no momento do abate e os genes RYR1 e PRKAG3 (HOCQUETTE *et al.*, 1998) e pelo tipo de fibra predominante no músculo avaliado (RYU e KIM, 2005).

Em suínos abatidos pesados, o pH do pernil que se destina à produção de presuntos maturados é muito importante. No início, o pH afeta a maturação, interferindo na difusão da umidade após a salga, e, no final, influencia o sabor e a textura. Valores de pH nos músculos *Semimembranosus* e *Biceps femoris* abaixo de 5,56, antes da salga, estão relacionados à aparência pastosa e ao paladar não atraente em presuntos prontos para o consumo (GOU *et al.*, 2002; GARCIA-REY *et al.*, 2004). Nas investigações de Latorre *et al.* (2003a,b, 2004), o pH do músculo *Semimembranosus* de suínos, aos 116, 124 e 133 kg no abate, foi constantemente maior em castrados (5,77 a 5,88) do que em fêmeas (5,61 a 5,79), apresentando valores bem acima dos aqui descritos para ambos os sexos (Tabela 6). Assim como a luminosidade (cor), o pH_u foi menor em machos castrados do que em fêmeas no *Longissimus* e igual no *Semimembranosus*, quando avaliados em carcaças de 86,2 kg (SATHER *et al.*, 1991; GARCÍA-MACÍAS *et al.*, 1996; LEBRET *et al.*, 2001) e também em carcaças de 98,5 kg (CISNEROS *et al.*, 1996). Igualmente aos presentes resultados, Monin *et al.* (1999) e Correa *et al.* (2006) também não evidenciaram diferença significativa na luminosidade e no pH do músculo *Longissimus* de uma geração F2 Duroc x Large White, abatidos, respectivamente, aos 107, 115 e 125 kg. Čandek-Potokar *et al.* (2002) também não mostraram diferenças significativas entre machos e fêmeas para os valores de pH e luminosidade nos músculos *Semimembranosus* e *Biceps femoris*. Utilizando suínos pouco mais leves do que os do presente experimento, Blanchard *et al.* (1999b) demonstraram não haver diferença significativa no pH de *Longissimus* e *Biceps femoris* com a inclusão de 0, 25 e 50% de Duroc. Contrariando as expectativas, a inclusão de Duroc na proporção de 0, 50 e 100% diminuiu o valor do pH no músculo *Longissimus* em carcaças com peso médio de 74,5 kg, como constatado nos estudos de Channon *et al.* (2004). Assim como relatado por WARRISS *et al.* (1990), no presente experimento machos castrados e fêmeas não diferiram para a variável COR. Nos grupos WIWI e DUWI, a superfície do músculo *Semimembranosus* se mostrou significativamente ($p < 0,05$) mais clara do que nos demais grupos, exceto na comparação entre DUWI e DULL, cujos valores de

luminosidade foram iguais ($p>0,05$). Os menores valores de luminosidade, isto é, coloração mais escura, foram obtidos nos grupos DUDU e DULA, porém ambos não diferiram do valor encontrado no grupo DULL (Tabela 6).

A intensidade da cor na carne suína refrigerada é dependente do conteúdo de pigmentos (mioglobina e hemoglobina) no músculo, bem como da proporção relativa de suas diversas formas químicas (deoxi – Mb ou Hb, oxi – MbO₂ ou HbO₂, e meta - MetMb ou MetHb). A concentração desses pigmentos é maior nos músculos formados predominantemente por fibras do tipo I ou β *red* (músculos vermelhos). Por sua vez, a oxidação desses pigmentos, que é dependente do consumo de oxigênio mitocondrial e da queda do pH *pos mortem*, interfere na luminosidade avaliada na superfície de músculos recém-cortados (HOCQUETTE *et al.*, 1998). A queda mais acentuada do pH resulta em aumento da palidez e em conseqüente aumento dos valores da escala *Göfo*. De acordo com van der Wal *et al.* (1992) e Jones *et al.* (1993), a variação da GIM no músculo *Longissimus* também interfere na leitura da luminosidade nas escalas CIE L*, *Hunter* e *Minolta* Y, x, y. Invariavelmente, quanto maior a GIM, mais a leitura da cor é direcionada para o branco, ou é maior o valor de L* nas escalas *Hunter*, *Minolta* e *Göfo*. Entretanto, quando está abaixo de 1,6% nos músculos *Longissimus* e *Semimembranosus*, a GIM parece não influenciar os valores de luminosidade (LINDAHL *et al.*, 2001). Ainda segundo esses autores, mais de 86% da variação do valor L (luminosidade) em músculos *Longissimus* e *Biceps femoris* é devido à quantidade e à forma química dos pigmentos, com pouca ou sem participação da reflexão interna da luz. O conteúdo de pigmentos heme, especialmente mioglobina, e as formas MetMb e MbO são os parâmetros de cor que mais contribuem para esta variação (WARRISS, 1990).

Comparando três populações F1 Hampshire, Landrace e Large White, Lindahl *et al.* (2001) constataram menor valor L (mais escuro) no *Biceps femoris* apenas nos Hampshire, não havendo diferença entre os grupos Large White e Landrace. Ainda nesse trabalho, a quantidade de MbO₂ e MetMb foi superior em ambos os músculos nos Hampshire e, inversamente, a quantidade de Mb foi menor dentro deste grupo. Mesmo em genótipos do RYR1 (NN, Nn e nn), nem o valor de L e tampouco o pH foram diferentes no músculo *Longissimus* em fêmeas comerciais com três distintos pesos de abate (100, 120 e 140 kg) (DEPREAUX *et al.*, 2002).

Embora maior nos machos castrados, a diferença na GIM entre os dois sexos foi não significativa ($p>0,05$). Entretanto, houve efeito de grupo genético nos resultados

obtidos, mas apenas o grupo genético DUDU apresentou diferença significativa e com valores sempre maiores, quando comparado aos demais grupos. Para essa característica, inconsistentes resultados têm sido obtidos em estudos que envolvem tratamentos nutricionais ou genéticos. Por exemplo, quando abatidos aos 106 kg, a GIM das fêmeas foi menor que a dos machos castrados no trabalho de Nuernberg *et al.* (2005) e igual no experimento de D'Souza e Mullan (2002). Em estudos com três grupos genéticos, Affentranger *et al.* (1996), demonstraram que a GIM no *Longissimus* foi superior no grupo com 50% Duroc, quando comparado aos demais dois grupos sem Duroc. De acordo com Blanchard *et al.* (1999b), a inclusão de 25 e 50% de Duroc também contribui significativamente para o aumento da GIM no músculo *Longissimus*. Em outra comparação entre duas populações F₁, a GIM foi significativamente maior no músculo *Longissimus* da Duroc comparada à F₁ Landrace (MASON *et al.*, 2005).

Para a indústria, a variação da GIM em determinados músculos do pernil é mais relevante do que a própria média. Diferentes quantidades de GIM na musculatura do pernil influenciam o paladar do presunto ao fim da maturação, por meio da absorção irregular de sal, concomitante ao sabor pastoso, associado ao excesso de gordura na fatia consumida. Menor variação da GIM significa melhor difusão de sal durante a maturação muscular, resultando em maior uniformidade no sabor das diferentes partes do presunto acabado. Segundo Gerbens (2004), a variação fenotípica da GIM pode diminuir em populações de suínos em que exista seleção a favor dos genes FABP3 e FABP4. Na população utilizada no presente experimento, não houve seleção para os genes FABP3 e FABP4 e a amplitude da GIM (Tabela 4) foi, por exemplo, menor do que a mostrada por Foury *et al.* (2005) em suínos Large White x Duroc abatidos aos 104 ± 7 kg.

As correlações entre as características de carcaça e do pernil em todos os suínos abatidos aos 130 kg, ou apenas dentro de cada grupo genético, estão nas Tabelas 7, 8 e 9. Para a mesma característica, o valor de *r* é diferente dentro de cada grupo genético. Conforme o esperado, nos resultados deste e de outros trabalhos (SWATLAND, 1984; DOESCHL-WILSON *et al.*, 2005), as correlações entre PCQ, PB e PR foram altas e significativas (*p*<0,05). Um outro destaque é a correlação entre ET e GIM, que foi significativa nos grupos DULL e DUDU e não-significativa nos demais grupos. A correlação entre ET e GIM aqui apresentada foi maior do que a mostrada por Newcom *et al.* (2005) e Suzuki *et al.* (2005), em uma população de Durocs. Esses autores encontraram correlações de 0,32 e 0,21 entre ET e GIM, portanto menor do que as correlações do presente experimento. A existência da associação entre ET e GIM

Tabela 7 – Coeficientes de correlação r , valor p e número de observações (n) entre as características da carcaça e do pernil aos 130 kg (*diagonal inferior* = em toda a população e *diagonal superior* = somente no grupo genético DUDU)

	PCQ	ET	PM	PB	PR	EIN	EEX	PH	COR	GIM
PCQ		0,174 0,0495 (128)	-0,022 0,7994 (128)	0,670 0,0001 (85)	0,473 0,0001 (85)	-0,003 0,9763 (85)	-0,179 0,1005 (85)	-0,035 0,7461 (85)	-0,010 0,9259 (85)	0,309 0,1504 (23)
ET	0,120 0,0031 (598)		-0,759 0,0001 (128)	-0,066 0,5479 (85)	-0,150 0,1692 (85)	0,085 0,4344 (85)	0,238 0,0278 (85)	0,050 0,6489 (85)	0,062 0,5696 (85)	0,580 0,0037 (23)
PM	0,039 0,3369 (598)	-0,615 0,0001 (600)		0,117 0,2825 (85)	0,114 0,2959 (85)	-0,105 0,3380 (85)	-0,275 0,0108 (85)	-0,024 0,8213 (85)	0,100 0,3595 (85)	-0,496 0,0161 (23)
PB	0,762 0,0001 (397)	-0,110 0,0282 (397)	0,195 0,0001 (397)		0,798 0,0001 (89)	-0,156 0,1430 (89)	-0,170 0,1094 (89)	0,013 0,9029 (89)	0,035 0,7411 (89)	ND
PR	0,671 0,0001 (396)	-0,201 0,0001 396	0,217 0,0001 (396)	0,855 0,0001 (414)		-0,215 0,0422 (89)	-0,217 0,0410 (89)	-0,081 0,4490 (89)	0,033 0,7553 (89)	ND
EIN	0,026 0,5972 (397)	0,140 0,0051 (397)	-0,118 0,0184 (397)	-0,080 0,1021 (415)	-0,175 0,0003 (414)		0,024 0,8187 (89)	0,029 0,7871 (89)	0,248 0,0190 (89)	ND
EEX	-0,148 0,0031 (397)	0,207 0,0001 (397)	-0,243 0,0001 (397)	-0,141 0,0040 (415)	-0,139 0,0046 (414)	-0,032 0,5094 (415)		0,082 0,4407 (89)	-0,294 0,0051 (89)	ND
PH	-0,041 0,413 (397)	-0,024 0,625 (397)	0,081 0,1042 (397)	-0,210 0,6598 (415)	-0,032 0,5111 (414)	0,052 0,2835 (415)	0,012 0,7924 (415)		0,172 0,1070 (89)	ND
COR	0,084 0,0911 (397)	-0,029 0,5609 (397)	0,114 0,0221 (397)	0,065 0,1836 (415)	0,032 0,5055 (414)	0,143 0,0033 (415)	-0,298 0,0001 (415)	0,348 0,0001 (415)		ND
GIM	0,121 0,1873 (119)	0,228 0,0124 (119)	-0,108 0,2392 (119)	ND	ND	ND	ND	ND	ND	

ND = não-disponível.

Tabela 8 – Coeficientes de correlação r , valor p e número de observações (n) entre as características da carcaça e do pernil aos 130 kg (*diagonal inferior* = somente no grupo genético DULA e *diagonal superior* = somente no grupo genético DULL)

	PCQ	ET	PM	PB	PR	EIN	EEX	PH	COR	GIM
PCQ		0,114 0,1894 (133)	0,044 0,6113 (133)	0,774 0,0001 (105)	0,731 0,0001 (104)	0,003 0,9755 (105)	0,027 0,7835 (105)	-0,153 0,1181 (105)	-0,043 0,6598 (105)	0,259 0,3499 (15)
ET	0,227 0,0040 (159)		-0,589 0,0001 (135)	-0,095 0,3340 (105)	-0,167 0,0891 (104)	0,043 0,6616 (105)	0,163 0,0956 (105)	-0,04289 0,6640 (105)	0,038 0,6955 (105)	0,516 0,0484 (15)
PM	0,028 0,7196 (159)	-0,537 0,0001 (159)		0,248 0,0105 (105)	0,229 0,0189 (104)	-0,025 0,7943 (105)	-0,366 0,0001 (105)	0,144 0,1412 (105)	0,037 0,7042 (105)	-0,016 0,9546 (15)
PB	0,760 0,0001 (116)	0,013 0,8895 (116)	0,167 0,0724 (116)		0,892 0,0001 (108)	-0,084 0,3844 (109)	-0,091 0,3455 (109)	-0,136 0,157 (109)	-0,067 0,4851 (109)	ND
PR	0,687 0,0001 (116)	-0,145 0,1191 (116)	0,300 0,0010 (116)	0,865 0,0001 (123)		-0,174 0,0701 (108)	-0,083 0,3906 (108)	-0,153 0,1122 (108)	-0,132 0,1708 (108)	ND
EIN	0,126 0,1776 (116)	0,222 0,0162 (116)	-0,227 0,0139 (116)	0,075 0,4088 (123)	-0,002 0,9789 (123)		0,020 0,8354 (109)	0,065 0,4982 (109)	0,147 0,1260 (109)	ND
EEX	-0,088 0,3471 (116)	0,115 0,2159 (116)	-0,086 0,3544 (116)	-0,004 0,9601 (123)	0,003 0,9704 (123)	-0,212 0,0183 (123)		-0,020 0,8288 (109)	-0,150 0,1191 (109)	ND
PH	-0,051 0,5854 (116)	-0,244 0,0083 (116)	0,240 0,0093 (116)	0,028 0,7525 (123)	0,164 0,0693 (123)	-0,112 0,2166 (123)	0,028 0,7565 (123)		0,479 0,0001 (109)	ND
COR	-0,101 0,2771 (116)	-0,145 0,1188 (116)	-0,010 0,9074 (116)	-0,182 0,0429 (123)	-0,102 0,2596 (123)	0,083 0,3584 (123)	-0,279 0,0018 (123)	0,286 0,0013 (123)		ND
GIM	-0,140 0,5035 (25)	-0,076 0,7179 (25)	-0,146 0,4834 (25)	ND	ND	ND	ND	ND	ND	

ND = não-disponível.

Tabela 9 – Coeficientes de correlação r , valor p e número de observações (n) entre as características da carcaça e do pernil aos 130 kg (*diagonal inferior* = somente no grupo genético DUWI e *diagonal superior* = somente no grupo genético WIWI)

	PCQ	ET	PM	PB	PR	EIN	EEX	PH	COR	GIM
PCQ		0,052 <i>0,6806</i> (63)	0,136 <i>0,2856</i> (63)	0,809 <i>0,0001</i> (32)	0,626 <i>0,0001</i> (32)	0,118 <i>0,5179</i> (32)	-0,366 <i>0,0391</i> (32)	0,020 <i>0,9105</i> (32)	0,406 <i>0,0211</i> (32)	-0,202 <i>0,3912</i> (20)
ET	0,203 <i>0,0293</i> (115)		-0,334 <i>0,0074</i> (63)	0,171 <i>0,3486</i> (32)	-0,086 <i>0,6388</i> (32)	0,099 <i>0,5867</i> (32)	-0,012 <i>0,9455</i> (32)	-0,110 <i>0,5455</i> (32)	0,200 <i>0,2722</i> (32)	-0,245 <i>0,2964</i> (20)
PM	-0,039 <i>0,6751</i> (115)	-0,601 <i>0,0001</i> (115)		0,132 <i>0,4700</i> (32)	0,126 <i>0,4917</i> (32)	0,007 <i>0,9688</i> (32)	-0,034 <i>0,8504</i> (32)	0,155 <i>0,3959</i> (32)	0,311 <i>0,0829</i> (32)	-0,235 <i>0,3179</i> (20)
PB	0,750 <i>0,0001</i> (59)	-0,067 <i>0,6105</i> (59)	-0,017 <i>0,8966</i> (59)		0,807 <i>0,0001</i> (34)	0,024 <i>0,8923</i> (34)	-0,089 <i>0,6161</i> (34)	0,009 <i>0,9578</i> (34)	0,238 <i>0,1749</i> (34)	ND
PR	0,701 <i>0,0001</i> (59)	-0,167 <i>0,2039</i> (59)	0,034 <i>0,7936</i> (59)	0,814 <i>0,0001</i> (60)		-0,226 <i>0,1968</i> (34)	-0,059 <i>0,7370</i> (34)	-0,081 <i>0,6456</i> (34)	0,020 <i>0,9103</i> (34)	ND
EIN	-0,081 <i>0,5377</i> (59)	0,217 <i>0,0983</i> (59)	-0,069 <i>0,5985</i> (59)	-0,251 <i>0,0523</i> (60)	-0,366 <i>0,0039</i> (60)		0,146 <i>0,4076</i> (34)	-0,026 <i>0,8835</i> (34)	0,391 <i>0,0221</i> (34)	ND
EEX	-0,186 <i>0,1576</i> (59)	0,256 <i>0,0502</i> (59)	-0,242 <i>0,0647</i> (59)	-0,179 <i>0,1690</i> (60)	-0,159 <i>0,2234</i> (60)	-0,010 <i>0,9340</i> (60)		-0,068 <i>0,6992</i> (34)	-0,177 <i>0,3160</i> (34)	ND
PH	0,221 <i>0,0922</i> (59)	0,270 <i>0,0383</i> (59)	-0,162 <i>0,2179</i> (59)	0,056 <i>0,6704</i> (60)	-0,006 <i>0,9603</i> (60)	0,446 <i>0,0003</i> (60)	0,006 <i>0,9617</i> (60)		0,396 <i>0,0204</i> (34)	ND
COR	0,312 <i>0,0159</i> (59)	0,106 <i>0,4223</i> (59)	0,115 <i>0,3822</i> (59)	0,209 <i>0,1084</i> (60)	0,135 <i>0,3024</i> (60)	0,053 <i>0,6822</i> (60)	-0,512 <i>0,0001</i> (60)	0,414 <i>0,0010</i> (60)		ND
GIM	0,106 <i>0,5356</i> (36)	-0,075 <i>0,6625</i> (36)	0,265 <i>0,1181</i> (36)	ND	ND	ND	ND	ND	ND	

ND = não-disponível.

representa uma vantagem para a indústria, podendo a ET obtida pela tipificação das carcaças ser usada para selecionar pernis com adequadas quantidades de GIM para maturação. Da mesma forma, a alta correlação positiva entre PCQ e PB facilita a seleção, ainda na linha de abate, de carcaças com pernis de pesos dentro da faixa desejada pela fábrica de maturados. Por razões operacionais do presente trabalho, a correlação entre cor e GIM no músculo *Semimembranosus* não foi estabelecida, isto é, estas duas variáveis não foram medidas nos mesmos pernis.

3.3. *Análise da qualidade da carcaça e do pernil dentro do peso de abate 160 kg*

Na Tabela 10 estão os resultados para o grupo de suínos abatidos aos 160 kg. Não houve efeito da interação entre grupo genético e sexo para nenhuma das características de carcaça (Apêndice 1). Não foi evidenciado ($p>0,05$) efeito de sexo e grupo genético para PCQ. As demais variáveis (ET e PM) sofreram efeito ($p<0,05$) do grupo genético e do sexo. De acordo com o esperado, a ET foi menor e a PM foi significativamente maior ($p<0,05$) nas carcaças das fêmeas do que na dos machos, mostrando que, mesmo quando abatidas muito pesadas, as fêmeas se mantêm superior aos machos nas características relacionadas a rendimento de carne da carcaça e dos cortes. Entre os grupos genéticos, a ET foi menor ($p<0,05$) apenas no WIWI e a PM foi igual entre WIWI e DULL e entre DULA, DUWI e DULL.

Elevar o peso de abate até os 160 kg é uma prática muito rara dentro da suinocultura atual. A perda da eficiência durante a fase de terminação, por meio do aumento da conversão alimentar, pelo excesso de gordura e pelo tamanho dos cortes das carcaças, contribui para que o peso econômico de abate raramente ultrapasse os 130 kg. Por isto, são também raras as publicações sobre avaliações da qualidade da carcaça e da carne neste peso. Exceções são encontradas na Itália e na Espanha, onde o abate intencional de suínos pesados é realizado para atender às características de qualidade de pernis destinados à produção de presuntos maturados.

Na Tabela 11 estão os resultados para as características de qualidade do pernil analisadas dentro do grupo de suínos abatidos aos 160 kg. Mais uma vez, nenhuma das características avaliadas foi afetada significativamente pela interação entre grupo genético e sexo. Apesar de possuírem PCQ iguais, as fêmeas produziram PB significativamente ($p<0,05$) mais pesado do que os machos castrados, porém não houve diferença significativa entre os grupos genéticos para esta característica. Assim como

Tabela 10 – Médias $\pm$ erro-padrão das características de carcaça dos suínos abatidos aos 160 kg

Características de Carcaça	Grupos Genéticos				Sexo	
	DULA	DUWI	DULL	WIWI	Machos	Fêmeas
PCQ (kg)	116,74 $\pm$ 0,68 ^a (114)	115,41 $\pm$ 0,79 ^a (85)	116,40 $\pm$ 0,65 ^a (111)	114,87 $\pm$ 1,61 ^a (31)	116,20 $\pm$ 0,47 ^a (222)	116,00 $\pm$ 0,73 ^a (119)
ET (mm)	23,93 $\pm$ 0,58 ^a (114)	24,61 $\pm$ 0,78 ^a (85)	22,78 $\pm$ 0,57 ^a (111)	19,72 $\pm$ 0,95 ^b (31)	24,89 $\pm$ 0,45 ^a (222)	20,45 $\pm$ 0,45 ^b (119)
PM (mm)	53,27 $\pm$ 0,57 ^a (114)	52,70 $\pm$ 0,73 ^a (85)	54,82 $\pm$ 0,62 ^{ab} (111)	56,81 $\pm$ 1,06 ^b (31)	52,59 $\pm$ 0,43 ^a (222)	56,51 $\pm$ 0,52 ^b (119)

DULA = Duroc x Landrace.

DUWI = Duroc x Large White.

DULL = Duroc x (Landrace x Large White).

WIWI = Large White x Large White.

(n) = número de observações.

^{a,b} Médias seguidas de mesma letra na linha, dentro de grupo genético e sexo, não diferem entre si, a 5% de probabilidade.

PCQ = peso da carcaça quente (eviscerada, sem rabo, sem cabeça, sem a gordura da cavidade abdominal e sem os pés dianteiros).

ET = espessura de toucinho.

PM = profundidade do músculo *Longissimus lumborum* (“lombo”).

Tabela 11 – Média $\pm$ erro-padrão das características do pernil dos suínos abatidos aos 160 kg

Características do Pernil	Grupos Genéticos				Sexo	
	DULA	DUWI	DULL	WIWI	Machos	Fêmeas
PB (kg)	18,59 $\pm$ 0,21 ^a (36)	19,07 $\pm$ 0,41 ^a (18)	18,60 $\pm$ 0,21 ^a (33)	19,76 $\pm$ 0,45 ^a (7)	18,43 $\pm$ 0,16 ^a (55)	19,25 $\pm$ 0,23 ^b (39)
PR (kg)	12,92 $\pm$ 0,15 ^a (36)	13,12 $\pm$ 0,29 ^a (18)	12,82 $\pm$ 0,15 ^a (33)	13,88 $\pm$ 0,42 ^b (7)	12,82 $\pm$ 0,12 ^a (55)	13,24 $\pm$ 0,17 ^b (39)
EIN (mm)	6,88 $\pm$ 0,68 ^a (36)	6,05 $\pm$ 0,84 ^a (18)	6,46 $\pm$ 0,91 ^a (33)	5,11 $\pm$ 1,09 ^a (7)	7,67 $\pm$ 0,67 ^a (55)	4,71 $\pm$ 0,36 ^b (39)
EEX (mm)	24,51 $\pm$ 1,00 ^a (36)	22,38 $\pm$ 1,18 ^a (18)	22,65 $\pm$ 1,03 ^a (33)	19,68 $\pm$ 2,63 ^a (7)	24,31 $\pm$ 0,75 ^a (55)	21,36 $\pm$ 0,97 ^b (39)
pH ¹	5,69 $\pm$ 0,02 ^a (36)	5,65 $\pm$ 0,03 ^a (18)	5,66 $\pm$ 0,03 ^a (33)	5,68 $\pm$ 0,02 ^a (7)	5,66 $\pm$ 0,02 ^a (55)	5,68 $\pm$ 0,02 ^a (39)
COR ^{1,2}	57,40 $\pm$ 0,74 ^a (36)	55,59 $\pm$ 0,89 ^a (18)	56,56 $\pm$ 0,72 ^a (33)	56,87 $\pm$ 1,23 ^a (7)	55,92 $\pm$ 0,54 ^a (55)	57,85 $\pm$ 0,64 ^b (39)
GIM ¹ (%)	2,28 $\pm$ 0,11 ^a (60)	2,26 $\pm$ 0,12 ^a (43)	2,32 $\pm$ 0,11 ^a (55)	2,25 $\pm$ 0,20 ^a (17)	2,37 $\pm$ 0,08 ^a (117)	2,10 $\pm$ 0,09 ^b (58)

Médias seguidas de mesma letra na linha, dentro de grupo genético e sexo, não diferem entre si, a 5% de probabilidade.

DULA = Duroc x Landrace.

DUWI = Duroc x Large White.

DULL = Duroc x (Landrace x Large White).

WIWI = Large White x Large White.

PB = peso bruto.

PR = peso refilado.

EIN = espessura da gordura interna.

EEX = espessura da gordura externa.

¹ Músculo *Semimembranosus* (coxão-mole).

² Escala *Gôfo* de 0 a 100: Quanto maior o valor, mais clara a superfície do músculo.

GIM = gordura intramuscular.

(n) = número de observações.

nos suínos abatidos aos 130 kg, aos 160 kg o PR foi maior ($p<0,05$) no grupo WIWI e nas fêmeas. Nas medidas de EIN e EEX também houve efeito de sexo, sendo ambas significativamente ($p<0,05$) menores nas fêmeas. Entre os grupos genéticos, a EIN e a EEX não apresentaram diferenças significativas. Os valores da EEX aqui apresentados são ligeiramente inferiores aos mostrados por Boichichio *et al.* (2005) em suínos Duroc x Large White abatidos aos 170 kg.

Investigando o aumento linear em 0, 25 e 50% de Duroc na composição de suínos Duroc x (Large White x Landrace) abatidos aos 171,06 kg de média, com correspondentes 135,64 kg de peso de carcaça, Sabbioni *et al.* (2002) verificaram ausência do efeito do incremento de Duroc no PCQ, mas ao mesmo tempo relataram tendência ($p=0,09$) para diminuição no peso médio do pernil à medida que aumenta a proporção de Duroc nos cruzamentos. Por outro lado, LO Fiego *et al.* (2005) demonstraram aumento significativo no PB de suínos Large White x Landrace abatidos, pesados dos 151,3 aos 175,6 kg.

As médias de pH não foram influenciadas pelo sexo e tampouco pelo grupo genético dos suínos. Situação semelhante ocorreu para as médias de cor, em que houve efeito significativo apenas de sexo. Neste, os machos apresentaram valor médio inferior ao das fêmeas, o que se traduz em uma superfície mais escura do músculo *Semimembranosus* para os machos ou mais clara para as fêmeas. A GIM também não foi afetada por grupo genético, entretanto foi observada diferença significativa entre os sexos dos suínos abatidos para esta característica, sendo a média dos machos castrados maior ($p<0,05$) que a das fêmeas.

Nos trabalhos de Cilla *et al.* (2006), os valores do pH (5,71) e GIM (4,42%) do músculo *Semimembranosus* em carcaças de 100 kg de grupos genéticos Duroc x (Landrace x Large White) foram mais altos que os aqui apresentados. O incremento linear de 10% de Duroc não afetou significativamente os valores do pH e da luminosidade no músculo *Semimembranosus* de suínos abatidos aos 171 kg (SABIONNI *et al.*, 2002). Por sua vez, Virgili *et al.* (2003) demonstraram significativa diminuição no pH do *Semimembranosus* entre suínos abatidos aos 143,6 e 181,8 kg. Segundo esses autores, o pH mais alto nos suínos mais leves (e mais jovens) pode ser o reflexo do maior consumo de glicogênio durante o pré-abate. Por possuírem carcaça maior e mais gorda, a transferência de calor pode ser suprimida durante o resfriamento convencional das carcaças, favorecendo o metabolismo anaeróbico prolongado, associado à queda mais rápida do pH muscular *post-mortem*. Investigando possíveis

diferenças entre grupos genéticos Duroc, Landrace e Large White abatidos com 155,6 kg, Schivazappa *et al.* (2002) encontraram GIM significativamente maior no grupo Duroc, porém com alto coeficiente de variação (38,96%), e, ao mesmo tempo, pH significativamente maior no grupo Landrace, ambos avaliados no músculo *Semimembranosus*.

As correlações entre as características de carcaça e do pernil em todos os suínos abatidos aos 160 kg, ou somente dentro de cada grupo genético, estão nas Tabelas 12, 13 e 14. Como esperado, existe uma alta e positiva correlação entre o PCQ e o PPB em todas as situações. De fato, a passagem do peso de abate de 130 para 160 kg aumentou o r entre PCQ e o PPB. Diferentemente do esperado, não houve correlação significativa entre EIN e EEX. Apesar de não ser alta, a correlação entre pH e cor se manteve consistente entre os grupos e os pesos de abate, sendo sempre positiva e significativa. Resultados semelhantes nos músculos *Semimembranosus* e *Biceps femoris*, de pernis destinados para maturação, foram encontrados por Chizzolini *et al.* (1996). Por sua vez, Huff-Lonergan *et al.* (2002) conseguiram evidenciar coeficientes de correlação maiores entre cor e pH nos músculos *Longissimus* e *Semimembranosus* de uma população F2 Berkshire x Large White, abatida aos 110 kg.

Em cruzamentos comerciais de abate, a deposição de gordura na carcaça como um todo e no pernil em particular tende a aumentar com a elevação do peso corporal (AALHUS *et al.*, 1991; GARCÍA-MACIAS *et al.*, 1996; BEATTIE *et al.*, 1999; VIRGILI *et al.*, 2003). Entretanto, quando do aumento do peso de abate, a diferença na quantidade de gordura no pernil é menor do que a observada nos outros cortes primários da carcaça e esta diferença é, por exemplo, dependente da linhagem (ou raça), do sexo e do ganho de peso diário até o abate (D'SOUZA *et al.*, 2004; CORREA *et al.*, 2006). Trabalhando com quatro distintos grupos genéticos com peso de abate de 150 kg, FRANCI *et al.* (2001) estabeleceram que, utilizando análise multivariada, as associações entre os diferentes depósitos de gordura da carcaça são mais bem evidenciadas, comparadas às correlações lineares simples. Existem crescentes evidências nas quais as correlações entre ET e o conteúdo total de gordura na carcaça têm diminuído devido à seleção fenotípica para uma sempre menor ET. Esta seleção contínua pode ter inclusive redistribuído a gordura subcutânea para outros pontos da carcaça, alterando as correlações entre distintas características de carcaça e do pernil (D'SOUZA *et al.*, 2004).

Tabela 12 – Coeficientes de correlação r , valor p e número de observações (n) entre as características da carcaça e do pernil aos 160 kg (*diagonal inferior* = em toda a população e *diagonal superior* = somente no grupo genético DULA)

	PCQ	ET	PM	PB	PR	EIN	EEX	PH	COR	GIM
PCQ		0,327 <i>0,0004</i> (114)	-0,203 <i>0,0303</i> (114)	0,829 <i>0,0001</i> (34)	0,688 <i>0,0001</i> (34)	0,087 <i>0,6219</i> (34)	-0,054 <i>0,7605</i> (34)	0,0333 <i>0,8501</i> (34)	0,086 <i>0,6266</i> (34)	0,042 <i>0,7540</i> (57)
ET	0,217 <i>0,0001</i> (341)		-0,826 <i>0,0001</i> (114)	0,092 <i>0,6011</i> (34)	-0,000 <i>0,9992</i> (34)	0,285 <i>0,1014</i> (34)	0,358 <i>0,0375</i> (34)	0,044 <i>0,8022</i> (34)	-0,260 <i>0,1360</i> (34)	0,278 <i>0,0362</i> (57)
PM	-0,115 <i>0,0323</i> (341)	-0,812 <i>0,0001</i> (341)		-0,012 <i>0,9461</i> (34)	0,064 <i>0,7150</i> (34)	-0,172 <i>0,3300</i> (34)	-0,337 <i>0,0508</i> (34)	0,027 <i>0,8755</i> (34)	0,285 <i>0,1011</i> (34)	-0,243 <i>0,0679</i> (57)
PB	0,838 <i>0,0001</i> (91)	-0,040 <i>0,7001</i> (91)	0,137 <i>0,1942</i> (91)		0,812 <i>0,0001</i> (36)	-0,134 <i>0,4354</i> (36)	-0,164 <i>0,3368</i> (36)	-0,023 <i>0,8934</i> (36)	0,103 <i>0,5498</i> (36)	ND
PR	0,759 <i>0,0001</i> (91)	-0,174 <i>0,097</i> (91)	0,291 <i>0,0050</i> (91)	0,810 <i>0,0001</i> (94)		-0,159 <i>0,3516</i> (36)	-0,141 <i>0,4111</i> (36)	-0,001 <i>0,9938</i> (36)	0,095 <i>0,5806</i> (36)	ND
EIN	0,041 <i>0,6981</i> (91)	0,199 <i>0,0584</i> (91)	-0,201 <i>0,0556</i> (91)	-0,129 <i>0,2118</i> (94)	-0,211 <i>0,0408</i> (94)		0,273 <i>0,1069</i> (36)	0,079 <i>0,6432</i> (36)	0,096 <i>0,5770</i> (36)	ND
EEX	0,055 <i>0,6025</i> (91)	0,282 <i>0,0066</i> (91)	-0,243 <i>0,0201</i> (91)	-0,105 <i>0,3123</i> (94)	-0,020 <i>0,8438</i> (94)	0,160 <i>0,1229</i> (94)		-0,105 <i>0,5395</i> (36)	-0,016 <i>0,9255</i> (36)	ND
PH	-0,067 <i>0,5224</i> (91)	0,005 <i>0,9596</i> (91)	-0,048 <i>0,6470</i> (91)	-0,147 <i>0,1561</i> (94)	-0,108 <i>0,2972</i> (94)	0,181 <i>0,0796</i> (94)	-0,042 <i>0,6844</i> (94)		0,629 <i>0,0001</i> (36)	ND
COR	0,093 <i>0,3805</i> (91)	-0,058 <i>0,5814</i> (91)	0,045 <i>0,6683</i> (91)	0,072 <i>0,4874</i> (94)	0,171 <i>0,0987</i> (94)	0,164 <i>0,1140</i> (94)	0,089 <i>0,3931</i> (94)	0,509 <i>0,0001</i> (94)		ND
GIM	-0,011 <i>0,8813</i> (164)	0,215 <i>0,0056</i> (164)	-0,249 <i>0,0013</i> (164)	ND	ND	ND	ND	ND	ND	

ND = não-disponível.

Tabela 13 – Coeficientes de correlação r , valor p e número de observações (n) entre as características da carcaça e do pernil aos 160 kg (*diagonal inferior* = somente no grupo genético DULL e *diagonal superior* = somente no grupo genético DUWI)

	PCQ	ET	PM	PB	PR	EIN	EEX	PH	COR	GIM
PCQ		0,024 0,8272 (85)	0,046 0,6757 (85)	0,918 0,0001 (18)	0,776 0,0001 (18)	-0,280 0,2600 (18)	-0,179 0,4760 (18)	-0,361 0,1410 (18)	-0,297 0,2298 (18)	-0,171 0,2780 (42)
ET	0,175 0,0658 (111)		-0,761 0,0001 (85)	-0,177 0,4807 (18)	-0,390 0,1090 (18)	0,189 0,4511 (18)	0,030 0,9054 (18)	-0,285 0,2509 (18)	-0,087 0,7299 (18)	0,130 0,4117 (42)
PM	-0,091 0,3396 (111)	-0,837 0,0001 (111)		0,222 0,3756 (18)	0,576 0,0122 (18)	-0,409 0,0915 (18)	0,069 0,7855 (18)	-0,087 0,7289 (18)	0,003 0,9890 (18)	-0,272 0,0807 (42)
PB	0,833 0,0001 (32)	-0,121 0,5093 (32)	0,216 0,2341 (32)		0,793 0,0001 (18)	-0,288 0,2461 (18)	-0,223 0,3729 (18)	-0,367 0,1336 (18)	-0,139 0,5800 (18)	ND
PR	0,777 0,0001 (32)	-0,177 0,3298 (32)	0,256 0,1562 (32)	0,825 0,0001 (33)		-0,429 0,0752 (18)	-0,147 0,5580 (18)	-0,348 0,1569 (18)	-0,022 0,9300 (18)	ND
EIN	0,194 0,2851 (32)	0,099 0,5874 (32)	-0,093 0,612 (32)	0,026 0,8848 (33)	-0,099 0,5821 (33)		-0,056 0,8241 (18)	0,478 0,0445 (18)	0,358 0,1441 (18)	ND
EEX	0,126 0,4888 (32)	0,341 0,0556 (32)	-0,319 0,0751 (32)	0,047 0,7939 (33)	0,145 0,4183 (33)	0,059 0,7404 (33)		-0,227 0,3633 (18)	-0,352 0,1514 (18)	ND
PH	-0,121 0,5067 (32)	0,145 0,4265 32	-0,168 0,3568 32	-0,253 0,1553 (33)	-0,208 0,2432 (33)	0,242 0,1731 (33)	0,052 0,7700 (33)		0,542 0,0201 (18)	ND
COR	0,249 0,1683 (32)	0,298 0,0966 32	-0,283 0,1164 32	0,210 0,2388 (33)	0,381 0,0283 (33)	0,208 0,2443 (33)	0,307 0,0819 (33)	0,418 0,0154 (33)		ND
GIM	0,080 0,5767 (51)	0,276 0,0495 (51)	-0,278 0,0476 (51)	ND	ND	ND	ND	ND	ND	

ND = não-disponível.

Tabela 14 – Coeficientes de correlação r , valor p e número de observações (n) entre as características da carcaça e do pernil aos 160 kg (*diagonal inferior* = somente no grupo genético WIWI)

	PCQ	ET	PM	PB	PR	EIN	EEX	PH	COR	GIM
PCQ										
ET	0,573 0,0007 (31)									
PM	-0,335 0,0651 (31)	-0,781 0,0001 (31)								
PB	0,832 0,0201 (7)	0,341 0,4540 (7)	0,201 0,6647 (7)							
PR	0,828 0,0214 (7)	-0,239 0,6043 (7)	0,577 0,1743 (7)	0,699 0,0804 (7)						
EIN	-0,069 0,8828 (7)	0,549 0,2013 (7)	-0,578 0,1738 (7)	-0,385 0,3925 (7)	-0,363 0,4234 (7)					
EEX	0,795 0,0323 (7)	0,245 0,5963 (7)	-0,031 0,9466 (7)	0,413 0,3567 (7)	0,671 0,0984 (7)	0,388 0,3891 (7)				
PH	0,249 0,5891 (7)	-0,259 0,5745 (7)	0,644 0,1182 (7)	0,647 0,1161 (7)	0,512 0,2391 (7)	-0,834 0,0195 (7)	-0,206 0,6564 (7)			
COR	0,370 0,4129 (7)	-0,468 0,2894 (7)	0,500 0,2522 (7)	0,341 0,4530 (7)	0,623 0,1344 (7)	-0,560 0,1907 (7)	0,309 0,4992 (7)	0,442 0,3197 (7)		
GIM	-0,105 0,7195 (14)	0,374 0,1876 (14)	-0,441 0,1137 (14)	ND	ND	ND	ND	ND	ND	

ND = não-disponível.

3.4. Qualidade da carcaça e do pernil no grupo de 130 + 160 kg

O terceiro grupo analisado foi formado pela junção dos dados de todos os suínos abatidos, independentemente do peso alvo-final (130 ou 160 kg). Deste conjunto foram excluídos apenas os suínos do grupo genético DUDU 130 kg, pois este, diferentemente dos demais, não possuía um grupo equivalente aos 160 kg. Os resultados obtidos dentro de cada peso de abate (130 ou 160 kg) foram previamente discutidos, portanto aqui estão apresentados e discutidos os resultados somente quando houve interação significativa (dupla ou tripla) entre grupo genético, peso ou sexo.

Na Tabela 15 estão os resultados da interação entre grupo genético e peso de abate, para as variáveis PCQ e COR (Tabelas 1A e 1I – Apêndice 1). Nas comparações dentro de cada grupo genético, o PCQ é significativamente ($p < 0,05$) sempre diferente entre 130 e 160 kg, uma vez que nesta análise os dados de duas populações com pesos vivo médios divergentes (135,41 x 163,10 kg, $p < 0,05$) foram agrupados. A cor da superfície do músculo *Semimembranosus* foi diferente ($p < 0,05$) entre os pesos apenas dentro do grupo genético DULA. Neste grupo o valor de L foi maior aos 160 kg, quando comparado aos 130 kg. Esta pequena diferença pode ser creditada a diferentes quantidades de GIM, o que aumentaria a luminosidade aos 160 kg, aos efeitos da medição ou, ainda, à grande diferença no número de observações entre os dois pesos para essa característica.

Na Tabela 16 estão os resultados da interação entre sexo e peso de abate, para as variáveis ET, PM e PB (Tabelas 3B, 3C e 3D – Apêndice 1). Nesta análise, assim como na anterior, duas populações com diferentes pesos de abate (135,41 x 163,10 kg, $p < 0,05$) foram agrupadas e as respectivas características de carcaça e pernil comparadas entre os pesos e dentro de cada sexo. Portanto, a ET foi significativamente ($p < 0,05$) menor aos 130 kg e o PB maior ($p < 0,05$) aos 160 kg, tanto nos machos como nas fêmeas. Já a PM apresentou diferença significativa ($p < 0,05$) apenas entre os machos, tendo sido maior na população de 130 kg. Apesar de pequena (2,99 mm), essa diferença foi, de certa forma, inesperada. Esse resultado pode ser creditado efetivamente ao peso de abate ou, ainda, ao método de mensuração da PM, realizado por meio de ultra-som. Aos 160 kg, o músculo *Longissimus* pode possuir maior comprimento, mas não necessariamente maior profundidade do que aos 130 kg. Por outro lado, é possível que a partir de determinada profundidade do lombo o equipamento não possua a precisão necessária para capturar a verdadeira PM, introduzindo, desta forma, tendência na medida desta característica.

Tabela 15 – Médias $\pm$ erro-padrão do PCQ e da cor na interação peso de abate x grupo genético

	DULA		DUWI		DULL		WIWI	
	130 kg	160 kg	130 kg	160 kg	130 kg	160 kg	130 kg	160 kg
PCQ (kg)	94,99 $\pm$ 0,41 ^a (159)	116,74 $\pm$ 0,68 ^b (114)	95,70 $\pm$ 0,49 ^a (116)	115,41 $\pm$ 0,79 ^b (85)	95,14 $\pm$ 0,49 ^a (132)	116,40 $\pm$ 0,65 ^b (111)	96,40 $\pm$ 0,66 ^a (63)	114,87 $\pm$ 1,61 ^b (31)
COR ^{1,2}	54,23 $\pm$ 0,36 ^a (123)	57,40 $\pm$ 0,74 ^b (36)	56,81 $\pm$ 0,65 ^a (61)	55,59 $\pm$ 0,89 ^a (18)	55,40 $\pm$ 0,66 ^a (108)	56,56 $\pm$ 0,72 ^a (33)	58,23 $\pm$ 1,02 ^a (34)	56,87 $\pm$ 1,23 ^a (7)

DULA = Duroc x Landrace.

DUWI = Duroc x Large White.

DULL = Duroc x (Landrace x Large White).

WIWI = Large White x Large White.

(n) = número de observações.

^{a,b} Médias seguidas de mesma letra na linha, dentro de cada grupo genético, não diferem entre si, a 5% de probabilidade.

PCQ = peso da carcaça quente (eviscerada, sem rabo, sem cabeça, sem a gordura da cavidade abdominal e sem os pés dianteiros).

¹ Músculo *Semimembranosus* (coxão-mole).

² Escala *Gôfo* de 0 a 100: quanto maior o valor, mais escura está a superfície do músculo.

Tabela 16 – Médias $\pm$ erro-padrão da ET, PM e do PB na interação sexo x peso de abate

	Machos		Fêmeas	
	130 kg	160 kg	130 kg	160 kg
ET (mm)	19,51 $\pm$ 0,27 ^a (261)	24,89 $\pm$ 0,45 ^b (222)	16,88 $\pm$ 0,30 ^a (211)	20,45 $\pm$ 0,45 ^b (119)
PM (mm)	55,58 $\pm$ 0,37 ^a (261)	52,59 $\pm$ 0,43 ^b (222)	57,62 $\pm$ 0,40 ^a (211)	56,51 $\pm$ 0,52 ^a (119)
PB (kg)	15,17 $\pm$ 0,06 ^a (188)	18,43 $\pm$ 0,16 ^b (55)	15,44 $\pm$ 0,08 ^a (138)	19,25 $\pm$ 0,23 ^b (39)

(n) = número de observações.

^{a,b} Médias seguidas de mesma letra na linha, dentro de sexo, não diferem entre si, a 5% de probabilidade.

ET = espessura de toucinho.

PM = profundidade do músculo *Longissimus Thoracicus* (“lombo”).

PB = peso bruto do pernil.

4. Conclusões

Três condições precisam ser atendidas quando do fornecimento de pernil para a produção de presuntos maturados destinados aos mercados brasileiro e exterior: 1) peso da peça bruta e, conseqüentemente, da peça refilada rigorosamente acima de 15,0 e 10,0 kg, respectivamente; 2) espessura de gordura interna (EIN) mínima de 5 mm; e 3) valores de pH e L (escala *Göfo*) preferencialmente acima de 5,57 e 56,0. Na população de 130 kg ficou evidenciado que a inclusão de genes Duroc na geração de abate propicia o atendimento destas características de qualidade, exceto pela EIN das fêmeas, que ficou abaixo do valor desejado, mesmo aos 160 kg. Não foi observada nenhuma contribuição negativa da inclusão do Duroc na qualidade do pernil, quando foi comparado o grupo genético sem Duroc (WIWI) com os demais grupos com Duroc (DUDU, DULL, DULA e DUWI). De fato, a inclusão de genes Duroc contribuiu para o aumento desejável da EIN, ao mesmo tempo em que aumentou, de forma discreta, a quantidade de gordura na carcaça. O aumento do peso de abate de 130 para 160 kg conservou os ganhos de qualidade com a introdução dos genes de Duroc e ainda promoveu melhoria no pH final do pernil, elevando-o para um valor mais adequado a para produção do presunto maturado.

Referências Bibliográficas

- AALHUS, J. L.; JONES, S. D. M.; ROBERTSON, W. M.; TONG, A. K. W.; SATHER, A. P. Growth characteristics and carcass composition of pigs with known genotypes for stress susceptibility over a weight range of 70 to 120 kg. *Animal Production*, v. 52, p. 347-353
- AFFENTRANGER, P.; GERWIG, C.; SEEWER, G. J. F.; SCHWÖRER, D.; KÜNZI, N. 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, p. 187-196, 1996.
- ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS – AOAC. *Official methods of analysis*. Vol. 2, 5. ed., Arlington, Virginia, EUA, 1990.
- BEATTIE, V. E.; WEATHERUP, R. N.; MOSS, B. W.; WALKER, N. The effect of increasing carcass weight of finishing boars and gilts on joint composition and meat quality. *Meat Science*, v. 52, p. 205-211, 1999.
- BLANCHARD, P. J.; ELLIS, M.; WARKUP, C. C.; CHADWICK, J. P.; WILLIS, M. B. The influence of sex (boars and gilts) on growth, carcass and pork eating quality characteristics. *Animal Science*, v. 68, p. 487-493, 1999a.
- BLANCHARD, P. J.; WARKUP, C. C.; ELLIS, M.; WILLIS, M. B.; AVERY, P. The influence of the proportion of Duroc genes on growth, carcass and pork eating quality characteristics. *Animal Science*, v. 68, p. 495-501, 1999b.
- BOCHICCHIO, D.; FAETI, V.; MARCHETTO, G.; POLETTI, E.; MARANESI, M.; MORDENTI, A. L.; DELLA CASA, G. Effect of feeding partially hydrogenated lard on *trans*-fatty acid content of muscle and backfat of heavy pigs. *Meat Science*, v. 71, p. 651-656, 2005.
- BOSI, P.; CACCIAVILLANI, J. A.; CASINI, L.; Lo FIEGO, D. P.; MARCHETTI, M.; MATTUZZI, S. Effects of dietary high-oleic acid sunflower oil, copper and vitamin E levels on the fatty acid composition and the quality of dry cured Parma ham. *Meat Science*, v. 54, p. 119-126, 2000.
- BRAGANOLO, N.; RODRIGUEZ-AMAYA, D. B. Simultaneous determination of total lipid, cholesterol and fatty acids in meat and backfat of suckling and adult pigs. *Food Chemistry*, v. 79, p. 255-260, 2002.
- CAMERON, N. D.; ENSER, M.; NUTE, G. R.; WHITTINGTON, F. M.; PENMAN, J. C.; FISKEN, A. C.; PERRY, A. M.; WOOD, J. D. Genotype with nutrition interaction on fatty acid composition of intramuscular fat and the relationship with flavour of pig meat. *Meat Science*, v. 55, p. 187-195, 2000a.
- CANDEK-POTOKAR, M.; MONIN, G.; ŽLENDER, B. Pork quality, processing, and sensory characteristics of dry-cured hams as influenced by Duroc crossing and sex. *Journal of Animal Science*, v. 80, p. 988-996, 2002.

- CHANNON, H. A.; KERR, M. G.; WALKER, P. J. Effect of Duroc content, sex and ageing period on meat and eating quality attributes of pork loin. *Meat Science*, v. 66, p. 881-888, 2004.
- CHIZZOLINI, R.; NOVELLI, E.; CAMPANINI, G.; DAZZI, G.; MADARENA, G.; ZANARDI, E.; PACCHIOLI, M. T.; ROSSI, A. Lean colour of green and matured Parma hams: Comparative evaluation and technological relevance of sensory and objective data. *Meat Science*, v. 44, p. 159-172, 1996.
- CILLA, I.; ALTARRIBA, J.; GUERRERO, L.; GISPERT, M.; MARTÍNEZ, L.; MORENO, C.; BELTRÁN, J. A.; GUÀRDIA, M. D.; DIESTRE, A.; ARNAU, J.; RONCALÉS, P. Effect of different Duroc line sires on carcass composition, meat quality and dry-cured ham acceptability. *Meat Science*, v. 72, p. 252-260, 2006.
- CISNEROS, F.; ELLIS, M.; McKEITH, F. K.; McCRAW, J.; FERNANDO, R. L. Influence of slaughter weight on growth and carcass characteristics, commercial cutting and curing yields, and meat quality of barrows and gilts from two genotypes. *Journal of Animal Science*, v. 74, p. 925-933, 1996.
- CORINO, C.; MAGNI, S.; PAGLIARINI, E.; ROSSI, R.; PASTORELLI, G.; CHIESA, L. M. Effects of dietary fats on meat quality and sensory characteristics of heavy pig loins. *Meat Science*, v. 60, p. 1-8, 2002.
- CORREA, J. A.; FAUCITANO, L.; LAFOREST, J. P.; RIVEST, J.; MARCOUX, M.; GARIÉPY, C. Effects of slaughter weight on carcass composition and meat quality in pigs of two different growth rates. *Meat Science*, v. 72, p. 91-99, 2006.
- DEPREUX, F. F. S.; GRANT, A. L.; GERRARD, D. E. Influence of halothane genotype and body-weight on myosin heavy chain composition in pig muscle as related to meat quality. *Livestock Production Science*, v. 73, p. 265-273, 2002.
- de SMET, S.; PAUWELS, I.; VERVAEKE, D.; de BIE, S.; EECKHOUT, W.; CASTEELS, M. Meat and carcass quality of heavy muscled Belgian slaughter pigs as influenced by halothane sensitivity and breed. *Animal Science*, v. 61, p. 109-114, 1995.
- D'SOUZA, D. N.; PETHICK, D. W.; DUNSHEA, F. R.; SUSTER, D.; PLUSKE, J. R.; MULLAN, B. P. The pattern of fat and lean muscle tissue deposition differs in the different pork primal cuts of female pigs during the finisher growth phase. *Livestock Production Science*, v. 91, p. 1-8, 2004.
- ESSÉN-GUSTAVSSON, B.; KARLSSON, A.; LUNDSTRÖM, K.; ENFÄLT, A.-C. Intramuscular fat and muscle fibre lipid contents in Halothane-gene-free pigs fed high or low protein diets and its relation to meat quality. *Meat Science*, v. 38, p. 269-277, 1994.
- FAUCITANO, L.; HUFF, P.; TEUSCHER, F.; GARIÉPY, C.; WEGNER, J. Application of computer image analysis to measure pork marbling characteristics. *Meat Science*, v. 69, p. 537-543, 2005.
- FERNANDEZ, X.; MONIN, G.; TALMANT, A.; MOUROT, J.; LEBRET, B. Influence of intramuscular fat content on the quality of pig meat - 1. Composition of the lipid fraction and sensory characteristics of *m. longissimus lumborum*. *Meat Science*, v. 53, p. 59-65, 1999.

FOURY, A.; DEVILLERS, N.; SANCHEZ, M.-P.; GRIFFON, H.; LE ROY, P.; MORMÈDE, P. Stress hormones, carcass composition and meat quality in Large White x Duroc pigs. *Meat Science*, v. 69, p. 703-707, 2005.

FRANCI, O.; PUGLIESE, C.; BOZZI, R.; ACCIAIOLI, A.; PARISI, G. The use of multivariate analysis for evaluating relationships among fat depots in heavy pigs of different genotypes. *Meat Science*, v. 58, p. 259-266, 2001.

GARCÍA-MACÍAS, J. A.; GISPERT, M.; OLIVER, M. A.; DIESTRE, A.; ALONSO, P.; MUÑOZ-LUNA, A.; SIGGENS, K.; CUTHBERT-HEAVENS, D. The effects of cross, slaughter weight and halothane genotype on leanness and meat and fat quality in pig carcasses. *Animal Science*, v. 63, p. 487-496, 1996.

GARCÍA-REY, R. M.; GARCÍA-GARRIDO, J. A.; QUILES-ZAFRA, R.; TAPIADOR, J.; LUQUE DE CASTRO, M. D. Relationship between pH before salting and dry-cured ham quality. *Meat Science*, v. 67, p. 625-632, 2004.

GEERS, R.; DECANNIERE, C.; VILLÉ, H.; van HECKE, P.; BOSSCHAERTS, L. Variability within intramuscular fat content of pigs as measured by gravimetry, FTIR and NMR Spectroscopy. *Meat Science*, v. 40, p. 373-378, 1995.

GOU, P.; COMAPOSADA, J.; ARNAU, J. Meat pH and meat fibre direction effects on moisture diffusivity in salted ham muscles dried at 5 °C. *Meat Science*, v. 61, p. 25-31, 2002.

HAMBRECHT, E.; EISSENA, J. J.; VERSTEGENB, M. W. A. Effect of processing plant on pork quality. *Meat Science*, v. 64, p. 125-131, 2003.

HAMBRECHT, E. *Critical pre- and postslaughter factors in relation to pork quality*. Ph.D. Thesis. Wageningen University, Wageningen Institute of Animal Sciences, Wageningen, Holanda, 2004.

HOCQUETTE, J.-F.; ORTIGUES-MARTY, I.; PETHICK, D.; HERPIN, P.; FERNANDEZ, X. Nutritional and hormonal regulation of energy metabolism in skeletal muscles of meat-producing animals. *Livestock Production Science*, v. 56, p. 115-143, 1998.

HUFF-LONERGAN, E.; BAAS, T. J.; MALEK, M.; DEKKERS, J. C. M.; PRUSA, K.; ROTHSCILD, M. F. Correlations among selected pork quality traits. *Journal of Animal Science*, v. 80, p. 617-627, 2002.

INSTITUTO ADOLFO LUTZ. *Métodos químicos e físicos para análise de alimentos*. 3. Ed., São Paulo, Brasil, p.21-37, 1985.

IRGANG, R.; FÁVERO, J. A. Desempenho, idade ao abate e espessura de toucinho “in vivo” de suínos machos inteiros, castrados e fêmeas de raças puras e mestiços. *Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, v. 22, p. 389-398, 1993.

JONES, S. D. M.; TONG, A. K. W.; CAMPBELL, C.; DYCK, R. The effects of fat thickness and degree of marbling on pork colour and structure. *Canadian Journal of Animal Science*, v. 74, p. 155-157, 1994.

KARLSSON, A. H.; ROSENVOLD, K. The calibration temperature of pH-glass electrodes: significance for meat quality classification. *Meat Science*, v. 62, p. 497-501, 2002.

KAUFFMAN, R. G.; WARNER, R. D. Evaluating pork carcasses for composition and quality. In: HOLLIS, G. R.; WARNER, R.D. (Ed.) *Growth of the pig*. CABI, Wallingford, UK, 1993. p. 141-166

KOLSTAD, K. Fat deposition and distribution measured by computer tomography in three genetic groups of pigs. *Livestock Production Science*, v. 67, p. 281-292, 2001.

LATORRE, M. A.; MEDEL, P.; FUENTETAJA, A.; LÁZARO, R.; MATEOS, G. G. Effect of gender, terminal sire line and age at slaughter on performance, carcass characteristics and meat quality of heavy pigs. *Animal Science*, v. 77, p. 33-45, 2003a.

LATORRE, M. A.; LÁZARO, R.; VALENCIA, D. G.; MEDEL, P.; MATEOS, G. G. The effects of gender and slaughter weight on the growth performance, carcass traits, and meat quality characteristics of heavy pigs. *Journal of Animal Science*, v. 82, p. 526-533, 2004.

LATORRE, M. A.; LÁZARO, R.; GRACIA, M. I.; NIETO, M.; MATEOS, G. G. Effect of sex and terminal sire genotype on performance, carcass characteristics, and meat quality of pigs slaughtered at 117 kg body weight. *Meat Science*, v. 65, p. 1369-1377, 2003b.

LEBRET, B.; JUIN, H.; NOBLET, J.; BONNEAU, M. The effects of two methods of increasing age at slaughter on carcass and muscle traits and meat sensory quality in pigs. *Animal Science*, v. 72, p. 87-94, 2001.

LINDAHL, G.; LUNDSTRÖM, K.; TORNBERG, E. Contribution of pigment content, myoglobin forms and internal reflectance to the colour of pork loin and ham from pure breed pigs. *Meat Science*, v. 59, p. 141-151, 2001.

LO FIEGO, D. P.; SANTORO, P.; MACCHIONI, P.; DE LEONIBUS, E. Influence of genetic type, live weight at slaughter and carcass fatness on fatty acid composition of subcutaneous adipose tissue of raw ham in the heavy pig. *Meat Science*, v. 69, p. 107-114, 2005.

LONERGAN, S. M.; HUFF-LONERGAN, E.; ROWE, L. J.; KUHLLERS, D. L.; JUNGST, S. B. Selection for lean growth efficiency in Duroc pigs influences pork quality. *Journal of Animal Science*, v. 79, p. 2075-2085, 2001.

MASON, L. M.; HOGAN, S. A.; LYNCH, A.; O'SULLIVAN, K.; LAWLOR, P. G.; KERRY, J. P. Effects of restricted feeding and antioxidant supplementation on pig performance and quality characteristics of *longissimus dorsi* muscle from Landrace and Duroc pigs. *Meat Science*, v. 70, p. 307-317, 2005.

MØLLER, A. J.; BERTELSEN, G.; OLSEN, A. Processed pork - Technological parameters related to type of raw material – Review. In: PUOLANNE, E.; DEMEYER, D. I. (Ed.) *Pork quality: genetic and metabolic factors*. C.A.B. Wallingford, UK, p. 217-238, 1993.

MONIN, G.; LARZUL, C.; LE ROY, P.; CULIOLI, J.; MOUROT, J.; ROUSSET-AKRIM, S.; TALMANT, A.; TOURAILLE, C.; SELIER, P. Effects of the halothane genotype and slaughter weight on texture of pork. *Journal of Animal Science*, v. 77, p. 408-415, 1999.

MONZIOLS, M.; COLLEWET, G.; BONNEAU, M.; MARIETTE, F.; DAVENEL, A.; KOUBA, M. Quantification of muscle, subcutaneous fat and intermuscular fat in pig carcasses and cuts by magnetic resonance imaging. *Meat Science*, v. 72, p. 146-154, 2006.

MÖRLEIN, D.; ROSNER, F.; BRAND, S.; JENDERKA, K.-V.; WICKE, M. Non-destructive estimation of the intramuscular fat content of the *longissimus* muscle of pigs by means of spectral analysis of ultrasound echo signals. *Meat Science*, v. 69, p. 187-199, 2005.

NEWCOM, D. W.; BAAS, T. J.; LAMPE, J. F. Prediction of intramuscular fat percentage in live swine using real-time ultrasound. *Journal of Animal Science*, v. 80, p. 3046-3052, 2002.

NEWCOM, D. W.; BAAS, T. J.; SCHWAB, C. R.; STALDER, K. J. Genetic and phenotypic relationships between individual subcutaneous backfat layers and percentage of *longissimus* intramuscular fat in Duroc swine. *Journal of Animal Science*, v. 83, p. 316-323, 2005.

NÜRNBERG, K.; WEGNER, J.; ENDER, K. Factors influencing fat composition in muscle and adipose tissue of farm animals. *Livestock Production Science*, v. 56, p. 145-156, 1998.

PASTORELLI, G.; MAGNI, S.; ROSSI, R.; PAGLIARINI, E.; BALDINI, P.; DIRINCK, P.; van OPSTAELE, CORINO, C. Influence of dietary fat, on fatty acid composition and sensory properties of dry-cured Parma ham. *Meat Science*, v. 65, p. 571-580, 2003.

PORK COMPOSITION AND QUALITY – ASSESSMENT PROCEDURES. *American Meat Science Association and the National Pork Producers Council*, Des Moines, Iowa, EUA, 2000.

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

ROSO, V. N.; FRIES, L. A.; MARTINS, E. S. Parâmetros genéticos em características de desempenho e qualidade de carcaça em suínos da raça Duroc. *Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, v. 24, p. 310-316, 1995.

RUIZ-CARRASCAL, J.; VENTANAS, J.; CAVA, R.; ANDRÉS, A. I.; GARCIA, C. Texture and appearance of dry cured ham as affected by fat content and fatty acid composition. *Food Research International*, v. 33, p. 91-95, 2000.

RYU, Y. C.; KIM, B. C. The relationship between muscle fiber characteristics, postmortem metabolic rate, and meat quality of pig *longissimus dorsi* muscle. *Meat Science*, v. 71, p. 351-357, 2005.

SABBIONI, A.; SUPERCHI, P.; SUSSI, C.; BONOMI, A. Effect of Duroc genes proportion on growth performance and on carcass and meat quality characteristics in heavy pigs. *Italian Journal of Animal Science*, v. 1, p. 17-24, 2002.

SABBIONI, A.; BERETTI, V.; ZANON, A.; SUPERCHI, P.; SUSSI, C.; BONOMI, A. Effect of the proportion of Duroc genes in crosses with Large White and Landrace pigs on the characteristics of seasoned Parma ham. *Italian Journal of Animal Science*, v. 3, p. 31-39, 2004.

SAS for Windows release 9.1. *SAS Institute*. Cary, North Carolina, EUA, 2002-2003.

SATHER, A. P.; JONES, S. D. M.; TONG, A. K. W.; MURRAY, A. C. Halothane genotype by weight interactions on pig meat quality. *Canadian Journal of Animal Science*, v. 71, p. 645-658, 1991.

SCHIVAZAPPA, C.; DEGNI, M.; NANNI COSTA, L.; RUSSO, V.; BUTTAZZONI, L.; VIRGILI, R. Analysis of raw meat to predict proteolysis in Parma ham. *Meat Science*, v. 60, p. 77-83, 2002.

STOLLER, G. M.; ZERBY, H. N.; MOELLER, S. J.; BAAS, T. J.; JOHNSON, C.; WATKINS, L. E. The effect of feeding ractopamine (Paylean) on muscle quality and sensory characteristics in three diverse genetic lines of swine. *Journal of Animal Science*, v. 81, p. 1508-1516, 2003.

SUZUKI, K.; SHIBATA, T.; KADOWAKI, H.; ABE, H.; TOYOSHIMA, T. Meat quality comparison of Berkshire, Duroc and crossbred pigs sired by Berkshire and Duroc. *Meat Science*, v. 64, p. 35-42, 2003.

SWATLAND, H. J. Animal growth and development. In: *Structure and development of meat animals*. Prentice-Hall, Inc. Englewood Cliffs, New Jersey, EUA., 1984.

TIMÓN, M. L.; VENTANAS, J.; CARRAPISO, A. I.; JURADO, A.; GARCIA, C. Subcutaneous and intermuscular fat characterization of dry-cured Iberian hams. *Meat Science*, v. 58, p. 85-91, 2001.

VAN DER WAL, P. G.; OLSMAN, W. J.; GARSSSEN, G. J.; ENGEL, B. Marbling, intramuscular fat and meat colour of Dutch pork. *Meat Science*, v. 32, p. 351-355, 1992.

VAN LAACK, R. L. J. M.; STEVENS, S. G.; STALDER, K. J. The influence of ultimate pH and intramuscular fat content on pork tenderness and tenderization. *Journal of Animal Science* v. 79, p. 392-397, 2001.

VIRGILI, R.; SCHIVAZAPPA, C. Muscle traits for long matured dried meats. *Meat Science*, v. 62, p. 331-343, 2002.

VIRGILI, R.; DEGNI, M.; SCHIVAZAPPA, C.; FAET, V.; POLETTI, E.; MARCHETTO, G.; PACCHIOLI, M. T.; MORDENTI, A. Effect of age at slaughter on carcass traits and meat quality of Italian heavy pigs. *Journal of Animal Science*, v. 81, p. 2448-2456, 2003.

WARRISS, P. D. Antemortem handling of pigs. In: COLE, D. J. A.; WISEMAN, J.; VARLEY, M. A. (Ed.) *Principles of pig science*. Nottingham, UK: Nottingham University Press, 1994. p. 425-432.

WARRISS, P. D.; BROWN, S. N.; ADAMS, S. J. M. Variation in haem pigment concentration and colour in meat from British pigs. *Meat Science*, v. 28, p. 321-329, 1990.

WARRISS, P. D.; BROWN, S. N.; EDWARDS, J. E.; ANIL, M. H.; FORDHAM, D. P. Time in lairage needed by pigs to recover from the stress of transport. *The Veterinary Record*, v. 131, p. 194-196, 1992.

WEATHERUP, R. N.; BEATTIE, V. E.; MOSS, B. W.; KILPATRICK, D. J.; WALKER, N. The effect of increasing slaughter weight on the production performance and meat quality of finishing pigs. *Animal Science*, v. 67, p. 591-600, 1998.

WOOD, J. D.; NUTE, G. R.; RICHARDSON, R. I.; WHITTINGTON, F. M.; SOUTHWOOD, O.; PLASTOW, G.; MANSBRIDGE, R.; DA COSTA, N.; CHANG, K. C. Effects of breed, diet and muscle on fat deposition and eating quality in pigs. *Meat Science*, v. 67, p. 651-667, 2004.

Nível de expressão dos genes FABP3 e FABP4 em uma população de suínos Large White X Duroc destinados à produção industrial de presuntos maturados

Resumo: Os genes FABP3 (gene da proteína de ligação a ácidos graxos - coração) e FABP4 (gene da proteína de ligação a ácidos graxos – tecido adiposo) estão associados à deposição de gordura intramuscular em determinadas populações de suínos. Objetivou-se no presente trabalho analisar os níveis de expressão desses genes no músculo *semimembranosus*, em uma população de suínos composta por cinco grupos genéticos (Duroc x Duroc; Duroc x Large White; Duroc x (Large White x Landrace); Duroc x Landrace; Large White x Large White), divididos em dois sexos (machos castrados e fêmeas). Objetivou-se também avaliar a correlação entre os níveis de expressão do FABP3 e FABP4 e as características de qualidade da carcaça e do pernil destinados à produção industrial de presuntos maturados. A expressão dos genes FABP3 e FABP4 foi analisada por meio da *qPCR*, usando a tecnologia Taqman® e empregando o método de quantificação relativo (comparativo). Os resultados dos níveis de expressão gênica foram submetidos a análises de variância, utilizando um modelo contendo os efeitos de grupo genético e sexo, e as médias foram comparadas entre si pelo teste de Student-Newman-Keuls. Houve efeito significativo de grupo genético e interação entre sexo e grupo genético nos níveis de expressão do gene FABP3, mas o mesmo não ocorreu para o gene FABP4. A expressão do gene FABP3 estabelecida pela *qPCR* possibilitou distinguir o grupo genético Duroc (DUDU) do grupo Large White (WIWI) na característica porcentagem de gordura intramuscular (%GIM). Entretanto, não foi possível diferenciar por meio da *qPCR* os demais grupos genéticos entre si (DULA, DUWI e DULL). Em todos os grupos genéticos foi encontrada correlação significativa entre a expressão dos genes FABP3 e FABP4. Entretanto, nenhuma das características avaliadas de qualidade da carcaça e do pernil pôde ser significativamente associada, por meio de correlações lineares, aos níveis de expressão gênica do FABP3 e do FABP4 nessa população.

Palavras-chave: expressão gênica, suínos, FABP3, FABP4, melhoramento animal, carcaça, características.

FABP3 and FABP4 content in a Large White X Duroc used for dry-cured ham production

Abstract: The genes FABP3 (heart fatty acid binding protein) and FABP4 (adipocyte fatty acid binding protein) are associated with intramuscular fat deposition in particular pig populations. This work aimed to analyze the expression levels of these genes in the *semimembranosus* muscle of a pig population composed of five genetic groups (Duroc x Duroc; Duroc x Large White; Duroc x (Large White x Landrace); Duroc x Landrace; Large White x Large White), divided into two sexes (castrates and females). Another objective was to evaluate the correlation between the levels of expression of FABP3 and FABP4 and quality traits of carcass and ham used for dry-cured ham production. FABP3 and FABP4 contents were analyzed by means of *qPCR*, using Taqman® technology and the comparative method of relative quantification. The genic expression results were submitted to analyses of variance, using a model containing the effects of the genetic group and sex, and the means were compared by the Student-Newman-Keuls test. There was a significant effect of the genetic group and sex and genetic group interaction on FABP3 contents but the same did not occur for the gene FABP4. The FABP3 contents established by *qPCR* allowed distinguishing the genetic group Duroc (DUDU) from the group Large White (WIWI) in the trait percentage of intramuscular fat (IMF). However, it was not possible to differentiate the remaining genetic groups (DULA, DUWI and DULL) by means of *qPCR*. A significant correlation between the genes FABP3 and FABP4 expression was found in all the genetic groups. However, none of the ham and carcass quality traits evaluated could be significantly associated by linear correlation to the levels of genic expression of FABP3 and FABP4 in this population.

Keywords: Genic expression, pigs, FABP3, FABP4, animal breeding, carcass traits.

1. Introdução

Os suínos possuem um conteúdo de gordura intramuscular (%GIM) de aproximadamente 2 g por 100 g de tecido muscular (WARRISS *et al.*, 1990; WARRISS, 2000), porém esta concentração é influenciada pela idade e pelo peso de abate, assim como pela raça, pelo tipo de músculo e, principalmente, pelos níveis nutricionais de energia e proteína na dieta (ÉSSEN-GUSTAVSSON *et al.*, 1994; CAMERON *et al.*, 2000a). A gordura intramuscular possui importante papel na qualidade final da carne suína, e por isto mesmo o *marmoreio* ganhou especial atenção nos últimos anos, devido à sua relação com características sensoriais e industriais, como sabor, suculência e vida de prateleira (CORINO *et al.*, 2002; WOOD *et al.*, 2004).

Recentemente, diversas investigações em populações fechadas demonstraram que a porcentagem de gordura intramuscular está relacionada com polimorfismos e com níveis de expressão do gene da proteína de ligação de ácidos graxos – adipócitos (FABP4) e gene da proteína de ligação de ácidos graxos – coração (FABP3) (GERBENS, 2004). As proteínas de ligação de ácidos graxos (FABPs) já foram isoladas do citosol de diferentes tecidos de vertebrados e invertebrados como proteínas de 13 a 15 kDa de peso molecular. Nove FABPs foram nomeadas até o momento, de acordo com o tecido a partir do qual elas foram isoladas. Estas apresentam distribuição celular e tecidual característica e são consideradas os transportes de nutrientes ou enzimas metabólicas de maior importância no controle da repartição de energia, sendo expressas em todos os tecidos e órgãos envolvidos no metabolismo da gordura (VEERKAMP *et al.*, 2000). As FABPs se ligam a compostos hidrofóbicos como ácidos graxos com grande afinidade, mas possuem diferentes estruturas, distribuição tecidual e especificidade de ligação. A FABP presente no músculo esquelético é idêntica à FABP do músculo cardíaco (H-FABP), e a H-FABP citoplasmática serve como o principal transportador de ácidos graxos de cadeia longa (LCFAs) do sarcolema para seus respectivos sítios de conversão metabólica intracelulares (GLATZ *et al.*, 2003). A função das H-FABPs no metabolismo energético do músculo esquelético é direcionar os LCFAs para oxidação ou esterificação nas mitocôndrias e nos peroxissomos, contribuindo, desta forma, para o armazenamento de gordura entre as fibras musculares (BRANDSTETTER *et al.*, 2002; GERBENS, 2004). Como são transportadoras intracelulares que dirigem os ácidos graxos para os sítios de depósito de gordura ou para

os sítios de produção de energia, essas proteínas estão conseqüentemente relacionadas à deposição de GIM em determinados músculos dos suínos e bovinos.

Nos suínos, duas FABPs, a A-FABP e a H-FABP, estão envolvidas na deposição de gordura intramuscular em raças como Meishan e Duroc (GERBENS, 2004). A utilização de análises de segregação em populações divergentes, primeiramente nas raças Meishan e Duroc, possibilitou o mapeamento e a localização do FABP3 e FABP4, respectivamente, nos cromossomos 6 e 4 (GERBENS *et al.*, 1997, 1998). Posteriormente, polimorfismos desses mesmos genes foram detectados em linhagens de Piétrain (NECHTELBERGER *et al.*, 2001), Large White (NECHTELBERGER *et al.*, 2001), Landrace (ULEBERG *et al.*, 2005) e F2 Piau x (Landrace x Large White) (FIGUEIREDO, 2004). A divergência fenotípica para a %GIM também é conhecida e freqüentemente relatada entre suínos Duroc e Large White, e passou a ser explorada geneticamente (PLASTOW *et al.*, 2005). Desta forma, o uso dos genes FABP3 e FABP4 como marcadores moleculares tem sido proposto, no intuito de tornar possível o controle genotípico da % GIM em determinadas populações sob seleção (MEADUS *et al.*, 2001; GERBENS, 2004).

A possibilidade da manipulação do nível ótimo de %GIM por meio de marcadores moleculares em populações de suínos especializados na produção de presuntos de longa maturação é bastante atraente e demanda novas investigações. A avaliação da expressão desses genes em populações produzidas a partir de cruzamentos de machos Duroc com fêmeas Large White e Large White X Landrace e o abate destes com mais de 130 kg fornecem uma oportunidade para utilização dessa técnica de genética molecular dentro da produção industrial de presuntos maturados de alto valor agregado.

1.1. Objetivos

- Quantificar a expressão dos genes FABP3 e FABP4 por meio da Reação em Cadeia da Polimerase Quantitativa (*qPCR*) em uma população de suínos Duroc X Large White, dividida em cinco grupos genéticos e dois sexos.

- Associar a expressão gênica do FABP3 e do FABP4 no músculo *Semimembranosus* às características de qualidade da carcaça e do pernil destinado à produção de presuntos maturados.

2. Material e Métodos

2.1. Coleta de amostras de músculo para a extração do mRNA e qPCR

A formação da população Duroc x Large White e os procedimentos de abate estão descritos no artigo 1. Após cada abate e na sequência de entrada das carcaças em uma única câmara de resfriamento, uma amostra de aproximadamente 50 g do músculo *Semimembranosus* (coxão-mole) foi retirada do pernil esquerdo, sendo uma amostra por pernil de cada grupo genético e sexo, dentro de cada dia de abate. Para tanto, foram retiradas amostras do 15º ao 25º dia de abate. Cada amostra de músculo foi embrulhada em papel alumínio, previamente identificada com a data de abate e com a numeração da carcaça, sendo imediatamente guardada em botijão contendo nitrogênio líquido a -190 °C. O pernil direito de cada carcaça foi identificado na pele com giz *crayon*, próprio para este tipo de marcação, e em seguida preservado, no sentido de atender às características biométricas que compõem o padrão de qualidade para fabricação do presunto maturado (Figura 1). As carcaças permaneceram sob refrigeração convencional, a 2 °C, até o dia seguinte ao abate. Ao fim dos abates e da coleta de todas as amostras, estas foram encaminhadas, dentro do botijão de nitrogênio líquido, para o Laboratório de Biotecnologia Animal do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (MG). Uma vez no laboratório, as amostras devidamente identificadas foram retiradas do botijão de nitrogênio líquido ainda envolvidas no papel alumínio e armazenadas em ultra-freezer a -70 °C, em condições livres de RNases, para posterior extração do RNA das células musculares e quantificação da expressão dos genes FABP3 e FABP4.



Figura 1 – Identificação de cada pernil antes e após o refil para padronização anatômica das peças e posterior envio para a fábrica de presuntos maturados

2.2. Extração do RNA das amostras do músculo Semimembranosus

No Laboratório de Biotecnologia Animal do Departamento de Zootecnia da UFV, a extração do RNA foi feita na proporção de três amostras de músculo por tratamento, escolhidas aleatoriamente, totalizando, desta forma, 54 extrações (18 tratamentos x 3 amostras). O RNA total das amostras foi extraído com Trizol[®] gelado, utilizando protocolos descritos, respectivamente, por JONES *et al.* (1994) e por ALVARES (2001). As amostras previamente identificadas retiradas foram uma a uma do ultrafreezer e maceradas em pistilo, utilizando-se entre 50 e 100 mg de tecido muscular. Mantendo as amostras ou no gelo ou em isopor com N₂ líquido durante todo o processo, o tecido foi triturado e “vortexado” dentro de um tubo de 1,5 mL com a adição de 750 µL de Trizol[®] gelado, complementado por 250 µL de água DEPC (dietilpirocarbonato). Na sequência, o conjunto foi incubado por 5 minutos a 30°C, com posterior adição de 200 µL de clorofórmio, seguida de agitação vigorosa com as mãos por 15 segundos, com nova incubação por 5 minutos a 30 °C e centrifugação a 11.000 rpm por 15 minutos, a 4°C, em centrífuga refrigerada (Eppendorf[®] 5417 R). Após a centrifugação, a fase aquosa (fase superior translúcida e transparente) foi recuperada e transferida para um novo tubo de 1,5 mL previamente identificado, seguida da adição de 500 µL de álcool isopropílico gelado no mesmo volume do que foi recuperado. Foram adicionados ainda 40 µL de acetato de sódio 3 M, incubando o conjunto por 10 minutos a 30°C, seguido de centrifugação a 11.000 rpm (rotações por minuto) por 10 minutos, a 4 °C, em centrífuga refrigerada e subsequente remoção do sobrenadante com lavagem do pelete de RNA em 1 mL de etanol 75% gelado, para no final manter o conjunto *overnight* a uma temperatura de -70°C. No dia seguinte, procedeu-se a centrifugação a 11.000 rpm por 10 minutos, a 4 °C, com posterior remoção do sobrenadante e secagem do pelete à temperatura ambiente por 30 minutos e ressuspensão com 50 µL de água DEPC gelada, deixando em geladeira por uma semana, seguido de armazenagem a -70 °C, e somente antes do tratamento com a DNase houve incubação por 10 minutos a 60 °C. Ao final das 54 extrações, as três amostras extraídas para cada um dos 18 tratamentos foram misturadas entre si, formando um *pool*. Para cada *pool* foram feitas duas duplicatas, totalizando 36 reações na *qPCR*, produzindo 36 respectivos valores de C_T.

2.3. Tratamento com DNase

O tratamento com DNase torna-se necessário para garantir amostras livres de DNA antes da síntese do cDNA. Para tanto, foi utilizado o protocolo descrito por Colonna-Romano (1998), no qual em cada amostra foram adicionados 50,0 µL de RNA (após diluição de 15 µg de RNA – completando com H₂O DEPC) + 4,0 µL de DNase I (40 unidades) + 7,0 µL de tampão 10X da PCR sem Mg⁺⁺ + MgCl₂ + 2,0 µL de H₂O DEPC, fazendo 70,0 µL na solução final, com incubação por 30 minutos, a 37°C. Na sequência foi adicionado clorofórmio (1:1 do volume final), e o conjunto foi “vortexado” por 15 segundos. Após manter as amostras no gelo por 10 minutos, estas foram mais uma vez centrifugadas em 12.000 rpm, a 4 °C, por 10 minutos. A fase sobrenadante foi coletada e precipitada com a adição de 1 µg/µL de glicogênio; 0,15 volume de acetato de sódio 3 M e dois volumes de etanol absoluto gelado. Ao final, as amostras foram armazenadas *overnight*, a -70 °C. Antes de nova manipulação, realizou-se centrifugação por 15 minutos, a 4 °C, em 12.000 rpm, com remoção do sobrenadante e lavagem do pelete duas vezes com 1 mL de etanol a 75% gelado, centrifugando a cada lavagem por 10 minutos em 10.600 rpm, seguida por secagem no ar por aproximadamente 30 minutos, novamente suspendendo com 25 µL de H₂O DEPC. Ao final as amostras foram quantificadas em espectrofotômetro, e somente aquelas com taxa de absorção maior que 1,8 densidade ótica (OD) no quociente de OD260/OD280 nm foram levadas à *qPCR*. Para quantificação de RNA, a leitura de 1 OD a 260 nm equivale a 40 µg/mL de RNA fita simples (ALVARES, 2001). Os *primers*, a sonda e o corante utilizados na *qPCR* do presente experimento estão descritos na Tabela 1.

Tabela 1 – *Primers*, sonda e corante utilizados na *qPCR*

Genes ¹	<i>Primers e Sonda</i>		Corante Fluorescente
β-actina	ACTIN-GX1F	5' CCCTCCTTCCTGGGTAGGT 3'	FAM
	ACTIN-GX1R	5' CGGTCCCCCGTGCAA 3'	
	ACTIN-sonda FAM	5' CAGCGCGGCCTGC 3'	
FABP3	HFABP-GX1F	5' TGGACAGCAAGAATTTTCGATGACT 3'	FAM
	HFABP-GX1R	5' TGTGGTAGGCTTGGTCATGTTG 3'	
	HFABP-GX1M2	5' CCCACACCAATTGAC 3'	
FABP4	AFABPGX1F	5' ACTTGTCTCCAGTGAAACCTTGATGA 3'	FAM
	AFABP-GX1R	5' CATGCCAGCCACCTTCC 3'	
	AFABP-GX1M2	5' CCCACTCCCACCTTCTT 3'	

¹ A temperatura de anelamento foi fixada em 60 °C, para os três *primers*.

2.4. Síntese, amplificação, detecção e quantificação do cDNA

Após a extração, o RNA total foi submetido à reação *one-step*, para produção do cDNA e subsequente início das amplificações em tempo real. A concentração-padrão de RNA total para amplificação em todas as reações foi fixada em 40 ng/μL. A reação *one-step* foi feita em duplicata para cada amostra e não envolveu outros passos de manipulação, além daquele inicial. O desenho e a construção dos *primers* e das sondas marcadas para os genes FABP3 e FABP4 e para o gene constitutivo que serviu como controle endógeno, a β-actina, foram feitos por meio do serviço *Assay-by-Design*, usando a tecnologia Taqman® (*Applied Biosystems*, Foster City, EUA), de acordo com as seqüências dos respectivos genes da β-actina (F 5' TGGACAGCAAGAATTTTCGATGACT 3' – R 5' CGGTCCCCCGTGCAA 3'), FABP3 (F 5' TGGACAGCAAGAATTTTCGATGACT 3' – R 5' TGTGGTAGGCTTGGTCATGTTG 3') e FABP4 (F 5' ACTTGTCTCCAGTGAAAACCTTTGATGA 3' – R 5' CATGCCAGCCACCTTCC 3'), obtidos no *Genebank* (disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>>).

As reações para cada um dos genes foram feitas em tubos individuais, portanto não foram utilizadas reações multiplex. O controle endógeno também foi amplificado separadamente. Para isso, foi preparado um pré-mix de acordo com as instruções contidas no manual da *Applied Biosystems* (2003), descritas a seguir, em volume suficiente para o processamento de uma amostra: 12,5 μL de TaqmanTM PCR *Master Mix* + 0,63 μL de enzima para transcrição e inibidor de RNase (40x *Multiscribe* e *RNase inhibitor mix*), fazendo o volume final de pré-mix igual a 13,13 μL. Na seqüência, foi adicionado 1,25 μL de *primers* (*assay-by-design*) para um volume final de pré-mix igual a 14,38 μL. Foram então adicionados 100 ng de RNA e água, para um volume final da reação igual a 25 μL. A placa de reação foi centrifugada e levada a qPCR. As condições de termociclagem foram de 48 °C por 30 minutos, 95 °C por 10 minutos, 95 °C por 15 segundos e 60 °C por 1 minuto, sendo estes dois últimos passos repetidos por 40 ciclos. Para geração da qPCR e quantificação do cDNA, foi utilizado o sistema de detecção de seqüências ABI PRISM® SDS 7000 versão 2.1 (*Applied Biosystems*, Foster City, EUA), tendo sido empregado o tipo de quantificação relativo (ou método comparativo) em tempo real, em que os C_T dos genes-alvo e do controle endógeno (referência) foram comparados diretamente por meio da seguinte fórmula, conforme adaptado de Livak e Schmittgen (2001):

$$\Delta C_T = C_T(\text{gene-alvo}) - C_T(\text{gene-referência});$$

$$\text{Quantidade relativa} = 2^{-\Delta C_T}.$$

em que

- C_T (*Threshold Cycle*) – ciclo em que cada curva de amplificação atravessa o limiar de detecção do equipamento, servindo como base para comparação entre as amostras;

- Gene-referência: β -actina; e

- Gene-alvo: FABP3 e FABP4.

Ao final da *qPCR* foram obtidos dois valores de C_T para cada um dos genes-alvo (FABP3 e FABP4), para cada um dos 18 tratamentos e também para o controle endógeno (β -actina). Os C_T foram transformados da sua forma exponencial para a forma linear por meio do método $2^{-\Delta C_T}$ (Livak e Schmittgen, 2001) e multiplicados por 1.000. O valor do ΔC_T é inversamente proporcional à quantidade de seqüências de ácidos nucléicos específicos contidas na amostra inicial. No entanto, pelo cálculo do $2^{-\Delta C_T}$ a relação entre o número de seqüências de cDNA amplificadas torna-se diretamente proporcional ao C_T da amostra.

2.5. Análise estatística

Nas análises estatísticas foram utilizados os procedimentos do *General Linear Model* (GLM), do programa *Statistical Analysis System* (SAS[®] Institute), versão 9.1, para o ambiente Windows[®]. No total, 18 valores do C_T de cada gene (FABP3 e FABP4) foram utilizados na análise de variância (a média dos dois valores de C_T por gene-alvo x 18 tratamentos). As médias foram comparadas entre si pelo teste de Student-Newman-Keuls (SNK), adotando-se o nível mínimo de probabilidade $p < 0,05$. As correlações lineares (r) foram calculadas entre os valores de $2^{-\Delta C_T}$ do FABP4 e FABP3 e as médias dos valores das características da carcaça e do pernil. O modelo adotado na análise de variância foi:

$$y_{ij} = \mu + GG_i + SE_j + GG \times SE_{ij} + e_{ij}$$

em que

y_{ij} = valor observado da característica;

μ = média;

GG_i = grupo genético (i = DUDU, DULA, DUWI, DULL ou WIWI);

SE_j = sexo (j = macho ou fêmea);

$GG \times SE_{ij}$ = interação grupo genético x sexo; e

e_{ij} = erro aleatório associado a cada observação.

3. Resultados e Discussão

Como mostrado na Tabela 2, os níveis de expressão do gene FABP3 representado pelo valor relativo do $2^{-\Delta C_T}$ foi significativamente maior no grupo genético DUDU, quando comparado aos dos grupos genéticos DULA, DULL e WIWI; este último, juntamente com o próprio grupo DUDU, é o único formado por animais puros nessa população. Esse dado representa uma quantidade relativa do mRNA do FABP3 significativamente maior no músculo *Semimembranosus* do grupo genético DUDU, comparado ao do grupo WIWI. Estes resultados sugerem uma relação de causa e efeito entre a quantidade relativa de mRNA do FABP3 e a GIM, entretanto o valor do $2^{-\Delta C_T}$ foi um preditor não-significativo em todas as regressões múltiplas de estimativa da ET, REC, PPB, PPR, E In, E Ex e GIM. O mesmo aconteceu para o valor médio do $2^{-\Delta C_T}$ do FABP4.

O grupo DUWI, formado por animais Duroc x Large White, também apresentou nível de expressão relativa significativamente maior do FABP3 e do FAB4, quando comparado aos demais grupos, exceto o DUDU. Diferentemente dos resultados do FABP3, os níveis de expressão do FABP4 foram iguais entre os grupos formados pelos animais puros DUDU e WIWI. Possivelmente a alta variabilidade dos valores de $2^{-\Delta C_T}$, representada pelo alto desvio-padrão, justifica a igualdade entre as médias desses grupos.

O grupo genético foi a fonte de variação mais importante no presente trabalho (Tabela 3 e Tabela 2A). De forma semelhante, Damon *et al.* (2006) investigaram o nível de expressão do FABP3 e do FABP4 em suínos Duroc X Large White, divididos em dois grupos, um com alta e um segundo com baixa GIM no músculo *longissimus*, respectivamente, e conseguiram demonstrar por *Western Blotting* uma quantidade de A-FAPB duas vezes maior no grupo de alta %GIM. Entretanto, com o uso da *qPCR*,

Tabela 2 – Quantidade relativa de mRNA (médias $\pm$ erro-padrão de unidades de $2^{-\Delta CT}$ x 1.000) do gene FABP3 entre os sexos de cada grupo genético dos suínos abatidos aos 130 kg

Gene	DUDU		DULA		DUWI		DULL		WIWI	
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
FABP3	525,2 $\pm$ ^{a, A} (1)	126,6 $\pm$ ^{a,B} (1)	51,7 $\pm$ 18,6 ^{a,B} (2)	54,6 $\pm$ 21,6 ^{a,B} (2)	54,5 $\pm$ 21,1 ^{aB} (2)	414,4 $\pm$ 110,1 ^{aB} (2)	44,1 $\pm$ 17,5 ^{a,B} (2)	104,0 $\pm$ 17,4 ^{aB} (2)	55,7 $\pm$ 22,7 ^{a,B} (2)	127,1 $\pm$ 41,4 ^{aB} (2)

DUDU = Duroc x Duroc.

DULL = Duroc x (Landrace x Large White).

DUWI = Duroc x Large White.

DULA = Duroc x Landrace.

WIWI = Large White x Large White.

^{a,b} Médias seguidas de mesma letra, entre grupos genéticos, não diferem entre si, a 5% de probabilidade pelo teste de SNK.

^{A,B} Médias seguidas de mesma letra, entre machos e fêmeas, não diferem entre si, a 5% de probabilidade pelo teste de SNK.

(n) = número de observações.

Tabela 3 – Quantidade relativa de mRNA (médias $\pm$ erro-padrão de unidades de $2^{-\Delta CT} \times 1.000$) do gene FABP4 entre os grupos genéticos e sexos dos suínos abatidos aos 130 kg

Gene	Grupos Genéticos					Sexo	
	DUDU	DULA	DUWI	DULL	WIWI	Macho	Fêmea
FABP4	157,9 $\pm$ 100,6 ^a (2)	41,8 $\pm$ 11,7 ^a (4)	211,1 $\pm$ 143,1 ^a (4)	41,4 $\pm$ 5,9 ^a (4)	26,4 $\pm$ 3,5 ^a (4)	66,1 $\pm$ 25,0 ^a (9)	111,5 $\pm$ 66,3 ^a (9)

DUDU = Duroc x Duroc.

DULL = Duroc x (Landrace x Large White).

DUWI = Duroc x Large White.

DULA = Duroc x Landrace.

WIWI = Large White x Large White.

^{a,b} Médias seguidas de mesma letra na linha não diferem entre si, a 5% de probabilidade, pelo teste de SNK.

(n) = número de observações.

esses autores não evidenciam nenhuma diferença significativa no nível de mRNA dos genes FABP3 e FABP4 entre os dois grupos investigados. Menor nível de expressão do mRNA do FABP3 e do FABP4 e maior %GIM no músculo *longissimus* foram demonstrados por Gerbens *et al.* (2001), em populações de Landrace X Large White abatidos aos 110 kg. Nesta investigação, todavia, não puderam ser evidenciadas diferenças significativas nos níveis de expressão das proteínas H- e A-FABP, indicando que as diferenças em %GIM nos suínos pode ser explicada pela qualidade (alteração de função) dessas proteínas, e não pela sua quantidade (abundância). A baixíssima correlação entre os níveis de expressão de mRNA e das proteínas fazem esses autores sugerirem que a expressão das A- e H-FABP sofre regulação durante a tradução, em vez da transcrição. Por outro lado, Damon *et al.* (2006) evidenciam correlação positiva e significativa entre o conteúdo da A-FABP e a %GIM, medida no pós-abate no músculo *longissimus*. Este fato corrobora com os resultados de Gerbens *et al.* (2001), segundo os quais são as proteínas que geralmente determinam o fenótipo, e não as moléculas de mRNA.

As correlações entre a expressão relativa do FABP3 e do FAB4 e as características fenotípicas da carcaça e do pernil foram baixas e não-significativas (Tabela 4). Da mesma forma, Damon *et al.* (2006) não conseguiram evidenciar nenhuma correlação significativa entre a quantidade de mRNA do FABP3 e do FABP4 e a %GIM do músculo *longissimus*. No presente trabalho, todavia, uma alta e significativa correlação positiva (0,82, $p < 0,05$) entre a expressão relativa desses dois genes pode ser observada. Portanto, resultados semelhantes e não-significativos para as correlações entre ambos os genes e as variáveis medidas nas carcaças foram encontrados. Meadus *et al.* (2001) verificaram efeito significativo do genótipo paterno na %GIM, porém sem encontrar significativa associação entre SNPs (*single nucleotide polymorphisms*) do FABP3 e do FABP4 em cruzados Landrace x Large White. De forma similar, Nechtelberger *et al.* (2001) relataram fraca associação entre %GIM e SNPs do FABP3 e FABP4 em linhagens puras de Landrace, Large White e Piétrains.

Tem sido postulado que nos bovinos, assim como nos suínos, a expressão do mRNA da H-FABP e de outras proteínas varia de acordo com o tipo muscular, devendo ser ressaltado que a quantidade ou conteúdo da H-FABP e o nível de mRNA são mais altos em músculos oxidativos (vermelhos) do que em músculos glicolíticos (brancos) (BRANDSTETTER *et al.*, 2002; REECY *et al.*, 2003). Tomando como referência as investigações publicadas e aqui citadas, a expressão dos genes FABP3 e FABP4 está, na

Tabela 4 – Correlação linear r entre os valores médios de $2^{-\Delta CT}$ dos genes FABP3, FABP4 e os valores médios da ET, PB, PR, E In e E Ex em todos os suínos abatidos (130 e 160 kg)

	$2^{-\Delta CT}$ FABP3	$2^{-\Delta CT}$ FABP4	E T	P B	P R	E In	E Ex
$2^{-\Delta CT}$ FABP4	0,83 (18)						
E T	0,02 (18)	0,20 (18)					
P B	-0,01 (18)	0,24 (18)	0,41 (18)				
P R	-0,01 (18)	0,20 (18)	0,38 (18)	0,99 (18)			
E In	-0,22 (18)	-0,04 (18)	0,83 (18)	0,38 (18)	0,36 (18)		
E Ex	0,06 (18)	-0,10 (18)	0,20 (18)	-0,67 (18)	-0,68 (18)	0,25 (18)	
% GIM	-0,13 (18)	-0,13 (18)	0,39 (18)	-0,12 (18)	-0,13 (18)	0,31 (18)	0,43 (18)

E T = espessura de toucinho da carcaça.

P B = peso bruto do pernil.

P R = peso refilado do pernil.

E In = espessura da gordura interna do pernil.

E Ex = espessura da gordura externa do pernil.

%G I M = gordura intramuscular.

(n) = número de observações.

$|r| > 0,45$ então $p < 0,05$.

sua totalidade, relacionada a tentativas de associação com a %GIM do músculo *Longissimus lumborum* (lombo). Ambos os músculos, *Longissimus* e *Semimembranosus*, este amostrado no presente trabalho, do suíno são considerados como músculos brancos, consistindo, com pequenas diferenças proporcionais, de ilhotas de fibras do tipo I, circundadas por fibras do tipo IIA, mas com predominância de fibras glicolíticas periféricas do tipo IIB (LEFAUCHEUR *et al.*, 2002; CHRISTENSEN *et al.*, 2004; RYU e KIM, 2005). A quantidade de fosfolipídeos e de ácidos graxos polinsaturados (PUFA) contidos na %GIM também está associada ao tipo de fibra predominante na amostra coletada, uma vez que ocorre aumento na quantidade de fosfolipídeos e PUFA à medida que aumenta a atividade oxidativa das fibras.

Tem sido observado que o decréscimo da quantidade de gordura, concomitantemente com o acréscimo na quantidade de carne na carcaça, promovidos por meio da seleção quantitativa, resultou em aumento na quantidade de PUFA nos depósitos de gordura, notadamente o ácido linoléico, ocasionando amolecimento e aumento da instabilidade oxidativa da gordura (NÜRNBERG *et al.*, 1998). Esta característica foi acompanhada pelo aumento na proporção de fibras tipo IIB, em detrimento das fibras IIA e I, e ainda por uma maior vascularização, definida pelo aumento do número de capilares por mm² (KARLSSON *et al.*, 1993; OKSBJERG *et al.*, 2000; REHFELDT *et al.*, 2000). Considera-se que hormônios como TH (hormônio da tireóide), GH (hormônio do crescimento), IGF (fator de crescimento semelhante a insulina), TGF- β (fator de transformação do crescimento β), glucocorticóides (GC) e a insulina possuem implicação no desenvolvimento muscular e na expressão gênica. No trabalho de Ramsay e Richards (2005), por exemplo, ficou evidenciado o decréscimo da quantidade relativa de mRNA da leptina e do receptor da leptina na gordura do *toucinho* e no músculo *Longissimus* de suínos tratados com Somatotropina (pST) exógena durante 14 dias. Desta forma, é possível que músculos com maior densidade capilar, como o *semimembranosus*, se torne mais suscetível a estímulos hormonais durante a transcrição e a tradução gênica (DAUNCEY *et al.*, 2004), alterando a expressão de genes como o FABP3 e o FABP4 em um músculo com conteúdo de mitocôndrias menor do que aquele em músculos com predominância de fibras oxidativas do tipo I e IIA.

Apesar de não ser significativo a 5%, o valor médio de $2^{-\Delta CT}$ foi maior nas fêmeas do que nos machos, o que representa um maior número de cópias de cDNA do FABP3 e FABP4 nas amostras de músculo. Maior quantidade relativa de cDNA desses genes pode significar maior concentração das proteínas H-FABP e A-FABP. Entretanto,

o controle traducional exercido na expressão do FABP3 e do FABP4 pode alterar essa associação entre cDNA e proteínas. Nas fêmeas, o controle traducional ou pós-traducional está relacionado a concentrações de hormônios e a análogos esteróides atuantes na reprodução. Quando da coleta das amostras, aos 130 kg de PV, as fêmeas utilizadas neste experimento já apresentavam estro. Fêmeas cruzadas Large White x Landrace possuem maior porcentual de fibras tipo IIB, assim como aumento do número de capilares por área (mm^2) e por fibra IIB que os machos, portanto com menor capacidade oxidativa (RUUSUNEN *et al.*, 1996) e maior capacidade de perfusão sanguínea.

Sendo as FABPs transportadoras intracelulares de ácidos graxos (AG) de cadeia longa da membrana plasmática até os sítios de oxidação ou esterificação dos AG em triacilglicerol ou fosfolipídios nos peroxissomos e nas mitocôndrias, sua abundância é provavelmente maior em músculos oxidativos. Neste particular, os músculos oxidativos (vermelhos) da carcaça apresentam-se como melhor opção para quantificação das FABPs, devido ao seu maior conteúdo de mitocôndrias do que os músculos glicolíticos (brancos). Em outras circunstâncias, camundongos transgênicos que não possuem um tipo de H-FABP exibem um severo defeito na utilização de LCFA periférico, compensando com a mudança para utilização de glicose, o que resulta em intolerância aguda ao exercício e em hipertrofia do coração (GLATZ *et al.*, 2003).

Admite-se que a %GIM em músculos predominantemente glicolíticos não é apenas uma função da expressão do gene FABP4. Entretanto, o número de adipócitos por cm^2 no espaço intramuscular mostra significativa e positiva correlação com a quantidade da A-FABP (DAMON *et al.*, 2006). A determinação do número de adipócitos aparenta ser um evento de maior influência na determinação da %GIM do que a quantidade de mRNA da A-FABP. Os pré-adipócitos representam um conjunto de células que possuem potencial para proliferação ou diferenciação em adipócitos. A diferenciação é caracterizada pela expressão de proteínas específicas dos adipócitos, como a lipoproteína lipase, a qual é regulada por fatores de transcrição como o CCAATT/enhancer binding protein- α (C/EBP- α) e o receptor ativado de proliferação do peroxissomo- γ (PPAR- γ). Estudos em culturas celulares mostram os efeitos que os ácidos-graxos (AG) possuem na proliferação e diferenciação dos adipócitos. Nos casos onde a expressão gênica é afetada, é provável que os AG estejam participando por meio de fatores de transcrição como o PPAR- γ . Diversos estudos demonstram que os AG ou seus metabólitos, como as prostaglandinas, são ligantes para o PPAR- γ . A estimulação do PPAR- γ pelos AG ou ligantes específicos, como os fibratos, resulta no aumento da

oxidação de AG (AZAIN, 2004). Estudando a expressão de 36 diferentes genes e seus efeitos na diferenciação de adipócitos em suínos, Wang *et al.* (2006) conseguiram evidenciar que os genes da enzima de conversão da angiotensina I (*ACE*) e o da esteroil coenzima A desaturase 1 (*SCD1*) são os mais expressos no tecido adiposo, estando altamente associados à diferenciação de adipócitos em suínos. Ao mesmo tempo, esses autores não relatam a expressão do *FABP3* e do *FABP4* no processo metabólico de diferenciação celular nos adipócitos da amostra de suínos investigada.

No presente trabalho, a GIM foi determinada por meio da extração com solvente etéreo. Este método permite a retirada da gordura dos espaços intra e extracelulares do músculo avaliado. Na GIM dos suínos, ácidos graxos de cadeia longa (LCFA) são majoritários, enquanto os ácidos graxos de cadeia curta, que são minoritários, não utilizam FABPs para alcançar seus locais de depósito ou oxidação intracelular. Assim sendo, grande parte, mas não a totalidade, da gordura extraída e considerada como GIM foi efetivamente depositada no espaço intermuscular por meio das FABPs. Portanto, a concentração de LCFA nas amostras pode influenciar a correlação entre GIM e a quantidade relativa dos genes *FABP3* e *FABP4* e suas proteínas.

4. Conclusões

Com relação aos valores de expressão gênica associados às características de qualidade da carcaça e do pernil, os resultados aqui apresentados permitem concluir que: A expressão dos genes *FABP3* e *FABP4*, estabelecida pela *qPCR*, possibilita distinguir o grupo genético Duroc (DUDU) do grupo Large White (WIWI) na característica de qualidade de carne representada pela GIM. Entretanto, esta técnica de análise de expressão gênica não foi capaz de diferenciar os demais grupos genéticos entre si (DULA, DUWI e DULL). Devido à alta variabilidade encontrada nos níveis de expressão relativa dos genes *FABP3* e *FABP4*, a detecção de diferenças para essa característica entre os grupos genéticos deve ser testada a 10%.

Nenhuma das características de qualidade avaliadas na carcaça e no pernil pôde ser significativamente associada aos níveis de expressão gênica do *FABP3* e do *FABP4* nos cruzamentos utilizados. Para aumentar a possibilidade de associação significativa entre os genes *FABP3* e *FABP4* e as características de carcaça e do pernil, é recomendado avaliar os níveis de expressão destes genes por meio da *qPCR* em músculos predominantemente oxidativos (vermelhos), concomitante com a

determinação do perfil de AG da GIM, no intuito de conhecer a proporção entre PUFA e MUFAS nas amostras utilizadas.

Em futuras investigações, também utilizando animais pesados, é recomendada a análise da expressão de genes associados à atividade proteolítica das catepsinas, à regulação da lipogênese e à diferenciação dos adipócitos, visando selecionar, manter e destinar determinadas populações de suínos exclusivamente para fabricação de produtos com grande margem de contribuição e alto valor agregado, como presuntos maturados.

Referências Bibliográficas

ALVARES, L. E. Aplicação da RT-PCR nos estudos de expressão gênica. In: REGITANO, L. C. A.; COUTINHO, L. L. (Ed.) *Biologia molecular – Aplicada à produção animal*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001.

APPLIED BIOSYSTEMS. *Guide to performing relative quantification of gene expression using real time quantitative PCR*. California: Foster City, 2004.

AZAIN, M. J. Role of fatty acids in adipocyte growth and development. *Journal of Animal Science*, v. 82, p. 916-924, 2004.

BRANDSTETTER, A. M.; SAUERWEIN, H.; VEERKAMP, J. H.; GEAY, Y.; HOCQUETTE, J. F. Effects of muscle type, castration, age and growth rate on H-FABP expression in bovine skeletal muscle. *Livestock Production Science*, v. 75, p. 199-208, 2002.

CAMERON, N. D.; ENSER, M.; NUTE, G. R.; WHITTINGTON, F. M.; PENMAN, J. C.; FISKEN, A. C.; PERRY, A. M.; WOOD, J. D. Genotype with nutrition interaction on fatty acid composition of intramuscular fat and the relationship with flavour of pig meat. *Meat Science*, v. 55, p. 187-195, 2000.

CHRISTENSEN, M.; HENCKEL, P.; PURSLOW, P. P. Effect of muscle type on the rate of post-mortem proteolysis in pigs. *Meat Science*, v. 66, p. 595-601, 2004.

COLONNA-ROMANO, S.; LEONE, A.; MARESCA, B. *Differential display reverse transcription PCR (DDRT-PCR)*. Berlin: Springer-Verlag, 1998.

CORINO, C.; MAGNI, S.; PAGLIARINI, E.; ROSSI, R.; PASTORELLI, G.; CHIESA, L. M. Effects of dietary fats on meat quality and sensory characteristics of heavy pig loins. *Meat Science*, v. 60, p. 1-8, 2002.

DAMON, M.; LOUVEAU, I.; LEFAUCHER, L.; LEBRET, B.; VINCENT, A.; LEROY, P.; SANCHEZ, M. P.; HERPIN, P.; GONDRET, F. Number of intramuscular adipocytes and fatty acid binding protein-4 content are significant indicators of

intramuscular fat level in crossbred Large White x Duroc pigs. *Journal of Animal Science*, v. 84, p.1083-1092, 2006.

DAUNCEY, M. J.; KATSUMATA, M.; WHITE, P. Nutrition, hormone receptor expression and gene interactions: Implications for development and disease. In: te PAS, M. F. W.; EVERTS, M. E.; HAAGSMAN, H. P. (Ed.) *Muscle development of livestock animals – Physiology, genetics and meat quality*. Wallingford, UK: CABI Publishing, p. 103-124, 2004.

DAVOLI, R.; BIGI, D.; FONTANESI, L.; ZAMBONELLI, P.; YERLE, M.; ZIJLSTRA, C.; BOSMA, A. A.; ROBIC, A.; RUSSO, V. Mapping of 14 expressed sequence tags (ESTs) from porcine skeletal muscle by somatic cell hybrid analysis. *Animal Genetics*, v. 31, p. 400-403, 2000.

DAVOLI, R.; FONTANESI, L.; ZAMBONELLI, P.; BIGI, D.; GELLIN, J.; YERLE, M.; MILC, J.; BRAGLIA, S.; CENCI, V.; CAGNAZZO, M.; RUSSO, V. Isolation of porcine expressed sequence tags for the construction of a first genomic transcript map of the skeletal muscle in pig. *Animal Genetics*, v. 33, p. 3-18, 2002.

EGGEN, A.; HOCQUETTE, J.-F. Genomic approaches to economic trait loci and tissue expression profiling: application to muscle biochemistry and beef quality. *Meat Science*, v. 66, p. 1-9, 2003.

ESSÉN-GUSTAVSSON, B.; KARLSSON, A.; LUNDSTRÖM, K.; ENFÄLT, A.-C. Intramuscular fat and muscle fibre lipid contents in Halothane-gene-free pigs fed high or low protein diets and its relation to meat quality. *Meat Science*, v. 38, p. 269-277, 1994.

FIGUEIREDO, F. C. *Estudo do gene da proteína de ligação de ácidos graxos – coração (H-FABP) em suínos*. 2002. 60 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

FONTANESI, L.; DAVOLI, R.; NANNI COSTA, L.; SCOTTI, E.; RUSSO, V. Study of candidate genes for glycolytic potential of porcine skeletal muscle: identification and analysis of mutations, linkage and physical mapping and association with meat quality traits in pigs. *Cytogenetic and Genome Research*, v. 102, p. 145-151, 2003.

GERBENS, F. Genetic control of intramuscular fat accretion. In: te PAS, M. F. W.; EVERTS, M. E.; HAAGSMAN, H. P. (Ed.) *Muscle development of livestock animals – Physiology, genetics and meat quality*. Wallingford, UK: CABI Publishing, p. 343-361, 2004.

GERBENS, F.; JANSEN, A.; van ERP, A. J. M.; HARDERS, F.; MEUWISSEN, T. H. E.; RETTENBERGER, G.; VEERKAMP, J. H.; te PAS, M. F. W. The adipocyte fatty acid-binding protein locus: characterization and association with intramuscular fat content in pigs. *Mammalian Genome*, v. 9, p. 1022-1026, 1998.

GERBENS, F.; RETTENBERGER, G.; LENSTRA, J. A.; VEERKAMP, J. H.; te PAS, M. F. W. Characterization, chromosomal localization, and genetic variation of the porcine heart fatty acid-binding protein gene. *Mammalian Genome*, v. 8, p. 328-332, 1997.

GERBENS, F.; VERBURG, F. J.; van MOERKERK, H. T. B.; ENGEL, B.; BUIST, W.; VEERKAMP, J. H.; te PAS, M. F. W. Associations of heart and adipocyte fatty acid-binding protein gene expression with intramuscular fat content in pigs. *Journal of Animal Science*, v. 79, p. 347-354, 2001.

GLATZ, J. F. C.; SCHAAP, F. G.; BINAS, B.; BONEN, A.; VAN DER VUSSE, G. J.; LUIKEN, J. J. F. P. Cytoplasmic fatty acid-binding protein facilitates fatty acid utilization by skeletal muscle. *Acta Physiologica Scandinavica*, v. 178, p. 367-371, 2003.

JONES, P.; QIU, J.; RICKWOOD, D. *RNA isolation and analysis*. Oxford, UK: BIOS Scientific Publishers Ltd., 1994.

KARLSSON, A.; ENFÄLT, A.-C.; ÉSSEN-GUSTAVSSON, B.; LUNDSTRÖM, K.; RYDHMER, L.; STERN, S. Muscle histochemical and biochemical properties in relation to meat quality during selection for increased lean tissue growth rate in pigs. *Journal of Animal Science*, v. 71, p. 930-938, 1993.

LEFAUCHEUR, L.; ECOLAN, P.; PLANTARD, L.; GUEGUEN, N. New insights into muscle fiber types in the pig. *The Journal of Histochemistry e Cytochemistry*, v. 50, p. 719-730, 2002.

LIVAK, K. J.; SCHMITTGEN, T. D. Analysis of relative gene expression data using real time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta C_T}$ method. *Methods*, v. 25, p. 402-408, 2001.

MEADUS, W. J. What's new in swine molecular biology. In: *Swine genetics for 2000 and beyond: the new way or the old way*. Canmore, Canadá, 2000.

MEADUS, W. J.; MacINNIS, R.; ROBERTSON, W. M. Evaluation of the genetic markers: *HFABP* and *AFABP* in the control of marbling fat in pork. *Advances in Pork Production*, v. 12, 2001 (abstract 2)

NECHTELBERGER, D.; PIRES, V.; SÖLKNER, J.; STUR, I.; BREM, G.; MUELLER, M.; MUELLER, S. Intramuscular fat content and genetic variants at fatty acid-binding protein loci in Austrian pigs. *Journal of Animal Science*, v. 79, p. 2798-2804, 2001.

NÜRNBERG, K.; WEGNER, J.; ENDER, K. Factors influencing fat composition in muscle and adipose tissue of farm animals. *Livestock Production Science*, v. 56, p. 145-156, 1998.

OKSBJERG, N.; PETERSEN, J. S.; SØRENSEN, I. L.; HENCKEL, P.; VESTERGAARD, M.; ERTBJERG, P.; MØLLER, A. J.; BEJERHOLM, C.; STØIER,

S. Long-term changes in performance and meat quality of Danish Landrace pigs: a study on a current compared with an unimproved genotype. *Animal Science*, v. 71, p. 81-92, 2000.

PLASTOW, G. S.; CARRIÓN, D.; GIL, M.; GARCÍA-REGUEIRO, FONT i FURNOLS, M.; GISPert, M.; OLIVER, M. A.; VELARDE, A.; GUÀRDIA, M. D.; HORTÓS, M.; RIUS, M. A.; SÁRRAGA, C.; DIAZ, I.; VALERO, A.; SOSNICKI, A.; KLONT, R.; DORNAN, S.; WILKINSON, J. M.; EVANS, G.; SARGENT, C.; DAVEY, G.; CONNOLY, D.; HOUEIX, B.; MALTIN, C. M.; HAYES, H. E.; ANANDAVIJAYAN, V.; FOURY, A.; GEVERINK, N.; CAIRNS, M.; TILLEY, R. E.; MORMÈDE, P.; BLOTT, S. C. Quality pork genes and meat production. *Meat Science*, v. 70, p. 409-421, 2005.

REECY, J. M.; MILLER, S. A.; WEBSTER, M. Recent advances that impact skeletal muscle growth and development research. *Journal of Animal Science*, v. 81, p. E1-E8, 2003.

REHFELDT, C.; FIEDLER, I.; DIETL, G.; ENDER, K. Myogenesis and postnatal skeletal muscle cell growth as influenced by selection. *Livestock Production Science*, v. 66, p. 177-188, 2000.

RUUSUNEN, M.; SEVON-AIMONEN, M.-L.; PUOLANNE, E. Comparison and cross-sectional area of muscle fibre types in relation to daily gain and lean and fat content of carcass in Landrace and Yorkshire pigs. *Agricultural and Food Science in Finland*, v. 5, p. 593-600, 1996.

RYU, Y. C.; KIM, B. C. The relationship between muscle fiber characteristics, postmortem metabolic rate, and meat quality of pig *longissimus dorsi* muscle. *Meat Science*, v. 71, p. 351-357, 2005.

SAS for Windows release 9.1. *SAS Institute*. North Caroline, EUA: Cary, 2003.

ULEBERG, E.; WIDERØE, I. S.; GRINDFLEK, E.; SZYDA, J.; LIEN, S.; MEUWISSEN, T. H. E. Fine mapping of a QTL for intramuscular fat on porcine chromosome 6 using combined linkage and linkage disequilibrium mapping. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 122, p. 1-6, 2005.

VALASEK, M. A.; REPA, J. J. The power of real-time PCR. *Advances in Physiology Education*, v. 29, p. 151-159, 2005.

VEERKAMP, J. H.; van MOERKERK, T. B.; ZIMMERMAN, A. W. Effect of fatty acid-binding proteins on intermediate fatty acid transport – studies on different types and mutant proteins. *European Journal of Biochemistry*, v. 267, p. 5959-5966, 2000.

WANG, H. C.; KO, Y. H.; MERSMANN, H. J.; CHEN, C. L.; DING, S. T. The expression of genes related to adipocyte differentiation in pigs. *Journal of Animal Science*, v. 84, p. 1059-1066, 2006.

WARRISS, P. D. In: *Meat science – An introductory text*. Wallingford, UK: CABI Publishing, 2000.

WARRISS, P. D.; BROWN, S. N.; FRANKLIN, J. G.; KESTIN, S. C. The thickness and quality of backfat in various pig breeds and their relationship to intramuscular fat and the setting of joints from the carcasses. *Meat Science*, v. 28, p. 21-29, 1990.

WIMMERS, K.; PONSUKSILI, S.; SCHELLANDER, K. The muscle transcriptome. In: M.F.W. te PAS; EVERTS, M. E.; HAAGSMAN, H. P. (Ed.) *Muscle development of livestock animals – Physiology, genetics and meat quality*. Wallingford, UK: CABI Publishing, p. 225-245, 2004.

WOOD, J. D.; NUTE, G. R.; RICHARDSON, R. I.; WHITTINGTON, F. M.; SOUTHWOOD, O.; PLASTOW, G.; MANSBRIDGE, R.; da COSTA, N.; CHANG, K. C. Effects of breed, diet and muscle on fat deposition and eating quality in pigs. *Meat Science*, v. 67, p. 651-667, 2004.

CONCLUSÕES GERAIS

Nos atuais programas de melhoramento, a seleção está focada para produção de suínos de abate precoces e de alta deposição de carne magra. Entretanto, para obter as características desejadas no produto acabado e no pernil utilizado como matéria-prima para o presunto maturado seco, o uso de animais musculares com alta deposição de carne na carcaça é evitado. Assim como a gordura extramuscular, a quantidade de gordura intramuscular (GIM) é determinante no atendimento de características valorizadas pelos consumidores, como aroma, sabor e suculência. A GIM mostra pouca precisão quando medida no suíno vivo, o que dificulta a seleção fenotípica para esta característica. Entretanto, a associação dos genes *Heart fatty acid binding protein* (FAPB3) e *Adipocyte fatty acid binding protein* (FABP4), com a GIM em determinadas populações de suínos, tem possibilitado a seleção genotípica e, conseqüentemente, a formação de linhagens vocacionadas para produção de derivados de alto valor agregado, como o presunto maturado seco.

A utilização da Reação em Cadeia da Polimerase quantitativa (*qPCR*) permite a detecção de pequenas quantidades de mRNA (ou RNA total), obtido a partir de amostras limitadas de tecido. Esta técnica consiste na síntese de um DNA complementar (cDNA) a partir de um RNA molde, por meio da enzima Transcriptase Reversa. O cDNA sintetizado é então amplificado exponencialmente pela reação em cadeia da polimerase (PCR) e pode ser facilmente detectado. A detecção de qualquer marcador tecido específico por *qPCR* requer a determinação de sua seqüência gênica, sendo atualmente o método mais sensível para análises de expressão gênica.

Os objetivos deste estudo foram: avaliar as características da carcaça e do pernil de uma população intencionalmente produzida para o atendimento dos padrões de qualidade do presunto maturado; quantificar a expressão relativa dos genes FABP3 e FABP4 na musculatura do pernil, por meio da *qPCR*, e associá-la às características da carcaça e do pernil. Uma população comercial dividida em cinco grupos genéticos e dois sexos foi abatida em dois pesos. As características avaliadas foram: peso da carcaça quente (PCQ), espessura de toucinho (ET), profundidade do lombo (PM), peso bruto do pernil (PB), peso refilado do pernil (PR), espessura da gordura interna do pernil (EIN), espessura da gordura externa do pernil (EEX), pH (PH), cor (COR), porcentagem de gordura intramuscular (GIM), quantidade relativa do mRNA do FABP3 e quantidade relativa do mRNA do FABP4. Os efeitos de grupo genético, peso de abate e sexo nas características da carcaça e do pernil foram determinados por meio do Modelo Linear Geral (GLM). As médias de cada característica foram comparadas entre si dentro de cada peso de abate, por meio do teste de Student-Newman-Keuls (SNK), adotando-se o nível de significância de 5%. Nas análises comparativas de expressão gênica, o peso de abate foi excluído do modelo.

Aos 130 kg, as características de carcaça PCQ, ET e PM foram diferentes na comparação entre os grupos formados por animais puros Duroc (DUDU) e Large White (WIWI) e iguais entre os cruzados Duroc x Large White (DUWI), Duroc x Landrace (DULA) e Duroc x (Landrace x Large White (DULL). Neste peso de abate, o PCQ foi igual para machos e fêmeas, porém a ET foi menor nas fêmeas e a PM menor nos machos. Também aos 130 kg, os grupos DUDU e WIWI foram diferentes para PB, PR, EEX, COR e GIM e iguais para EIN e PH.

Aos 160 kg, sem o grupo genético DUDU, apenas o PR do grupo WIWI foi diferente dos demais grupos. Entretanto, diferenças foram detectadas entre machos e fêmeas para todas as características avaliadas, exceto o PCQ. Quando os dois pesos de abate foram agrupados, foram evidenciadas interações entre peso de abate e grupo genético para PCQ e COR e entre peso de abate e sexo para ET, PM e PB. As correlações entre as características de carcaça e pernil foram diferentes dentro de cada grupo genético, notadamente a correlação entre ET e GIM e entre PH e COR. Entretanto, com a utilização de análise multivariada, as associações entre os diferentes depósitos de gordura de carcaças pesadas podem ser mais bem evidenciadas, comparada a correlações lineares simples.

A expressão dos genes *FABP3* e *FABP4* estabelecida pela *qPCR* possibilita distinguir o grupo genético DUDU do grupo WIWI, na característica de qualidade de carne representada pela GIM. Entretanto, esta técnica de análise de expressão gênica não foi capaz de diferenciar, nesta população, os demais grupos genéticos entre si (DULA, DUWI e DULL). Devido à alta variabilidade encontrada nos níveis de expressão relativa dos genes *FABP3* e *FABP4*, a detecção de diferenças para essa característica entre os grupos genéticos deve ser testada a 10%.

Nenhuma das características de qualidade avaliadas na carcaça e no pernil pôde ser significativamente associada aos níveis de expressão gênica do *FABP3* e do *FABP4*, nos cruzamentos utilizados. Para aumentar a possibilidade de associação significativa entre os genes *FABP3* e *FABP4* e as características do pernil, é recomendado avaliar os níveis de expressão destes genes por meio da *qPCR* em outros músculos do pernil, preferencialmente nos músculos oxidativos.

APÊNDICES

APÊNDICE 1

Tabela 1A – Análise de variância do peso da carcaça quente (PCQ) de suínos abatidos aos 130 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
PCQ	Grupo genético	4	395,38	98,85	3,5690	0,007
PCQ	Sexo	1	3,41	3,41	0,1232	0,726
PCQ	Grupo genético * sexo	4	65,67	16,42	0,5928	0,668
PCQ	Resíduo	589	16312,72	27,70		

Tabela 1B – Análise de variância da espessura de toucinho (ET) de suínos abatidos aos 130 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
E T	Grupo genético	4	1089,48	272,37	13,8485	0,000
E T	Sexo	1	777,98	777,98	39,5561	0,000
E T	Grupo genético * sexo	4	49,73	12,43	0,6321	0,640
E T	Resíduo	591	11623,71	19,67		

Tabela 1C – Análise de variância da profundidade de músculo (P M) de suínos abatidos aos 130 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
PM	Grupo genético	4	795,36	198,84	5,7613	0,000
PM	Sexo	1	537,86	537,86	15,5841	0,000
PM	Grupo genético * sexo	4	166,90	41,73	1,2090	0,306
PM	Resíduo	591	20397,19	34,51		

Tabela 1D – Análise de variância do peso do pernil bruto (P B) de suínos abatidos aos 130 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
PB	Grupo genético	4	30,27	7,57	11,2555	0,000
PB	Sexo	1	7,42	7,42	11,0444	0,001
PB	Grupo genético * sexo	4	1,24	0,31	0,4602	0,765
PB	Resíduo	406	272,94	0,67		

Tabela 1E – Análise de variância do peso do pernil refilado (P R) de suínos abatidos aos 130 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
PR	Grupo genético	4	12,49	3,12	7,4492	0,000
PR	Sexo	1	10,51	10,51	25,0840	0,000
PR	Grupo genético x sexo	4	1,80	0,45	1,0716	0,370
PR	Resíduo	406	170,16	0,42		

Tabela 1F – Análise de variância da espessura interna de gordura do pernil (E In) de suínos abatidos aos 130 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
E In	Grupo genético	4	13,53	3,38	0,3584	0,838
E In	Sexo	1	361,67	361,67	38,3159	0,000
E In	Grupo genético * sexo	4	6,32	1,58	0,1675	0,955
E In	Resíduo	406	3832,29	9,44		

Tabela 1G – Análise de variância da espessura externa de gordura do pernil (E Ex) de suínos abatidos aos 130 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
E Ex	Grupo genético	4	1903,22	475,80	6,0109	0,000
E Ex	Sexo	1	1367,26	1367,26	17,2727	0,000
E Ex	Grupo genético * sexo	4	183,56	45,89	0,5797	0,677
E Ex	Resíduo	406	32137,71	79,16		

Tabela 1H – Análise de variância do pH do pernil (pH) de suínos abatidos aos 130 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
pH	Grupo genético	4	0,07	0,02	0,7514	0,558
pH	Sexo	1	0,01	0,01	0,2046	0,651
pH	Grupo genético * sexo	4	0,16	0,04	1,6211	0,168
pH	Resíduo	406	9,98	0,02		

Tabela 1I – Análise de variância da cor do pernil (Cor) de suínos abatidos aos 130 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
Cor	Grupo genético	4	694,38	173,60	5,9647	0,000
Cor	Sexo	1	31,45	31,45	1,0805	0,299
Cor	Grupo genético * sexo	4	157,19	39,30	1,3503	0,251
Cor	Resíduo	406	11816,15	29,10		

Tabela 1J – Análise de variância da % gordura intramuscular do pernil (GIM) de suínos abatidos aos 130 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
GIM	Grupo genético	4	32,46	8,11	9,4689	0,000
GIM	Sexo	1	3,62	3,62	4,2247	0,042
GIM	Grupo genético * sexo	4	1,83	0,46	0,5338	0,711
GIM	Resíduo	133	113,97	0,86		

Tabela 2A – Análise de variância do peso da carcaça quente (PCQ) de suínos abatidos aos 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
PCQ	Grupo genético	3	222,10	74,03	1,3776	0,249
PCQ	Sexo	1	4,79	4,79	0,0891	0,766
PCQ	Grupo genético * sexo	3	161,42	53,81	1,0013	0,392
PCQ	Resíduo	333	17894,75	53,74		

Tabela 2B – Análise de variância da espessura de toucinho (ET) de suínos abatidos aos 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
ET	Grupo genético	3	471,63	157,21	4,3321	0,005
ET	Sexo	1	1065,25	1065,25	29,3540	0,000
ET	Grupo genético * sexo	3	23,35	7,78	0,2144	0,886
ET	Resíduo	333	12084,55	36,29		

Tabela 2C – Análise de variância da profundidade de músculo (PM) de suínos abatidos aos 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
PM	Grupo genético	3	384,31	128,10	3,4178	0,018
PM	Sexo	1	907,75	907,75	24,2184	0,000
PM	Grupo genético * sexo	3	30,10	10,03	0,2677	0,849
PM	Resíduo	333	12481,40	37,48		

Tabela 2D – Análise de variância do peso do pernil bruto (P B) de suínos abatidos aos 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
PR	Grupo genético	3	9,53	3,18	1,8528	0,144
PR	Sexo	1	12,03	12,03	7,0175	0,010
PR	Grupo genético * sexo	3	2,14	0,71	0,4167	0,741
PR	Resíduo	86	147,45	1,71		

Tabela 2E – Análise de variância do peso do pernil refilado (PR) de suínos abatidos aos 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
PR	Grupo genético	3	6,58	2,19	2,3966	0,074
PR	Sexo	1	2,37	2,37	2,5861	0,111
PR	Grupo genético * sexo	3	0,71	0,24	0,2572	0,856
PR	Resíduo	86	78,74	0,92		

Tabela 2F – Análise de variância da espessura interna de gordura do pernil (E In) de suínos abatidos aos 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
E In	Grupo genético	3	13,46	4,49	0,2563	0,857
E In	Sexo	1	157,12	157,12	8,9727	0,004
E In	Grupo genético * sexo	3	19,88	6,63	0,3785	0,769
E In	Resíduo	86	1505,99	17,51		

Tabela 2G – Análise de variância da espessura externa de gordura do pernil (E Ex) de suínos abatidos aos 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
E Ex	Grupo genético	3	114,84	38,28	1,1767	0,323
E Ex	Sexo	1	203,91	203,91	6,2677	0,014
E Ex	Grupo genético x sexo	3	110,74	36,91	1,1347	0,340
E Ex	Resíduo	86	2797,84	32,53		

Tabela 2H – Análise de variância do pH do pernil (pH) de suínos abatidos aos 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
pH	Grupo genético	3	0,03	0,01	0,5788	0,630
pH	Sexo	1	0,04	0,04	2,2627	0,136
pH	Grupo genético * sexo	3	0,09	0,03	1,6980	0,173
pH	Resíduo	86	1,55	0,02		

Tabela 2I – Análise de variância da cor do pernil (Cor) de suínos abatidos aos 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
Cor	Grupo genético	3	59,98	19,99	1,2740	0,288
Cor	Sexo	1	55,50	55,50	3,5367	0,063
Cor	Grupo genético * sexo	3	90,40	30,13	1,9201	0,132
Cor	Resíduo	86	1349,65	15,69		

Tabela 2J – Análise de variância da % gordura intramuscular do pernil (GIM) de suínos abatidos aos 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
GIM	Grupo genético	3	0,51	0,17	0,2137	0,887
GIM	Sexo	1	3,62	3,62	4,5496	0,034
GIM	Grupo genético * sexo	3	2,45	0,82	1,0241	0,383
GIM	Resíduo	204	162,51	0,80		

Tabela 3A – Análise de variância do peso da carcaça quente (PCQ) de suínos abatidos aos 130 e 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
PCQ	Peso vivo	1	62402,08	62402,08	1598,64	0,000
PCQ	Grupo genético	3	37,38	12,46	0,32	0,811
PCQ	Sexo	1	1,26	1,26	0,03	0,857
PCQ	Peso vivo x grupo genético	3	315,36	105,12	2,69	0,045
PCQ	Peso vivo * sexo	1	5,51	5,51	0,14	0,707
PCQ	Grupo genético * sexo	3	83,71	27,90	0,71	0,543
PCQ	Peso vivo*grupo genético*sexo	3	155,95	51,98	1,33	0,263
PCQ	Resíduo	795	31032,35	39,03		

Tabela 3B – Análise de variância da espessura de toucinho (ET) de suínos abatidos aos 130 e 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
ET	Peso vivo	1	2767,15	2767,15	108,04	0,000
ET	Grupo genético	3	844,47	281,49	10,99	0,000
ET	Sexo	1	1624,06	1624,06	63,41	0,000
ET	Peso vivo*grupo genético	3	39,78	13,26	0,52	0,670
ET	Peso vivo*sexo	1	132,31	132,31	5,17	0,023
ET	Grupo genético * sexo	3	61,29	20,43	0,80	0,495
ET	Peso vivo*grupo genético*sexo	3	2,59	0,86	0,03	0,992
ET	Resíduo	797	20413,02	25,61		

Tabela 3C – Análise de variância da profundidade do músculo (PM) de suínos abatidos aos 130 e 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
PM	Peso vivo	1	627,18	627,18	17,92	0,000
PM	Grupo genético	3	897,06	299,02	8,54	0,000
PM	Sexo	1	1186,03	1186,03	33,88	0,000
PM	Peso vivo*grupo genético	3	37,02	12,34	0,35	0,787
PM	Peso vivo*sexo	1	179,04	179,04	5,11	0,024
PM	Grupo genético*sexo	3	47,27	15,76	0,45	0,717
PM	Peso vivo*grupo genético*sexo	3	87,57	29,19	0,83	0,475
PM	Resíduo	797	27898,32	35,00		

Tabela 3D – Análise de variância do peso do pernil bruto (PB) de suínos abatidos aos 130 e 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
PB	Peso vivo	1	630,62	630,62	690,73	0,000
PB	Grupo genético	3	20,78	6,93	7,59	0,000
PB	Sexo	1	17,62	17,62	19,30	0,000
PB	Peso vivo*grupo genético	3	1,34	0,45	0,49	0,690
PB	Peso vivo*sexo	1	4,03	4,03	4,41	0,036
PB	Grupo genético*sexo	3	2,91	0,97	1,06	0,365
PB	Peso vivo*grupo genético*sexo	3	0,95	0,32	0,35	0,793
PB	Resíduo	404	368,84	0,91		

Tabela 3E – Análise de variância do peso do pernil refilado (PR) de suínos abatidos aos 130 e 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
PR	Peso vivo	1	236,63	236,63	438,31	0,000
PR	Grupo genético	3	13,12	4,37	8,10	0,000
PR	Sexo	1	7,61	7,61	14,09	0,000
PR	Peso vivo*grupo genético	3	1,17	0,39	0,72	0,540
PR	Peso vivo*sexo	1	0,00	0,00	0,00	0,994
PR	Grupo genético*sexo	3	1,72	0,57	1,06	0,364
PR	Peso vivo*grupo genético*sexo	3	0,05	0,02	0,03	0,992
PR	Resíduo	404	218,11	0,54		

Tabela 3F – Análise de variância da espessura interna de gordura do pernil (E In) de suínos abatidos aos 130 e 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
E In	Peso vivo	1	161,30	161,30	14,56	0,000
E In	Grupo genético	3	18,97	6,32	0,57	0,634
E In	Sexo	1	350,87	350,87	31,68	0,000
E In	Peso vivo*grupo genético	3	6,11	2,04	0,18	0,907
E In	Peso vivo*sexo	1	13,61	13,61	1,23	0,268
E In	Grupo genético*sexo	3	18,57	6,19	0,56	0,642
E In	Peso vivo*grupo genético*sexo	3	15,58	5,19	0,47	0,704
E In	Resíduo	404	4474,37	11,08		

Tabela 3G – Análise de variância da espessura externa de gordura do pernil (E Ex) de suínos abatidos aos 130 e 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
E Ex	Peso vivo	1	319,03	319,03	4,64	0,032
E Ex	Grupo genético	3	398,64	132,88	1,93	0,124
E Ex	Sexo	1	651,73	651,73	9,47	0,002
E Ex	Peso vivo*grupo genético	3	64,59	21,53	0,31	0,816
E Ex	Peso vivo*sexo	1	0,00	0,00	0,00	0,999
E Ex	Grupo genético*sexo	3	66,19	22,06	0,32	0,810
E Ex	Peso vivo*grupo genético*sexo	3	153,10	51,03	0,74	0,528
E Ex	Resíduo	404	27794,75	68,80		

Tabela 3H – Análise de variância do pH do pernil (pH) de suínos abatidos aos 130 e 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
pH	Peso vivo	1	0,40	0,40	16,73	0,000
pH	Grupo genético	3	0,00	0,00	0,03	0,994
pH	Sexo	1	0,04	0,04	1,63	0,202
pH	Peso vivo * grupo genético	3	0,07	0,02	1,02	0,383
pH	Peso vivo * sexo	1	0,03	0,03	1,12	0,290
pH	Grupo genético * sexo	3	0,16	0,05	2,25	0,082
pH	Peso vivo * grupo genético * sexo	3	0,03	0,01	0,40	0,756
pH	Resíduo	404	9,66	0,02		

Tabela 3I – Análise de variância da Cor do pernil (Cor) de suínos abatidos aos 130 e 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
Cor	Peso vivo	1	7,40	7,40	0,28	0,599
Cor	Grupo genético	3	46,85	15,62	0,58	0,627
Cor	Sexo	1	91,52	91,52	3,42	0,065
Cor	Peso vivo * grupo genético	3	295,61	98,54	3,68	0,012
Cor	Peso vivo * sexo	1	14,13	14,13	0,53	0,468
Cor	Grupo genético * sexo	3	94,00	31,33	1,17	0,321
Cor	Peso vivo * grupo genético * sexo	3	96,67	32,22	1,20	0,309
Cor	Resíduo	404	10826,18	26,80		

Tabela 3J – Análise de variância da % gordura intramuscular do pernil (GIM) de suínos abatidos aos 130 e 160 kg

Variável	Fonte	GL	SQ	QM	F	PROB
GIM	Peso vivo	1	5,74	5,74	7,57	0,006
GIM	Grupo genético	3	0,31	0,10	0,14	0,938
GIM	Sexo	1	5,46	5,46	7,20	0,008
GIM	Peso vivo * grupo genético	3	1,34	0,45	0,59	0,621
GIM	Peso vivo * sexo	1	0,02	0,02	0,02	0,886
GIM	Grupo genético * sexo	3	3,47	1,16	1,52	0,208
GIM	Peso vivo * grupo genético * sexo	3	0,14	0,05	0,06	0,980
GIM	Resíduo	313	237,41	0,76		

APÊNDICE 2

Tabela 2A – Análise de variância da expressão dos genes FABP3 e FABP4 no músculo *Semimembranosus* de suínos Duroc x Large White

Fontes de Variação	FABP3					FABP4				
	GL	SQ	QM	F	Prob.	GL	SQ	QM	F	Prob.
Grupo genético	4	161583,11	40395,77	9,96	0,0034	4	102837,31	25709,32	1,33	0,3390
Sexo	1	1519,16	1519,16	0,37	0,5575	1	1795,73	1795,73	0,09	0,7686
Grupo genético x sexo	4	198330,51	49582,62	12,23	0,0017	4	104007,45	26001,86	1,34	0,3343
Resíduo	8	32436,66	4054,58			8	155023,53	14513,86		

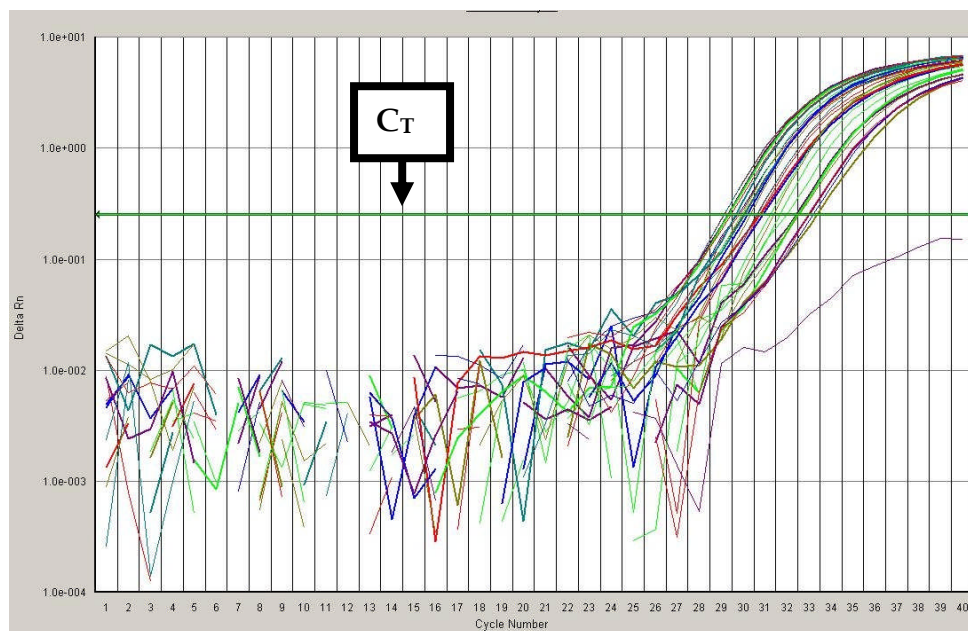


Figura 1A – Perfil de amplificação do cDNA da H-FABP durante a *qPCR*.

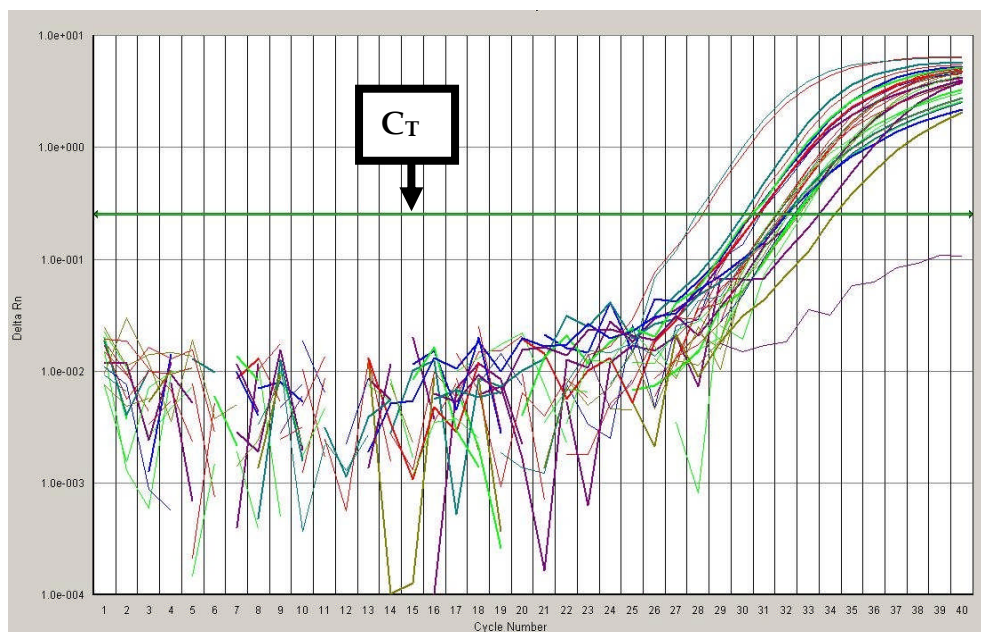


Figura 2A – Perfil de amplificação do cDNA da A-FABP durante a *qPCR*.

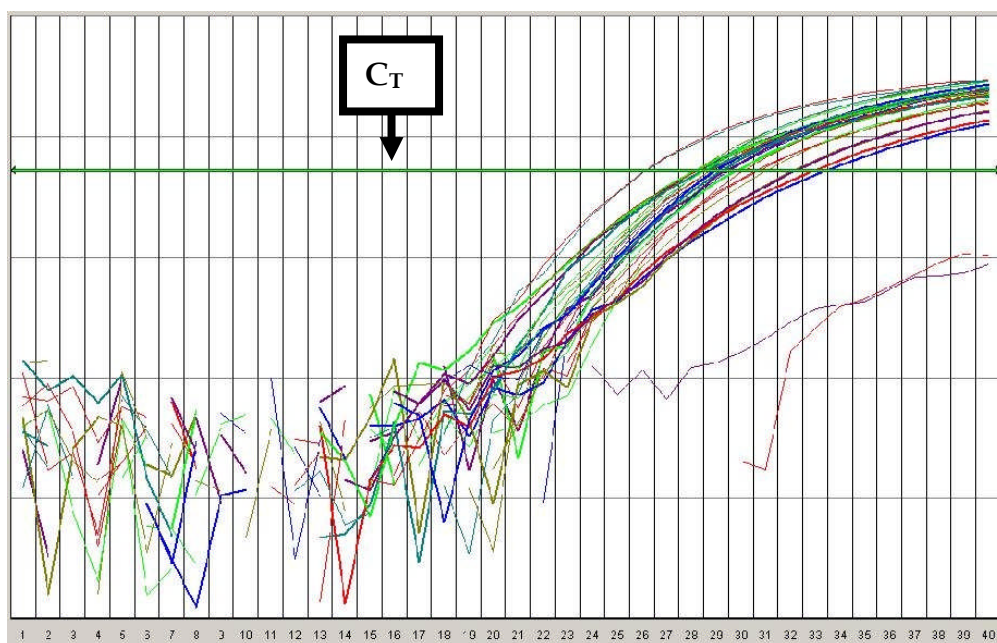


Figura 3A – Perfil de amplificação do cDNA da β -actina durante a *qPCR*.