

**Universidade de São Paulo  
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Associação genômica e parâmetros genéticos para características  
de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne em ovinos da raça  
Santa Inês**

**Gregorí Alberto Rovadoski**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor  
em Ciências. Área de concentração: Ciência Animal  
e Pastagens

**Piracicaba  
2017**

**Gregorí Alberto Rovadoski**  
**Zootecnista**

**Associação genômica e parâmetros genéticos para características de  
perfil de ácidos graxos e qualidade de carne em ovinos da raça Santa Inês**

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:  
Prof. Dr. **GERSON BARRETO MOURÃO**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor  
em Ciências. Área de concentração: Ciência Animal  
e Pastagens

**Piracicaba**  
**2017**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação**  
**DIVISÃO DE BIBLIOTECA – DIBD/ESALQ/USP**

Rovadoscki, Gregori Alberto

Associação genômica e parâmetros genéticos para características de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne em ovinos da raça Santa Inês / Gregori Alberto Rovadoscki. - - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011 - - Piracicaba, 2017.

125 p.

Tese (Doutorado) - - USP / Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. Componentes de variância 2. Cordeiro 3. Lipídios 4. Marcadores genéticos 5. Músculo I. Título

## DEDICATÓRIA

À minha mãe, Carmem, minha heroína e a quem devo simplesmente tudo, dedico este trabalho. Obrigada por ser meu exemplo de mulher, de mãe e de vida, te amo infinitamente.

À minha irmã, por me confortar em todos os momentos e estender a mão sempre quando preciso.

Ao meu pai, Dalci (*in memoriam*), por estar comigo em todos os momentos, sempre. Te amo.

## AGRADECIMENTOS

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo e ao Departamento de Zootecnia, pela oportunidade de realização deste trabalho.

Ao Prof. Dr. Gerson Barreto Mourão, pela orientação, por toda a paciência, amizade, companheirismo e dedicação.

Aos meus pais, Dalci (*in memoriam*) e Carmem, simplesmente por serem quem são.

À minha irmã, Suzana, amizade mais verdadeira impossível existir.

Ao meu cunhado, Elias, e sobrinhos João e Pedro, eu me divirto com vocês.

Aos meus estimados colegas de trabalho e ESALQ: Johana Ramirez, Aline Zampar, Laiza lung, Juliana Petrini, Mary Ana Rodrigues, Simone Pértile, Amanda Botelho, Vamilton Franzzo, Mayara Salvian, João Vitor Teodoro e Eula Carrara. Obrigado pela ajuda e ensinamentos e fazerem meus dias infinitamente melhores.

Aos “monxtrengos” Fábio Pértile, Renato Alves Prioli, Gustavo Nápoles e Carlos Eduardo Oltramari pela convivência e parceria ao longo de todos os anos pós-graduação.

Aos colegas de república Murilo Garret, Henrique Castro, Murilo Trevisan, Leonardo Felipe Maldaner, Marcus Vinicius Talimini Jr., Matheus Kortz, Adaias Matos e Wagner Wolff, pela convivência, amizade e parcerias no trago.

Um obrigado especial para Aline Cesar e Juliana Petrini pela correção da Tese e preciosas dicas que puderam engrandecer este trabalho.

Aos professores Luiz Lehmann Coutinho, Renato Ribeiro Lima e Leila de Genova Gaya pelas ensinamentos durante o período de qualificação

## **BIOGRAFIA**

Em construção, sempre

## EPIGRAFE

"Quantas vezes eu estive cara à cara com a pior metade?

A lembrança no espelho, a esperança na outra margem

Quantas vezes a gente sobrevive à hora da verdade?

Na falta de algo melhor nunca me faltou coragem

**Se eu soubesse antes o que sei agora**

**Erraria tudo exatamente igual".**

Engenheiros do Hawaii, Surfando Karmas & DNA

## SUMÁRIO

RESUMO .....	10
ABSTRACT .....	12
1. CONSIDERAÇÕES INICIAIS .....	13
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	17
2.1. RAÇA SANTA INÊS .....	17
2.2. QUALIDADE DE CARNE .....	19
2.2.1. <i>Espessura de gordura subcutânea</i> .....	19
2.2.2. <i>pH final</i> .....	20
2.2.3. <i>Perdas por cocção</i> .....	21
2.2.4. <i>Força de cisalhamento</i> .....	22
2.2.5. <i>Cor</i> .....	23
2.3. ÁCIDOS GRAXOS.....	25
2.3.1. <i>Definição</i> .....	25
2.3.2. <i>Potenciais efeitos sobre a saúde</i> .....	26
2.3.3. <i>Mercado de alimentos saudáveis</i> .....	28
2.4. ESTUDOS DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA (GWAS - <i>GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDIES AND GENOMIC</i> ) .....	29
3. ASSOCIAÇÃO GENÔMICA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS E QUALIDADE DE CARNE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS .....	31
3.1. INTRODUÇÃO .....	31
3.2. MATERIAIS E MÉTODOS .....	32
3.2.1. <i>Fenótipos</i> .....	32
3.2.1.1. <i>Local, animais e manejo</i> .....	32
3.2.1.2. <i>Determinação do perfil de ácidos graxos e da gordura intramuscular</i> .....	33
3.2.1.3. <i>Medidas analíticas da qualidade de carne</i> .....	34
3.2.2. <i>Genotipagem</i> .....	35
3.2.3. <i>Análises genéticas</i> .....	35
3.3. RESULTADOS E DISCUSSÕES .....	37
3.3.1. <i>Estatísticas Descritivas</i> .....	37
3.3.1.1. <i>Perfil de ácidos graxos</i> .....	37



3.3.1.1.1. Ácidos graxos saturados.....	39
3.3.1.1.2. Ácidos graxos monoinsaturados .....	40
3.3.1.1.3. Ácidos graxos poli-insaturados .....	41
3.3.1.1.4. Razão AGPt/AGSt .....	42
3.3.1.1.5. Razão $\omega 6t/\omega 3t$ .....	43
3.3.1.2. Qualidade de carne.....	43
3.3.2. Estudos de associação genômica ampla (GWAS).....	45
3.3.2.1. Perfil de ácidos graxos .....	46
3.3.2.1.1. Ácidos graxo saturados .....	46
3.3.2.1.2. Ácidos graxos monoinsaturados .....	50
3.3.2.1.3. Ácidos graxos poli-insaturados .....	54
3.3.2.1.4. Razões $\omega 6t/\omega 3t$ e AGPt/AGSt .....	58
3.3.2.2. Qualidade de carne.....	59
3.3.3. Estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos.....	66
3.3.3.1. Herdabilidades .....	66
3.3.3.1.1. Perfil de ácidos graxos .....	67
3.3.3.1.2. Qualidade de carne.....	70
3.3.3.2. Correlações genéticas.....	71
3.3.3.2.1. Perfil de ácidos graxos .....	72
3.3.3.2.2. Gordura Intramuscular .....	74
3.3.3.2.3. Ácidos graxos saturados.....	74
3.3.3.2.4. Ácidos graxos monoinsaturados .....	75
3.3.3.2.5. Ácidos graxos poli-insaturados .....	76
3.3.3.2.6. Ácidos graxos saturados e ácidos graxos monoinsaturados.....	77
3.3.3.2.7. Ácidos graxos saturados e ácidos graxos poli-insaturados .....	79
3.3.3.2.8. Ácidos graxos monoinsaturados e ácidos graxos poli-insaturados.....	80
3.3.3.3. Qualidade de carne.....	81
3.3.3.4. Perfil de ácidos graxos e qualidade de carne .....	84
3.3.3.4.1. Gordura intramuscular e qualidade de carne.....	84
3.3.3.4.2. Ácidos graxos saturados e qualidade de carne.....	85
3.3.3.4.3. Ácidos graxos monoinsaturados e qualidade de carne.....	87
3.3.3.4.4. Ácidos graxos poli-insaturados e qualidade de carne .....	89
3.3.3.4.5. Razões $\omega 6t/\omega 3t$ , AGPt/AGSt e Qualidade de carne.....	91
3.4. CONSIDERAÇÕES GERAIS .....	92

3.5. CONCLUSÕES .....96  
REFERÊNCIAS .....97

## RESUMO

### **Associação genômica e parâmetros genéticos para características de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne em ovinos da raça Santa Inês**

No cenário brasileiro, a ovinocultura representa uma importante atividade econômica e social, entretanto, a atividade não se encontra bem estruturada, e o setor de compra e venda de carne é o mais afetado. Existe uma baixa oferta do produto no Brasil, existindo a necessidade de importação do produto para atender o mercado interno. Aliado a isso, o mercado nacional oferece animais de idade avançada, com péssimas características de carcaça, acarretando no surgimento de tabus alimentares, devido à baixa qualidade da carne ovina ofertada pelos produtores brasileiros. Contudo, nos últimos anos houve uma crescente preocupação pelo consumo de alimentos que sejam considerados benéficos a saúde humana. Diante desta condição, os consumidores de carne vermelha estão mais preocupados, exigentes e conscientes, sobretudo quanto a composição de ácidos graxos da carne. Apesar da importância das características de qualidade de carne e perfil de ácidos graxos, são escassos os trabalhos na literatura que envolvam as estimativas de parâmetros genéticos, principalmente em se tratando de ovinos. Estudos envolvendo informações genômicas nos últimos anos tem sido uma importante ferramenta para investigar a arquitetura genética de características complexas por meio da identificação de variantes associadas a genes ou elementos reguladores de grande efeito sobre variância fenotípica das características de interesse. Diante do exposto, o objetivo deste estudo foi estimar os parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas), e identificar regiões genômicas e genes candidatos para as características de perfil de ácidos graxos e de qualidade de carne em ovinos da raça Santa Inês sob metodologia multicausal. Foram utilizadas informações genotípicas e fenotípicas de 396 indivíduos machos da raça de ovinos Santa Inês, criados sob confinamento. Para o estudo de associação genômica ampla (GWAS) e estimativas dos parâmetros genéticos foi utilizado o método GBLUP sob abordagem multicausal. A análise de associação genômica identificou 38 diferentes regiões genômicas (as quais explicaram > 0,30% da variância genética) e 28 diferentes genes candidatos relacionados às características de qualidade de carne e perfil de ácidos graxos em ovinos Santa Inês. Este estudo revelou a existência de variação genética importante em todas as características estudadas, com herdabilidades variando entre 0,26 e 0,45. Portanto, as características de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne podem ser melhoradas, manipuladas ou modificadas por meio da seleção baseada no mérito genético dos indivíduos. No geral, as correlações genéticas entre as características avaliadas foram favoráveis, indicativo que pode haver seleção de indivíduos com intuito de melhorar múltiplas características simultaneamente. Desta forma, os resultados encontrados contribuem para um melhor entendimento do controle genético de características de qualidade da carne e podem ser aplicados em programas de seleção

genética de animais com o objetivo de deixar a carne com o perfil de ácidos graxos mais saudável, e ao mesmo tempo, melhorando atributos de qualidade da carne em ovinos da raça Santa Inês.

Palavras-chave: Componentes de variância; Cordeiros; Lípidios; Marcadores genéticos; Músculo

## ABSTRACT

### **Genome-wide association and genetic parameters for fatty acids profile and meat quality traits in Santa Inês sheep**

In Brazil, sheep farming represents an important economic and social activity, however, it is not well structured, and the commercialization of meat products is the most affected sector. In addition, there is a low offer of the sheep meat in Brazil, and there is a need to import the product to supply the national market. Allied to this, the national market offers animals of old age, with low carcass traits, leading to a rejection of this kind of meat by the consumers, mostly because of the low quality of sheep meat produced in Brazil. Nevertheless, recently the concern about nutritional aspects of foods is growing, increasing the demand for foods that are considered beneficial to human health. In this sense, consumers of red meat are more worried and conscious, especially with the fatty acid composition of meat. Despite of the importance of meat quality traits and fatty acid profile, there are few studies in the literature that involve the estimation of genetic parameters in sheep. Studies involving genomic information have been an important tool for investigating the genetic architecture of complex traits, mainly through the identification of genetic variants associated with genes or regulatory elements of great effect on the phenotypic variance of traits of interest. Thus, the objective in this study was to estimate the genetic parameters (heritabilities and genetic correlations), and to identify genomic regions and candidate genes for fatty acids profile and meat quality traits in Santa Inês sheep under a multitrait methodology. Genotypic and phenotypic information of 396 male Santa Inês sheep raised under confinement were used. For the genome-wide association studies and estimates of the genetic parameters, the GBLUP method was used under a multitrait approach. Genome-wide association analysis identified 38 different genomic regions (which explained  $> 0.30\%$  of the additive genetic variance) and 28 different candidate genes related to meat quality and fatty acid profile traits in Santa Inês sheep. This study revealed the existence of significant genetic variation in all traits studied, with heritabilities varying between 0.26 and 0.45. Therefore, the fatty acid profile and meat quality traits can be improved, manipulated or modified through selection based on the genetic merit of individuals. In general, the genetic correlations among the traits evaluated were favorable, indicating that genetic progress in several traits can be achieved through the selection of individuals for multiple traits simultaneously. The results obtained in this study can contribute to a better understanding of the genetic control under the evaluated traits, and those can be applied in genetic selection programs in order to improve the fatty acids profile, making the meat healthier, and at the same time to improve the meat quality attributes in Santa Inês sheep.

Keywords: Components of variance; Genetic markers; Lambs; Lipids; Muscle

## 1. CONSIDERAÇÕES INICIAIS

A ovinocultura está presente em praticamente todos os continentes, isto se deve principalmente a versatilidade dos animais a diferentes climas, relevos e vegetações. No Brasil, é uma atividade regular em todo território brasileiro, sendo destinada tanto à exploração econômica (carne, leite e lã) como à subsistência das famílias de zonas rurais, principalmente no Nordeste brasileiro (Viana, 2008).

Em 2015 o efetivo de ovinos no Brasil era de 18,4 milhões de animais, com um crescimento de mais de 4,5% em relação ao ano de 2014, sendo o 19º maior rebanho do mundo (IBGE, 2014, 2015). A região Nordeste apresenta o maior rebanho brasileiro, com cerca 11,15 milhões de cabeças, seguido pelas regiões Sul (4,88 milhões de cabeças), Centro-oeste (1,03 milhões de cabeças), Sudeste (700 mil cabeças) e Norte (655 mil cabeças). Enquanto, que a produção mundial de carne ovina em 2013 foi em torno de 8,70 milhões de toneladas, sendo os principais produtores mundiais China (2,08 milhões de toneladas), Austrália (660 mil toneladas) e Nova Zelândia (450 mil toneladas) (FAO, 2013). Contudo, o Brasil é apenas o 26º produtor mundial de carne ovina, contribuindo com menos de 1,0% da produção mundial, algo entorno de 85 mil toneladas.

O consumo *per capita* de carne ovina do Brasil é apenas de 400 gramas, em países com sistemas de produção bem estabelecidos, como a Austrália e Nova Zelândia, o consumo é dez vezes maior (OECD, 2016). Ao longo dos anos, esses países desenvolveram técnicas modernas de produção fortemente ligadas ao melhoramento genético animal. O que propiciou o desenvolvimento de raças especializadas com grande desempenho e produção de carne de qualidade, conseqüentemente, esses países passaram a controlar o mercado mundial de carne ovina (Colby e Consultant, 2016).

O fraco desempenho brasileiro se deve principalmente ao sistema de produção, o qual é pouco organizado e tecnificado, ofertando animais de idade avançada e de baixo valor genético (Viana, 2008; Sorio e Rasi, 2010; Grandis et al., 2016). Acarretando em perdas na qualidade de carne, portanto, ocasionando a desconfiança dos consumidores brasileiros, inclusive, a ocorrência de tabus alimentares, devido à baixa qualidade da carne ovina ofertada pelos produtores brasileiros, sendo está baixa qualidade, o maior empecilho para o crescimento do

consumo da carne ovina no Brasil, e conseqüentemente a viabilidade da atividade no Brasil. Apesar desse retrospecto negativo, o Brasil possui enorme potencial de crescimento na ovinocultura, pois a produção atual não atende a demanda do mercado interno, sendo necessária a importação do produto, principalmente do Uruguai (Ávila et al., 2013). A carne ovina importada pode corresponder a até 68% do produto total disponível no mercado brasileiro, dependendo da época do ano (Viana et al., 2015).

Para que a produção de ovinos se torne viável no Brasil é imprescindível o desenvolvimento de raças especializadas com grande potencial de produtividade e desempenho. Contudo, que atendam às exigências da indústria e dos consumidores quanto ao fornecimento de um produto de qualidade. Entre os principais critérios de qualidade da carne estão fatores como maciez, cor e valor nutricional, todos estes diretamente ligados a qualidade do produto (Hopkins et al., 2011). Esses parâmetros estão relacionados as características visuais e sensoriais da carne e são essenciais para decisão de compra dos consumidores (Joo et al., 2013).

Uma vez que a coloração tem grande apelo psicológico sobre os consumidores, os quais relacionam a cor da carne com o frescor, suculência e à qualidade do produto como um todo (Allen et al., 1998; Jacob et al., 2014). A maciez da carne tem grande influência sobre consumidor no pós-compra, pois está relacionado ao prazer e a satisfação de consumi-la (Knight et al., 2014). Sendo considerada por uma série de estudos a característica mais importante relacionada a qualidade de carne, onde os consumidores estão dispostos a pagar maiores preços pela qualidade da maciez (Miller et al., 2001).

Adicionalmente, o consumidor moderno tem grande preocupação com os efeitos da carne vermelha sobre a saúde. Há uma apreensão particular com o teor de ácidos graxos saturados na dieta humana pois estes têm um papel sobre doenças cardiovasculares, obesidade e cânceres (Simopoulos, 2008). Contudo, a carne vermelha é rica em ácidos graxos insaturados, o qual estão relacionados a diversos benefícios a saúde humana, inclusive auxiliando na prevenção das enfermidades citadas acima (Sartorius et al., 2012; Joris e Mensink, 2016). Entretanto, os efeitos dos ácidos graxos sobre a saúde humana estão diretamente ligados aos teores destes ingeridos na alimentação (Mensink et al., 2003; Kang et al., 2005). Mas, em um contexto geral, a carne tem grande potencial nesse mercado, pois a carne por si só, é um alimento essencial para o desenvolvimento e

manutenção da saúde humana. Como parte fundamental de uma dieta balanceada, a carne assegura o fornecimento adequado de micronutrientes e aminoácidos essenciais ligados a processos regulatórios vitais do metabolismo biológico (Biesalski, 2005).

Outro aspecto importante, é que os consumidores estão dispostos a pagar mais por produtos que garantam a qualidade e sejam saudáveis (Miller et al., 2001; Mancini e Hunt, 2005; Boukha et al., 2011). Pois estes são fatores relacionados a satisfação e o prazer de consumir carne (Greeff et al., 2008; Warner et al., 2010). Deste modo, tornando a produção de animais com alto padrão de qualidade de carne e perfil de ácidos graxos favoráveis interessante para os criadores e indústria também. Contudo, para que isso ocorra é necessário intensificar os processos de identificação dos genótipos superiores por meio de programas de melhoramento genético animal.

A qualidade da carne e a composição de ácidos graxos são influenciados por fatores genéticos e ambientais. Entretanto, os fatores genéticos não têm sido amplamente investigados em ovinos, e não há informação se a composição destas características pode ser geneticamente manipulada em direção a padrões mais favoráveis para a indústria e consumidores. A partir da quantificação da variação genética e estimação dos parâmetros genéticos é possível estabelecer os critérios de seleção que resultem em repostas rápidas e eficientes para o progresso genético.

No entanto, as características de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne são características complexas controladas por um grande número de genes. As pesquisas que envolvem estas características exigem que o animal passe por todo o processo de produção, inclusive o abate. Adicionalmente, estas avaliações são demoradas e as mesmas envolvem custos elevados relacionados à coleta de amostras, procedimentos analíticos e laboratoriais. Tornando as avaliações destas características difíceis e onerosas sob métodos tradicionais de melhoramento genético baseados apenas no fenótipo e *pedigree*, acarretando limitações no progresso genético.

Atualmente, com os avanços da biotecnologia molecular a genotipagem em larga escala de marcadores utilizando chips de alta densidade, tem sido utilizada para estimar valores genéticos genômicos e também na identificação de QTLs (*quantitative trait loci*) associados com as características de interesse. Deste modo, o



uso de informações genômicas tem o potencial de aumentar a acurácia de seleção e possibilita a seleção direta dos reprodutores ao nascimento (Bolormaa et al., 2011; Hopkins et al., 2011; Daetwyler et al., 2012). E ao mesmo tempo esta tecnologia permite a inclusão de características de baixa herdabilidade, mensuração difícil, arquitetura genética complexa e a identificação ou correção de paternidade de indivíduos que tenham perdido ou trocado o registro do *pedigree* (Meuwissen et al., 2001). Diante do exposto, o objetivo deste estudo foi estimar os parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) e identificar regiões genômicas associadas as características de perfil de ácidos graxos e qualidade carne em ovinos da raça Santa Inês criados sob confinamento sob abordagem multicaracterística.

## 2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1. Raça Santa Inês

A raça ovina Santa Inês é uma raça brasileira, desenvolvida principalmente para a produção de carne. Como características morfológicas, os indivíduos são desprovidos de lã e chifres, são animais de elevada estatura, pernas compridas, orelhas longas, bom desenvolvimento ponderal, excelente qualidade de pele e rústicos, precoces e adaptáveis a qualquer sistema de criação. São animais com cor de pelagem variada, sendo encontrados indivíduos nos tons vermelhos, pretos, castanhos e suas combinações (ARCO, 2017)(Figura 1).



**Figura 1.** Fenótipos para pelagem de ovinos da raça Santa Inês.

Os animais em condições normais de manejo, as fêmeas podem atingir entre 60 a 90 kg, enquanto os machos podem chegar até 120 kg (ARCO, 2017) (Figura 2).



**Figura 2.** Exemplos macho (esquerda) e fêmea (direita) de ovinos da raça Santa Inês.

Quanto a formação da raça e a composição racial, existem diversas especulações quanto a sua origem, contudo, Sousa et al. (2003) tem como hipótese que a raça é formada a partir de quatro fontes genéticas:

a) animais da raça Crioula foram trazidos por colonizadores portugueses e espanhóis ao Brasil. Os animais eram lanados, e a pressão das condições tropicais propiciou a seleção intencional de animais com menor quantidade de lã;

b) o cruzamento com ovinos deslanados, oriundos do continente africano os quais contribuíram com diversas raças deslanadas do Brasil, bem como países da América Central;

c) a introdução da raça italiana Bergamácia a qual foi cruzada tanto com ovelhas remanescentes daquelas oriundas do continente africano, como a raça Morada Nova, onde seguiu-se de um período de seleção para indivíduos desprovidos de lã;

d) e no final da década de 80, os criadores introduziram as raças Somalis e Suffolk no desenvolvimento da raça Santa Inês.

Os ovinos da raça Santa Inês são encontrados em todo o território brasileiro, devido a sua boa adaptabilidade, rusticidade e eficiência reprodutiva. A raça Santa Inês é poliéstrica não estacional, possibilitando até três parições em dois anos, conseqüentemente, possibilitando um maior número de cordeiros nascidos ao ano (Mexia et al., 2004). Adicionalmente, possui baixa susceptibilidade a endo e a

ectoparasitos o que permite a redução de uso de medicamentos (Madruga et al., 2005).

## **2.2. Qualidade de Carne**

### **2.2.1. Espessura de gordura subcutânea**

Entre vários fatores que podem afetar a qualidade de carne, a espessura de gordura subcutânea (EGS) ou gordura de cobertura tem grande importância. Esta característica tem papel fundamental na etapa pós-abate, durante o processo de refrigeração da carcaça. Pois nesse momento pode ocorrer o fenômeno *cold-shortening* (encurtamento por frio), caracterizado pelo escurecimento e enrijecimento da carne de animais abatidos, ambos irreversíveis (Purchas, 1978). Acarretando em prejuízos expressivos para a indústria.

O *cold-shortening* ocorre quando a temperatura do músculo é reduzida rapidamente a 10 °C, antes do *rigor mortis*, o retículo sarcoplasmático não funciona de forma eficaz, o que leva a uma abundância de cálcio no sarcoplasma. Devido a presença de ATP, o músculo se contrai a um nível máximo, fazendo com que os filamentos musculares deslizem uns sobre os outros ocasionando o encurtamento do sarcômero, o que pode reduzir a maciez da carne consideravelmente (Savell et al., 2005). Neste sentido, a EGS possui um papel essencial, uma vez que protege a carne agindo como isolante térmico, minimizando os efeitos negativos da exposição direta as baixas temperaturas de refrigeração. Uma vez que o resfriamento do músculo acontece de forma mais lenta, e ocorre a otimização das atividades enzimática e proteolítica (Hwang et al., 2004). Consequentemente, reduzindo os riscos da ocorrência do *cold-shortening* e melhorando a maciez final da carne.

Em relação aos frigoríficos brasileiros, os matadouros preferem carcaças com uma EGS mínima de 3 mm, valores inferiores, estão relacionados ao escurecimento do exterior dos músculos expostos ao refrigeramento, deixando a aparência da carcaça indesejável (Rotta et al., 2009; Dallantonia et al., 2015). Acima de 6 mm, as perdas impostas ao produtor estão relacionados com o recorte do excesso de gordura antes da pesagem da carcaça (Costa et al., 2002). Adicionalmente, para ovinos da raça Santa Inês o estudo relatado por (Queiroz et

al., 2015) indica que animais com EGS de 3 mm proporcionaram melhores resultados para as características quantitativas da carcaça.

### 2.2.2. pH final

O pH final mensurado entre 24 e 48 horas após o abate, é um dos principais parâmetros relacionados a qualidade de carne, tendo grande influência nas características de maciez, suculência, coloração e tempo de prateleira (Hopkins e Fogarty, 1998; Jacob et al., 2014; Glamoclija et al., 2015). Sendo estes considerados atributos fundamentais para a indústria e decisão de compra dos consumidores.

Anomalias do pH final da carne afetam o metabolismo *post mortem* (glicólise) e no processo da conversão de glicogênio em ácido lático os quais são importantes fatores na transformação do músculo em carne (Pearce et al., 2011). Um pH final muito elevado, acima de 6,0, está associado a carne DFD (*Dark, Firm and Dry*), condição está que compromete negativamente a qualidade da carne na aparência, suculência e maciez, ocasionando grande rejeição por parte dos consumidores, e conseqüentemente, perdas econômicas para a indústria (Apple et al., 1995; Feiner, 2006). Adicionalmente, a carne DFD tem durabilidade de prateleira baixa, sendo imprópria para ser embalada a vácuo (Węglarz, 2010). Além de ter o sabor, e principalmente a maciez afetadas negativamente (Devine et al., 1993; Warner et al., 2010). A carne DFD ocorre principalmente a baixas concentrações de glicogênio muscular, levando a uma baixa glicólise, e conseqüentemente a uma baixa produção de ácido lático (Feiner, 2006).

Carnes com pH final muito baixo, também são afetadas em termos de qualidade, pois é indicativo que ocorreu uma rápida glicólise anaeróbica, com rápida produção de ácido lático e queda do pH, conferindo carnes pálidas, moles e exudativas (PSE – *Palid, soft, exudative*), estas possuindo baixa capacidade de retenção de água (Li et al., 2015). Durante a cocção há perda excessiva de umidade resultando em uma carne extremamente dura e menos saborosa, reduzindo sua utilidade no processamento e aceitação do consumidor (Offer et al., 1989; Huff Lonergan et al., 2010; Li et al., 2015).

Para carne de ovinos o pH final entre 5,5 a 5,7 estão associados positivamente a qualidade de carne ovinos (Devine et al., 1993; Hoffman et al., 2003). Contudo, Sañudo Astiz (2008) cita que valores entre 5,5 à 6,0 são

considerados valores normais. Deste modo, estes valores para pH final são um indicativo que houve favorecimento da formação do ácido lático, o que torna a carne macia e suculenta, com sabor apreciável e maior aceitação por parte dos consumidores. São vários fatores que afetam o pH final durante o período pré-abate, entre eles o estresse, temperatura, tempo de transporte e demais fatores que levam à baixa concentração de glicogênio muscular (Geesink et al., 2001; Pearce et al., 2011). Entretanto, a espécie ovina é pouco susceptível aos problemas das carnes PSE e DFD, em comparação a suínos e bovinos (Osório et al., 2009).

### **2.2.3. Perdas por cocção**

A característica de perdas por cocção é um importante atributo da carne que está diretamente ligada a capacidade de retenção de água. Este último é definido como a propriedade da carne em manter água ligada a si durante a aplicação de forças, tais como cortes, aquecimento, trituração, prensagem ou centrifugação (Offer et al., 1989). A capacidade de retenção de água está relacionada a importantes fatores sensoriais e organolépticos, além de ter grande impacto na qualidade dos produtos processados (Hopkins et al., 2006).

O processo de cozimento desnatura as proteínas musculares, o que influencia diretamente as características estruturais da carne. Estas alterações estruturais levam a uma perda substancial de água na carne de ovinos, que em condições normais varia entre 15 a 35% de perdas por cozimento (Pearce et al., 2011). No entanto, as perdas são altamente dependentes do método de cozimento, tempo, temperatura, corte e espécie (Qiao et al., 2001). Contudo, são desejáveis menores perdas por cozimento no preparo da carne. Maiores perdas por cocção da carne, implicam em perdas do valor nutritivo pelo exudato liberado, resultando em carne mais seca, de tamanho reduzido e com menor maciez (Huff-Lonergan e Lonergan, 2005; Lawrie, 2006a).

Na indústria causa perdas econômicas diretas, relativas a perdas por gotejamento que reduzem o rendimento da carcaça e, além disso, impactam negativamente na aparência da carne, deixando-a escura, causando deste modo rejeição do produto por parte dos consumidores (Prevolnik et al., 2010).

#### 2.2.4. Força de cisalhamento

A maciez é um dos principais atributos relacionados a qualidade de carne, estando fortemente relacionado ao prazer de consumi-la, sendo considerada por uma série de estudos a característica mais importante relacionada a qualidade de carne, onde os consumidores estão dispostos a pagar maiores preços pela qualidade da maciez (Miller et al., 2001; Knight et al., 2014). Deste modo, é notável que a maciez da carne é necessária em qualquer estudo que envolva a qualidade da carne (Knight et al., 2014).

A maciez da carne pode ser definida como a facilidade de penetração e corte na resistência de ruptura das miofibrilas ao se praticar a mastigação (Lawrie, 2006a). O amaciamento da carne é dependente de uma gama de fatores, sejam eles intrínsecos ou extrínsecos, os quais podem agir durante o crescimento animal, no período do pré-abate, durante e depois do período *post mortem* e até mesmo no cozimento da carne (Purchas et al., 2002). Abaixo estão listados alguns destes fatores relacionados a maciez da carne:

- i. A nutrição pode afetar os níveis de glicogênio no tecido muscular comprometendo o amaciamento da carne, baixos níveis de glicogênio estão associados a carnes duras (Knee et al., 2007).
- ii. Estudos demonstram que a carne oriunda de animais mais velhos tem uma diminuição da solubilidade da proteína colágeno, componente estrutural dos músculos, provocando maior endurecimento da carne quando comparada a animais mais jovens (Archile-Contreras et al., 2010).
- iii. Os animais que passam sobre estresse no momento do pré abate, tendem a apresentar pH final acima de 5,8 o qual está relacionado a uma maior dureza da carne (Geesink et al., 2001).
- iv. Durante a maturação da carne se a temperatura da carcaça diminuir de forma rápida e a glicólise *post mortem* for acelerada, o tamanho de sarcômero será reduzido, resultando em carnes com menor maciez (Savell et al., 2005).
- v. A gordura intramuscular (marmoreio) depositada entre as fibras musculares também está relacionada a maciez, principalmente após o cozimento onde ocorre a desorganização da estrutura de tecido

conjuntivo intramuscular que contribui para aumentar a maciez da carne (Hocquette et al., 2010).

- vi. Níveis de protease no músculo, como a calpaína, podem explicar a maior parte da evolução do amaciamento da carne durante o processo de maturação (Koohmaraie e Geesink, 2006).
- vii. Uma elevada capacidade de retenção de água está relacionada ao aumento de maciez de carne durante o cozimento deste produto (Gault, 1985).

Contudo a interação destes fatores resultará na maciez final da carne. Entretanto, fatores extrínsecos também possuem grande influência sobre a maciez de carne como: estresse no pré-abate, condições de abate e manuseio pós abate, além da interação de todos esses fatores (Li et al., 2014b).

#### **2.2.5. Cor**

A cor é um dos principais atributos considerados pelos consumidores na escolha de diversos alimentos, isso inclui a carne ovina. Existe um alto índice de rejeição pela coloração de carne que não estejam dentro de um padrão normal de qualidade (Qiao et al., 2001). Uma vez que a coloração tem grande apelo psicológico sobre os consumidores, pois estes relacionam a cor da carne com o frescor, suculência e à qualidade do produto como um todo (Allen et al., 1998; Jacob et al., 2014).

A cor na carne é influenciada principalmente pela quantidade de pigmentos de mioglobina a qual é influenciada pelo oxigênio. Na ausência de oxigênio, carnes embaladas à vácuo, por exemplo, a mioglobina terá uma coloração vermelha púrpura denominada mioglobina reduzida (Resconi et al., 2012). Em baixas pressões de oxigênio, ocorre a oxidação do pigmento mioglobina, pois o ferro presente passa para a forma oxidada, resultando na metamioglobina, onde a carne passará a ter cor marrom (Mancini e Hunt, 2005). Quando a quantidade de oxigênio é normal e o tempo de exposição é suficiente, vai ocorrer oxigenação do íon de ferro e a carne terá uma coloração vermelho brilhante, denominada de oximioglobina (Faustman e Cassen, 1990).



Estudos demonstram que consumidores tem grande preferência por carnes que apresentam uma cor vermelha brilhante (Figura 4a), pois está associada ao frescor da carne (Carpenter et al., 2001; Huff-Lonergan e Lonergan, 2005; Węglarz, 2010; Resconi et al., 2012). Tendo grande rejeição para as carnes que apresentam-se na cor vermelho purpura (Figura 4b) ou marrom (Figura 4c), pois estas tem aparência envelhecida e rançosa, embora na realidade não tenham diferenças em termos de palatabilidade (Carpenter et al., 2001; Mancini e Hunt, 2005). Conseqüentemente, a cor tem impacto sobre o preço de mercado da carne. Cerca de 15% da carne de varejo tem preço ou tempo de prateleira reduzido devido a fatores relacionados a coloração, tendo perdas que correspondem a aproximadamente 1 bilhão de dólares anuais (Smith et al., 2000; Khliji et al., 2010).



**Figura 3.** Efeitos do oxigênio sobre a mioglobina e coloração da carne.

Para a avaliação da cor da carne são utilizados tradicionalmente os parâmetros  $L^*$ ,  $a^*$  e  $b^*$ . O parâmetro  $L^*$  representa a luminosidade (eixo perpendicular), o qual varia de zero a 100, sendo zero o preto e 100 o branco. O parâmetro  $a^*$  representa a faixa de cor no eixo da horizontal, variando do verde (-60) para o vermelho (+60). O valor  $b^*$  refere-se ao eixo vertical, o qual varia do azul (-60) ao amarelo (+60). Quanto mais elevados os valores de  $L^*$  mais pálida é a coloração da carne, e maiores valores de  $a^*$  e  $b^*$  indicam maior intensidade das cores vermelha e amarela, respectivamente.

Para a qualidade de carne em ovinos especificamente, Hopkins et al. (2007) estipulou um limiar para os valores para aceitabilidade da carne de cordeiro com valores de  $L^*$  acima de 34 valores para  $a^*$  abaixo de 19, o mesmo autor não definiu um valor específico para  $b^*$ . Enquanto, Khliji et al. (2010) determinou um limiar de 44 e 14,5 para  $L^*$  e  $a^*$ , respectivamente, e igualmente não considerou o padrão  $b^*$ . Contudo, o mesmo autor delimitou esse limiar considerando 95% de aceitação por

parte dos consumidores. No entanto, ambos os estudos sugeriram que o parâmetro  $a^*$  é mais apropriado para avaliar a aceitabilidade da carne por parte do consumidor.

## 2.3. Ácidos Graxos

### 2.3.1. Definição

Por definição ácido graxo é um composto orgânico formado por ácido carboxílico (COOH) com cadeias hidro-carbonadas de comprimento variando de 2 até 38 carbonos (C<sub>2</sub> a C<sub>38</sub>) (Nelson e Cox, 2011). Sendo compostos anfipáticos pois o grupo carboxila é hifrofílico e a cauda de hidrocarboneto é hidrofóbica (Campbell e Shawn O. Farrell, 2007). Os ácidos graxos são pouco solúveis em água, sendo que quanto maior o número de átomos de carbono menor é sua solubilidade.

Os ácidos graxos de maior ocorrência geralmente possuem cadeia não ramificada e de 12 a 24 átomos de carbono. Os ácidos graxos são encontrados principalmente como ésteres em gorduras e óleos naturais, no entanto, são encontrados na forma não esterificada como ácidos graxos livres, sendo estes transportados pelo plasma sanguíneo (Murray et al., 2007).

Os ácidos graxos são classificados conforme a presença ou ausência de duplas ligações entre as cadeias de carbono, determinando então o grau de saturação do ácido graxo. São chamados de ácidos graxos saturados aqueles que não apresentam nenhuma dupla ligação, ácidos graxos monoinsaturados os que apresentam uma dupla ligação e, por fim, ácidos graxos poli-insaturado aqueles que apresentam duas ou mais duplas ligações.

Nos ácidos graxos insaturados ocorre um tipo de isomeria geométrica dependendo da orientação dos átomos ou agrupamento ao redor do eixo das duplas ligações, o qual origina as configurações *cis* e *trans* (Nelson e Cox, 2011). Na configuração *cis* os hidrogênios próximos à ligação dupla localizam-se no mesmo lado da cadeia, na configuração *trans*, os hidrogênios estão dispostos em lados opostos (Murray et al., 2007). Essa configuração *cis* ou *trans* é importante para o formato do ácido graxo em geral, uma dupla ligação *cis* causa um encurvamento na cauda (forma dobrada) do hidrocarboneto de cadeia longa, enquanto a forma do ácido graxo *trans* é totalmente estendida (forma linear), semelhante a um ácido graxo saturado (Murray et al., 2007).

### 2.3.2. Potenciais efeitos sobre a saúde

A carne vermelha é essencial para qualquer dieta equilibrada, uma vez que é uma importante fonte de proteína, vitaminas (A, B6, B12, D e E) e minerais, incluindo ferro, zinco e selênio (Biesalski, 2005). Adicionalmente, é uma importante fonte de ácidos graxos saturados (AGS), monoinsaturados (AGM) e poli-insaturados (AGP) os quais estão relacionados a diversos fatores da saúde humana, sejam benéficos ou prejudiciais, isso dependerá do equilíbrio entre o consumo destes ácidos graxos.

Na carne ovina os AGS compõem em torno de 36% do total de ácidos da carne, sendo os mais abundantes o ácido palmítico (C16:0) e esteárico (C18:0), os dois juntos representam quase 90% dos AGS (Fisher et al., 2000). E em menor proporção o ácido mirístico (C14:0), compondo aproximadamente 8% dos AGS totais (Fisher et al., 2000). Apesar de serem considerados uma importante fonte de energia, os AGS C14:0 e C16:0 têm sido associados ao aumento da incidência de diversas doenças, incluindo hipertensão, obesidade, aterosclerose, doenças cardíacas e diversos tipos de cânceres (Hu et al., 2001; Biesalski, 2005; Kang et al., 2005; Haug et al., 2007). Entretanto, não se pode generalizar os efeitos do AGS sobre a saúde, alguns trabalhos citam que o ácido esteárico (C18:0), não têm qualquer impacto sobre as concentrações de colesterol no sangue em humanos, sendo considerado um AGS neutro (Aro et al., 1997; Mensink et al., 2003).

Cerca de 30 a 40% ou mais da carne de ovinos é composta de AGM, sendo o ácido oleico (C18:1) o principal representante (Fisher et al., 2000; Wood et al., 2008). Na alimentação humana os AGM estão relacionados à uma série de benefícios a saúde humana, incluindo diminuição do colesterol sanguíneo, redução do risco de acidente vascular cerebral, melhoram a atividade cerebral, e apresentam propriedades anticarcinogênicas e antiaterogênicas (Kasai et al., 1998; Haug et al., 2007; Sartorius et al., 2012; Hoffmann et al., 2014). O ácido C18:1 também exerce importante função no desenvolvimento e diferenciação celular através do controle da fluidez da membrana e pela transdução de sinal (Ntambi, 1995; Kasai et al., 1998; Ntambi e Miyazaki, 2004).

No que diz respeito aos AGP, estes têm papel fundamental na dieta humana, pois são ácidos graxos estritamente essenciais, e devem ser consumidos diariamente para o bom funcionamento do organismo (Perini et al., 2010). Esses

ácidos graxos abrangem a família dos ácidos graxos da família ômega 3 ( $\omega 3$ ) e ômega 6 ( $\omega 6$ ), sendo os principais representantes os ácidos alfa-linolênico (18:3  $\omega 3$ ) e linoleico (18:2  $\omega 6$ ), respectivamente. Esses AGP atuam em diversas funções metabólicas tal como a sinalização celular, regulação enzimática, síntese de eicosanoides, regulação da migração neuronal, atividade neuromodulatória e neurotransmissora (Miles e Calder, 2012; Bazinet e Layé, 2014).

Adicionalmente, nos últimos anos um grande número de estudos em modelos animais mostraram que a ingestão do ácido linoleico conjugado (CLA), um AGP, vem mostrando diversas propriedades benéficas a saúde humana (Siurana e Calsamiglia, 2016). Estes estudos sugeriram que o CLA apresenta propriedades anticarcinogênica, antitrombótico, hipocolesterolêmico, modula as respostas inflamatórias e imunes, reduz a aterosclerose, reduz os sintomas da diabetes tipo II, atua na formação óssea e ajuda na perda de gordura corpórea (Ip et al., 2002; Dilzer e Park, 2012; Viladomiu et al., 2015; Siurana e Calsamiglia, 2016). Os ruminantes produzem naturalmente CLA, sendo que este ácido graxo corresponde em ovinos entre 0,5% a 1,14% do total de ácidos graxos (Bravo-Lamas et al., 2016).

Outra preocupação existente em relação a ingestão de ácidos graxos, a qual também tem impactos sobre a saúde, são as razões entre os ácidos graxos ômega 6/ômega 3 ( $\omega 6/\omega 3$ ) e poli-insaturados/ácidos graxos saturados (AGP/AGS), onde muitos nutricionistas dão mais importância para essas razões, do que os valores absolutos de cada ácido graxo individual propriamente ditos (Jiménez-Colmenero et al., 2010). Excessivas quantidades do ácido graxo poli-insaturado  $\omega 6$  em relação a  $\omega 3$ , como usualmente ocorre em dietas ocidentais, promove a patogênese de muitas doenças, incluindo doenças cardiovasculares, cânceres, doenças inflamatórias e auto-imunes, ao passo que o aumento dos níveis  $\omega 3$  exercem efeitos supressivos para essas enfermidades, uma baixa razão está  $\omega 6/\omega 3$  associada positivamente na manutenção da saúde humana (Sañudo et al., 2000; Simopoulos, 2008). Sendo que a razão recomendada entre esses ácidos graxos é de 4,00 (World Health Organization, 2010), onde a carne ovina tem valores muito próximos a essa recomendação, variando entre 1,70 a 3,90 (Fisher et al., 2000; Wood et al., 2004).

No que diz respeito a razão AGP/AGS o valor recomendado deve ser acima de 0,45, contudo, na carne vermelha geralmente essa razão é de 0,1 (World Health Organization, 2010). O aumento da razão dietética de AGP/AGS pode levar a uma

redução do colesterol total plasmático e, como resultado, prevenir uma série de enfermidades relacionadas ao alto consumo de AGS (Howell et al., 1997; Kang et al., 2005; McAfee et al., 2010). Diante do exposto, torna-se evidente a necessidade de fornecer informações que possam auxiliar nas mudanças do perfil de ácidos graxos com o objetivo de tornar a carne mais saudável.

### **2.3.3. Mercado de alimentos saudáveis**

Nos últimos anos houve uma crescente preocupação pelo consumo de alimentos que sejam considerados benéficos a saúde humana. Dentro desta condição, os alimentos funcionais são uma das categorias mais dinâmicas e inovadoras na indústria alimentar (Oliveira et al., 2016). No Brasil, a definição sustentada pela Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) é de que os alimentos considerados funcionais são aqueles que podem produzir efeitos metabólicos ou fisiológicos que sejam benéficos à saúde, além de possuírem funções nutricionais básicas, devendo ser seguro para consumo sem supervisão médica (Brasil, 1999).

De acordo com a Euromonitor (2016), as vendas mundiais de produtos alimentares considerados saudáveis ou funcionais, são estimadas em US\$ 1 trilhão para 2017. No Brasil, em 2015 o mercado movimentou cerca de R\$ 12,2 bilhões, registrando crescimento de 10% naquele ano. Esses números colocam o país em evidência, colocando-o entre os dez países que mais crescem nesse segmento no mundo (Euromonitor, 2016). Isso pode ser atribuído ao fato do aumento do poder aquisitivo da Classe C e principalmente a conscientização da população em relação aos benefícios dos alimentos funcionais tem sobre a qualidade de vida (Schulka e Colla, 2014).

Adicionalmente, o mercado de alimentos funcionais constituem uma excelente oportunidade para a indústria da carne vermelha (Olmedilla-Alonso et al., 2013). Não só para evitar uma possível perda de mercado, mas principalmente para melhorar a percepção negativa que os consumidores têm sobre a carne, e para conseguir uma diversificação essencial para o setor, por meio do desenvolvimento de um produto que tenha propriedades saudáveis (Jiménez-Colmenero et al., 2010; Olmedilla-Alonso et al., 2013). Tal como está sendo proposto no presente trabalho com perfil de ácidos graxos, fornecer informações com bases genéticas que possam

auxiliar na manipulação dos ácidos graxos da carne de ovinos da raça Santa Inês para a produção de um produto mais saudável.

#### **2.4. Estudos de associação genômica ampla (GWAS - *Genome-Wide Association Studies and Genomic*)**

Os estudos de associação genômica ampla (GWAS) utilizam uma grande quantidade de marcadores genéticos do tipo SNPs, presentes ao longo de todo o genoma, para a identificação de possíveis associações entre regiões cromossômicas e um determinado fenótipo de uma população de interesse (Wang et al., 2012). Assim, o GWAS é uma ferramenta poderosa para fornecer informações sobre a variação genética causais em diversas características de interesse econômico (Reverter e Fortes, 2013).

Adicionalmente, com o desenvolvimento de tecnologias de genotipagem de SNPs de alta densidade, as análises de GWAS têm sido amplamente utilizadas para detectar regiões de QTLs e localizar genes candidatos para características quantitativas em diferentes espécies, com o intuito de aumentar a eficiência de seleção animal visando a melhoria destas características de forma mais eficaz (Zhang et al., 2012a). A abordagem do gene candidato começa com a seleção de um gene putativo com base na sua relevância em algum mecanismo biológico, que possa desempenhar plausivelmente um papel relevante no processo de expressão de determinado fenótipo de interesse (Kwon e Goate, 2000). Posteriormente, ocorre a etapa de validação do gene candidato pela avaliação e seleção das mutações observadas dentro do gene, procurando aquelas que tenham alguma consequência funcional, seja por afetar a regulação genética ou seu produto proteico e, conseqüentemente, tenham algum impacto diretamente sobre a expressão do fenótipo (Chen et al., 2011; Luo et al., 2013a).

Em muitos estudos, a GWAS foi importante para identificação bem sucedida de importantes marcadores associados à variação de características, em alguns casos, culminou na descoberta causal (Zhang et al., 2012b). Como por exemplo o gene DGAT1 (*diacylglycerol O-acyltransferase*), o qual é conhecido por afetar a porcentagem de gordura no leite em bovinos (Grisart et al., 2004; Schennink et al., 2007). Por meio da identificação destes marcadores é possível o entendimento da

arquitetura genética de características economicamente importantes de uma forma mais biológica. Adicionalmente, modelos de predição genômicas que incorporam elementos biológicos de SNPs, que possuam grande efeito na variação fenotípica, os quais são tratados como efeitos fixos podem melhorar a acurácia de predição, consequentemente, melhorando a eficiência de seleção dos melhores indivíduos (van Binsbergen et al., 2015).

Diante do exposto, a utilização de ferramentas moleculares como o GWAS pode ser utilizada no auxílio para identificação de marcadores genéticos ou regiões genômicas, pode permitir aos produtores selecionar carne com composição específica para ácidos graxos e qualidade de carne, permitindo assim, e atender os critérios de satisfação do consumidor quanto a aquisição de um produto saudável, e podendo agregar valor comercial ao produto. Ainda mais no que se refere a ovinos da raça Santa Inês, uma raça brasileira com grande potencial econômico, mas pouco estudada e com melhoramento genético pouco desenvolvido.

### 3. ASSOCIAÇÃO GENÔMICA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS E QUALIDADE DE CARNE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS

#### 3.1. Introdução

Apesar da importância das características de qualidade de carne e perfil de ácidos graxos, são escassos os trabalhos na literatura que envolvam as estimativas de parâmetros genéticos, principalmente em se tratando de ovinos. Por meio das estimativas dos parâmetros genéticos é possível o entendimento dos mecanismos associados a variação genética, bem como medir o grau de relacionamento genético entre diferentes características e, finalmente, predizer o mérito genético dos indivíduos como reprodutores. Estas informações são fundamentais para definir as estratégias de seleção a serem empregadas em um programa de melhoramento, as quais serão utilizadas na identificação dos genótipos superiores para atingir a máxima eficiência no ganho genético e, conseqüentemente, melhorar as características de interesse.

Contudo, as características de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne são características complexas, sendo diversos os fatores que afetam sua composição, entre eles estão: sexo, dieta, idade, genética e a interação entre todos esses fatores (Wood et al., 2008). Estudos envolvendo informações genômicas nos últimos anos tem sido uma importante ferramenta para investigar a arquitetura genética de características de herança genética complexa. A informação genômica pode ser incorporada na avaliação genética substituindo-se a matriz de relacionamentos tradicional, baseada na informação de *pedigree*, por uma matriz genômica, baseada principalmente em marcadores SNPs (VanRaden, 2008). O uso destas informações possibilita o aumento de acurácia das estimativas dos parâmetros genéticos e valores genéticos da população, aumentando assim a eficiência de seleção (Meuwissen et al., 2001; VanRaden, 2008; Bolormaa et al., 2013).

Adicionalmente, informações genômicas podem ser utilizadas para identificação de variantes associadas a genes ou elementos reguladores de grande efeito sobre as variâncias fenotípica e genética das características de interesse por



meio de estudos de associação genômica ampla (GWAS) (Zhang et al., 2012b). A descoberta de regiões genômicas ou genes de grande impacto quantitativo sobre uma característica é de importância essencial para entendimento de sua arquitetura genética e pode ser usada no delineamento de esquemas de melhoramento para aumentar a frequência de alelos favoráveis na população (Hayes, 2007; Tiezzi et al., 2015). Modelos de predição genômica que incorporam elementos biológicos dos SNPs são mais informativos, e também aumentam a acurácia de predição dos valores genéticos e das estimativas dos parâmetros genéticos (Rincon et al., 2012; van Binsbergen et al., 2015).

Deste modo, a utilização de informações genômicas pode permitir aos criadores produzir carne com grandes atributos de qualidade e perfil específico para ácidos graxos. Assim, podendo agregar valor comercial ao produto e atendendo os critérios de satisfação do consumidor quanto a aquisição de um produto de qualidade e ao mesmo tempo benéfico à saúde. Essas ferramentas se tornam importantes, ainda mais no que se refere a população de ovinos da raça Santa Inês, uma raça brasileira com grande potencial econômico (Costa et al., 2015; Viana et al., 2015), mas pouco estudada e com melhoramento genético pouco desenvolvido. Diante do exposto, os objetivos deste estudo foram estimar os parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas), identificar regiões genômicas e genes candidatos para as características de perfil de ácidos graxos e de qualidade de carne em ovinos da raça Santa Inês sob metodologia bicaracterística.

## **3.2. Materiais e Métodos**

### **3.2.1. Fenótipos**

#### **3.2.1.1. Local, animais e manejo**

Para este estudo foram utilizadas informações referentes a 400 ovinos machos, não castrados, da raça Santa Inês, sem controle de *pedigree*, oriundos de quatro lotes experimentais. Os ovinos foram criados na fazenda pertencente a Universidade Federal da Bahia (UFBA), localizada no município de São Gonçalo dos Campos-BA. Os animais foram manejados sob confinamento, a partir dos 110 dias de idade em média, e alojados em baias individuais de dimensão de 1m<sup>2</sup>, o

fornecimento de água foi *ad libitum*. O abate foi realizado em torno de 90 dias depois do confinamento.

### 3.2.1.2. Determinação do perfil de ácidos graxos e da gordura intramuscular

Para a determinação do perfil de ácidos graxos e gordura intramuscular foram utilizados 216 indivíduos.

- **Perfil de ácidos graxos:** As extrações de lipídeos e cromatografias foram realizadas no Laboratório de Nutrição e Crescimento Animal da ESAQL/USP. Foram coletadas amostras de aproximadamente 30 g do músculo *Longissimus dorsi*, sendo a extração de lipídios realizados conforme determinado por Hara e Radin (1978), por meio de solução de hexano/propanol na proporção 3:2. Posteriormente, os ácidos graxos foram transmetilados conforme a técnica detalhada por Christie (1982) e uma alíquota de 1 µL dos lipídios transmetilados foi injetada em cromatógrafo a gás, modelo *Focus CG-Finnigan*, com detector de ionização de chama, coluna capilar CP-Sil 88 (Varian), com 100 m de comprimento por 0,25 µm de diâmetro interno e 0,20 µm de espessura do filme. O gás de arraste utilizado foi o hidrogênio, numa vazão de 1,8 mL/min.

O programa de temperatura do forno do cromatógrafo foi o seguinte: início com 70°C e tempo de espera de 4 minutos, posteriormente elevado a 175°C (13°C/min) e tempo de espera 27 min, após a 215°C (4°C/min) e tempo de espera 9 min e, finalmente, aumento de 7°C/min até 230°C, permanecendo por 5 min, totalizando 65 min. A temperatura do vaporizador foi de 250°C e a do detector de 300°C. A identificação dos ácidos graxos foi feita pela comparação dos tempos de retenção com os obtidos com ésteres metílicos de amostras padrão e a quantificação das porcentagens (%) dos ácidos graxos foi realizada utilizando o software *Chromquest 4.1 (Thermo Electron, Italy)*.

- **Gordura Intramuscular:** A gordura intramuscular foi determinada por meio de análise do infravermelho próximo (*NIR*) (método AOAC: 2007-04) em 180 g do músculo *Longissimus dorsi* isento da capa de gordura, por meio do equipamento *FoodScan<sup>TM</sup>* (FOSS, Hillerod, Dinamarca), e os lipídeos totais foram determinados segundo a metodologia descrita por Bligh e Dyer (1959), com uma mistura de

clorofórmio e metanol. O resultado da gordura intramuscular foi expresso em porcentagem (%).

### 3.2.1.3. Medidas analíticas da qualidade de carne

Para as características de qualidade de carne foram utilizadas informações dos quatro lotes, totalizando 400 indivíduos. As características de qualidade da carne estudadas foram avaliadas no músculo *Longissimus dorsi*, na região da 12<sup>a</sup> e 13<sup>a</sup> vertebrae torácicas no lado esquerdo da carcaça:

- **pH<sub>24</sub>**: após 24 horas ao abate foi mensurado o pH com auxílio de um pHmetro portátil da marca Digmed, modelo DM-2P, com eletrodo de penetração com resolução de 0,01 unidades de pH.

- **Espessura de gordura subcutânea (mm)**: foi mensurada com auxílio de paquímetro digital, a partir da média de três mensurações na região do músculo após 24 horas ao abate.

- **Cor**: a mensuração da coloração da carne foi realizada em período posterior ao abate onde a carne foi congelada e armazenada por um período médio de três meses. A determinação da cor foi realizada com o auxílio de um colorímetro KONICA MINOLTA - CR 400 (Minolta Co. Ltd.), em que o equipamento foi calibrado para padrão branco no sistema CIELab\*, segundo metodologia proposta por (Renner, 1982). Deste modo foram tomadas as medidas absolutas dos parâmetros de luminosidade (L\*), coloração vermelha (a\*) e coloração amarela (b\*).

- **Perda por cocção (%)**: As mesmas amostras destinadas à mensuração de cor foram assadas em forno a 320°C até atingirem a temperatura interna de 71°C, medida com termômetro inserido no centro geométrico de cada bife. A medida de perda por cocção foi obtida como a diferença entre peso inicial e o peso final.

- **Força de cisalhamento**: Depois de assadas e resfriadas em temperatura ambiente, os bifes utilizados para perda por cocção foram utilizados para a análise de força de cisalhamento. Foram retiradas três amostras cilíndricas medindo 1,27 cm diâmetro por 2,54 cm de comprimento, as quais foram extraídas paralelamente ao longo do eixo das fibras musculares, e o cisalhamento foi realizado por um texturômetro, perpendicularmente à orientação longitudinal das fibras musculares, conforme metodologia descrita por Wheeler et al. (1997).

### 3.2.2. Genotipagem

O DNA genômico foi extraído por meio de proteinase K a partir de amostras de tecido muscular coletado do músculo *Longissimus dorsi*. A concentração e a pureza do DNA foram mensuradas pelo equipamento *NanoDrop*. A integridade do DNA foi analisada por meio de eletroforese em gel de agarose 1%, utilizando um corante *GelRedTM* para análise do DNA genômico sob iluminação UV. Após essa etapa, o DNA foi diluído, de acordo com o protocolo da genotipagem, para hibridização na matriz do chip *Ovine SNP50 BeadChip* (Illumina Inc., San Diego, CA) e então submetido ao processo de genotipagem. O chip continha 54.241 mil SNPs ao longo de 26 autossomos e dois cromossomos sexuais.

Para as análises foram apenas considerados os cromossomos somáticos. O controle de qualidade dos genótipos e indivíduos foi realizado por meio do programa *preGSf90*, o qual excluiu SNPs com  $MAF < 0,05$ , e desvios de *Hardy-Weinberg* (diferença entre a frequência observada e esperada de heterozigotos) inferior a 0,15, SNPs monomórficos e indivíduos e SNPs com *Call rate* menor que 90%. Após esse processo um total de 42.363 SNPs e 396 indivíduos permaneceram no banco de dados.

### 3.2.3. Análises genéticas

Para o estudo de associação genômica ampla (GWAS) e estimativas dos parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) foi utilizado o método GBLUP sob abordagem bicaracterística. Deste modo, a matriz de relacionamento considerada foi a matriz genômica obtida conforme VanRaden (2008). Para as análises bicaracterísticas envolvendo as características de perfil de ácidos graxos, a característica de gordura intramuscular (GIM) do *Longissimus dorsi* foi utilizada como característica âncora em todas as análises bicaracterística (Silva et al., 2011). Por sua vez, para as características de qualidade de carne o peso inicial (PI) no momento do confinamento dos animais foi a eleita para este processo.

As características de GIM e PI foram submetidas a análises unicaracterística para estimação dos componentes de variância, conforme metodologia descrita por Gaya et al., (2006b) considerando os mesmos efeitos fixos e aleatórios que serão descritos a seguir para as análises bicaracterísticas. Posteriormente esses

componentes de variância estimados foram fixados para as análises bicaracterísticas. Estas características foram usadas por possuírem grande influência sobre a estimativa dos parâmetros genéticos relacionados ao perfil de ácidos graxos e qualidade de carne, respectivamente. Adicionalmente, espera-se que o uso de modelos multicaracterísticas possuam melhor poder ou ao menos semelhante em comparação aos modelos unicaracterística (Zhu e Zhang, 2009). Para a abordagem o seguinte modelo genético foi considerado:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

em que os vetores  $y_1$  e  $y_2$  são referentes às observações da primeira e segunda característica, respectivamente;  $X_1$  e  $X_2$  são as matrizes de incidência e  $b_1$  e  $b_2$  são os vetores de efeitos fixos, formado pelo grupo de contemporâneos (lote e manejo alimentar), para a primeira e segunda característica, respectivamente;  $Z_1$  e  $Z_2$  são as matrizes de delineamento e  $a_1$  e  $a_2$  são os vetores dos efeitos aleatórios aditivos genéticos;  $e_1$  e  $e_2$  são os vetores de efeitos residuais.

Os componentes de (co)variância foram estimados por meio do método de máxima verossimilhança restrita utilizando o algoritmo EM (Expectation – Maximization) e utilizando o programa AIREMLF90 (Misztal et al., 2002).

Os efeitos dos SNPs foram obtidos a partir dos valores genéticos genômicos (GEBVs) dos animais genotipados de forma não iterativa com auxílio do programa postGSf90 (Misztal et al., 2002). A equação para computar o efeito dos SNPs pode ser descrita na forma matricial abaixo:

$$\hat{u} = DZ'[ZDZ']^{-1} \hat{a}_g$$

em que  $\hat{u}$  é o vetor com o efeito de cada SNP,  $D$  é a matriz diagonal contendo ponderadores para o efeito dos SNPs;  $Z$  é a matriz de genótipos;  $\hat{a}_g$  é o vetor com os valores genéticos aditivos para os animais genotipados.

A porcentagem da variância genética para cada região foi calculada da seguinte forma:

$$\frac{Var(a_i)}{\sigma_a^2} \times 100 = \frac{Var(\sum_{j=1}^{10} Z_j \hat{u}_j)}{\sigma_a^2} \times 100$$

em que,  $a_i$  é o valor genético de cada região que consiste de 10 SNPs adjacentes neste estudo;  $\sigma_a^2$  é a variância genética aditiva total;  $Z_j$  é o vetor com o genótipo do SNP para todos os indivíduos;  $\hat{u}_j$  é o efeito de cada marcador dentro de sua região. O uso de regiões ou janelas contendo vários SNPs captura os efeitos de QTL mais eficientemente do que o uso de um único SNP, sendo relevante para distinguir os efeitos de ruído estatístico (Habier et al., 2011).

A busca por genes candidatos associados às características fenotípicas de interesse foi realizada nas regiões genômicas que explicaram a maior proporção da variância genética. A anotação dos genes presentes nestas regiões foi realizada por meio do pacote estatístico *biomaRt* do programa R (Durinck et al., 2009). A versão do genoma de referência utilizado foi *Oar\_v3.1*. As ferramentas de anotação funcional dos banco de dados *DAVID* (Huang et al., 2009) e *BioGPS* (Wu et al., 2009) foram utilizados para a obtenção dos termos *Gene Ontology* (GO) associados aos genes identificados dentro das regiões genômicas de maior efeito. Foram considerados genes candidatos aqueles de relevância funcional relacionados às características de perfil de ácidos graxos e de qualidade de carne.

### 3.3. Resultados e discussões

#### 3.3.1. Estatísticas Descritivas

##### 3.3.1.1. Perfil de ácidos graxos

Após o processo de extração foram obtidos 47 ácidos graxos distintos do músculo *Logissimus dorsi* de ovinos da raça Santa Inês. Destes, foram escolhidos para serem avaliados de forma individual os ácidos graxos: ácido mirístico (C14:0), ácido palmítico (C16:0), ácido esteárico (C18:0), ácido palmitoleico (C16:1), ácido oleico (C18:1), ácido linoleico (C18:2  $\omega$ 6), ácido linoleico conjugado cis-9 trans-11 (CLA<sub>cis</sub>) e ácido alfa-linolênico (C18:3  $\omega$ 3). Estes ácidos graxos individuais foram selecionados considerando sua importância para a saúde humana e a abundância que são encontrados em animais criados sob confinamento. As demais informações

como porcentagem de gordura intramuscular (GIM), AGS totais (AGSt), AGM totais (AGt), AGP totais (AGPt), ômega 3 total ( $\omega$ 3t), ômega 6 total ( $\omega$ 6t), relação AGPt/AGSt e relação  $\omega$ 6t/ $\omega$ 3t também foram avaliadas. As estatísticas descritivas das variáveis avaliadas neste estudo estão descritas na Tabela 1.

**Tabela 1.** Estatística descritiva para a informação de perfil de ácidos graxos (%) e gordura intramuscular (%) do músculo *Longissimus dorsi* de ovinos da raça Santa Inês.

Ácido Graxo	N	Média	DP	Min	Max
Ácido mirístico (C14:0)	216	2,21	0,752	0,96	4,35
Ácido palmítico (C16:0)	216	22,17	1,949	10,51	29,43
Ácido esteárico (C18:0)	216	20,29	3,342	12,53	33,26
Ácido palmitoleico (C16:1)	216	1,54	0,245	0,98	2,16
Ácido oleico (C18:1)	216	36,04	3,04	23,92	45,99
Ácido linoleico (C18:2 $\omega$ 6)	216	3,99	1,151	1,47	8,05
Ácido linoleico conjugado (CLAcis)	216	0,43	0,184	0,076	0,924
Alfa-linolênico (C18:3 $\omega$ 3)	215	0,30	0,149	0,026	0,797
AGSt	216	46,92	4,399	28,38	59,88
AGMt	216	45,17	3,919	32,02	62,21
AGP	216	6,55	1,927	2,37	12,39
$\omega$ 3t	216	0,89	0,532	0,111	2,99
$\omega$ 6t	216	5,23	1,618	1,82	10,6
AGPt/AGSt	216	0,14	0,049	0,048	0,322
$\omega$ 6t/ $\omega$ 3t	216	7,62	5,33	2,82	55,32
Gordura intramuscular (GIM)	216	3,46	0,769	1,62	4,93

**DP** = Desvio Padrão; **Min** = Mínimo; **Max** = Máximo; **AGSt** = Soma dos ácidos graxos saturados totais; **AGMt** = Soma dos ácidos graxos monossaturados totais; **AGPt** = Soma dos ácidos graxos poli-insaturados totais;  **$\omega$ 3t** = Soma dos ácidos graxos ômega 3 totais;  **$\omega$ 6t** = Soma dos ácidos graxos ômega 6 totais; **AGPt/AGSt** = razão entre AGPt e AGSt;  **$\omega$ 6t/ $\omega$ 3t** = razão entre  $\omega$ 6t e  $\omega$ 3t;

O grupo dos AGSt foi composto pela soma da concentração dos seguintes ácidos graxos: ácido caprónico (C6:0), ácido caprílico (C8:0), ácido capríco (C10:0), ácido undecanóico (C11:0), ácido laúrico (C12:0), ácido tridecanóico (C13:0), ácido 11-metildodecanóico (C13:0 iso), ácido 10-metildodecanóico (C13:0 anteiso), ácido 12-metiltridecanóico (C14:0 iso), ácido mirístico (C14:0), ácido 13-metiltetradecanóico (C15:0 iso), ácido 12-metiltetradecanóico (C15:0 anteiso), ácido pentadecanóico (C15:0), ácido 14-metilpentadecanóico (C16:0 iso), ácido palmítico (C16:0), ácido 15-metilhexadecanóico (C17:0 iso), ácido margárico (C17:0), ácido esteárico (C18:0), araquídico (C20:0), ácido heneicosanoico (C21:0), ácido behênico (C22:0), ácido tricosanóico (C23:0), ácido lignocérico (C24:0). Os AGMt

compreenderam a soma dos ácidos graxos: ácido caproléico (C10:1), ácido láurico (C12:1), ácido miristoléico (C14:), ácido palmitoleico (C16:1), ácido cis-10-heptadecanóico (C17:1), ácido elaídico (C18:1 trans-9), ácido oleico (C18:1), ácido oleico cis-11 (C18:1 cis-11), ácido oleico cis-12 (C18:1 cis-12), ácido oleico cis-13 (C18:1 c13), ácido oleico trans-16 (C18:1 trans-16), ácido oleico cis-15 (C18:1 cis-15), ácido eicosenóico (C20:1), ácido erúcico (C22:1), ácido nervônico (C24:1).

Os AGPt os quais abrangem os ácidos graxos da família  $\omega$ 3 e  $\omega$ 6, foram compostos pela soma dos ácidos graxos: ácido linoleico (C18:2  $\omega$ 6), ácido linoleico conjugado cis-9 trans-11 (CLAcis), ácido eicosadienóico (C20:2  $\omega$ 6), cis-9 trans-11 alfa-linolênico (C18:3  $\omega$ 3), cis-9 trans-11gama-linolênico (C18:3  $\omega$ 3), di-homo-alfa-linolênico (C20:3  $\omega$ 6), ácido di-homo-gama-linolenico (C20:3  $\omega$ 3), ácido aracdônico (C20:4  $\omega$ 6), ácido eicosapentaenóico (C20:5  $\omega$ 3), ácido docosopentaenóico (C22:5  $\omega$ 3), ácido docosahexaenóico (C22:6  $\omega$ 3). Os ácidos graxos  $\omega$ 3t foram compostos pela soma dos ácidos graxos alfa-linolênico (C18:3  $\omega$ 3), ácido di-homo-al-linolenico (C20:3  $\omega$ 3), ácido eicosapentaenóico (C20:5  $\omega$ 3), ácido docosopentaenóico (C22:5  $\omega$ 3), ácido docosahexaenóico (C22:6  $\omega$ 3). Enquanto que os ácidos graxos  $\omega$ 6t foram constituídos pela soma dos ácidos graxos: ácido linoleico (C18:2  $\omega$ 6), ácido eicosadienóico (C20:2  $\omega$ 6), ácido gama-linolênico (C18:3  $\omega$ 6), ácido di-homo-gama-linolênico (C20:3  $\omega$ 6) e ácido aracdônico (C20:4  $\omega$ 6).

### 3.3.1.1.1. Ácidos graxos saturados

Neste estudo os AGS individuais mais abundantes foram o C16:0 (22,17%), C18:0 (20,29%) e C14:0 (2,21%), correspondendo a cerca de 95% do AGSt do músculo *Longissimus dorsi*. Os ácidos C14:0 e C16:0 têm sido associados ao aumento do colesterol sérico, aumento de LDL (*low density lipoproteins*) e a diminuição do HDL (*high density lipoproteins*) no sangue, principais fatores relacionados à obesidade, aterosclerose, hipertensão, doenças cardíacas e coronarianas (Hu et al., 2001; Biesalski, 2005; Haug et al., 2007). Apesar da sua baixa concentração em comparação aos demais AGS, o C14:0 necessita de atenção especial, pois aumenta de 4 a 6 vezes a concentração de colesterol sérico em comparação com C16:0 (Mensink e Katan, 1992).



Mesmo o ácido C18:0 sendo abundante na carne de ovinos, estudos citam que este ácido parece não ter impacto significativo sobre o aumento do colesterol sérico (Bonanome e M.Grundy, 1988; Grundy, 1994; Tholstrup et al., 2003), ou até mesmo ajudam a diminuir o LDL sanguíneo em humanos (Aro et al., 1997), sendo considerado um AGS neutro. O processo de dessaturação parcial do ácido C18:0 em C18:1 pode ser um dos mecanismos que explicam o efeito neutro do C18:0 sobre os níveis de colesterol sérico (Bonanome et al., 1992; Tholstrup et al., 2003). Adicionalmente, o C18:0 é um precursor dos ácidos graxos insaturados, que também são importantes para saúde humana. Os resultados para AGS foram semelhantes aos reportados em estudos envolvendo ovinos da raça Santa Inês por Madruga et al. (2008), no músculo *Semimembranosus*, por Landim et al. (2011) e Arruda et al. (2012), ambos avaliando com o músculo *Longissimus dorsi*.

#### **3.3.1.1.2. Ácidos graxos monoinsaturados**

Neste estudo os AGM mais abundantes foram o C18:1 (36,4%) e C16:1 (1,54%), o primeiro sendo o ácido graxo individual mais abundante de todos e correspondendo a cerca de 80% dos AGMt. O ácido oleico é considerado benéfico a saúde, dietas com quantidades elevadas deste AGM estão associadas as diminuições concentrações de colesterol sérico, em especial a diminuição de LDL e, conseqüentemente, reduzindo os riscos de doenças coronárias e acidentes vaso cerebrais (Hu et al., 1997; Kris-Etherton et al., 1999; Jakobsen et al., 2008; Joris e Mensink, 2016). O C18:1 é um dos ácidos graxos principais da dieta mediterrânea, onde uma série de trabalhos (Mente et al., 2009; Gillingham et al., 2011; Joris e Mensink, 2016) relatam a baixa incidência de doenças cardíacas, apesar do alto consumo de gorduras (Wood et al., 2004). Mas, a principal fonte de C18:1 desta dieta não é de origem animal, e sim, do óleo de oliva.

Contudo, a carne ovina pode ser um substituto próximo ao óleo de oliva, de acordo com Haug et al. (2007) uma alta ingestão de carne de ovelha, pode-se esperar ter efeito semelhante na redução de doenças coronárias, uma vez que a carne de ovinos tem grande teores de C18:1, superiores a bovinos. Haug et al. (2007) explica que o alto consumo desta carne pode explicar em parte por que a mortalidade por doenças cardíacas tem sido menor na Islândia em comparação com os outros países escandinavos, e a idade média de vida foi maior, apesar da maior

ingestão de AGS provenientes da carne e leite de ovinos. Adicionalmente, as altas concentrações de C18:1 estão associados favoravelmente a maciez e a palatabilidade da carne (Uemoto et al., 2011). Em relação ao ácido C16:1, ele também está associado a diversos benefícios a saúde como o C18:1, contudo o estudo recente de Hoffmann et al. (2014) aponta que esse ácido está associado algumas enfermidades como desenvolvimento de cardiomiopatia.

Resultados para os teores de AGM C16:1 e C18:1 foram similares aos encontrados por Arruda et al. (2012) e Madruga et al. (2008). Contudo, os teores de C18:1 em ovinos da raça Santa Inês foram superiores nos estudos conduzidos por Rodrigues et al. (2010) (43,69 a 45,69%), Landim et al. (2011) (39,60 a 44,43%) e Olalgaquiaga Perez et al. (2002) (39,89 à 45,09%). No entanto, as concentrações para C16:1 nas citações anteriores foram semelhantes as observadas no presente estudo.

### **3.3.1.1.3. Ácidos graxos poli-insaturados**

Neste estudo os AGP obtiveram as menores concentração de ácidos graxos e perfizeram apenas 6,55% dos ácidos graxos totais. Onde os ácidos da família  $\omega 3$  e  $\omega 6$  corresponderam cerca de 14 e 86% dos AGPt, respectivamente. Em relação aos AGP individuais o ácido graxo mais abundante foi o C18:2 $\omega 6$  (5,99%) que correspondeu a cerca de 61% dos AGPt e perfazendo cerca de 77% dos ácidos graxos ômega 6. As concentrações dos ácidos graxos  $\omega 3$ t para este estudo foram baixas, inferiores a 1% dos ácidos graxos totais, o ácido C18:3  $\omega 3$  foi o de maior concentração, compondo 37% dos ácidos graxos  $\omega 3$ t, contudo, correspondeu apenas 0,37% dos ácidos graxos totais. Os resultados estiveram dentro dos intervalos encontrados por Arruda et al. (2012) (1,99 a 6,99%), sendo inferiores aos observados por Madruga et al. (2008) (10,40 a 13,41%), Olalgaquiaga Perez et al. (2002) (4,42 a 6,26%) e Rodrigues et al. (2010) (4,78 a 6,24%).

Os ácidos C18:2 $\omega 6$  e C18:3 $\omega 3$  tem fundamental importância para a saúde humana, pois são ácidos graxos estritamente essenciais, e o corpo humano não pode sintetiza-los, por esta razão devem ser obtido diariamente a partir de alimentos, sendo a carne umas das principais fontes (Daley et al., 2010). Estes AGP exercem funções biológicas importantes na manutenção e integridade das

membranas celulares, em funções cerebrais participando na transmissão de impulsos nervosos, na transferência do oxigênio atmosférico para o plasma sanguíneo, na síntese da hemoglobina e da divisão celular, e no funcionamento celular em geral (Youdim et al., 2000; Yehuda et al., 2002). Adicionalmente, esses AGP têm propriedades anticarcinogênicas e antiaterogênica, e estão associados a diminuição do colesterol sérico, incidência de doenças coronárias e diabetes do tipo 2 (Hu et al., 2001; Haug et al., 2007; Vartiainen et al., 2016).

Neste estudo o ácido conjugado linoleico (CLA c9t11) correspondeu a cerca de 7% dos AGPt, e apenas 0,43% dos ácidos graxos totais. O CLA c9t11 é um ácido AGP considerado benéfico a saúde humana, uma vez que existem evidências de que seja imuno-estimulante, antioxidante, antimutagênico, anticarcinogênico e ação anti-inflamatória (Ip et al., 2002; Kelley et al., 2007; Viladomiu et al., 2015). Valores semelhantes aos reportados em ovinos da raça SantaInês por Rodrigues et al. (2010) (0,37 a 0,74) e Simionatto et al. (2011) (0,30 a 0,40), este último trabalhando com o músculo *Semitendinosus*.

#### **3.3.1.1.4. Razão AGPt/AGSt**

A razão AGPt/AGSt é um importante indicativo de uma dieta equilibrada e saudável, ligada principalmente aos níveis colesterol no sangue (Guo et al., 2010). Neste estudo, o valor encontrado para a razão AGPt/AGSt foi de 0,14, valores similares aos observados por Simionatto et al. (2011) (0,10 a 0,12), inferiores aos de Madruga et al. (2008) (0,21 a 0,26) superiores aos de Landim et al. (2011) (0,04). Contudo, o valor recomendado para o consumo humano pela World Health Organization (2010) é acima de 0,45, estes valores estão relacionados a uma menor incidência de doenças coronárias, cânceres e derrames cerebrais (Yuan et al., 2015). No entanto, a carne de ruminantes é naturalmente caracterizada por um alto teor de AGS, devido ao processo de biohidrogenação dos ácidos graxos insaturados da dieta pelos microrganismos do rúmen (Wood et al., 2008). Ou seja, os AGP da dieta são biohidrogenados no rúmen, resultando na absorção predominante de AGS pelo intestino (Wood et al., 2004). Conseqüentemente, a carne ovina é caracterizada por alta concentração de AGS resultando em uma baixa razão AGPt/AGSt (Scollan et al., 2006).

### 3.3.1.1.5. Razão $\omega 6t/\omega 3t$

Os ácidos graxos poli-insaturados englobam os ácidos graxos da família ômega 3 e ômega 6, o qual sua relação ( $\omega 6t/\omega 3t$ ) no consumo também tem demonstrado impactos sobre a saúde. Neste estudo a relação  $\omega 6t/\omega 3t$  foi 7,62, relação bem superior a recomendação pelo *U.S. Department of Health* que assumiu valores abaixo de 4,00 como o ideal (Department of Health, 2010). Relações abaixo de quatro mostram ser benéficas na prevenção de cânceres, doenças cardiovasculares, relacionados especialmente a formação de coágulos sanguíneos que conduzem a um ataque cardíaco. Os valores deste estudo são inferiores aos reportados por Simionatto et al. (2011) (12,68 a 25,18) e superiores a Landim et al. (2011) (5,43). Contudo, o valor abaixo de 4,00 foi observado por Arruda et al. (2012) (1,51 a 3,13), estando dentro das recomendações relatadas acima.

O consumo excessivo de ácidos graxos  $\omega 6$  estão relacionados negativamente a saúde humana estando envolvidos em diversas doenças tal como cânceres, doenças cardíacas e autoimunes. Enquanto que o ácido ômega-3 está relacionado inversamente, tendo efeito supressor sobre essas enfermidades (Simopoulos, 2008). Deste modo, razão dos ácidos  $\omega 6t/\omega 3t$  deve ser levada em consideração devido aos atributos que lhes são vinculados.

### 3.3.1.2. Qualidade de carne

Na tabela 2 estão descritas as estatísticas para as características de qualidade de carne avaliadas para ovinos da raça Santa Inês.

**Tabela 2.** Estatística descritiva para características de qualidade de carne do músculo *Longissimus dorsi* e peso inicial em ovinos da raça Santa Inês.

<b>Característica</b>	<b>N</b>	<b>Média</b>	<b>DP</b>	<b>MIN</b>	<b>MAX</b>
Peso Inicial	397	23,72	4,543	12,00	37,80
EGS (mm)	292	2,29	0,880	0,91	5,30
pH <sub>24</sub>	316	6,00	0,385	5,06	7,06
PPC (%)	364	19,95	6,582	5,74	35,75
FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	377	1,79	0,751	0,58	4,25
Cor L*	386	40,23	6,092	22,21	56,11
Cor a*	386	23,03	2,730	15,41	30,34
Cor b*	387	7,36	2,713	2,42	13,57

**DP** = desvio padrão; **MIN** = mínimo; **MAX** = máximo; **EGS** = espessura de gordura subcutânea; **PPC** = perda por cocção; **pH<sub>24</sub>** = pH final as 24 horas após o abate; **FC** = força de cisalhamento; **Cor \*L** = luminosidade; **Cor \*a** = teor de vermelho; **Cor \*b** = teor de amarelo.

Neste estudo o valor médio obtido para o pH<sub>24</sub> (6,00) foi acima dos estimados por Grandis et al. (2016) (5,63) e Bonagurio et al. (2003) (5,67 a 5,88), que também trabalharam com ovinos da raça Santa Inês. Contudo, o valor encontrado neste estudo está dentro da faixa considerada normal para a carne de ovinos, que fica entre 5,5 e 6,0 (Sañudo Astiz, 2008). Variações além desta faixa resultam em alterações significativas na qualidade da carne, afetando a capacidade de retenção de água, maciez, coloração, bem como a resistência ao ataque microbiano (Jacob et al., 2014; Glamoclija et al., 2015).

Apesar do pH<sub>24</sub> mais elevado estar associado a carnes mais duras (Geesink et al., 2001), o resultado obtido para FC (1,79 kgf cm<sup>-2</sup>) do músculo *Longissimus dorsi* indicou uma carne macia, provavelmente em função da espécie animal estudada e pela idade que os animais foram abatidos. Valor menores que 4,50 kgf cm<sup>-2</sup> geralmente são bem aceitos pelos consumidores e são classificadas como carne macia (Knapp et al., 1987). Trabalhos envolvendo ovinos da raça Santa Inês utilizando o mesmo músculo, por Osório et al. (2009) (2,33 kgf cm<sup>-2</sup>) e Grandis et al. (2016) (2,79 a 3,53 kgf cm<sup>-2</sup>) evidenciam maciez da carne desses animais, o que é desejável pelos consumidores. Valores similares aos encontrados em bovinos como *Abeerden Angus* (3,03 a 3,44 kgf cm<sup>-2</sup>) que são considerados animais de carne macia (Latimori et al., 2008).

O PPC é uma característica avaliada indiretamente pelo consumidor, pois tem um impacto importante durante o processo de degustação. Durante o cozimento da carne junto com a perda da água, há perda de gordura, componentes nitrogenados e minerais afetando a qualidade da carne (Lawrie, 2006b). Deste

modo, são desejados menores valores de PPC devido à perda desses componentes durante o preparo da carne. Para o presente estudo, o valor médio observado de PPC foi 19,95%, na literatura foram reportados valores superiores por Bonagurio et al. (2003) (36 a 40%) e semelhantes a Grandis et al. (2016) (22,15 a 25,14).

Neste estudo, o parâmetro de cor  $L^*$  (40,23) utilizado para a avaliação de luminosidade cor no músculo *Longissimus dorsi* de ovinos da raça Santa Inês foi similar aos valores encontrados por Grandi et al. (2016) (39,93 a 40,53) e Bonagurio et al. (2003) (36 a 41). Mas, valores superiores foram relatados por Osório et al. (2009) (47,87), indicando uma carne mais clara em relação ao presente estudo. Sendo o valor deste estudo favorável, estando acima do limiar estipulado por Hopkins et al. (2007), de 34, relacionado a maior aceitabilidade por parte dos consumidores.

Para o padrão  $a^*$  (23,03), relacionado a cor vermelha, neste estudo foram superiores aos valores encontrados por Bonagurio et al. (2003) (10 a 15), Grandis et al. (2016) (14,70 a 15,36) e Osório et al. (2009) (18,74). Neste caso, os valores observados neste estudo foram acima do limiar determinado por Hopkins et al. (2007), abaixo de 19, sugerindo, que em média, a carne deste estudo poderia sofrer certa rejeição por parte dos consumidores. No entanto, existe uma grande variabilidade de percepção entre indivíduos referentes a cor de carne fresca Khliji et al. (2010), estes autores relacionaram carnes de cordeiros mais vermelhas a maior aceitabilidade por parte do consumidor, assim, diante dos resultados do presente estudo para o parâmetro  $a^*$  estariam adequados.

Para a cor  $b^*$  (7,36), que mede o nível de amarelo de carne, o valor observado neste estudo foi superior aos reportados por Bonagurio et al. (2003) (2,33 a 5,39), e inferiores ao estudo de Osório et al. (2009) (9,05) e Grandis et al. (2016) (9,88 a 10,90). Maiores valores de  $b^*$  indicam carnes com maior palidez, contudo, os valores estão dentro dos valores relatados Khliji et al. (2010).

### **3.3.2. Estudos de associação genômica ampla (GWAS)**

As regiões genômicas com 10 SNPs adjacentes que responderam por mais de 0,30% da variância genética aditiva foram utilizadas para a pesquisa de genes candidatos. Os resultados indicaram um total de 38 diferentes regiões genômicas

que explicaram mais de 0,30 % da variação genética para as características de perfil de ácidos graxos e de qualidade de carne. Para estas características foram encontrados 28 diferentes genes candidatos. Não foram encontradas regiões de QTL associados para a característica de gordura intramuscular (GIM).

### **3.3.2.1. Perfil de ácidos graxos**

Um total de 27 regiões diferentes de QTL com tamanho variando entre 321,411 e 860,291 Kb explicaram acima de 0,30% da proporção da variância genética aditiva para as características, as quais estão descritas na Tabelas 3, 4, 5 e 6. Gráficos do tipo Manhattan, contendo a variância explicada pelas regiões genômicas estão ilustrados nas figuras 4, 5, 6 e 7. Estas regiões estão distribuídas em 11 diferentes cromossomos: 1, 2, 3, 5, 8, 12, 14, 15, 16, 17 e 18. Foram identificados 23 diferentes genes candidatos para as características de perfil de ácidos graxos.

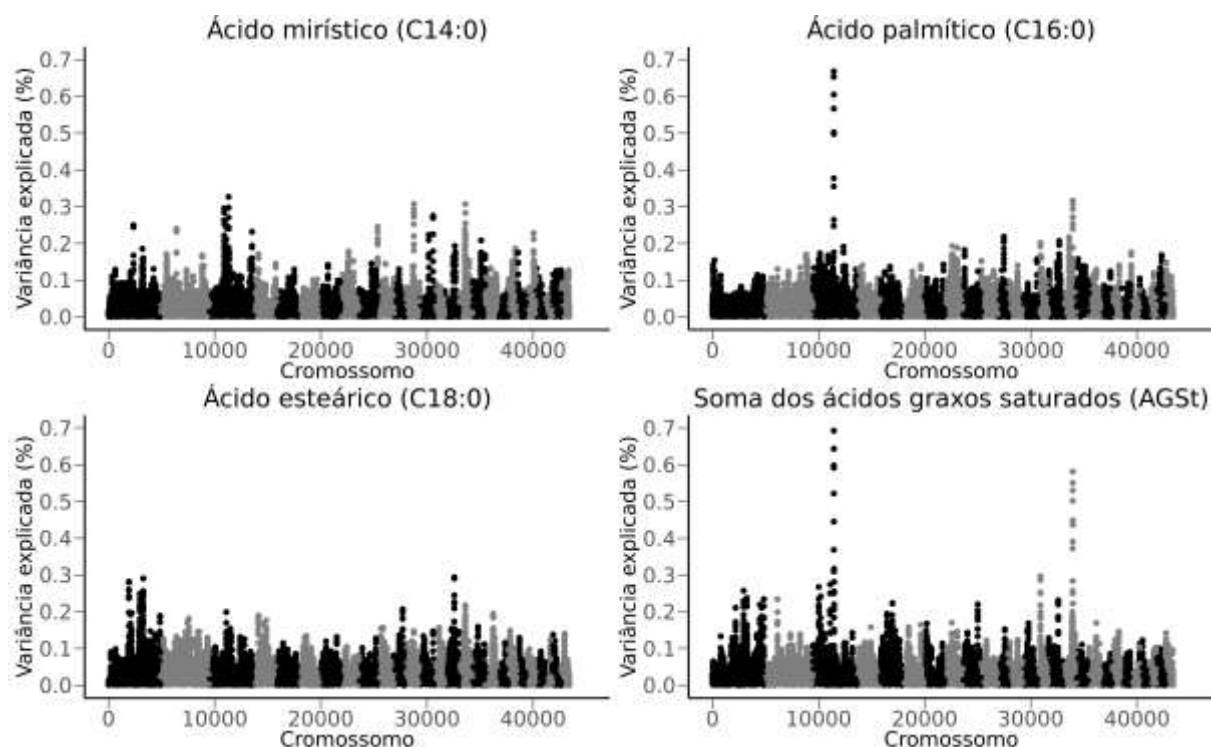
#### **3.3.2.1.1. Ácidos graxo saturados**

Dez diferentes regiões de QTL foram associadas às características C14:0, C16:0, C18:0 e AGSt, as quais explicaram entre 0,30 e 0,74% da variância genética aditiva e estão localizadas nos cromossomos 1, 3, 14, 15 e 16 (Tabela 3 e Figura 4).

**Tabela 3.** Regiões genômicas e genes candidatos associados ao perfil de ácidos graxos saturados do músculo *Longissimus dorsi* de ovinos da raça Santa Inês

Ácido Graxo	Região	VGa (%)	Genes Candidatos
C14:0	3:78397685-78915234	0,30	-
	3:99901070-100285876	0,33	<i>NPAS2</i>
	16:30002131-30349083	0,31	<i>MRPS30</i>
C16:0	3:107748212-108088562	0,67	<i>TPH2, TRHDE</i>
	16:55961351-56458897	0,32	<i>CDH12</i>
C18:0	1:185195800-185614760	0,30	<i>PARP14</i>
	15:52854077-53676145	0,39	<i>DGAT2, WNT11</i>
AGSt	3:107809276-108146152	0,74	<i>TPH2, TRHDE</i>
	3:109215221-109694971	0,32	-
	14:11458148-11862331	0,30	-
	15:52854077-53676145	0,58	<i>DGAT2, WNT11</i>

**VGa** = porcentagem da variância genética aditiva explicada; **C14:0** = ácido mirístico; **C16:0** = ácido palmítico; **C18:0** = ácido esteárico; **AGSt** = soma dos ácidos graxos saturados totais.



**Figura 4.** Gráfico do tipo Manhattan com a proporção da variância genética aditiva explicada pelas regiões genômicas formadas por 10 SNPs adjacentes para os ácidos graxos saturados no músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.

Regiões de QTL nos cromossomos 3 e 16 foram associadas ao C14:0, nas quais estão presentes os genes *NPAS2* (*neuronal PAS domain protein 2*) e *MRPS30* (*mitochondrial ribosomal protein S30*), respectivamente. O *NPAS2* é um gene



candidato importante, devido a seu papel em vias metabólicas de regulação do metabolismo lipídico. Nestas vias estão presentes receptores ativados por proliferadores de peroxissoma alpha (*PPAR $\alpha$* ), os quais tem importante papel no controle de genes ligados a beta-oxidação de ácidos graxos (Muoio et al., 2002). Os *PPARs* são receptores de hormônios nucleares e fatores de transcrição que regulam a expressão de muitos genes envolvidos não só no metabolismo de lipídios e glicose, mas também em respostas imunológicas e inflamatórias (Hwang, 2000). O *NPAS2* foi relacionado à maior massa muscular em ratos (Kärst et al., 2011), e foi associado ao teor de C13:0 no leite de bovinos da raça holandesa (Ibeagha-Awemu et al., 2016).

O gene candidato *MRPS30* (*mitochondrial ribosomal protein S30*) foi identificado na região do cromossomo 16, o qual está relacionado à síntese de proteínas no interior da mitocôndria, sendo um dos mais de 70 componentes proteicos de ribossomos mitocondriais que são codificados pelo genoma nuclear (Kenmochi et al., 2001) e tem efeito na imunidade mediada por células B, células T e CD34 (Kadri et al., 2015). Um dos termos do GO relacionado a este gene é o dos processos de apoptose celular (GO:0006915), corroborando com o importante papel dos ácidos graxos saturados na indução da apoptose em diversas células (Kasai et al., 1998; Tang et al., 2002; Staiger et al., 2006; Wei et al., 2006; Hoffmann et al., 2014). O gene *MRPS30* foi associado a maior produção de leite em bovinos da raça holandês (Kadri et al., 2015). Alguns estudos demonstram que o volume de leite possui correlação genética antagônica e importante com o teor de gordura do leite (Penasa et al., 2015; Petrini et al., 2016), assim, este gene é um potencial candidato a estar relacionado com algum processo envolvido na síntese de gordura em ovinos.

Duas regiões de QTL foram associadas ao teor de C16:0, uma no cromossomo 3 a 107,7 Mb e outra no cromossomo 16 a 55 Mb. Nesta primeira região foram identificados dois genes candidatos, *TPH2* (*tryptophan hydroxylase 2*) e *TRHDE* (*thyrotropin releasing hormone degrading enzyme*). O *TPH2* está associado ao sistema serotoninérgico, envolvido em um grande número de funções fisiológicas entre eles a lipólise (Sumara et al., 2012; Laporta e Hernandez, 2015) e atividade oxirredutase (GO:0004510), que está envolvida em reações de oxirredução de uma variedade de substratos, incluindo retinóides e esteroides (Haeseleer e Palczewski, 2000).

Já o gene *TRHDE* está ligado ao hormônio liberador de tireotrofina em humanos (Aliesky et al., 2006). Anotações GO relacionam este gene ao componente integral da membrana plasmática (GO:0005887). A membrana plasmática é constituída principalmente por ácidos graxos, contendo geralmente entre 12 e 24 átomos de carbono (Kummerow, 1983; Faustman et al., 2010). Adicionalmente, os ácidos graxos como os componentes principais das membranas celulares desempenham papéis essenciais na sinalização intracelular e em componentes de ligação entre os receptores nucleares (Ando et al., 2009). Em ovinos, o gene *TRHDE* se torna um importante gene candidato, uma vez que foi relacionado à quantidade de gordura interna em ovelhas da raça Merino (Cavanagh et al., 2010), e ganho de peso pós desmame em três populações de ovinos (Zhang et al., 2013a).

Na região do cromossomo 16 a 55 MB foi encontrado o gene *CDH12* (*cadherin 12*), o qual foi associado com o teor de ácido C14:0 e C18:0 no leite em bovinos da raça holandesa e com a via de sinalização Wnt (Li et al., 2014a). A via de sinalização Wnt apresenta ação pleiotrópica com diversos processos metabólicos, incluindo estimulação mitogênica, especificação autônoma e diferenciação celular (Logan e Nusse, 2004). A via de sinalização Wnt demonstrou ter efeitos de inibição da adipogênese (Ross et al., 2000; Takada et al., 2009). As disfunções da via de sinalização Wnt estão associados a doenças metabólicas tais como obesidade, diabetes tipo 2, cânceres e lipodistrofia (Galic et al., 2010; Cristancho e Lazar, 2011). Adicionalmente, anotações GO relacionam o gene *CDH12*, igualmente ao *TRHDE*, como um componente integral da membrana celular (GO:0016021).

Dois regiões em cromossomos diferentes foram associadas ao C18:0, no cromossomo 1 a 185 MB e no cromossomo 15 a 52,85 Mb. Na região do cromossomo 1 os genes *PARP14* (*poly(ADP-ribose) polymerase family member 14*), na região do cromossomo 15 os genes *DGAT2* (*diacylglycerol o-acyltransferase 2*) e *WNT11* (*Wnt family member 11*). O *PARP14* está envolvido no processo de glicólise aeróbica e promove a sobrevivência de células cancerígenas, regulação na transcrição do DNA molde (GO:0006355). A inibição do processo da síntese de ácidos graxos está associada a morte de células cancerosas, inibindo o desenvolvimento de tumores (Menendez e Lupu, 2007). O crescimento tumoral também pode ser reduzido pela inibição de ATP-citrato liase, a enzima que cliva o citrato para gerar o acetil-CoA o qual é essencial para a síntese de ácidos graxos

(Hatzivassiliou et al., 2005). Deste modo, entende-se que o gene candidato *PARP14* possui importante papel envolvido em processos biológicos associados à síntese de ácidos graxos em ovinos, podendo este regular o perfil de ácidos graxos em músculo.

Um importante gene associado à catálise da etapa final da biossíntese do triacilglicerol (Yen et al., 2008), o *DGAT2* (*diacylglycerol o-acyltransferase 2*) foi identificado na região do cromossomo 15 a 52,85 Mb. Esse gene foi associado a diversas características relacionadas a ácidos graxos em diversos animais de interesse zootécnico. Foi associado a produção e teor de gordura em leite de cabra (An et al., 2011), teor de ácido C18:0 em leite de ovelhas (Crisà et al., 2010), gordura subcutânea em suínos (Renaville et al., 2015), e gordura intramuscular em ovinos e bovinos (Guo et al., 2014). Na mesma região, foi encontrado o gene *WNT11*, o qual exerce um importante papel na diferenciação da musculatura epaxial, aumentando ou diminuindo o número de fibras de contração lenta ou rápidas (Du et al., 2016) e, da mesma forma que o gene *CDH12*, está relacionado a via de sinalização Wnt, portanto, ligado a processos de adipogênese.

Para o AGSt foram encontradas quatro regiões genômicas que explicaram entre 0,30 e 0,74% da VGa. O cromossomo 3 a 107,8 Mb teve sobreposição com a região associada ao C16:0 (cromossomo 3 a 107,7 Mb), e foram encontrados os mesmos genes candidatos (*TPH2* e *TRHDE*). A região do cromossomo 15 a 52,85 Mb foi comum ao ácido C18:0, portanto, os mesmos genes candidatos foram observados (*DGAT2* e *WNT11*). Isso é esperado uma vez que a maior proporção dos AGSt é composta por C16:0 e C18:0. Nas regiões do cromossomo 3 a 109 Mb e cromossomo 14 a 11 Mb não foram identificados genes candidatos.

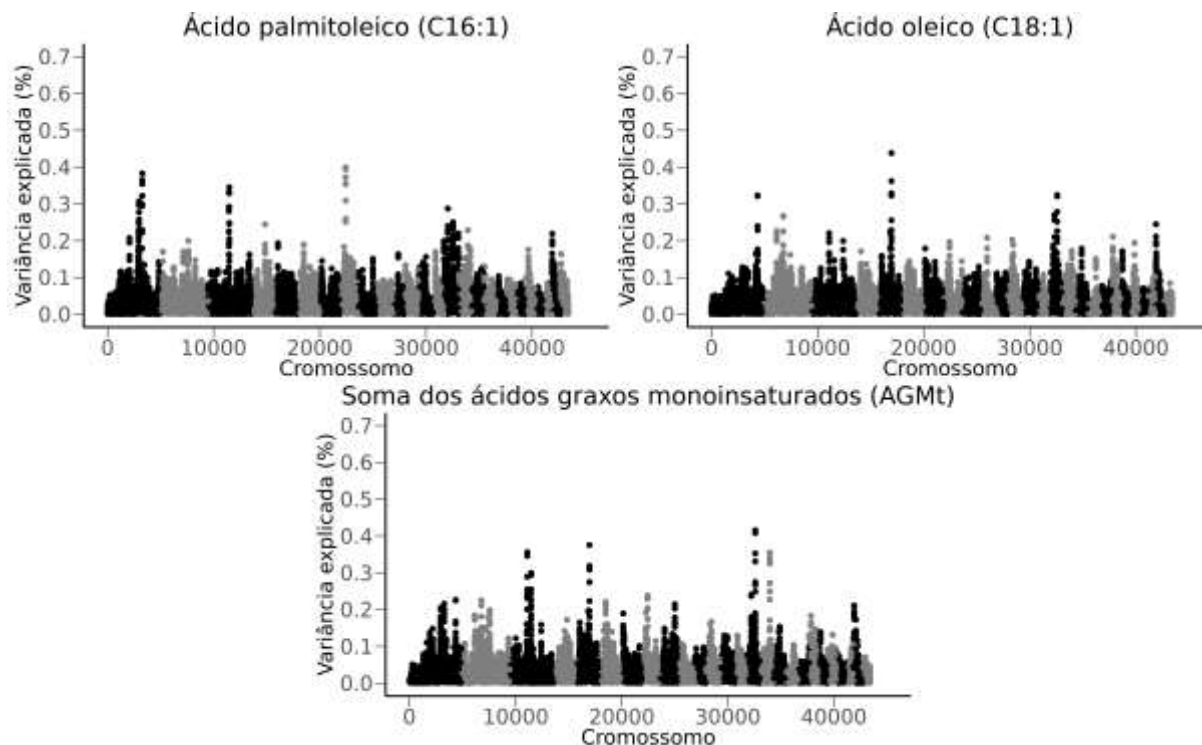
#### **3.3.2.1.2. Ácidos graxos monoinsaturados**

Para os AGM foram encontradas dez diferentes regiões genômicas distribuídas ao longo dos cromossomos 1, 3, 5, 8 e 15, explicando acima de 0,30% da VGa para C16:1, C18:1 e AGMt (Tabela 4 e Figura 5).

**Tabela 4.** Regiões genômicas e genes candidatos associadas ao perfil de ácidos graxos monoinsaturados do músculo *Longissimus dorsi* de ovinos da raça Santa Inês

Ácido graxo	Região	VGa	Genes Candidatos
C18:1	1:247008204-247578979	0,32	<i>COPB2</i>
	5:69713533-70306809	0,44	-
	15:52894279-53729913	0,32	<i>DGAT2</i>
	1:168328606-168777508	0,31	<i>ALCAM</i>
C16:1	1:185195800-185614760	0,38	<i>PARP14</i>
	3:107809276-108146152	0,33	<i>TPH2, TRHDE</i>
	3:109215221-109694971	0,34	-
	8:28651040-29263838	0,40	<i>FOXO3, OSTM1</i>
AGMt	3:109215221-109694971	0,30	-
	3:88827198-89234916	0,36	-
	5:69713533-70306809	0,38	-
	15:52894279-53729913	0,42	<i>DGAT2</i>

**VGa** = porcentagem da variância genética aditiva explicada; **C18:1** = ácido oleico; **C16:1** = ácido palmitoleico; **AGMt** = soma dos ácidos graxos monoinsaturados totais.



**Figura 5.** Gráfico do tipo Manhattan com a proporção da variância genética aditiva explicada pelas regiões genômicas formadas por 10 SNPs adjacentes para os ácidos graxos monoinsaturados no músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.

Para o ácido C18:1 foram encontradas 3 regiões genômicas em cromossomos diferentes. A primeira região foi observada no cromossomo 1 a 24 Mb e o gene candidato detectado foi *COPB2* (coatamer protein complex subunit beta 2). O gene *COPB2* tem papel essencial na membrana de Golgi (GO:0000139) e vias metabólicas relacionadas ao transporte de colesterol e esfingolipídio do complexo de Golgi e do retículo endoplasmático para a membrana plasmática na região (GO:0006888). As balsas lipídicas são regiões especializadas da membrana celular, sendo compostas por colesterol e esfingolipídios, e têm sido relacionadas ao tráfego de membrana e sinalização celular em células de mamíferos (Bagnat et al., 2000; Calder e Yaqoob, 2007).

Na segunda região localizada no cromossomo 5 a 69 Mb não foram encontrados genes candidatos associados ao C18:1. A região do cromossomo 15 a 52,89 Mb teve sobreposição com a região do ácido C18:0 (cromossomo 15 a 52,85 Mb), apresentado um gene candidato em comum (*DGAT2*). Este gene comum pode ser atribuído ao fato de C18:0 ser precursor de C18:1, pelo processo de dessaturação (Drackley, 2000), adicionalmente, na literatura estudos relatam correlação genéticas significativas entre e C18:1 e C18:0 para o perfil de ácidos graxos em carne de bovinos (Inoue et al., 2011; Ekine-Dzivenu et al., 2014), tornando pertinente o gene candidato *DGAT2* ser correlacionado a estes dois ácidos graxos.

Foram encontradas quatro regiões genômicas associadas ao ácido C16:1 nos cromossomos 1, 3 e 8. A região do cromossomo 1 a 185 Mb foi comum entre os ácidos C16:0 e C16:1, portanto, o mesmo gene candidato foi detectado (*PARP14*). Foram encontradas duas regiões do cromossomo 3 a 107,8 e 109 Mb associadas ao ácido C16:1, no entanto na primeira não foram identificados genes candidatos. A segunda região também foi associada ao AGSt e C16:0, portanto os mesmos genes foram identificados como candidatos (*TPH2* e *TRHDE*). Devido C16:0 ser precursor do ácido C16:1 (Drackley, 2000) e ser relacionado ao AGSt, é esperado que hajam mecanismos genéticos comuns entre estes parâmetros do perfil dos ácidos graxos.

Na região do cromossomo 8 a 28 Mb foram identificados dois genes candidatos, *FOXO3* (*forkhead box O3*) e *OSTM1* (*osteopetrosis associated transmembrane protein 1*). O gene *FOXO3* está envolvido em funções relacionadas a apoptose através da expressão de genes necessários para a morte celular. Os ácidos graxos, sejam insaturados ou saturados, têm papel essencial em diversos

processos de apoptose de células como: hepatócitos (Mei et al., 2011) e células  $\beta$  (Shimabukuro et al., 1998). Os metabolitos dos ácidos graxos oriundos da ciclo-oxigenase, lipoxigenase e citocromo P450 estão implicados em aspectos essenciais da sinalização celular, incluindo a indução da morte celular programada (Tang et al., 2002). O gene *FOXO3* foi associado a longevidade em humanos (Morris et al., 2015), deposição de lipídios no músculo de ratos (Xiang, 2011), ao metabolismo de carboidratos em frangos (Sibut et al., 2011), gordura intramuscular em bovinos (Ramayo-Caldas et al., 2014) e *turnover* nas células mamárias de ovelhas (Colitti e Farinacci, 2009).

O gene *OSTM1* codifica uma proteína envolvida na degradação de proteínas G através da via proteolítica dependente de ubiquitina-proteassoma, estas proteínas têm sido relacionadas na regulação do peso corporal e da função metabólica, hiperinsulinemia, tolerância à glicose e resistência à insulina (Deng et al., 2012). A composição intracelular de ácidos graxos pode afetar o processamento e a degradação de proteínas ligadas a via ubiquitina-proteassoma, e esta pode ser uma abordagem fisiológica comum para o entendimento da regulação a degradação destas proteínas (Ando et al., 2004, 2006). O gene *OSTM1* foi associado ao escore de marmoreio em bovinos da raça Hanwoo (Seong et al., 2016).

Foram encontradas quatro regiões genômicas associadas aos AGMt nos cromossomos 3, 5 e 15, sendo duas comuns ao C18:1 (cromossomo 5 a 69 Mb e cromossomo 15 a 52,89 Mb), e uma comum ao C16:1 (cromossomo 3 a 109 Mb). Deste modo, ocorrendo genes candidatos apenas para a primeira região (*DGAT2*). No cromossomo 1 a 168 Mb foi encontrado o gene *ALCAM* (*activated leukocyte cell adhesion molecule*), o qual codifica a molécula de adesão de leucócito ativado, ligados aos processos de adesão e migração celular (GO:0007155), reposta imune adaptativa (GO:0002250) e sinapse imunológica (GO:0001772). Evidências indicam que os ácidos graxos insaturados de cadeia longa e os seus metabolitos se ligam e ativam receptores de *PPARs*, estes fortemente ligados aos medidores dos processos imunológicos (Hwang, 2000). Adicionalmente, os níveis de lipídios no plasma sanguíneo podem ter influência direta sobre a imunidade adaptativa (Yang et al., 2002). Outra região foi observada no cromossomo 3 a 88 Mb sem genes candidatos associados.

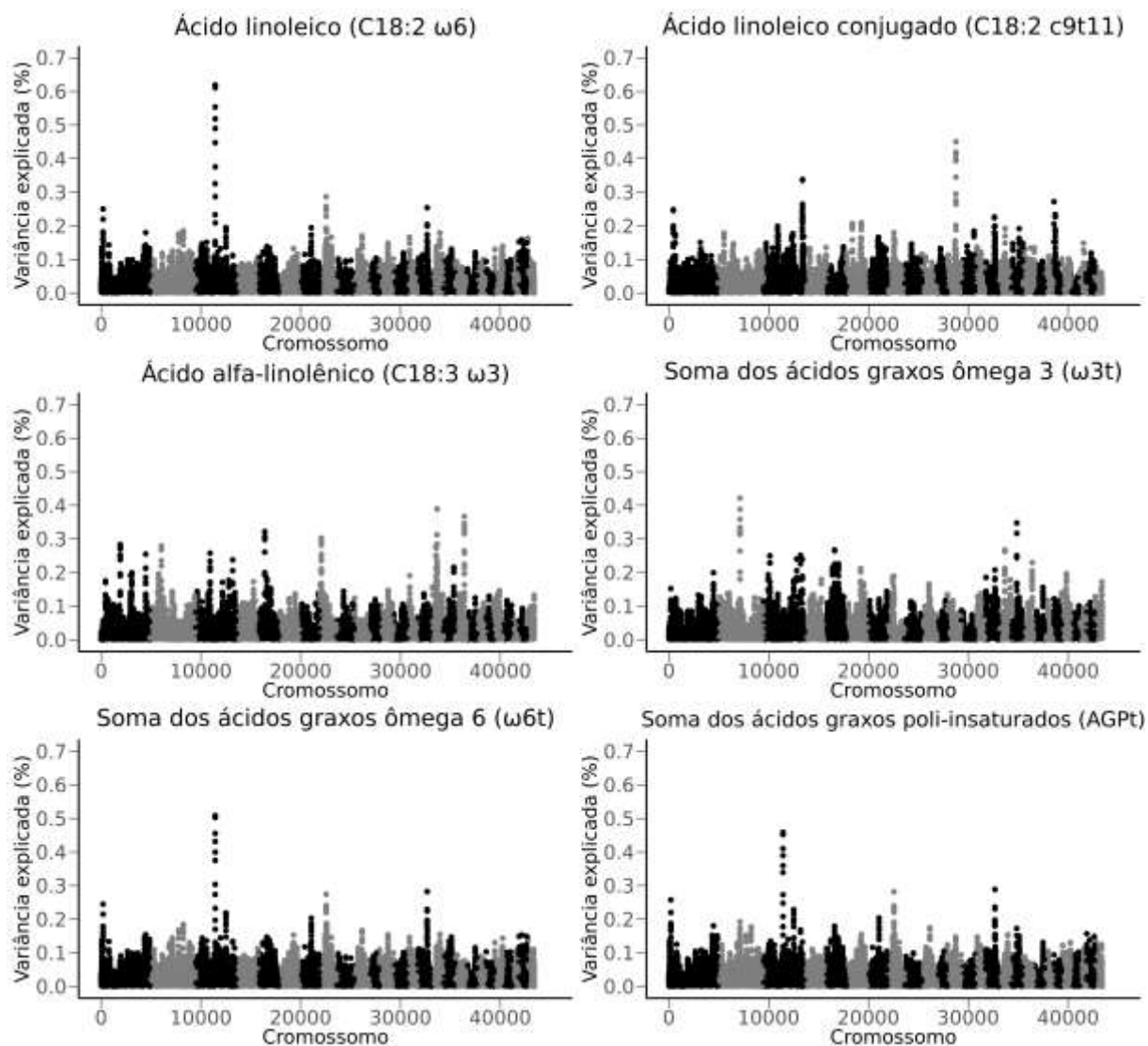
### 3.3.2.1.3. Ácidos graxos poli-insaturados

Onze diferentes regiões genômicas foram observadas para C18:3  $\omega$ 3, C18:2  $\omega$ 6, CLAcis,  $\omega$ 6t,  $\omega$ 3t e AGPt, distribuídos ao longo de oito cromossomos que explicaram acima de 0,30% da variância genética aditiva (Tabela 5 e Figura 6).

**Tabela 5.** Regiões genômicas e genes candidatos associadas ao perfil de ácidos graxos poli-insaturados do músculo *Longissimus dorsi* de ovinos da raça Santa Inês

Ácido graxo	Região	VGa	Genes Candidatos
C18:2 $\omega$ 6	3:107809276-108146152	0,62	<i>TPH2, TRHDE</i>
	8:35511823-35833234	0,30	-
C18:3 $\omega$ 3	5:35136857-35559907	0,32	<i>TNFAIP8</i>
	8:10032564-10601751	0,30	<i>UBE3D, ME1</i>
	16:32987534-33510366	0,39	<i>PLCXD3, C6, C7</i>
	18:55048766-55542400	0,37	<i>CCDC88C, FBLN5</i>
CLAcis	3:212363790-212692333	0,34	<i>CACNA1C</i>
	12:49048350-49840917	0,45	-
$\omega$ 3t	2:122297721-123158012	0,42	-
	16:33207525-33550464	0,30	<i>C6, C7</i>
$\omega$ 6t	3:107809276-108146152	0,51	<i>TPH2, TRHDE</i>
	15:58185924-58511281	0,30	-
AGPt	3:107809276-108146152	0,46	<i>TPH2, TRHDE</i>
	8:35511823-35833234	0,30	-
	15:58185924-58511281	0,30	-

**VGa** = porcentagem da variância genética aditiva explicada; **C18:2  $\omega$ 6** = ácido linoleico; **C18:3  $\omega$ 3** = ácido alfa-linolênico; **CLAcis** = ácido linoleico conjugado cis-9 trans-11;  **$\omega$ 3t** = soma dos ácidos graxos ômega 3 totais;  **$\omega$ 6t** = soma dos ácidos graxos ômega 6 totais; **AGPt** = soma dos ácidos graxos poli-insaturados totais.



**Figura 6.** Gráfico do tipo Manhattan com a proporção da variância genética aditiva explicada pelas regiões genômicas formadas por 10 SNPs adjacentes para os ácidos graxos poli-insaturados no músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.

Para o ácido C18:2  $\omega$ 6, foram encontradas duas regiões em diferentes cromossomos. Uma destas regiões foi comum ao ácido C16:1 e AGSt (cromossomo 3 a 107,8 Mb) e sobreposta ao ácido C16:0 (107,7), deste modo, os mesmos genes candidatos foram observados (*TPH2* e *THRDE*). Na região do cromossomo 8 a 35 Mb, não foram encontrados genes candidatos.

Para C18:3  $\omega$ 3 foram encontradas quatro regiões genômicas nos cromossomos 5, 8, 16 e 18. Na região do cromossomo 5 a 35 Mb o gene candidato observado foi o gene *TNFAIP8* (*tumor necrosis factor, alpha-induced protein 8*). Em humanos esse gene foi confirmado ser importante para a manutenção da



homeostase imune, e adicionalmente por ser um regulador da apoptose, desempenha um papel importante na oncogênese de diversos tipos de cânceres (Lou e Liu, 2011).

Na região localizada no cromossomo 8 a 10 Mb foram encontrados dois genes candidatos *UBE3D* (*ubiquitin-protein ligase E3D*) e *ME1* (*malic enzyme 1*). O *UBE3D* a partir de enzimas de conjugação de ubiquitina E2 específicas transfere a ubiquitina para substratos, promovendo, geralmente, a sua degradação pelo proteassoma. Em termos gerais, a função da via ubiquitina-proteassoma pode ser regulada fisiologicamente, pelo menos em parte, pelos ácidos graxos (C16:0 e C18:2) dentro das membranas celulares (Ando et al., 2004). O gene *UBE3D* foi associado com o teor dos ácidos graxos C10:0 e C12:0 no leite em bovinos da raça holandês (Li et al., 2014a).

O *ME1* por sua vez foi envolvido ao sistema de transporte de tricarboxilato que produz NADPH e acetil-CoA, componentes necessários na biossíntese de ácidos graxos (Vidal et al., 2006). O *ME1* apresentou-se também associado ao pH muscular e espessura de gordura em suínos da raça Landrace (Vidal et al., 2006; Corominas et al., 2013), gordura intramuscular em ovinos e bovinos (Guo et al., 2014).

No cromossomo 16 a 32 Mb foram detectados os seguintes genes candidatos associados ao ácido C18:3  $\omega$ 3: *PLCXD3* (*phosphatidylinositol specific phospholipase C X domain containing 3*), *C6* (*complement C6*) e *C7* (*complement C7*). O gene *PLCXD3* está relacionado à fosfolípases, um grupo de enzimas que hidrolisam os fosfolípidos em ácidos graxos e outras moléculas lipofílicas (GO:0016042). Este gene foi relacionado a gordura intramuscular e gordura subcutânea em suínos da raça Duroc (Kim et al., 2015).

O *C6* e *C7*, genes relacionados ao complexo de ataque à membrana (MAC - *Membrane Attack Complex*) (GO:0005579), desempenham papel chave na resposta imune inata e adquirida (GO:0045087), ao auxiliar nas respostas inflamatórias contra infecções (Würzner, 2003). Estes genes foram associados ao índice de incidência de mastite clínica em vacas primíparas da raça holandês (Tiezzi et al., 2015). Observa-se que os lipídios, especialmente os ácidos graxos poli-insaturados  $\omega$ 3, tem grande influência na resposta imunológica (Miles e Calder, 2012). Os ácidos graxos  $\omega$ 3 influenciam os processos de ativação das células inflamatórias desde a transdução

de sinal até à expressão de proteínas, envolvendo até mesmo efeitos a nível genômico (Grimm et al., 2002).

Na região do cromossomo 18 a 55 Mb, relacionado ao C18:3  $\omega$ 3, os genes candidatos foram *CCDC88C* (*coiled-coil domain containing 88C*) e *FBLN5* (*fibulin-5*). O *CCDC88C* foi descrito como um regulador negativo da via de sinalização Wnt (GO:0016055). Como descrito anteriormente, a via de sinalização Wnt exerce importantes funções biológicas. O *FBLN5* fornece instruções para a síntese da proteína fibulina-5, a qual está presente na matriz extracelular e desempenha um papel essencial na montagem de fibras elásticas que fornecem força e flexibilidade ao tecido conjuntivo. Este gene também exerce um importante efeito pleiotrópico juntamente com o gene *DGAT1* em bovinos leiteiros da raça holandês (Mach et al., 2012).

Para o CLAcis foram encontradas duas regiões genômicas nos cromossomos 3 e 12. Na região do cromossomo 3 a 212 Mb o gene candidato identificado foi o gene *CACNA1C* (*calcium voltage-gated channel subunit alpha1 C*). O *CACNA1C* pertence a uma família de genes que fornecem instruções para construir os canais de cálcio (GO:0005891). Estes canais transportam átomos de cálcio (íons de cálcio) carregados positivamente em células, e desempenham um papel chave na capacidade de uma célula gerar e transmitir sinais elétricos. Ácidos graxos de cadeia longa (C18:1, C18:2  $\omega$ 6, C18:3  $\omega$ 3, C16:0, C18:0 e CLA) estão envolvidos nos processos de ativação dos canais de cálcio, possivelmente atuando em alguns locais de ligação lipídica perto destes canais ou diretamente sobre a própria proteína do canal (Huang et al., 1992; Xiao et al., 1997; Murphy et al., 2006). O gene *CACNA1C* mostrou associação com as características de maciez e suculência em bovinos da raça Charolês (Bernard et al., 2007) e deposição de lipídios em suínos da raça Duroc (Cánovas et al., 2010). Existem várias explicações possíveis sobre efeito dos ácidos graxos sobre a maciez e suculência da carne, os lipídios podem exercer efeito físico na separação de feixes de fibras musculares, iniciando deste modo o processo tenderização por meio da expansão da estrutura muscular (Wood et al., 2004, 2008). Os lipídios também podem capturar a umidade presente no músculo, o que conseqüentemente pode melhorar a suculência da carne (Wood et al., 2004). Na região do cromossomo 12 a 49 Mb não foram observados genes candidatos relacionados ao CLAcis.

Para a característica  $\omega 6t$  duas regiões genômicas foram observadas e explicaram acima de 0,30% da variância genética aditiva. Uma destas regiões foi comum ao AGP individual C18:2  $\omega 6$ , no cromossomo 3 a 107 Mb, e os mesmos genes candidatos foram encontrados (*TPH2* e *TRHDE*). Na região do cromossomo 15 a 58 Mb não foram encontrados genes candidatos. Duas regiões genômicas foram associadas a  $\omega 3t$  em dois diferentes cromossomos. A região do cromossomo 16 a 33 Mb foi sobreposta a região genômica associada ao C18:3  $\omega 3$  (cromossomo 16 a 32 Mb) e dois genes candidatos comuns foram observados (*C6* e *C7*). Na região do cromossomo 2 a 122 Mb não foram identificados genes candidatos. Para AGPt foram observadas três regiões genômicas sendo comuns ao C18:2  $\omega 6$  e  $\omega 6t$  foram observadas, deste modo o GWAS foi consistente com os resultados apresentados, em que as mesmas regiões foram associadas com outras características de AGP.

#### 3.3.2.1.4. Razões $\omega 6t/\omega 3t$ e AGPt/AGSt

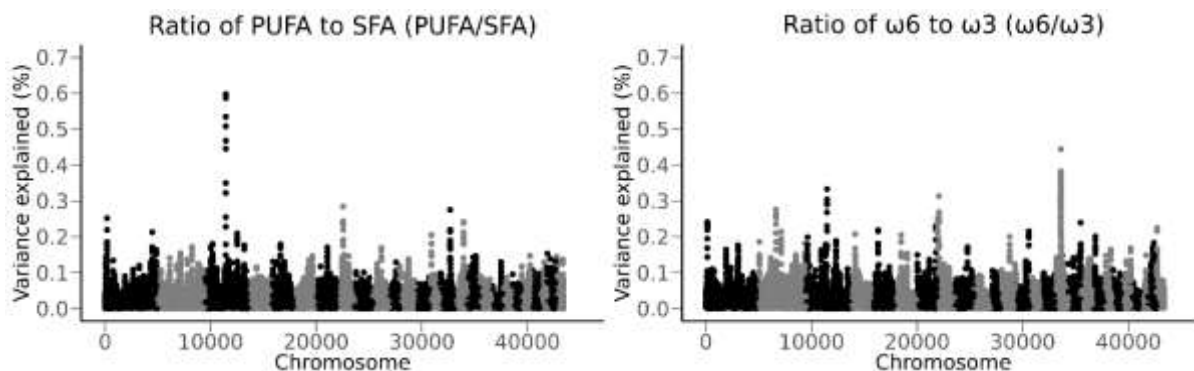
Seis regiões genômicas foram observadas para a razão  $\omega 6t/\omega 3t$ , localizadas nos cromossomos 3, 8 e 16, as quais explicaram acima de 0,30 da VGa. Enquanto que foi observada apenas uma região genômica para a razão AGPt/AGSt no cromossomo 3 (Tabela 6 e Figura 7).

**Tabela 6.** Regiões genômicas e genes candidatos associadas as razões  $\omega 6t/\omega 3t$  e AGPt/AGSt do músculo *Longissimus dorsi* de ovinos da raça Santa Inês

Característica	Região	VGa	Genes Candidatos
$\omega 6t/\omega 3t$	3:109215221-109694971	0,33	-
	8:10032564-10601751	0,31	<i>UBE3D, ME1</i>
	16:28050501-28436992	0,38	-
	16:29245079-29691641	0,44	-
	16:30002131-30349083	0,38	<i>MRPS30</i>
AGPt/AGSt	3:107809276-108146152	0,60	<i>TPH2, TRHDE</i>

VGa = porcentagem da variância genética aditiva explicada; AGPt/AGSt = razão entre AGPt e AGSt;

$\omega 6t/\omega 3t$  = razão entre  $\omega 6t$  e  $\omega 3t$ .



**Figura 7.** Gráfico do tipo Manhattan com a proporção da variância genética aditiva explicada pelas regiões genômicas formadas por 10 SNPs adjacentes para as razões AGPt/AGSt e  $\omega 6t/\omega 3t$  no músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.

Para a razão  $\omega 6t/\omega 3t$  apenas para as regiões do cromossomo 8 a 10 Mb e cromossomo 16 a 30 Mb foram observados genes candidatos. A região do cromossomo 8 foi comum ao C18:3  $\omega 3$ , deste modo, os mesmos genes candidatos foram observados (*UBE3D*, *M1*). Esse resultado é esperado uma vez que o C18:3  $\omega 3$  é um dos ácidos  $\omega 3$  mais abundantes, e conseqüentemente, está diretamente envolvido  $\omega 6t/\omega 3t$ . A região do cromossomo 16 foi comum ao C14:0, portanto, o mesmo gene candidato foi observado (*MRPS30*) sugerindo que talvez haja correlação genética com algum outro ácido graxo poli-insaturado que não foi aqui abordado individualmente. Contudo essa correlação pode ser positiva ou até mesmo antagônica.

Para a razão AGPt/AGSt foi encontrada apenas uma região no cromossomo 3 a 107,8 Mb, comum a diversos parâmetros do perfil de ácidos graxos (C16:0, C16:1, AGPt, AGSt, C18:2  $\omega 6$  e  $\omega 6t$ ). Uma vez que a razão AGPt/AGSt utiliza todos estes parâmetros em seu cálculo, o resultado está dentro do esperado.

### 3.3.2.2. Qualidade de carne

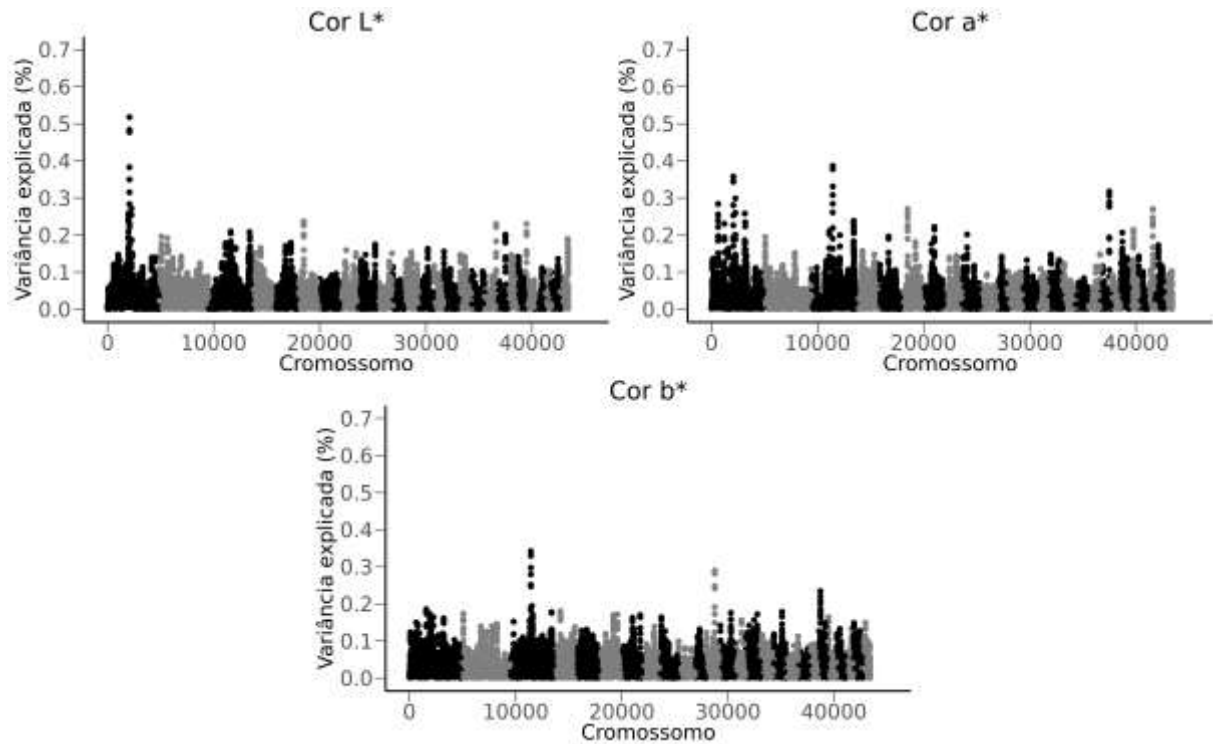
Para as características de qualidade de carne foram encontradas 15 diferentes regiões genômicas com 10 SNPs adjacentes que explicaram acima de 0,30% das variações genéticas aditivas para identificar possíveis regiões de QTL, e foram indentificados 10 diferentes genes candidatos. As regiões observadas tinham tamanho variando entre 284.567 e 1.248.968 Kb, os quais estão descritas na Tabela

7. Gráficos do tipo Manhattan, contendo a variância explicada pelas regiões genômicas estão ilustrados nas figuras 8 e 9. Estas regiões estão distribuídas ao longo de seis diferentes cromossomos: 1, 2, 3, 12, 15 e 19.

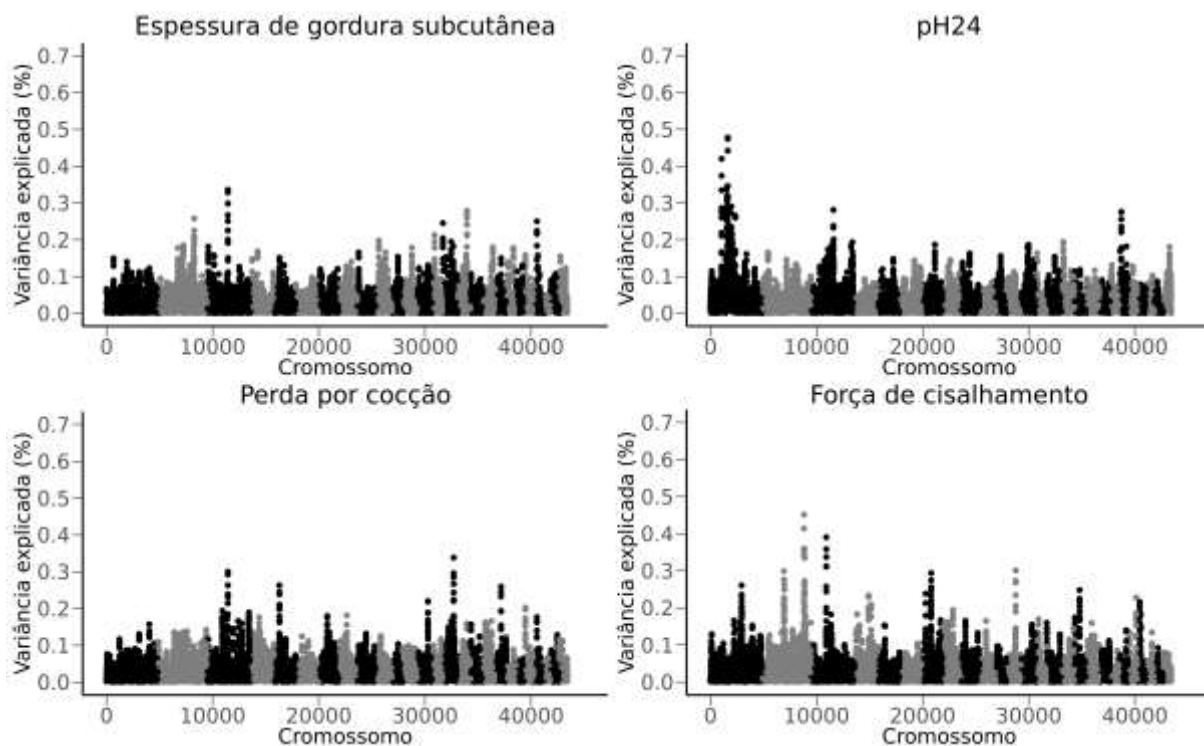
**Tabela 7.** Regiões genômicas e genes candidatos associadas a característica de qualidade de carne do músculo *Longissimus dorsi* de ovinos raça Santa Inês.

Característica	Região	VGa (%)	Genes Candidatos
Cor a*	1:116137683-116664219	0,36	-
	1:127154998-127593454	0,30	<i>ADAMTS5</i>
	19:51324722-51865139	0,32	<i>CDC25A</i>
	3:107748212-108088562	0,39	<i>TRHDE</i>
Cor b*	12:49048350-49840917	0,30	-
	3:107748212-108088562	0,34	<i>TRHDE</i>
Cor L*	1:116137683-116664219	0,52	-
EGS (mm)	3:107809276-108146152	0,34	<i>TPH2, TRHDE</i>
FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	12:49048350-49840917	0,30	-
	2:110267094-110733324	0,30	<i>NEK1</i>
	2:210832067-211289315	0,45	<i>ACADL, MYL1, CPS1</i>
	2:214163244-215412212	0,36	-
	3:79360182-79756552	0,39	<i>CAMKMT</i>
PPC (%)	15:59549787-59834354	0,34	-
	3:107809276-108146152	0,30	<i>TRHDE</i>
pH <sub>24</sub>	1:60229878-60686673	0,42	<i>TLL7</i>
	1:84757664-85463523	0,34	-
	1:88007267-88364295	0,34	-
	1:90972408-91659696	0,48	-

**VGa**= porcentagem da variância genética aditiva explicada; **EGS** = espessura de gordura subcutânea; **PPC** = perda por cocção; **pH<sub>24</sub>** = pH final 24 horas após o abate; **FC** = força de cisalhamento; **Cor \*L**= luminosidade; **Cor \*a** = teor de vermelho; **cor \*b** = teor de amarelo.



**Figura 8.** Gráfico do tipo Manhattan com a proporção da variância genética aditiva explicada pelas regiões genômicas formadas por 10 SNPs adjacentes para as características de cor no músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.



**Figura 9.** Gráfico do tipo Manhattan com a proporção da variância genética aditiva explicada pelas regiões genômicas formadas por 10 SNPs adjacentes para as características qualidade de carne no músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.

Para as características de cor  $a^*$ ,  $b^*$  e  $L^*$  foram encontradas sete regiões genômicas localizadas nos cromossomos 1, 3, 12 e 19. Para o parâmetro de cor  $a^*$  foram encontradas quatro regiões genômicas que explicaram entre 0,30% e 0,39% da VGa. Nas regiões do cromossomo 1 a 116 Mb não foram encontrados genes candidatos. Enquanto na região do cromossomo 1 a 127 Mb o gene candidato encontrado foi *ADAMTS5* (*ADAM metalloproteinase with thrombospondin type 1 motif 5*). Este gene codifica uma proteína membro da família *ADAMTS* (*a disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs*), a qual desempenha papel fundamental na matriz extracelular, estando fortemente ligada fatores de crescimento, proliferação, diferenciação, migração e apoptose no tecido muscular (Seals e Courtneidge, 2003). Anotações GO relacionam estes genes ao espaço extracelular (GO:0005615) e proteólise (GO:0006508). Na literatura o gene *ADAMTS5* foi associado com características de maciez de carne em bovinos da raça Nanyang (Zhang et al., 2013b).

Para a região do cromossomo 19 a 51 Mb o gene associado com o parâmetro  $a^*$  foi *CDC25A* (*cell division cycle 25A*). O *CDC25A* está relacionado a

quiescência do ciclo celular e proliferação celular e diferenciação muscular (Sarkar et al., 2010; Luo et al., 2013b). Em caprinos da raça Jianzhou este gene foi associado ao desenvolvimento do músculo *Longissimus dorsi* em indivíduos na fase pré-natal (Guo et al., 2016).

Os genes *CDC25* e *ADAMTS5* são potenciais genes candidatos para características de cor, pois diferenças estruturais, funcionais e metabólicas das fibras do tecido muscular, fatores relacionados a estes genes, são responsáveis pela coloração no músculo e na carne (Dransfield e Sosnicki, 1999b; Savell et al., 2005; Feiner, 2006). A região do cromossomo 3 a 107,7 Mb, foi a mesma para algumas características de perfil ácidos graxos abordadas anteriormente (Tabela 3, 4, 5 e 6), nesta região o gene candidato identificado foi o *TRHDE*. Para o parâmetro b\* foram observadas duas regiões genômicas associadas nos cromossomos 3 e 12. No cromossomo 3 a 107,7 Mb, comum a cor a\*, o mesmo gene candidato foi observado (*THRDE*). Na região do cromossomo 12 a 49 Mb não foram identificados genes candidatos associados ao parâmetro de cor b\*.

Para o parâmetro de cor L\* foi encontrada a região genômica no cromossomo 1 a 116 Mb, comum a cor a\*, onde nenhum gene candidato foi identificado. Essas regiões genômicas sobrepostas entre os parâmetros de cor a\* e b\* (cromossomo 3 a 107,7 Mb) e entre a\* e L\* (cromossomo 1 e 116 Mb) eram esperadas, uma vez que existe correlação genética entre esses parâmetros de cor de carne (Gaya et al., 2006b; Ekine-Dzivenu et al., 2014).

Para a característica de espessura de gordura subcutânea, foi encontrada uma região genômica, e novamente foi observada a região do cromossomo 3 a 107,8 Mb, onde os genes associados foram o *TRHDE* e *TPH2*. Genes estes associados anteriormente com características de ácidos graxos (C16:0, AGSt, C16:1, C18:2 ω6, ω6t e AGPt). Para a característica de FC foram encontradas cinco regiões genômicas explicando entre 0,30 a 0,45% da VGa. Nos cromossomos 2 a 214 Mb e 12 a 49 Mb não foram encontrados genes candidatos, já na região do cromossomo 2 a 110 Mb foi observado o gene *NEK1* (*NIMA Related Kinase 1*). A proteína codificada por este gene é uma quinase serina-treonina envolvida na regulação do ciclo celular (Fry et al., 2012). Na literatura, o *NEK1* foi associado a alta massa muscular em ratos (Kärst et al., 2011).



Adicionalmente, anotações de GO relacionadas com este gene incluem a atividade da proteína quinase (GO:0004672), ligação à proteínas (GO:0005515) e fosforilação de proteínas (GO:0006468). Deste modo, o gene *NEK1* por estar relacionado a componentes musculares, parâmetros relacionados a estruturação muscular que estão relacionados a maciez da carne, se torna um importante gene candidato para a força de cisalhamento.

Os genes *ACADL* (*acyl-CoA dehydrogenase*), *MYL1* (*myosin light chain 1*) e *CPS1* (*Carbamoyl-Phosphate Synthase 1*) foram os genes candidatos associados a força de cisalhamento no cromossomo 2 a 210 Mb. O *ACADL* codifica a proteína que pertence à família *acil-CoA* desidrogenase, que é uma família de flavoenzimas mitocondriais envolvidas no metabolismo de ácidos graxos e aminoácidos de cadeia ramificada (Lea et al., 2000). O *ACADL* foi associado ao volume de gordura em suínos da raça Rongchang (Jiang et al., 2014) e cruzados (Corominas et al., 2013), além de gordura intramuscular em ratos (Kärst et al., 2011), e marmoreio em bovinos da raça Hanwoo (Seong et al., 2016). Uma vez que os lipídios estão relacionados a maciez da carne o gene *ACADL* torna-se um interessante gene a ser estudado.

O gene *MYL1* codifica para uma miosina alcalina de cadeia leve a qual é expressa no músculo esquelético de contração rápida (Fontanesi et al., 2000). Estudos relataram que a liberação da *MYL1* fração miofibrilar durante o processo *postmortem* é um potencial indicador de maciez da carne de bovinos (Anderson et al., 2012). As anotações de GO relacionadas com este gene incluem contração muscular (GO:0006936), ligação de íon cálcio (GO:0005509), componente estrutural do músculo (GO:0008307) e sarcômero (GO:0030017). O aumento do cálcio no citoplasma pode ocorrer devidos a falha do retículo sarcoplasmático em sequestrar o cálcio citoplasmático, e o equilíbrio de cálcio é potencialmente um fator importante na ativação de enzimas tais como as calpaínas, essenciais para o amaciamento da carne durante o *rigor mortis* (Hwang et al., 2003). Adicionalmente, este gene *MYL1* foi associado à maciez de carne em bovinos Charolês (Guillemin et al., 2011a, 2011b) e suínos cruzados (Large-White X Landrace) (Hamill et al., 2012).

O gene *CPS1* codifica a enzima mitocondrial responsável pela catalise da síntese de fosfato de carbamoíla a partir de amônia e bicarbonato e está relacionado a remoção do excesso de ureia presente nas células (Liu et al., 2011). As anotações de GO relacionadas com este gene incluem ligação de íons cálcio (GO:0005509), ligação de fosfolipídios (GO:0005543) e proteólise (GO:0006508). Durante o

processo de maturação da carne o sistema proteolítico (degradação das miofibrilas musculares) afeta todas as proteínas musculares tendo impacto direto sobre a maciez final da carne (Purchas et al., 2002; Hwang et al., 2004). Sendo necessários também íons de cálcio para ativação dos sistemas proteolíticos (Koochmaraie e Geesink, 2006). Este gene foi relacionado a gordura intramuscular em ratos (Kärst et al., 2011), metabolismo de lipídios em suínos chineses (Liu et al., 2012), associado a carne DFD (*dark, firm, dry*) em bovinos da Rubia Gallega (Franco et al., 2015). Tornando, deste modo, o gene *CPS1* um interessante gene candidato a ser estudado para a característica de força de cisalhamento.

O *CAMKMT* é um interessante gene candidato, pois participa no ciclo e desenvolvimento celular, regulando a produção de calmodulina, que é uma proteína relacionada a regulação do cálcio celular, que por sua vez está diretamente relacionado a maciez da carne (Koochmaraie e Geesink, 2006; Magnani et al., 2010). O gene *CAMKMT* já foi associado significativamente com ganho pós-desmame em ovinos da raça Ujumqin por Ma et al. (2016) e cruzados por Zhang et al. (2013a) e maciez em suínos compostos Nonneman et al. (2013).

Para a característica de perda por cocção foram encontradas duas regiões nos cromossomos 3 e 15. Novamente a região do cromossomo 3 107,8 Mb foi associada ao gene candidato *TRHDE*. Na região do cromossomo 15 a 59 Mb não foram encontrados genes candidatos associados a PPC. Enquanto que para a característica de pH<sub>24</sub> foram encontradas quatro regiões genômicas todas no cromossomo 1. Na região 60 Mb foi detectado o gene candidato *TTL7* (*tubulin tyrosine ligase like 7*). As anotações de GO relacionadas ao gene *TTL7* incluem atividade de poliglutamilação de proteínas (GO:0018095) e diferenciação celular (GO:0030154). Este gene torna-se interessante pois já foi relacionado a características de pH e coloração de carne em suínos cruzados (Zhang et al., 2015) e gordura subcutânea em suínos de origem coreana (Lee et al., 2011). Nas demais regiões do cromossomo 1 não foram encontrados genes candidatos associados a característica de pH<sub>24</sub>.

No geral, o gene candidato *TRHDE* esteve relacionado à diversas características de qualidade de carne: cor a\*, cor b\*, espessura de gordura e perda por cocção. Na literatura, alguns trabalhos reportaram importantes correlações genéticas entre estas características de qualidade de carne (Hopkins e Fogarty,

1998; Gaya et al., 2006a; Greeff et al., 2008; Mortimer et al., 2014). E adicionalmente, o *TRHDE* está relacionado à diversas funções moleculares, processos biológicos e componentes celulares. Alguns termos do GO associados à este gene são: processos como a ligação de íon de zinco (GO:0008270), proteólise (GO:0006508), atividade da aminopeptidase (GO:0004177), ligação peptídica (GO:0042277), atividade de metalo-aminopeptidase (GO:0070006) e processo catabólico peptídico (GO:0043171).

As características de qualidade da carne no processo *postmortem* são, geralmente, relacionadas a degradação da estrutura miofibrilar do músculo por enzimas proteolíticas endógenas, envolvendo peptidases que incluem calpains, catepsinas, proteasomas, caspasas, metalopeptidases de matriz e peptidases de serina (Sentandreu et al., 2002). A atividade proteolítica tem grande influência afetando não só a maciez como também a característica de cor (Dransfield e Sosnicki, 1999a; Kristensen et al., 2002). A estabilização da cor na carne é atribuída a velocidade da atividade proteolítica no músculo (Frébort e Pec, 1993).

Adicionalmente, o pH final também pode afetar significativamente a ação da atividade proteolítica, conseqüentemente, afetando parâmetros de qualidade da carne, incluindo a cor, a capacidade de retenção de água e maciez (Joo et al., 2013; Li et al., 2014b). Enquanto, a função de ligação de íons metálicos está intimamente relacionada com o músculo esquelético e processos oxidativos que estão intimamente ligadas a estas características de qualidade de carne (Bekhit et al., 2013). Portanto, é coerente que o gene *TRHDE* esteja relacionado a diversas características de qualidade de carne uma vez que está envolvido em diversos processos chaves ligados a expressão destas características.

### **3.3.3. Estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos**

#### **3.3.3.1. Herdabilidades**

A herdabilidade ( $h^2$ ) mede a proporção da variância fenotípica total de uma determinada característica, de uma população, devido o efeito genético aditivo. Em outras palavras, pode ser definida como a proporção herdável da variabilidade fenotípica total (Falconer e Mackay, 1996). A herdabilidade pode variar de 0,00 a

1,00, valores maiores indicam maior contribuição genética associada as diferenças fenotípicas de uma população. As herdabilidades podem ser baixas, com intervalos entre 0,00 e 0,14, moderadas, com intervalos entre 0,15 e 0,29, e altas acima de 0,30. As características que possuem herdabilidade de moderada a alta são as características capazes de responder ao processo seleção genético.

### 3.3.3.1.1. Perfil de ácidos graxos

As estimativas de herdabilidade genômica do perfil de ácidos graxos estão descritos na Tabela 8.

**Tabela 8.** Herdabilidades ( $h^2$ ) genômicas para as características de perfil de ácidos graxos do músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.

Característica	VGa	Ve	Vt	$h^2$
Míristico (C14:0)	0,11	0,13	0,24	0,44
Palmítico (C16:0)	0,95	2,84	3,79	0,25
Esteárico (C18:0)	2,63	6,18	8,81	0,30
Palmitoleico (C16:1)	0,01	0,03	0,05	0,30
Oleico (C18:1)	2,23	5,77	8,00	0,28
Linoleico (C18:2 $\omega$ 6)	0,32	0,88	1,20	0,27
Alfa-linolênico (C18:3 $\omega$ 3)	0,00505	0,00961	0,01466	0,34
CLAcis (C18:2 cis-9trans-11)	0,00590	0,00683	0,01273	0,46
AGSt <sup>4</sup>	4,45	9,44	13,89	0,32
AGMt <sup>5</sup>	3,58	7,98	11,56	0,31
AGPt <sup>6</sup>	0,90	2,35	3,25	0,28
$\omega$ 3t <sup>7</sup>	0,0542	0,0915	0,15	0,37
$\omega$ 6t <sup>8</sup>	0,64	1,77	2,41	0,27
Razão AGPt/AGSt	0,00058	0,00149	0,00207	0,28
Razão $\omega$ 6t/ $\omega$ 3t	6,48	13,27	19,75	0,33
Gordura intramuscular (GIM)	4,56	10,78	15,34	0,30

**VGa** = Variância genética aditiva; **Ve** = Variância residual; **Vt** = Variância total; **AGSt** = Soma dos ácidos graxos saturados totais; **AGMt** = Soma dos ácidos graxos monossaturados totais; **AGPt** = Soma dos ácidos graxos poli-insaturados totais;  **$\omega$ 3t** = Soma dos ácidos graxos ômega 3 totais;  **$\omega$ 6t** = Soma dos ácidos graxos ômega 6 totais.

Na literatura são escassos os trabalhos envolvendo a estimativa de parâmetros genéticos de ácidos graxos em ovinos, até o presente momento apenas um estudo foi encontrado (Karamichou et al., 2006a). Assim, os resultados deste estudo serão também comparados com pesquisas publicadas em bovinos. Em um

contexto geral, as herdabilidades para as características de ácidos graxos variaram de moderadas a altas, de 0,25 a 0,46.

Para este estudo as estimativas dos coeficientes de herdabilidade para os AGS individuais foi alta para C14:0 (0,44), e foram moderadas para C16:0 (0,25) e C18:0 (0,30). Para ovinos da raça *Scottish Blackface* Karamichou et al. (2006a) estimaram herdabilidades moderadas para C16:0 (0,29) e C18:0 (0,24), e baixa para C14:0 (0,14), sendo estas estimativas inferiores as obtidas neste estudo. Na literatura, em bovinos *Bos taurus*, as herdabilidades observadas para os C14:0, C16:0 e C18:0 foram altas e superiores em comparação ao presente estudo, variando entre 0,38 e 0,70 (Nogi et al., 2011; Saatchi et al., 2013; Chen et al., 2015). Enquanto que para bovinos *Bos indicus* as herdabilidades para esses mesmos AGS foram menores variando, entre 0,05 e 0,27 (Cesar et al., 2014; Feitosa et al., 2016; Lemos et al., 2016).

As estimativas de herdabilidade para os AGM C16:1 (0,30) e C18:1 (0,28) foram moderadas no presente estudo. Esses resultados são quase idênticos aos relatados por Karamichou et al. (2006a), 0,31 e 0,27, para os respectivos AGM. Em bovinos *Bos taurus* as herdabilidades encontradas para C16:1 e C18:1 foram altas, variando entre 0,47 e 0,78, sendo superiores aos resultados obtidos neste estudo (Nogi et al., 2011; Saatchi et al., 2013; Chen et al., 2015). Para bovinos *Bos indicus* as herdabilidades observadas variaram entre 0,02 a 0,28, sendo em sua maioria menores em relação ao presente estudo (Cesar et al., 2014; Feitosa et al., 2016; Lemos et al., 2016).

Foram encontradas herdabilidades altas para os AGP C18:3  $\omega$ 3 (0,34) e CLAcis (0,46), e moderada para o AGP C18:2  $\omega$ 6 (0,27). As herdabilidades estimadas por Karamichou et al. (2006a) foram idênticas para C18:3  $\omega$ 3 (0,34), contudo, foram menores para CLAcis (0,30), e C18:2  $\omega$ 6 (0,10), sendo a última com uma diferença mais expressiva. Em bovinos estas herdabilidades apresentaram grande amplitude para os ácidos C18:2  $\omega$ 6 e C18:3  $\omega$ 3, variando de 0,12 a 0,58 e de 0,00 a 0,68, respectivamente (Nogi et al., 2011; Saatchi et al., 2013; Cesar et al., 2014; Chen et al., 2015; Feitosa et al., 2016; Lemos et al., 2016). Em relação ao CLAcis em bovinos as herdabilidades observadas para CLAcis foram bem inferiores ao presente estudo, variando entre 0,04 a 0,16 (Saatchi et al., 2013; Cesar et al., 2014; Chen et al., 2015).

Neste trabalho as estimativas de herdabilidade para AGSt (0,32) e AGMt (0,31) foram altas, e foi moderada para AGPt (0,28). Estes resultados são inferiores aos reportados por Karamichou et al. (2006a), que encontraram herdabilidades acima de 0,40 para essas três características, contudo os resultados são concordantes em dizer que existe efeito genético importante associado a variação fenotípica sobre essas características em ovinos. Em bovinos as herdabilidades para estes parâmetros também apresentaram grande amplitude, variando de 0,11 a 0,66, para AGSt, de 0,10 a 0,68, para AGMt e de 0,08 e 0,40, para AGPt (Nogi et al., 2011; Saatchi et al., 2013; Cesar et al., 2014; Chen et al., 2015; Feitosa et al., 2016; Lemos et al., 2016).

Para as características de  $\omega 6t$  (0,27) e  $\omega 3t$  (0,37) as herdabilidades estimadas neste estudo foram moderada e alta, respectivamente. Essas informações não foram avaliadas em ovinos, deste modo, sendo análises inéditas até o presente momento. Em bovinos, para  $\omega 3t$  e  $\omega 6t$  foram encontradas herdabilidades variando de 0,08 à 0,28 e de 0,15 a 0,34, respectivamente, sendo estas estimativas inferiores ao presente estudo (Saatchi et al., 2013; Cesar et al., 2014; Chen et al., 2015; Feitosa et al., 2016; Lemos et al., 2016).

No presente estudo as magnitudes das herdabilidades estimadas para as razões  $\omega 6t/\omega 3t$  (0,33) e AGPt/AGSt (0,28) foram alta e moderada, respectivamente. Estas características, até o presente momento também nunca foram avaliadas para ovinos. Em bovinos para as razões  $\omega 6t/\omega 3t$  e AGPt/AGSt, novamente foram observadas herdabilidades menores para bovinos *Bos indicus*, de 0,07 a 0,14, e maiores para os *Bos taurus*, de 0,12 a 0,42 (Nogi et al., 2011; Saatchi et al., 2013; Cesar et al., 2014; Feitosa et al., 2016; Lemos et al., 2016).

Em um contexto geral, as herdabilidades dos ácidos graxos indicam que existe grande efeito genético sobre todas as características avaliadas, deste modo, existindo a possibilidade de manipulação destas por meio da seleção. Em comparação a literatura aqui citada, embora as herdabilidades dos ácidos graxos sejam de magnitude diferente entre os estudos, foi possível observar alguma consistência nos resultados, onde maiores estimativas de herdabilidades foram sempre obtidas para C14:0, C16:0, C18:0, C16:1 e C18:1.

### 3.3.3.1.2. Qualidade de carne

As herdabilidades para as características de qualidade de carne variaram de moderadas a altas, não apresentando estimativas inferiores à 0,26 (Tabela 9).

**Tabela 9.** Herdabilidades ( $h^2$ ) genômicas para as características de qualidade de carne do músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.

Característica	VGa	Ve	Vt	$h^2$
Peso inicial (PI)	4,56	10,79	15,35	0,30
Espessura de gordura subcutânea (EGS)	0,16	0,28	0,44	0,36
pH <sub>24</sub>	0,033	0,092	0,13	0,26
Perda por cocção (PPC)	9,69	23,00	32,69	0,30
Força de cisalhamento (FC)	0,12	0,27	0,39	0,31
Cor L* (luminosidade)	4,39	5,46	9,85	0,45
Cor a* (teor de vermelho)	1,33	2,29	3,62	0,37
Cor b* (teor de amarelo)	1,14	1,70	2,84	0,40

**VGa** = Variância genética aditiva; **Ve** = Variância residual; **Vt** = Variância total.

A estimativa de herdabilidade para PI (0,30) foi moderada, sendo esse valor inferior ao observado por Silva e Araújo (2000) (0,53) trabalhando com peso aos 112 dias de idade em uma população de ovinos da raça Santa Inês mestiços. Os resultados, também inferiores aos reportados por Sarmiento et al. (2006) (0,43) e Sousa e Pereira (1999) (0,37), para peso aos 112 dias, ambos trabalhando com ovinos da raça Santa Inês. Os resultados do presente estudo sugerem que existe um grande efeito genético sobre a variação fenotípica de PI.

Neste estudo uma alta herdabilidade foi estimada para EGS (0,36), estimativa próxima a encontrada por Ingham et al. (2007) (0,44) em uma população de ovinos cruzados. Contudo, na literatura a característica de EGS tem sido associada a herdabilidades moderadas para populações de ovinos, variando de 0,20 a 0,30 (Fogarty et al., 2003; Safari et al., 2005; Karamichou et al., 2007; Greeff et al., 2008; Mortimer et al., 2010).

Para a característica pH<sub>24</sub> (0,26) foi estimada herdabilidade moderada, sendo esta semelhante ao resultado observado por Fogarty et al. (2003) (0,27), e superiores aos relatados por Ingham et al. (2007) (0,18) e Greeff et al. (2008) (0,18). Para a característica de FC a herdabilidade estimada foi moderada e idêntica a estimada por Mortimer et al. (2010, 2014). Contudo, uma alta herdabilidade foi

estimada por Karamichou et al. (2006b) (0,39), para esta característica divergindo dos resultados deste estudo.

Neste estudo para as características de cor \*L (0,45), \*a (0,37) e \*b (0,40) foram estimadas altas herdabilidades. Na literatura, no entanto, foram relatadas herdabilidades entre baixas e moderadas, variando de 0,08 a 0,23, de 0,02 a 0,10 e de 0,04 à 0,18 para cor \*L, a\* e b\*, respectivamente (Fogarty et al., 2003; Safari et al., 2005; Karamichou et al., 2006b; Ingham et al., 2007; Greeff et al., 2008; Mortimer et al., 2014). Contudo, as estimativas obtidas por Karamichou et al. (2006b) para as características de cor \*a (0,45) e \*b (0,33) foram mais próximas ao presente estudo, sendo a herdabilidade superior para a primeira e inferior para a segunda.

Para a característica de PPC (0,30) uma herdabilidade moderada foi estimada pelo presente estudo. Contudo, não foi encontrado até o presente momento na literatura estimativas de herdabilidade para PPC em ovinos. No entanto, em outras espécies essa herdabilidade varia de baixa a moderada, com estimativas de 0,04 em bovinos (Tizioto et al., 2013), 0,20 em suínos (Miar et al., 2014) e 0,21 em aves (Gaya et al., 2011).

Os resultados aqui apresentados para as características de qualidade de carne são indicativos que existe efeito genético aditivo importante para todas as características aqui avaliadas, havendo possibilidade de alteração destas por meio da seleção genética.

### **3.3.3.2. Correlações genéticas**

Considerando que as herdabilidades estimadas para o perfil de ácidos graxos neste estudo foram altas, as correlações genéticas se tornam uma importante ferramenta para a condução do processo de seleção, para avaliar o efeito de seleção de uma característica sobre a outra. As estimativas de correlação genética variam de -1 a 1, e são classificadas de acordo com a intensidade da relação entre as duas características (Falconer e Mackay, 1996), baixa de 0 a  $\pm 0,29$ , moderada de  $\pm 0,30$  a  $\pm 0,60$  e alta acima  $\pm 0,61$ . As correlações genéticas podem ser positivas ou negativas, refletindo a direção da relação entre as duas características. Uma correlação genética positiva significa simplesmente que à medida que uma característica aumenta, a outra característica também tende a aumentar. Já uma



correlação genética negativa indica que à medida que uma característica aumenta, a outra característica tende a diminuir.

#### **3.3.3.2.1. Perfil de ácidos graxos**

As estimativas de correlações genéticas para as características de perfil de ácidos graxos estão descritas na Tabela 10.

**Tabela 10.** Estimativas de correlações genéticas entre características de perfil de ácidos graxos do músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.

	GIM	C14:0	C16:0	C16:1	C18:0	C18:1	C18:2	C18:3	CLAcis	AGSt	AGMt	AGPt	ω3t	ω6t	AGPt/AGSt	ω6t/ω3t
<b>GIM</b>	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>C14:0</b>	0,00	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>C16:0</b>	0,01	0,60	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>C16:1</b>	0,01	0,10	-0,16	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>C18:0</b>	-0,02	0,21	0,01	-0,40	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>C18:1</b>	0,01	-0,36	-0,26	0,22	-0,44	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>C18:2</b>	-0,01	-0,43	-0,76	-0,05	-0,16	-0,19	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>C18:3</b>	-0,02	-0,07	-0,04	-0,10	0,01	-0,11	0,17	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>CLAcis</b>	-0,02	0,41	0,12	-0,10	-0,05	-0,02	-0,01	-0,09	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-	-	-
<b>AGSt</b>	-0,01	0,55	0,37	-0,22	0,49	-0,43	-0,31	0,00	0,02	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-	-
<b>AGMt</b>	0,02	-0,44	-0,26	0,34	-0,55	0,77	-0,09	-0,10	0,00	-0,70	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-
<b>AGPt</b>	-0,01	-0,62	-0,46	-0,07	-0,12	-0,04	0,81	0,25	-0,04	-0,24	-0,08	<b>1,00</b>	-	-	-	-
<b>ω3t</b>	-0,03	-0,10	-0,49	-0,42	0,02	-0,10	0,25	0,73	0,03	-0,52	-0,10	0,47	<b>1,00</b>	-	-	-
<b>ω6t</b>	-0,01	-0,64	-0,56	-0,06	-0,13	-0,14	0,92	0,17	-0,09	-0,27	-0,07	0,93	0,32	<b>1,00</b>	-	-
<b>AGPt/AGSt</b>	-0,01	-0,38	-0,34	0,14	-0,16	0,56	0,86	0,36	-0,07	-0,30	0,06	0,89	0,41	0,88	<b>1,00</b>	-
<b>ω6t/ω3t</b>	0,01	-0,42	-0,66	0,15	-0,06	0,06	0,62	-0,17	-0,05	-0,10	0,10	0,00	-0,75	0,08	-0,25	<b>1,00</b>

**GIM** = gordura intramuscular; **C14:0** = ácido mirístico; **C16:0** = ácido palmítico; **C18:0** = ácido esteárico; **C18:1** = ácido oleico; **C16:1** = ácido palmitoleico; **C18:2 ω6** = ácido linoleico; **C18:3 ω3** = ácido alfa-linolênico; **CLAcis** = ácido linoleico conjugado cis-9 trans-11; **ω3t** = soma dos ácidos graxos ômega 3 totais; **ω6t** = soma dos ácidos graxos ômega 6 totais; **AGSt** = soma dos ácidos graxos saturados totais; **AGMt** = soma dos ácidos graxos monoinsaturados totais; **AGPt** = soma dos ácidos graxos poli-insaturados totais; **AGPt/AGSt**= razão entre AGPt e AGSt; **ω6t/ω3t** = razão entre ω6t e ω3t;

### 3.3.3.2.2. Gordura Intramuscular

No geral, as correlações genéticas entre GIM e o perfil de ácido graxos foram baixas e próximas a zero, variando entre -0,03 e 0,02, sugerindo que a seleção para um maior ou menor teor de GIM teria pouco efeito sobre os parâmetros de ácidos graxos observados no músculo *Longissimus dorsi*. Contudo, na literatura, Feitosa et al. (2016) estudando as mesmas características em bovinos, foram encontradas correlações genéticas importante entre GIM e C14:0 (0,76), C16:0 (0,79), C18:0 (0,68), C16:1 (0,50), AGMt (0,90) e C18:3 (0,55). Correlações genéticas altas e negativas foram também encontradas entre GIM e C18:2 (-0,91),  $\omega 6t$  (-0,84), razão  $\omega 6t/\omega 3t$  (-0,84) e razão AGPt/AGSt (-0,67), e negativa e moderada entre GIM e  $\omega 3t$  (-0,39). Os mesmos autores observaram correlações genéticas baixas e positivas de GIM com C18:1 (0,05), C14:0 (0,24) e CLAcis (0,16). Todavia, estes resultados são referentes a uma população de bovinos Nelore a partir de medidas do músculo *Longissimus thoracis*, o que poderia justificar a diferença entre os resultados.

### 3.3.3.2.3. Ácidos graxos saturados

Para este estudo, a correlação genética entre C14:0 e C16:0 (0,60) foi alta e positiva, enquanto que as correlações genéticas destes ácidos com o C18:0 foram baixas, 0,21 e 0,01, respectivamente. Na literatura, em bovinos, foram estimadas altas correlações genéticas entre os ácidos C14:0 e C16:0 por Ekine-Dzivenu et al. (2014) (0,85), e Inoue et al. (2011) (0,70). Enquanto que as correlações genéticas de C18:0 com C14:0 e C16:0 para o presente estudo, foram inferiores as encontradas por Inoue et al. (2011) com valores iguais a 0,16 e 0,28, respectivamente, e divergentes aos resultados encontrados por Ekine-Dzivenu et al. (2014), com valores iguais a -0,17 e -0,79, respectivamente.

Apesar das divergências entre os estudos, uma tendência comum permaneceu, correlações positivas e mais altas foram encontradas entre C14:0 e C16:0. As correlações genéticas positivas e altas entre C14:0 e C16:0, podem ser explicadas pela a origem comum destes AGS no processo de síntese denominado *de novo*, sendo oriundos a partir de carboidratos, aminoácidos e ácidos graxos

voláteis (Drackley, 2000; Mapiye et al., 2012). Apesar dos ácidos graxos C14:0 e C16:0 poderem ser convertidos em ácidos C18:0 por meio do processo descrito como alongamento (Drackley, 2000), parece que os efeitos genéticos relacionados a variância fenotípica de C14:0 e C16:0, não tem efeito sobre o processo de alongamento. No entanto, os efeitos genéticos podem ter relação mais próxima com a aumento da síntese *de novo* do que o processo de alongamento nesta população de estudo, talvez essa seja uma explicação pela baixa correlação genética de C18:0 com C14:0 e C16:0. As correlações entre AGSt e AGS individuais, também foram altas e positivas, não havendo nenhum antagonismo para esse grupo.

Considerando os potenciais efeitos nocivos de C14:0 e C16:0, e os efeitos neutros de C18:0 sobre a saúde humana, os resultados implicam que a seleção para menores teores de C14:0, teriam efeito favorável, pois também diminuiriam os níveis de C16:0, e teriam pouco impacto sobre os teores de C18:0, o qual poderia ser selecionado simultaneamente com C14:0.

#### **3.3.3.2.4. Ácidos graxos monoinsaturados**

A correlação genética entre C16:1 e C18:1 (0,22) foi positiva e baixa, sugerindo que a seleção de um destes ácidos graxos tem pouco efeito sobre as concentrações do outro. Os resultados foram divergentes aos encontrados na literatura por Ekine-Dzivenu et al. (2014) (-0,97) e Inoue et al. (2011) (-0,34), que reportaram valores negativos e importantes entre C16:1 e C18:1. Neste estudo, a baixa correlação entre C16:1 e C18:1 pode estar associada à baixa correlação dos seus ácidos graxos precursores, C16:0 e C18:0, indicativo que os mecanismos genéticos que agem sobre o processo de dessaturação são independentes para estes ácidos graxos. Isso implica que a seleção de C18:1 e C16:1 podem ser feitas de forma independente e simultânea. Possivelmente voltados para o aumento de C18:1 e para a diminuição de C16:1, já que o último está relacionado a efeitos nocivos na saúde, e C18:1 tem uma longa lista de estudos sugerindo seus benefícios a saúde humana.

As correlações genéticas de AGMt com C16:1 (0,34) e C18:1 (0,77), foram moderadas e altas, respectivamente. Isso pode ser explicado pela maior proporção de C18:1 encontrada na carne em relação a C16:1, uma vez que a correlação entre

C16:1 e C18:1 é baixa. Em comparação ao presente estudo, Inoue et al. (2016) e Ekine-Dzivenu et al. (2014) reportaram correlações genéticas altas e semelhantes entre AGMt e C18:1, 0,86 e 0,62, respectivamente. Contudo, a correlação genética entre AGMt e C16:1, foi baixa e positiva para o primeiro autor (0,17) e negativa e máxima para o segundo autor (-1,00).

### 3.3.3.2.5. Ácidos graxos poli-insaturados

A correlação genética entre C18:2  $\omega$ 6 e C18:3  $\omega$ 3 (0,17) foi baixa e positiva, enquanto as correlações genéticas destes dois ácidos graxos com CLAcis (-0,01 e -0,09) foram baixas e negativas. Os ácidos graxos poli-insaturados não são sintetizados por ruminantes, de maneira que a concentração destes na carne está ligada diretamente à sua absorção pelo intestino, oriundos da dieta e da biohidrogenação no rúmen. Provavelmente os mecanismos genéticos, associados à deposição no tecido muscular sejam diferentes para estes AGP, visto que as herdabilidades destes AGP são altas (Tabela 8). Contudo, as correlações genéticas entre  $\omega$ 3t e  $\omega$ 6t (0,32) foram positivas e moderadas, talvez alguns AGP individuais da família  $\omega$ 3t e  $\omega$ 6t, não estudados de forma individual aqui, tenham componentes genéticos comuns, o que pode explicar estes resultados.

As correlações genéticas entre C18:2  $\omega$ 6 e  $\omega$ 6t (0,92) e entre C18:3  $\omega$ 3 e  $\omega$ 3t (0,73) foram positivas e altas. Isto era esperado, pois esses AGP são os mais abundantes, e também são precursores de outros AGP de suas respectivas famílias,  $\omega$ 3 e  $\omega$ 6 (Drackley, 2000). As correlações genéticas foram positivas e significativas entre AGPt com C18:2  $\omega$ 6 (0,81) e C18:3 $\omega$ 3 (0,35), resultados já esperados devido a representatividade destes para AGPt. Como pressuposto pelos resultados anteriores, as correlações genéticas do CLAcis com os AGPt,  $\omega$ 3t e  $\omega$ 6t foram próximas a zero, variando de -0,09 a 0,03. Na literatura Ekine-Dzivenu et al. (2014) encontraram correlação genética semelhante à deste estudo entre C18:2 $\omega$ 6 e  $\omega$ 6t (1,00). Para os demais ácidos graxos não foram encontrados estudo relacionados até o presente momento.

A correlações genéticas observadas entre a razão  $\omega$ 6t/ $\omega$ 3t com C18:2 $\omega$ 6 (0,62) e  $\omega$ 6t (0,08), sendo alta e positiva, para a primeira, e baixa e positiva para a segunda. Resultado similar, porém inferior, foi reportado por Ekine-Dzivenu et al. (2014) para a correlação genética entre  $\omega$ 6t/ $\omega$ 3t e  $\omega$ 6t (0,49). Enquanto, que a

correlação genética de  $\omega 6t/\omega 3t$  foi baixa e negativa com C18:3 $\omega 3$  (-0,17) e alta e negativa com  $\omega 3t$  (-0,75). As correlações genéticas de  $\omega 6t/\omega 3t$  com AGPt (0,00) e CLAcis (-0,05) foram baixas e próximas a zero.

Considerando apenas os parâmetros de AGP avaliados neste estudo, os resultados indicam que  $\omega 3t$  seja uma característica a ser considerada como critério de seleção em um programa de melhoramento para Santa Inês. A seleção para maiores teores de  $\omega 3t$  seria favorável para diminuição da razão  $\omega 6t/\omega 3t$  e aumentaria a concentração de AGPt, ambos os parâmetros considerados importantes para a manutenção da saúde humana. O CLAcis, está relacionado a vários benefícios a saúde humana, e os resultados obtidos, herdabilidades e correlações genéticas, apontam para a possibilidade de se aumentar as concentrações desses ácidos graxos na carne.

Estudos sugerem que o consumo de CLA de 0,8 g/dia, tem relação a efeitos anticarcinogênicos em humanos (Terpstra, 2001; Siurana e Calsamiglia, 2016). Considerando a quantidade de aproximadamente 100 gramas diários de carne vermelha recomendados (Micha et al., 2010; Larsson e Orsini, 2014; 2015), a concentração de CLAcis média obtida da carne ovina neste estudo foi de 0,12 g/100g ou 15% das recomendação diária. Contudo, foram observados animais que podem contribuir com o fornecimento de até 33% das recomendações diárias. Isto é um indicativo, que a carne ovina pode ser uma importante fonte CLA, principalmente se houver seleção genética para esse objetivo. Adicionalmente, os resultados sugerem que o CLAcis e  $\omega 3t$  podem ser selecionados simultaneamente e de forma independente.

#### **3.3.3.2.6. Ácidos graxos saturados e ácidos graxos monoinsaturados**

As correlações genéticas estimadas entre os AGS e AGM individuais variaram entre -0,36 e -0,44. Foram obtidas correlações genéticas baixas entre C16:1 com os AGS C14:0 (0,10) e C16:0 (-0,16), contudo, as correlações genéticas entre C16:1 e C18:0 (-0,40) foi moderada e negativa. Resultados estes divergentes aos observados por Ekine-Dzivenu et al. (2014) que estimaram correlações genéticas positivas e altas entre C16:1 com C14:0 (0,92), C16:0 (0,88) e baixas

entre C16:1 e C18:0 (0,18). Enquanto, Inoue et al. (2011) estimaram correlações genéticas altas discrepantes entre C16:1 e C14:0 (0,37), mas estimaram correlações semelhantes ao presente estudo entre C16:1 com C16:0 (-0,15) e C18:0 (-0,51).

As correlações genéticas estimadas para esse estudo entre C18:1 e C14:0 (-0,36), e C18:0 (-0,44) foram moderadas e negativas, enquanto a correlação genética entre C18:1 e C16:0 (-0,26) foi baixa e negativa. Por C18:0 ser precursor de C18:1 a seleção para maiores teores de C18:1 devem ter efeito nos mecanismos relacionados a dessaturação, afetando até mesmo C14:0 e C16:0, mas em menor intensidade. Inoue et al. (2011) e Ekine-Dzivenu et al. (2014) encontraram correlações genéticas negativas e altas entre C18:1 com C14:0 e C16:0 ( $r_g < -0,62$ ), valores superiores ao presente estudo, porém, mantendo o antagonismo. Os mesmos estudos citados anteriormente encontraram correlações moderadas, mas de sinal opostos, entre C18:1 e C18:0, -0,29 e 0,35, respectivamente.

As correlações genéticas entre AGSt e AGM individuais e entre AGMt e AGS individuais foram negativas, variando entre -0,26 e -0,55. As correlações genéticas sugerem antagonismo entre AGS e AGM, como já esperado, pois as correlações genéticas negativas foram observadas entre os principais ácidos graxos de cada grupo. Como consequência a correlação genética entre AGSt e AGMt (-0,70) seguiu a mesma tendência dos resultados anteriores, alta e negativa. No caso das correlações genéticas entre AGPt/AGSt com AGMt (0,53), C16:1 (0,29) e C18:1 (0,56), as estimativas foram positivas.

Os resultados sugerem um claro antagonismo entre os AGS e AGM, isso pode ser devido à influência genética sobre o processo de dessaturação, aumentando a realização desse processo no caso da seleção de maiores teores de AGM e diminuindo no caso da seleção de maiores teores de AGS. Considerando as correlações genéticas entre AGS e AGM, os resultados sugerem que seleção para menores C16:0 seria favorável pois diminuiria os níveis de C14:0 ao mesmo tempo que aumentaria os níveis de C18:1 e teria pouco efeito sobre C18:0 e C16:1, e poderia ainda favorecer a razão AGPt/AGSt devido a correlação antagônica, considerando os efeitos de cada um desses parâmetro sobre a saúde humana.

Contudo, uma possibilidade seria a seleção para C18:1, visto que o aumento da concentração desse ácido graxo tem implicação favorável diminuindo as concentrações de C14:0, C16:0, C18:0 e AGSt e aumentando a razão AGPt/AGSt. Adicionalmente, além destes parâmetros positivos relacionados a saúde humana, o

ácido C18:1 está relacionado positivamente à uma maior maciez e pode estar relacionado a uma melhor palatabilidade na carne (Sañudo et al., 2000; Inoue et al., 2016).

### **3.3.3.2.7. Ácidos graxos saturados e ácidos graxos poli-insaturados**

A correlação genética entre os AGS individuais com C18:3  $\omega$ 3 e  $\omega$ 3t, foram baixas variando entre -0,07 e 0,02, com exceção da correlação entre C16:0 e  $\omega$ 3t (-0,49), que apresentou correlação genética moderada e negativa. Estas estimativas são indicativas que no geral, que existe pouca relação genética associada a variação fenotípica entre esses ácidos graxos. Contudo, pode ser que o ácido C16:0 tenha alguma relação genética com outros ácidos graxos individuais da família  $\omega$ 3 não estudado aqui, e esse tenha uma influência sobre os teores de  $\omega$ 3t.

As correlações genéticas foram negativas e variaram de baixas a altas entre C18:2  $\omega$ 6 com C18:0 (-0,05), C14:0 (-0,43) e C16:0 (-0,76), respectivamente. Tendência semelhante foi observada para as correlações genéticas entre  $\omega$ 6t com C14:0 (-0,64), C16:0 (-0,56) e C18:0 (0,02). Os resultados sugerem um importante antagonismo de C14:0 e C16:0 com C18:2  $\omega$ 6 e  $\omega$ 6t, enquanto C18:0 tem relação quase nula com os ácidos  $\omega$ 6. Isso pode ser associado a alta correlação genética encontradas entre C14:0 e C16:0 e a baixa correlação genética destes ácidos com C18:0. E apesar do C18:0 ser originário do C18:2  $\omega$ 6 pelo processo de biohidrogenação (Kepler et al., 1966), pode ser que os mecanismos genéticos envolvidos neste processo estejam fixados na população deste estudo. Deste modo, existindo pouca variação genética comum associada a variação fenotípica destes ácidos graxos. Contudo, deve-se ter cautela, com a correlação genética existente entre os ácidos C14:0 e C16:0 com  $\omega$ 6, dado que a seleção para um destes critérios pode ser desfavorável. Os ácidos C14:0 e C16:0 estão relacionados nocivamente a saúde, enquanto, o consumo em excesso de  $\omega$ 6 associado a baixa ingestão de  $\omega$ 3, podem ser prejudiciais à saúde. Na literatura, Inoue et al. (2011) encontraram resultados semelhantes para as correlações genéticas de C18:2 $\omega$ 6 com C14:0 (-0,35) e C16:0 (-0,88), mas foi diferente da correlação entre C18:2 $\omega$ 6 e C18:0 (0,68).



Para as correlações genéticas envolvendo as razões AGPt/AGSt e  $\omega 6t/\omega 3t$ , neste estudo estas estimativas seguiram a tendência dos resultados anteriores, confirmando o antagonismo entre os AGS e AGP. As correlações genéticas entre AGPt/AGSt com AGS individuais e AGSt foram negativas e moderadas, variando de -0,30 a -0,38. Os resultados observados para correlações genéticas entre AGPt/AGSt com C18:2 $\omega$ 6 (0,86),  $\omega 6t$  (0,88) e AGPt (0,89) foram positivas e altas. Enquanto as correlações genéticas entre AGPt/AGSt com C18:3 $\omega$ 3 (0,36) e  $\omega 3t$  (0,41), foram moderadas e positivas. A magnitude das correlações genéticas entre AGPt/AGSt com os ácidos  $\omega 3$  e  $\omega 6$ , pode ser explicada pelas quantidades encontradas destes ácidos graxos no músculo, no qual C18:2 $\omega$ 6 é muito superior à C18:3 $\omega$ 3 (Tabela 1). As correlações genéticas entre  $\omega 6t/\omega 3t$  e C14:0 (-0,42), C16:0 (-0,66) e C18:0 (-0,06) foram negativas, variando de baixas a moderadas.

O CLAcis apresentou correlação genética moderada e positiva com C14:0 (0,45), e correlações genéticas baixas com C16:0 (0,12) e C18:0 (-0,05). Indicando que a seleção do CLAcis aumentaria a concentração de C14:0 de forma desfavorável, devido C14:0 ser nocivo à saúde humana. Assim, apesar do CLAcis apresentar muitos benefícios à saúde humana, uma atenção especial deve ser dada a esse ácido graxo devido a essa correlação genética. Adicionalmente, o CLAcis apresentou correlações genéticas baixas com AGPt, AGSt, AGPt/AGSt e  $\omega 6t/\omega 3t$ , variando entre -0,07 e 0,02.

As correlações genéticas entre os parâmetros envolvendo AGS e AGP, em um contexto geral, foram antagônicas. Esses resultados podem estar relacionados principalmente aos componentes genéticos que estão envolvidos na biohidrogenação onde os AGP são convertidos principalmente em AGS. No geral, as correlações genéticas entre AGS e AGP foram favoráveis para o músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês, podendo-se melhorar diversas características simultaneamente.

#### **3.3.3.2.8. Ácidos graxos monoinsaturados e ácidos graxos poli-insaturados**

Neste estudo as correlações genéticas entre os AGM individuais e os AGP individuais foram baixas e negativas, variando de -0,19 a -0,02. Como esperado a mesma tendência foi observada entre C16:1 com AGPt (-0,07) e  $\omega 6t$  (-0,06), e entre

C18:1 com AGPt (-0,04) e  $\omega 6t$  (-0,14), para os quais todas correlações genéticas foram baixas e negativas, sugerindo que os mecanismos genéticos associados a variação fenotípica nestes ácidos graxos em questão são independentes. Os resultados foram similares aos relatados por Inoue et al. (2011) que obtiveram correlações genéticas baixas, porém positivas, entre C18:2  $\omega 6$  com C16:1 (0,23) e C18:1 (0,15). Por sua vez, no estudo de Ekine-Dzivenu et al. (2014) correlações genéticas negativas foram reportadas entre C18:2  $\omega 6$  C16:1 (-0,51) e C18:1 (-0,14), sendo a primeira moderada e divergente ao presente estudo.

As correlações genéticas entre a razão  $\omega 6t/\omega 3t$  com C16:1 (0,15) e C18:1 (0,06) foram baixas e positivas, sendo bem distintas das estimadas por Ekine-Dzivenu et al. (2014) cujas as correlações genéticas foram altas entre  $\omega 6t/\omega 3t$  com C16:1 (0,73) e C18:1 (-0,84), e negativa e positiva, respectivamente. Foram encontradas correlações genéticas moderada e negativa entre  $\omega 3t$  e C16:1 (-0,42) e baixa e negativa entre  $\omega 3t$  e C18:1 (-0,10). Os resultados também sugerem que a seleção de maiores teores de C16:1 diminuiria de forma desfavorável os teores de  $\omega 3t$ . Apesar da baixa correlação genética entre C18:3  $\omega 3$  com C16:1 e C18:1, pode ser que outros AGM individuais tenham correlações genéticas negativas e significativas com outros ácidos da família  $\omega 3$  que não foram aqui estudados.

### **3.3.3.3. Qualidade de carne**

As estimativas de correlações genéticas entre as características de perfil de ácidos graxos estão descritas na Tabela 11.

**Tabela 11.** Estimativas de correlações genéticas entre características de qualidade de carne do músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês

Característica	Peso	EGS	pH <sub>24</sub>	PPC	FC	L*	a*	b*
Peso	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-	-	-
EGS (mm)	0,39	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-	-
pH <sub>24</sub>	0,44	-0,01	<b>1,00</b>	-	-	-	-	-
PPC (%)	-0,04	0,13	-0,15	<b>1,00</b>	-	-	-	-
FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,08	0,06	-0,06	0,15	<b>1,00</b>	-	-	-
Cor L*	-0,07	-0,23	-0,81	0,14	-0,17	<b>1,00</b>	-	-
Cor a*	-0,02	-0,60	-0,17	0,09	-0,48	0,48	<b>1,00</b>	-
Cor b*	-0,04	-0,74	-0,32	0,09	-0,54	0,61	0,61	<b>1,00</b>

**EGS** = espessura de gordura subcutânea; **PPC** = perda por cocção; **pH<sub>24</sub>** = pH final 24 horas após o abate; **FC** = força de cisalhamento; **Cor \*L** = luminosidade; **Cor \*a** = teor de vermelho; **Cor \*b** = teor de amarelo.

As correlações genéticas entre PI com pH<sub>24</sub> (0,44) e EGS (0,39) foram moderadas e positivas. Isto indica que a seleção de indivíduos com peso de confinamento inicial alto aos 111 dias de idade, pode ter interferência desfavorável sobre o pH<sub>24</sub>, no entanto, favorável para EGS, desde que sejam consideradas as médias destas duas características. As correlações genéticas entre PI e demais características foram baixas, variando entre -0,07 e 0,08, e implicando que a seleção de PI teria pouco efeito sobre estas características, e a variação fenotípica associada ao efeito genético aditivo são distintas.

Para os parâmetros de cor, as correlações genéticas observadas foram positivas e altas entre b\* com L\* (0,61) e a\* (0,61), e moderadas entre L\* e a\* (0,48). Isto indica que a seleção de carnes mais brilhantes (L\*), teria um impacto desfavorável para o parâmetro a\*, considerando os valores estipulados por Khliji et al. (2010) (44 e 14,5, respectivamente) para uma carne de cordeiro de maior aceitabilidade por parte do consumidor, e as médias obtidas para os parâmetros de cor neste estudo (Tabela 2). Os resultados para os parâmetros de cor foram similares aos encontrados por Greeff et al. (2008), em ovinos Merino. São semelhantes também aos resultados reportados por Mortimer et al. (2014) trabalhando com ovinos Merino e cruzados, com exceção da correlação entre L\* e a\* (-0,08) que foi negativa e próxima a zero.

Neste estudo correlações genéticas negativas foram encontradas entre as características de pH<sub>24</sub> com os parâmetros L\* (-0,81), a\* (-0,17) e b\* (-0,32). Isto implica que a seleção para um pH<sub>24</sub> menor, pode ser favorável para o parâmetro de

cor L\*, contribuindo para a produção de uma carne mais brilhante. A correlação genética entre os parâmetros de cor e pH<sub>24</sub> podem ser atribuídos a relação destas características com o tipo de fibra presente no músculo. Fibras musculares de coloração branca (tipo II), associadas a maiores valores de L\*, induzem a um rápido processo de glicólise, resultando em um rápido declínio do pH muscular (Choe et al., 2008; Joo et al., 2013).

Na literatura, Greef et al. (2008) também encontraram correlações genéticas negativas do pH<sub>24</sub> com L\* (-0,57), a\* (-0,78) e b\* (-0,94), no entanto, as magnitudes foram inferiores para a\* e superiores para os demais parâmetros de cor em comparação ao presente estudo. Os resultados foram distintos aos relatados por Mortimer et al. (2014) que observaram correlações genéticas baixas entre pH<sub>24</sub> com L\* (0,06), a\* (-0,12) e b\* (-0,29), sendo positiva para a primeira e negativas para os demais parâmetros.

As correlações genéticas também foram negativas, variando de baixa a moderada, entre FC e os parâmetros L\* (-0,17), a\* (-0,48) e b\* (-0,54). Indicando que a seleção de maiores FC teria impacto desfavorável sobre a característica a\*, isso considerando a média do presente estudo para este parâmetro de cor (Tabela 2). As correlações genéticas entre os parâmetros de cor e maciez da carne também podem ser atribuídas ao tipo de fibra. Fibras musculares de cor vermelha (tipo I), associadas ao parâmetro de cor a\*, apresentam maior conteúdo de mioglobina, consequentemente, maior disponibilidade de oxigênio, o qual tem papel importante na glicólise durante o *rigor mortis* (Joo et al., 2013). Carnes com maior proporção de fibras musculares vermelhas tendem a ser mais macias devido ao maior *turnover* proteico e atividade proteolítica associada nas fibras oxidativas (Gondret et al., 2006; Listrat et al., 2016). As correlações genéticas reportadas por Mortimer et al. (2014) entre FC com L\* (-0,38), a\* (-0,19) e b\* (-0,61), foram semelhantes com este estudo apenas para o parâmetro b\*, contudo, as correlações genéticas foram todas negativas idem ao presente estudo.

Foram observadas correlações genéticas baixas e positivas entre as características de cor e PPC, sugerindo que a seleção para uma característica teria baixo impacto sobre a outra. Não foram encontradas correlações genéticas envolvendo PPC na literatura em ovinos. Entretanto, Boukha et al. (2011) avaliando

bovinos da raça Piemontês, encontrou correlações genéticas moderadas, positivas entre PPC com  $L^*$  (0,55) e  $b^*$  (0,44), e negativas entre PPC e  $a^*$  (-0,40).

As correlações genéticas encontradas entre EGS com  $L^*$  (-0,23),  $a^*$  (-0,60) e  $b$  (-0,74), foram negativas sendo baixa para a primeira e alta para as demais. Os resultados implicam que a seleção para uma maior EGS, teria efeito favorável para os parâmetros de cor  $a^*$  e  $b^*$ , considerando os resultados obtidos neste estudo. Mortimer et al. (2014) encontraram correlações genéticas baixas para essas mesmas características, variando entre -0,17 e 0,01, enquanto Fogarty et al. (2003) encontraram correlação genética moderada e negativa entre EGS e  $L^*$  (-0,35), sendo próximas ao presente estudo.

Não foram encontradas correlações genéticas importantes entre as características FC, pH, EGS e PPC, variando de -0,15 a 0,15. O que sugere que a seleção para uma destas características teria pouco efeito sobre os demais parâmetros. Ingham et al. (2007), Greeff et al. (2008) e Mortimer et al. (2010), encontraram correlações genética semelhante a este estudo entre  $pH_{24}$  com EGS, com valores iguais a 0,11, -0,18 e -0,05, respectivamente. Mortimer et al. (2014, 2010), observaram uma baixa correlação entre FC e  $pH_{24}$  (-0,21) e entre FC e EGS (-0,10), respectivamente, concordantes aos resultados do presente estudo. Boukha et al. (2011) também reportaram correlações genéticas baixas entre PPC com  $pH_{24}$  (0,09) e FC (0,19). Considerando estes resultados, parece que existe pouca relação genética destas características associadas a variância fenotípica entre diferentes raças de ovinos.

#### **3.3.3.4. Perfil de ácidos graxos e qualidade de carne**

##### **3.3.3.4.1. Gordura intramuscular e qualidade de carne**

As estimativas de correlações genéticas entre as características de gordura intramuscular e qualidade de carne estão descritas na Tabela 12.

**Tabela 12.** Estimativas de correlações genéticas ( $r_g$ ) entre gordura intramuscular e características de qualidade de carne do músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.

Característica	Característica	$r_g$
Gordura intramuscular (GIM)	Cor a*	0,02
	Cor b*	0,02
	Cor L*	0,02
	EGS (mm)	0,10
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,02
	PPC (%)	-0,15
	pH <sub>24</sub>	-0,01

**EGS** = espessura de gordura subcutânea; **PPC** = perda por cocção; **pH<sub>24</sub>** = pH final 24 horas após o abate; **FC** = força de cisalhamento; **Cor \*L**= luminosidade; **Cor \*a** = teor de vermelho; **cor \*b** = teor de amarelo.

Não foram observadas correlações genéticas importantes entre GIM e as demais características de qualidade de carne. No geral, as correlações genéticas foram baixas, variando entre -0,15 a 0,02. Isso implica dizer que a seleção para GIM não teria impacto sobre as demais características, indicativo de que as variações genéticas associadas à variância fenotípica entre GIM e demais parâmetros tem origens distintas. Esse resultado é reforçado pelo fato de não ter sido encontrado nenhuma região genômica comum entre GIM e as características de qualidade de carne. Contudo, Mortimer et al. (2014), trabalhando com ovinos, obtiveram correlação genética negativa e alta entre GIM e FC (-0,67), e positivas e altas entre GIM com b\* (0,81) e L\* (0,56) sendo estas distintas deste estudo. No entanto, os mesmos autores encontraram correlações genéticas baixas e positivas entre GIM com pH<sub>24</sub> (0,03) e Cor a\* (0,26), similares ao presente estudo.

#### 3.3.3.4.2. Ácidos graxos saturados e qualidade de carne

As estimativas de correlações genéticas entre os AGS e qualidade de carne estão descritas na Tabela 13.

**Tabela 13.** Estimativas de correlações genéticas ( $r_g$ ) entre ácidos graxos saturados e qualidade de carne do músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.

Ácido graxo saturado	Característica	$r_g$
C14:0	Cor a*	-0,26
	Cor b*	-0,20
	Cor L*	-0,04
	EGS (mm)	-0,34
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,03
	PPC (%)	-0,24
	pH <sub>24</sub>	-0,02
C16:0	Cor a*	-0,05
	Cor b*	-0,05
	Cor L*	-0,03
	EGS (mm)	0,08
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,17
	PPC (%)	0,01
	pH <sub>24</sub>	0,57
C18:0	Cor a*	-0,04
	Cor b*	-0,04
	Cor L*	-0,04
	EGS (mm)	-0,07
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,05
	PPC (%)	-0,04
	pH <sub>24</sub>	-0,45
AGSt	Cor a*	-0,05
	Cor b*	-0,04
	Cor L*	-0,05
	EGS (mm)	-0,03
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,14
	PPC (%)	-0,03
	pH <sub>24</sub>	-0,29

**C14:0** = ácido mirístico; **C16:0** = ácido palmítico; **C18:0** = ácido esteárico; **AGSt** = soma dos ácidos saturados graxos totais; **EGS** = espessura de gordura subcutânea; **PPC** = perda por cocção; **pH<sub>24</sub>** = pH final 24 horas após o abate; **FC** = força de cisalhamento; **Cor \*L** = luminosidade; **Cor \*a** = teor de vermelho; **cor \*b** = teor de amarelo.

No geral, as correlações genéticas entre as características de AGS e qualidade carne foram baixas. Contudo, foram observadas correlações genéticas moderadas e negativas entre C18:0 e pH<sub>24</sub> (-0,45) e entre C14:0 e EGS (-0,34), e moderada e positiva entre C16:0 e pH<sub>24</sub> (0,57). Essas correlações genéticas foram favoráveis, uma vez que a média obtida do pH<sub>24</sub> (6,00) no presente estudo esteve no limite do valor aceitável relacionado a uma melhor qualidade de carne, e o ácidos C16:0 e C18:0 são considerados como potencialmente danoso e neutro para a saúde humana, respectivamente. Deste modo, a seleção de maiores teores de C18:0 e menores teores de C16:0 poderiam diminuir o pH<sub>24</sub> de forma favorável.

Da mesma forma, seria desejável a seleção para a diminuição de C14:0 acompanhando do aumento da média de EGS na população. No presente estudo a média de EGS foi de 2,29 mm, um pouco abaixo do valor de 3 mm preferidos pelos frigoríficos brasileiros, e acrescentando que C14:0 é um ácido graxo considerado potencialmente nocivo à saúde, a seleção para um menor teor de C14:0 seria favorável, e também permitiria o aumento da média de EGS na população de estudo.

Feitosa et al. (2016) encontraram correlações genéticas baixas e semelhantes ao presente estudo, entre a característica de FC com C14:0 (0,16), C16:0 (-0,08), C18:0 (0,05) e AGSt (0,29), e entre EGS com C18:0 (0,04) e AGSt (-0,13). No entanto, as correlações genéticas reportadas pelos mesmos autores entre EGS com C14:0 (0,40) e C16:0 (0,60), foram altas e positivas, sendo distintas às obtidas no presente estudo.

#### **3.3.3.4.3. Ácidos graxos monoinsaturados e qualidade de carne**

As estimativas de correlações genéticas entre os AGM e as características de qualidade de carne estão descritas na Tabela 14.



**Tabela 14.** Estimativas de correlações genéticas ( $r_g$ ) entre ácidos graxos monoinsaturados e qualidade de carne do músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.

Ácido graxo monoinsaturado	Característica	$r_g$
C16:1	Cor a*	0,01
	Cor b*	0,02
	Cor L*	0,05
	EGS (mm)	-0,88
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,00
	PPC (%)	0,02
	pH <sub>24</sub>	0,05
C18:1	Cor a*	0,08
	Cor b*	0,07
	Cor L*	0,06
	EGS (mm)	-0,09
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	-0,17
	PPC (%)	0,01
	pH <sub>24</sub>	0,09
AGMt	Cor a*	0,07
	Cor b*	0,06
	Cor L*	0,05
	EGS (mm)	-0,05
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	-0,21
	PPC (%)	0,02
	pH <sub>24</sub>	0,23

**C16:1**= ácido palmitoleico; **C18:1**= ácido oleico; **AGMt**= soma dos ácidos graxos monoinsaturados totais; **EGS** = espessura de gordura subcutânea; **PPC** = perda por cocção; **pH<sub>24</sub>** = pH final 24 horas após o abate; **FC** = força de cisalhamento; **Cor \*L**= luminosidade; **Cor \*a** = teor de vermelho; **cor \*b** = teor de amarelo.

As correlações genéticas observadas entre as características de AGM e qualidade de carne foram baixas, variando entre -0,21 e 0,23. Contudo, foi observada uma correlação alta e negativa entre C16:1 e EGS (-0,88), implicando que a seleção para um maior teor de C16:1 teria impacto desfavorável sobre a característica de EGS, uma vez que a média desta característica está abaixo da esperada pelos frigoríficos brasileiros. Adicionalmente, o C16:1 foi potencialmente relacionado como nocivo à saúde humana, deste modo, a seleção de indivíduos com menores teores de C16:1 na carne poderão ser desejados.

Na literatura, a correlação genética encontrada entre C16:1 e EGS (0,16), reportada por Feitosa et al. (2016), foi baixa e positiva sendo distinta em relação ao presente estudo. Já a correlação genética entre C16:1 e FC (-0,68), foi alta e negativa, mostrando-se também distinta em comparação a este estudo. Contudo, as

correlações genéticas entre C18:1 com EGS (-0,04) e FC (0,08), reportadas pelos mesmos autores, foram baixas sendo semelhantes a este estudo.

#### **3.3.3.4.4. Ácidos graxos poli-insaturados e qualidade de carne**

As correlações genéticas estimadas entre os AGP e qualidade de carne estão descritas na Tabela 15.

**Tabela 15.** Estimativas de correlações genéticas ( $r_g$ ) entre ácidos graxos poli-insaturados e qualidade de carne do músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês.

Ácido graxo poli-insaturado	Característica	$r_g$
C18:2 $\omega$ 6	Cor a*	-0,02
	Cor b*	-0,02
	Cor L*	0,00
	EGS (mm)	0,02
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,55
	PPC (%)	0,05
	pH <sub>24</sub>	0,11
C18:3 $\omega$ 3	Cor a*	-0,45
	Cor b*	0,01
	Cor L*	0,00
	EGS (mm)	0,10
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,03
	PPC (%)	0,04
	pH <sub>24</sub>	0,29
CLAcis	Cor a*	0,02
	Cor b*	0,06
	Cor L*	0,07
	EGS (mm)	0,14
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,36
	PPC (%)	-0,05
	pH <sub>24</sub>	-0,15
AGPt	Cor a*	-0,07
	Cor b*	-0,07
	Cor L*	-0,03
	EGS (mm)	0,29
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,19
	PPC (%)	0,06
	pH <sub>24</sub>	0,40

**C18:2  $\omega$ 6** = ácido linoleico; **C18:3  $\omega$ 3** = ácido alfa-linolênico; **CLAcis** = ácido linoleico conjugado cis-9 trans-11;  **$\omega$ 3t** = soma dos ácidos graxos ômega 3 totais;  **$\omega$ 6t** = soma dos ácidos graxos ômega 6 totais; **AGPt** = soma dos ácidos graxos poli-insaturados totais; **EGS** = espessura de gordura subcutânea; **PPC** = perda por cocção; **pH<sub>24</sub>** = pH final 24 horas após o abate; **FC** = força de cisalhamento; **Cor \*L** = luminosidade; **Cor \*a** = teor de vermelho; **cor \*b** = teor de amarelo.

Correlações genéticas positivas e moderadas foram observadas entre C18:2  $\omega$ 6 e FC (0,55), CLAcis e FC (0,36), e entre AGPt e pH<sub>24</sub> (0,40). Enquanto que a correlação genética entre C18:3  $\omega$ 3 e cor a\* (-0,45) foi moderada e negativa. A redução dos teores de C18:2  $\omega$ 6 é desejável, devido ao baixo teor de C18:3  $\omega$ 3 médio da população, contudo, considerando a alta maciez da carne observada neste estudo (Tabela 2), a seleção para menores teores C18:2  $\omega$ 6 talvez pode prejudicar a qualidade e aceitação da carne por parte do consumidor. De acordo com os resultados, a seleção de maiores teores de CLAcis implicaria em aumentar a FC, ou

seja, tornar a carne mais dura. Entretanto, considerando a média desta característica, é possível que a maciez continue em níveis considerados aceitáveis pelos consumidores. Enquanto, que também é desejável aumentar o teor C18:3  $\omega$ 3, devido ao alto teor de C18:2  $\omega$ 6 observado (Tabela 1) o que pode ser prejudicial para saúde. Considerando a média do parâmetro  $a^*$  para a população deste estudo (Tabela 2), pode ser que a seleção para maiores teores C18:3  $\omega$ 3 não cause impactos negativos sobre esta característica. As demais correlações genéticas encontradas entre as características de AGM e qualidade da carne foram baixas, variando entre -0,15 e 0,29.

Resultados similares foram relatados por Feitosa et al. (2016) que encontraram correlações genéticas baixas entre C18:3  $\omega$ 3 com EGS (-0,01) e FC (-0,26), C18:3  $\omega$ 3 com EGS (0,10) e FC (-0,03), CLAcis e EGS (0,16),  $\omega$ 3t e EGS (-0,18), e AGPt e FC (0,22). Entretanto os mesmos autores relataram correlações genéticas negativas moderadas entre CLAcis e FC (-0,53),  $\omega$ 3t e EGS (-0,36),  $\omega$ 6t e EGS (-0,37), e AGPt e EGS (-0,41).

#### **3.3.3.4.5. Razões $\omega$ 6t/ $\omega$ 3t, AGPt/AGSt e Qualidade de carne**

As correlações genéticas estimadas entre as características de qualidade de carne e razões  $\omega$ 6t/ $\omega$ 3t e AGPt/AGSt estão descritas na Tabela 16.

**Tabela 16.** Estimativas de correlações genéticas ( $r_g$ ) entre características de qualidade de carne e razões  $\omega 6t/\omega 3t$  e  $AGPt/AGSt$  do músculo *Longissimus dorsi* em ovinos da raça Santa Inês

Razão	Característica	$r_g$
$\omega 6t/\omega 3t$	Cor a*	-0,06
	Cor b*	-0,08
	Cor L*	-0,02
	EGS (mm)	-0,07
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,09
	PPC (%)	-0,04
	pH <sub>24</sub>	-0,21
AGPt/AGSt	Cor a*	-0,02
	Cor b*	-0,02
	Cor L*	-0,01
	EGS (mm)	0,10
	FC (kgf cm <sup>-2</sup> )	0,02
	PPC (%)	0,03
	pH <sub>24</sub>	0,21

**EGS** = espessura de gordura subcutânea; **PPC** = perda por cocção; **pH<sub>24</sub>** = pH final 24 horas após o abate; **FC** = força de cisalhamento; **Cor \*L** = luminosidade; **Cor \*a** = teor de vermelho; **cor \*b** = teor de amarelo.

As correlações genéticas entre as razões e as características de qualidade de carne foram baixas, variando entre -0,21 e 0,21. Por meio destes resultados, sugere-se que a seleção para as razões  $\omega 6t/\omega 3t$  e  $AGPt/AGSt$  não teriam efeito sobre as características de qualidade de carne, e que a variação devido ao efeito genético aditivo são distintas. Na literatura, resultados semelhantes foram encontrados entre  $AGPt/AGSt$  e FC (-0,04), contudo a correlação reportada foi negativa Feitosa et al. (2016). Os mesmos autores encontraram correlações genéticas diferentes em relação ao presente trabalho, moderadas e negativas entre EGS com  $\omega 6t/\omega 3t$  (-0,30) e  $AGPt/AGSt$  (-0,36), e alta e positiva entre FC e  $\omega 6t/\omega 3t$  (0,68).

### 3.4. Considerações gerais

Em um contexto geral, as características de perfil de ácidos graxos e de qualidade de carne avaliadas foram influenciadas principalmente por QTLs de baixo efeito genético aditivo, não sendo observado nenhum gene candidato de grande impacto. Isso pode ser explicado pelo fato das características de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne serem complexas e influenciadas por um grande

número de loci distribuídos em todo o genoma (Yu et al., 2009; Tizioto et al., 2013; Chen et al., 2015; Lemos et al., 2016).

Contudo, a análise de associação genômica identificou 38 regiões genômicas e 28 genes candidatos relacionados às características de qualidade de carne e perfil de ácidos graxos em ovinos da raça Santa Inês. Na literatura, o trabalho é o pioneiro em estudos envolvendo características de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne em ovinos da raça Santa Inês, envolvendo o uso de informação genômica. No entanto, alguns genes candidatos já foram estudados em outras espécies e outras raças de ovinos e foram relacionados a características semelhantes às envolvidas neste estudo, como os genes *DGAT2* e o *TRHDE*.

Apesar de não ter sido encontrado nenhuma variante genética de grande impacto sobre a variância fenotípica, as estimativas de herdabilidades obtidas neste estudo para as características de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne foram elevadas, variando de 0,26 a 0,45 (Tabela 8 e 9). Estes resultados indicam que existe uma contribuição genética importante para a variação fenotípica destas características e sugerem que as características de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne podem ser melhoradas, manipuladas ou modificadas por meio da seleção baseada no mérito genético dos indivíduos.

As altas herdabilidades observadas neste estudo podem ser atribuídas ao fato de não ter ocorrido seleção específica para estas características na população de estudo, e deste modo uma variação genética substancial foi mantida (Nogi et al., 2011). Outra hipótese é que a inserção de indivíduos de outras raças para o cruzamento em gerações anteriores pode ter contribuído para o aumento da variância genética desta população. Além disso, a seleção massal para outras características como parâmetros raciais ou peso vivo, pode ter influenciado indiretamente no aumento da variação genética para estas características.

As correlações genéticas estimadas para as características neste estudo foram de maneira geral baixas (Tabela 10, 11, 12, 13, 14, 15 e 16). Contudo, algumas correlações genéticas foram importantes, indicando que pode haver seleção de indivíduos com intuito de deixar a carne com o perfil de ácidos graxos mais saudável, e ao mesmo tempo, melhorando atributos de qualidade da carne como maciez e cor, por exemplo. Mas, deve se ter cautela com alguns resultados,

pois a correlação genética mostra-se desfavorável em alguns casos, de forma que a seleção para certas características poderá ser prejudicial para outras características.

Adicionalmente, na análise de associação genômica foram observadas regiões comuns ou sobrepostas entre as características estudadas. No entanto, as correlações genéticas estimadas tiveram grande amplitude variando de -0,76 a 0,93. Como a abordagem do presente estudo utilizou regiões genômicas com 10 SNPs adjacentes, pode ser que as variações envolvidas na variância fenotípica das características que possuem baixa correlação genética não sejam as mesmas, apesar de estarem próximas. Enquanto que as características que possuem correlação genética alta tem uma maior probabilidade das mesmas variações genéticas estarem envolvidas em sua variância fenotípica.

Um importante resultado encontrado neste estudo, que deve ser destacado, foi relacionado ao ácido oleico (C18:1). Além deste AGM apresentar uma herdabilidade moderada (0,28), as correlações genéticas estimadas foram favoráveis com demais características relacionadas a característica de qualidade de carne e perfil de ácidos graxos, em especial com os AGSs e a razão AGPt/AGSt, e qualidade de carne. O C18:1 tem grande atrativo devido sua relação positiva com a dieta do Mediterrâneo, a qual representa uma dieta saudável. Deste modo, C18:1 é uma característica chave em um programa de melhoramento, pois o estudo desta característica pode fornecer informações essenciais para melhorar os atributos da carne ovina e, por consequência, agregar valor econômico ao produto.

Adicionalmente, em relação as análises moleculares, atenção especial deve ser dada ao gene candidato *TRHDE* o qual pode ter efeito pleiotrópico com características de perfil de ácidos graxos (C16:0, AGSt, C16:1, C18:2  $\omega$ 6,  $\omega$ 6t e AGPt) e qualidade de carne (cor  $a^*$ , cor  $b^*$ , EGS e PPC). As variantes genéticas associadas a este gene podem contribuir para que a seleção destas características a qual foi associado sejam feitas de forma simultânea e favorável caso essas variantes sejam bem investigadas e validadas.

As diferenças para as estimativas dos parâmetros genéticos e GWAS deste estudo aos encontrados na literatura podem ser atribuídas a fatores como, sexo, espécie, raça, tecido utilizado, número de animais utilizados e metodologia aplicada na estimativa dos componentes de variância. Adicionalmente, fatores como o ambiente (dieta e manejo) podem ter grande impacto nas estimativas dos componentes de variância (Penasa et al., 2015).

Embora, apesar das elevadas herdabilidades observadas neste estudo, os resultados em sua maioria apresentaram uma tendência central quando comparado aos resultados da literatura, isto é, as herdabilidades em sua maioria não foram maiores e nem menores em relação aos estudos aqui citados. Por sua vez, as estimativas das correlações genéticas obtidas neste estudo foram, no geral, menores comparativamente aos resultados apresentados em trabalhos similares.

Desta forma, os resultados obtidos neste estudo são informações valiosas e inéditas em ovinos da raça Santa Inês, podendo contribuir significativamente para o melhoramento genético destas características associadas ao perfil de ácidos graxos e qualidade de carne. Este estudo representa uma importante etapa para o uso de informações genômicas para características de perfil de ácidos graxos e qualidade da carne em ovinos da raça Santa Inês, podendo estas informações serem utilizadas como ferramentas auxiliares em futuros estudos envolvendo seleção, visando à melhoria das acurácias das estimativas com conseqüente ganho genético para as características.

Apesar dos resultados serem promissores, deve-se ter cautela, pois a magnitude dos efeitos estimados é fortemente influenciada pelo tamanho da população avaliada. Adicionalmente, as características de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne são características complexas e sua seleção genética pode influenciar o fenótipo de outras características importantes que não foram avaliadas no presente estudo, como desempenho, reprodução e palatabilidade, as quais têm importante impacto sobre o sistema de produção como um todo.

Contudo, embora alguns estudos tenham relatado potenciais efeitos dos ácidos graxos na saúde humana, benéficos ou maléficos, ainda não existe unanimidade sobre o real impacto dos ácidos graxos sobre a saúde humana, ainda mais em regime terapêutico com base em uma dieta de carne (McAfee et al., 2010; Schwingshackl e Hoffmann, 2012; Lawrence, 2013; Viladomiu et al., 2015). Além disso, deve-se estabelecer os objetivos de seleção em ovinos da raça Santa Inês quanto às concentrações de cada ácido graxo e níveis dos demais indicadores de qualidade de carne para que estes atendam às expectativas dos consumidores, indústria e criadores, tarefa essa, de enorme complexidade.

Deste modo, estudos adicionais deverão ser conduzidos em outras populações de ovinos da raça Santa Inês para validar os resultados deste estudo, e



assim estabelecer a metodologia para a seleção acurada dos melhores indivíduos com base em seu valor genético. Contudo, uma vez que as características de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne parecem ser controlados por muitos QTLs ou QTNs de pequeno efeito, conseqüentemente, a identificação de genes relevantes poderá ser difícil, uma vez que cada variante causal tem uma pequena contribuição sobre o fenótipo em estudo. Sendo assim, uma vez que as herdabilidades foram altas, a seleção genômica, que estima os efeitos genéticos aditivos de todos os marcadores simultaneamente, mostra-se uma importante ferramenta a ser empregada para melhorar essas características de herança genética complexa na população de ovinos da raça Santa Inês.

### **3.5. Conclusões**

As análises GWAS revelaram que as características de perfil de ácidos graxos e de qualidade de carne avaliadas foram influenciadas principalmente por regiões genômicas de baixo efeito genético aditivo. Contudo, este estudo revelou a existência de variação genética importante em todas as características estudadas, portanto, as características de perfil de ácidos graxos e qualidade de carne podem ser melhoradas, manipuladas ou modificadas por meio da seleção baseada no mérito genético dos indivíduos.

No geral, as correlações genéticas entre as características avaliadas foram favoráveis, indicativo que pode haver seleção de indivíduos com intuito de deixar a carne com o perfil de ácidos graxos mais saudável, e ao mesmo tempo, melhorando atributos de qualidade da carne em ovinos da raça Santa Inês. Mas, deve se ter cautela com alguns resultados, pois a correlação genética mostra-se desfavorável em alguns casos.

A seleção genômica, baseada na informação de milhares marcadores genéticos simultaneamente mostra-se uma ferramenta viável a ser empregada nessa população para melhorar as características de perfil de ácidos graxos e qualidade de na população de ovinos da raça Santa Inês, uma vez que existe variância genética para estas características (evidenciada pelas herdabilidades altas), porém associada a marcadores de baixo efeito genético aditivo.

Os resultados obtidos no presente estudo fornecem importantes conhecimentos para elucidar os fatores genéticos envolvidos no perfil de ácidos

graxos e qualidade de carne em ovinos da raça Santa Inês. Deste modo, permitindo estabelecer as estratégias de seleção genética com o objetivo de atender aos critérios de satisfação do consumidor quanto a aquisição de um produto saudável.

## Referências

- Aliesky HA, Pichurin PN, Chen C-R, Williams RW, Rapoport B, McLachlan SM. Probing the genetic basis for thyrotropin receptor antibodies and hyperthyroidism in immunized CXB recombinant inbred mice. *Endocrinology*. 2006;147:2789–800.
- Allen CD, Fletcher DL, Northcutt JK, Russell SM. The relationship of broiler breast color to meat quality and shelf-life. *Poult Sci*. 1998;77:361–366.
- An XP, Song SG, Hou JX, Zhu CM, Peng JX, Liu XQ, Liu HY, Xiao WP, Zhao HP, Bai L, Wang JG, Song YX, Cao BY. Polymorphism identification in goat DGAT2 gene and association analysis with milk yield and fat percentage. *Small Rumin Res*. 2011;100:107–112.
- Anderson MJ, Lonergan SM, Huff-Lonergan E. Myosin light chain 1 release from myofibrillar fraction during postmortem aging is a potential indicator of proteolysis and tenderness of beef. *Meat Sci*. Elsevier Ltd; 2012;90:345–51.
- Ando H, Ichihashi M, Hearing VJ. Role of the ubiquitin proteasome system in regulating skin pigmentation. *Int J Mol Sci*. 2009;10:4428–34.
- Ando H, Watabe H, Valencia JC, Yasumoto K, Fukumura M, Funasaka Y, Oka M, Ichihashi M, Hearing VJ. Fatty acids regulate pigmentation via proteasomal degradation of tyrosinase: a new aspect of ubiquitin-proteasome function. *J Biol Chem*. 2004;279:15427–33.
- Ando H, Wen Z-M, Kim H-Y, Valencia JC, Costin G-E, Watabe H, Yasumoto K, Niki Y, Kondoh H, Ichihashi M, Hearing VJ. Intracellular composition of fatty acid affects the processing and function of tyrosinase through the ubiquitin-proteasome pathway. *Biochem J*. 2006;394:43–50.

- Apple JK, Dikeman ME, Minton JE, McMurphy RM, Fedde MR, Leith DE, Unruh JA. Effects of restraint and isolation stress and epidural blockade on endocrine and blood metabolite status, muscle glycogen metabolism, and incidence of dark-cutting longissimus muscle of sheep. *J Anim Sci.* 1995;73:2295–307.
- Archile-Contreras AC, Mandell IB, Purslow PP. Disparity of dietary effects on collagen characteristics and toughness between two beef muscles. *Meat Sci. The American Meat Science Association;* 2010;86:491–497.
- ARCO. 15 Santa Inês [Internet]. Assoc. Bras. Criadores Ovinos. 2017.
- Aro A, Jauhiainen M, Partanen R, Salminen L, Mutanen M. Stearic acid, trans fatty acids, and dairy fat: effects on serum and lipoprotein lipids, apolipoproteins, lipoprotein (a), and lipid transfer proteins in healthy subjects. *Am J Clin Nutr.* 1997;65:1419–1426.
- Arruda PCL de, Pereira ES, Pimentel PG, Bomfim MAD, Mizubuti IY, Ribeiro ELDA, Fontenele RM, Regadas Filho JGL. Perfil de ácidos graxos no Longissimus dorsi de cordeiros Santa Inês alimentados com diferentes níveis energéticos. *Semin Ciências Agrárias.* 2012;33:1229–1240.
- Ávila VS De, Fruet APB, Barbieri M, Bianchini NH, Dörr AC. O retorno da ovinocultura ao cenário produtivo do Rio Grande do Sul. *Rev Eletrônica em Gestão, Educ e Tecnol Ambient.* 2013;11:2419–2426.
- Bagnat M, Keränen S, Shevchenko A, Shevchenko A, Simons K. Lipid rafts function in biosynthetic delivery of proteins to the cell surface in yeast. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2000;97:3254–9.
- Bazinet RP, Layé S. Polyunsaturated fatty acids and their metabolites in brain function and disease. *Nat Rev Neurosci.* 2014;15:771–785.
- Bekhit AE-DA, Hopkins DL, Fahri FT, Ponnampalam EN. Oxidative Processes in Muscle Systems and Fresh Meat: Sources, Markers, and Remedies. *Compr Rev Food Sci Food Saf.* 2013;12:565–597.
- Bernard C, Cassar-Malek I, Le Cunff M, Dubroeuq H, Renand G, Hocquette JF. New indicators of beef sensory quality revealed by expression of specific genes. *J Agric Food Chem.* 2007;55:5229–5237.

- Biesalski HK. Meat as a component of a healthy diet - Are there any risks or benefits if meat is avoided in the diet? *Meat Sci.* 2005;70:509–524.
- Bligh EG, Dyer WJ. A RAPID METHOD OF TOTAL LIPID EXTRACTION AND PURIFICATION. *Can J Biochem Physiol.* 1959;37:911–917.
- Bolormaa S, Hayes BJ, Savin K, Hawken R, Barendse W, Arthur PF, Herd RM, Goddard ME. Genome-wide association studies for feedlot and growth traits in cattle. *J Anim Sci.* 2011;89:1684–1697.
- Bolormaa S, Pryce JE, Kemper K, Savin K, Hayes BJ, Barendse W, Zhang Y, Reich CM, Mason B a, Bunch RJ, Harrison BE, Reverter a, Herd RM, Tier B, Graser H-U, Goddard ME. Accuracy of prediction of genomic breeding values for residual feed intake and carcass and meat quality traits in *Bos taurus*, *Bos indicus*, and composite beef cattle. *J Anim Sci.* 2013;91:3088–104.
- Bonagurio S, Pérez JRO, Garcia IFF, Bressan MC, Lemos AL da SC. Qualidade da carne de cordeiros Santa Inês puros e mestiços com Texel abatidos com diferentes pesos. *Rev Bras Zootec.* 2003;32:1981–1991.
- Bonanome A, Bennett M, Grundy SM. Metabolic effects of dietary stearic acid in mice: changes in the fatty acid composition of triglycerides and phospholipids in various tissues. *Atherosclerosis.* 1992;94:119–127.
- Bonanome A, Grundy S. Effect of dietary stearic acid on plasma cholesterol and lipoprotein levels. *N Engl J Med.* 1988;
- Boukha A, Bonfatti V, Cecchinato A, Albera A, Gallo L, Carnier P, Bittante G. Genetic parameters of carcass and meat quality traits of double muscled Piemontese cattle. *Meat Sci.* Elsevier Ltd; 2011;89:84–90.
- Brasil. Resolução nº 18, de 30 de abril de 1999 [Internet]. 1999 p. 3–6.
- Bravo-Lamas L, Barron LJR, Kramer JKG, Etaio I, Aldai N. Characterization of the fatty acid composition of lamb commercially available in northern Spain: Emphasis on the trans-18:1 and CLA content and profile. *Meat Sci.* Elsevier Ltd; 2016;117:108–116.
- Calder PC, Yaqoob P. Lipid rafts--composition, characterization, and controversies. *J Nutr.* 2007;137:545–7.

- Campbell MK, Shawn O. Farrell. *Bioquímica*. 5<sup>a</sup>. São Paulo: Cengage; 2007.
- Cánovas A, Quintanilla R, Amills M, Pena RN. Muscle transcriptomic profiles in pigs with divergent phenotypes for fatness traits. *BMC Genomics*. 2010;11:372.
- Carpenter CE, Cornforth DP, Whittier D. Consumer preferences for beef color and packaging did not affect eating satisfaction. *Meat Sci*. 2001;57:359–363.
- Cavanagh CR, Jonas E, Hobbs M, Thomson PC, Tammen I, Raadsma HW. Mapping Quantitative Trait Loci (QTL) in sheep. III. QTL for carcass composition traits derived from CT scans and aligned with a meta-assembly for sheep and cattle carcass QTL. *Genet Sel Evol*. 2010;42:36.
- Cesar AS, Regitano LC, Tullio RR, Lanna DP, Nassu RT, Mudado M a, Oliveira PS, do Nascimento ML, Chaves AS, Alencar MM, Sonstegard TS, Garrick DJ, Reecy JM, Coutinho LL. Genome-wide association study for intramuscular fat deposition and composition in Nellore cattle. *BMC Genet*. 2014;15:39.
- Chen L, Ekine-Dzivenu C, Vinsky M, Basarab J, Aalhus J, Dugan MER, Fitzsimmons C, Stothard P, Li C. Genome-wide association and genomic prediction of breeding values for fatty acid composition in subcutaneous adipose and longissimus lumborum muscle of beef cattle. *BMC Genet*. *BMC Genetics*; 2015;16:135.
- Chen Y, Gondro C, Quinn K, Herd RM, Parnell PF, Vanselow B. Global gene expression profiling reveals genes expressed differentially in cattle with high and low residual feed intake. *Anim Genet*. 2011;42:475–490.
- Choe JH, Choi YM, Lee SH, Shin HG, Ryu YC, Hong KC, Kim BC. The relation between glycogen, lactate content and muscle fiber type composition, and their influence on postmortem glycolytic rate and pork quality. *Meat Sci*. 2008;80:355–62.
- Christie WW. A simple procedure for rapid transmethylolation of glycerolipids and cholesteryl esters. *J Lipid Res*. 1982;23:1072–5.
- Colby BL, Consultant I. *World Sheep Meat Market To 2025 World Sheep Meat*. 2016.
- Colitti M, Farinacci M. Cell turnover and gene activities in sheep mammary glands prior to lambing to involution. *Tissue Cell*. 2009;41:326–333.

- Corominas J, Ramayo-Caldas Y, Puig-Oliveras A, Estellé J, Castelló A, Alves E, Pena RN, Ballester M, Folch JM. Analysis of porcine adipose tissue transcriptome reveals differences in de novo fatty acid synthesis in pigs with divergent muscle fatty acid composition. *BMC Genomics*. 2013;14:843.
- Costa EC, Restle J, Brondani IL, Perottoni J, Faturi C, Fernando L, de Menezes G. Carcass composition, meat quality and cholesterol content in the Longissimus dorsi muscle of young Red Angus steers confined and slaughtered with different weights. *Rev Bras Zootec J Anim Sci*. 2002;31:417–428.
- Costa RG, Dos Santos NM, Do Egypto Queiroga RDCR, De Sousa WH, Madruga MS, Cartaxo EQ. Physicochemical characteristics and fatty acid profile of meat from lambs with different genotypes and diets. *Rev Bras Zootec*. 2015;44:248–254.
- Crisà A, Marchitelli C, Pariset L, Contarini G, Signorelli F, Napolitano F, Catillo G, Valentini A, Moioli B. Exploring polymorphisms and effects of candidate genes on milk fat quality in dairy sheep. *J Dairy Sci*. Elsevier; 2010;93:3834–3845.
- Cristancho AG, Lazar MA. Forming functional fat: a growing understanding of adipocyte differentiation. *Nat Rev Mol Cell Biol*. Nature Publishing Group; 2011;12:722–34.
- Daetwyler HD, Kemper KE, van der Werf JHJ, Hayes BJ. Components of the accuracy of genomic prediction in a multi-breed sheep population. *J Anim Sci*. 2012;90:3375–84.
- Daley C a, Abbott A, Doyle PS, Nader G a, Larson S. A review of fatty acid profiles and antioxidant content in grass-fed and grain-fed beef. *Nutr J*. 2010;9:10.
- Dallantonia EE, Lage JF, Simonetti LR, Vito ES, Delevatti LM, Berchielli TT. Effect of rib fat thickness on the quality of aged meat from Nelore young bulls. *Acta Sci Anim Sci*. 2015;159–165.
- Deng W, Wang X, Xiao J, Chen K, Zhou H, Shen D, Li H, Tang Q. Loss of regulator of G protein signaling 5 exacerbates obesity, hepatic steatosis, inflammation and insulin resistance. *PLoS One*. 2012;7:e30256.
- Devine CE, Graafhuis AE, Muir PD, Chrystall BB. The effect of growth rate and ultimate pH on meat quality of lambs. *Meat Sci*. 1993;35:63–77.

- Dilzer A, Park Y. Implication of conjugated linoleic acid (CLA) in human health. *Crit Rev Food Sci Nutr.* 2012;52:488–513.
- Drackley JK. Lipid Metabolism. In: D’Mello JPF, organizador. *Metab Farm Anim Metab Nutr Anim.* 1<sup>o</sup> ed New York: CABI Publishing; 2000. p. 438.
- Dransfield E, Sosnicki A. Relationship between muscle growth and poultry meat quality. *Poult Sci.* 1999a;78:743–746.
- Dransfield E, Sosnicki a a. Relationship between muscle growth and poultry meat quality. *Poult Sci.* 1999b;78:743–746.
- Du YF, Ding QL, Li YM, Fang WR. Identification of Differentially Expressed Genes and Pathways for Myofiber Characteristics in Soleus Muscles between Chicken Breeds Differing in Meat Quality. *Anim Biotechnol.* 2016;5398:1–11.
- Durinck S, Spellman PT, Birney E, Huber W. Mapping identifiers for the integration of genomic datasets with the R/Bioconductor package biomaRt. *Nat Protoc.* 2009;4:1184–1191.
- Ekine-Dzivenu C, Chen L, Vinsky M, Aldai N, Dugan MER, McAllister TA, Wang Z, Okine E, Li C. Estimates of genetic parameters for fatty acids in brisket adipose tissue of Canadian commercial crossbred beef steers. *Meat Sci.* 2014;96:1517–1526.
- Euromonitor. *Better For You Packaged Food in the United Kingdom.* 2016;
- Falconer DS, Mackay TFC. *Introction to quantitative genetics.* Fourth. Longaman Group Ltd; 1996.
- Faustman C, Cassen GR. The biochemical basis for discoloration in fresh meat: A review. *J Muscle Foods.* 1990;1:217–243.
- Faustman C, Sun Q, Mancini R, Suman SP. Myoglobin and lipid oxidation interactions: Mechanistic bases and control. *Meat Sci.* Elsevier Ltd; 2010;86:86–94.
- Feiner G. *Meat Products Handbook [Internet].* 1<sup>o</sup> ed. Cambridge: Woodhead Publishing Limited and CRC Press LLC; 2006.

- Feitosa FLB, Olivieri BF, Aboujaoude C, Pereira ASC, de Lemos MVA, Chiaia HLJ, Berton MP, Peripolli E, Ferrinho AM, Mueller LF, Mazalli MR, de Albuquerque LG, de Oliveira HN, Tonhati H, Espigolan R, Tonussi RL, de Oliveira Silva RM, Gordo DGM, Magalhães AFB, Aguilar I, Baldi F. Genetic correlation estimates between beef fatty acid profile with meat and carcass traits in Nelore cattle finished in feedlot. *J Appl Genet. Journal of Applied Genetics*; 2016;
- Fisher A V, Enser M, Richardson RI, Wood JD, Nute GR, Kurt E, Sinclair LA, Wilkinson RG. Fatty acid composition and eating quality of lamb types derived from four diverse breed x production systems. *Meat Sci.* 2000;55:141.
- Fogarty NM, Safari E, Taylor PJ, Murray W. Genetic parameters for meat quality and carcass traits and their correlation with wool traits in Australian Merino sheep. *Aust J Agric Res.* 2003;54:715.
- Fontanesi L, Davoli R, Dall'Olio S, Russo V. Linkage assignment of the fast skeletal alkali myosin light polypeptide 1 (MYL1) gene to porcine chromosome 15. *Anim Genet.* 2000;31:415–6.
- Franco D, Mato A, Salgado FJ, López-Pedrouso M, Carrera M, Bravo S, Parrado M, Gallardo JM, Zapata C. Tackling proteome changes in the longissimus thoracis bovine muscle in response to pre-slaughter stress. *J Proteomics. Elsevier B.V.*; 2015;122:73–85.
- Frébort I, Pec P. Proteolytic activity assay based on enhanced peroxidase effect of hydrolyzed cytochrome c. *Biochem Mol Biol Int.* 1993;30:219–23.
- Fry AM, O'Regan L, Sabir SR, Bayliss R. Cell cycle regulation by the NEK family of protein kinases. *J Cell Sci.* 2012;125:4423–33.
- Galic S, Oakhill JS, Steinberg GR. Adipose tissue as an endocrine organ. *Mol Cell Endocrinol.* 2010;316:129–39.
- Gault NFS. The relationship between water-holding capacity and cooked meat tenderness in some beef muscles as influenced by acidic conditions below the ultimate pH. *Meat Sci.* 1985;15:15–30.
- Gaya LDG, Mourão GB, Ferraz JBS. Aspectos genético-quantitativos de características de desempenho, carcaça e composição corporal em frangos. *Ciência Rural.* 2006a;36:709–716.



- Gaya LDG, Mourão GB, Ferraz JBS, Mattos EC De, Costa AMMA Da, Michelan Filho T, Rosa AF, Felício AM, Eler JP. Estimates of heritability and genetic correlations for meat quality traits in broilers. *Sci Agric*. 2011;68:620–625.
- Gaya LG, Ferraz JBS, Rezende FM, Mourão GB, Mattos EC, Eler JP, Michelan Filho T. Heritability and genetic correlation estimates for performance and carcass and body composition traits in a male broiler line. *Poult Sci*. 2006b;85:837–43.
- Geesink GH, Mareko MHD, Morton JD, Bickerstaffe R. Effects of stress and high voltage electrical stimulation on tenderness of lamb m. longissimus. *Meat Sci*. 2001;57:265–271.
- Gillingham LG, Harris-Janz S, Jones PJH. Dietary monounsaturated fatty acids are protective against metabolic syndrome and cardiovascular disease risk factors. *Lipids*. 2011;46:209–228.
- Glamoclija N, Starcevic M, Janjic J, Ivanovic J, Boskovic M, Djordjevic J, Markovic R, Baltic MZ. The Effect of Breed Line and Age on Measurements of pH-value as Meat Quality Parameter in Breast Muscles (m. Pectoralis Major) of Broiler Chickens. *Procedia Food Sci*. Elsevier Srl; 2015;5:89–92.
- Gondret F, Lefaucheur L, Juin H, Louveau I, Lebret B. Low birth weight is associated with enlarged muscle fiber area and impaired meat tenderness of the longissimus muscle in pigs. *J Anim Sci*. 2006;84:93–103.
- Grandis FA, Ribeiro EL de A, Mizubuti IY, Bumbieris Junior VH, Prado OPP do, Pinto AP. CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA E QUALIDADE DA CARNE DE CORDEIROS ALIMENTADOS COM DIFERENTES TEORES DE TORTA DE SOJA EM SUBSTITUIÇÃO AO FARELO DE SOJA. *Ciência Anim Bras*. 2016;17:327–341.
- Greeff JC, Safari E, Fogarty NM, Hopkins DL, Brien FD, Atkins KD, Mortimer SI, Van Der Werf JHJ. Genetic parameters for carcass and meat quality traits and their relationships to liveweight and wool production in hogget Merino rams. *J Anim Breed Genet*. 2008;125:205–215.
- Grimm H, Mayer K, Mayser P, Eigenbrodt E. Regulatory potential of n-3 fatty acids in immunological and inflammatory processes. *Br J Nutr*. 2002;87 Suppl 1:S59-67.

- Grisart B, Farnir F, Karim L, Cambisano N, Kim J-J, Kvasz A, Mni M, Simon P, Frère J-M, Coppieters W, Georges M. Genetic and functional confirmation of the causality of the DGAT1 K232A quantitative trait nucleotide in affecting milk yield and composition. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2004;101:2398–403.
- Grundy SM. Influence of stearic acid on cholesterol metabolism relative to other long chain fatty acids. *Am J Clin Nutr*. 1994;60:986S–990S.
- Guillemin N, Bonnet M, Jurie C, Picard B. Functional analysis of beef tenderness. *J Proteomics*. Elsevier B.V.; 2011a;75:352–365.
- Guillemin N, Jurie C, Cassar-Malek I, Hocquette J-F, Renand G, Picard B. Variations in the abundance of 24 protein biomarkers of beef tenderness according to muscle and animal type. *animal*. 2011b;5:885–894.
- Guo B, Kongsuwan K, Greenwood PL, Zhou G, Zhang W, Dalrymple BP. A gene expression estimator of intramuscular fat percentage for use in both cattle and sheep. *J Anim Sci Biotechnol*. 2014;5:35.
- Guo J, Zhao W, Zhan S, Li L, Zhong T, Wang L, Dong Y, Zhang H. Identification and Expression Profiling of miRNAome in Goat longissimus dorsi Muscle from Prenatal Stages to a Neonatal Stage. *PLoS One*. 2016;11:e0165764.
- Guo Z, Miura K, Turin TC, Hozawa A, Okuda N, Okamura T, Saitoh S, Sakata K, Nakagawa H, Okayama A, Yoshita K, Kadowaki T, Choudhury SR, Nakamura Y, Rodriguez BL, Curb DJ, Elliott P, Stamler J, Ueshima H. Relationship of the polyunsaturated to saturated fatty acid ratio to cardiovascular risk factors and metabolic syndrome in Japanese: the INTERLIPID study. *J Atheroscler Thromb*. 2010;17:777–784.
- Habier D, Fernando RL, Kizilkaya K, Garrick DJ. Extension of the bayesian alphabet for genomic selection. *BMC Bioinformatics*. 2011;12:186.
- Haeseleer F, Palczewski K. [24] Short-chain dehydrogenases/reductases in retina. *Methods*. 2000. p. 372–383.
- Hamill RM, McBryan J, McGee C, Mullen AM, Sweeney T, Talbot A, Cairns MT, Davey GC. Functional analysis of muscle gene expression profiles associated with tenderness and intramuscular fat content in pork. *Meat Sci*. Elsevier Ltd; 2012;92:440–450.

- Hara A, Radin NS. Lipid extraction of tissues with a low-toxicity solvent. *Anal Biochem.* 1978;90:420–426.
- Hatzivassiliou G, Zhao F, Bauer DE, Andreadis C, Shaw AN, Dhanak D, Hingorani SR, Tuveson DA, Thompson CB. ATP citrate lyase inhibition can suppress tumor cell growth. *Cancer Cell.* 2005;8:311–21.
- Haug A, Høstmark AT, Harstad OM. Bovine milk in human nutrition – a review. *Lipids Health Dis.* 2007;6:25.
- Hayes B. QTL Mapping, MAS, and Genomic Selection Dr. Ben Hayes [Internet]. Program. 2007. p. 118.
- Health D of. Nutritional aspects of cardiovascular disease. Report of the Cardiovascular Review Group Committee on Medical Aspects of Food Policy. *Rep Health Soc Subj (Lond).* 1994;46:1–186.
- Hocquette J, Gondret F, Baéza E, Médale F, Jurie C, Pethick D. Intramuscular fat content in meat-producing animals: development, genetic and nutritional control, and identification of putative markers. *Animal.* 2010;4:303–319.
- Hoffman LC, Muller M, Cloete SWP, Schmidt D. Comparison of six crossbred lamb types: Sensory, physical and nutritional meat quality characteristics. *Meat Sci.* 2003;65:1265–1274.
- Hoffmann L, Seibt A, Herebian D, Spiekerkoetter U. Monounsaturated 14:1n-9 and 16:1n-9 Fatty Acids but not 18:1n-9 Induce Apoptosis and Necrosis in Murine HL-1 Cardiomyocytes. *Lipids.* 2014;49:25–37.
- Hopkins DL, Fogarty NM. Diverse lamb genotypes—2. Meat pH, colour and tenderness. *Meat Sci.* 1998;49:477–488.
- Hopkins DL, Fogarty NM, Mortimer SI. Genetic related effects on sheep meat quality. *Small Rumin Res. Elsevier B.V.;* 2011;101:160–172.
- Hopkins DL, Hegarty RS, Walker PJ, Pethick DW. Relationship between animal age, intramuscular fat, cooking loss, pH, shear force and eating quality of aged meat from sheep. *Aust J Exp Agric.* 2006;46:879–884.

- Hopkins DL, Stanley DF, Martin LC, Toohey ES, Gilmour AR. Genotype and age effects on sheep meat production. 3. Meat quality. *Aust J Exp Agric.* 2007;47:1155.
- Howell WH, McNamara DJ, Tosca M a, Smith BT, Gainers J a. Plasma lipid and lipoprotein cholesterol: A meta-analysis. *Am J Clin Nutr.* 1997;65:1747–64.
- Hu FB, Manson JE, Willett WC. Types of Dietary Fat and Risk of Coronary Heart Disease: A Critical Review. *J Am Coll Nutr.* 2001;20:5–19.
- Hu FB, Stampfer MJ, Manson JE, Rimm E, Colditz G a, Rosner B a, Hennekens CH, Willett WC. Dietary Fat Intake and the Risk of Coronary Heart Disease in Women. *N Engl J Med.* 1997;337:1491–1499.
- Huang DW, Sherman BT, Lempicki RA. Bioinformatics enrichment tools: paths toward the comprehensive functional analysis of large gene lists. *Nucleic Acids Res.* 2009;37:1–13.
- Huang JM, Xian H, Bacaner M. Long-chain fatty acids activate calcium channels in ventricular myocytes. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 1992;89:6452–6.
- Huff-Lonergan E, Lonergan SM. Mechanisms of water-holding capacity of meat: The role of postmortem biochemical and structural changes. *Meat Sci.* 2005;71:194–204.
- Huff Lonergan E, Zhang W, Lonergan SM. Biochemistry of postmortem muscle - Lessons on mechanisms of meat tenderization. *Meat Sci.* Elsevier Ltd; 2010;86:184–195.
- Hwang D. Fatty acids and immune responses--a new perspective in searching for clues to mechanism. *Annu Rev Nutr.* 2000;20:431–56.
- Hwang I., Park B., Cho S., Lee J. Effects of muscle shortening and proteolysis on Warner–Bratzler shear force in beef longissimus and semitendinosus. *Meat Sci.* 2004;68:497–505.
- Hwang IH, Devine CE, Hopkins DL. The biochemical and physical effects of electrical stimulation on beef and sheep meat tenderness. *Meat Sci.* 2003;65:677–91.

- Ibeagha-Awemu EM, Peters SO, Akwanji KA, Imumorin IG, Zhao X. High density genome wide genotyping-by-sequencing and association identifies common and low frequency SNPs, and novel candidate genes influencing cow milk traits. *Sci Rep. Nature Publishing Group*; 2016;6:31109.
- IBGE. Produção da pecuária municipal [Internet]. *Inst. Bras. Geogr. e Estatística*. 2014.
- IBGE. Produção da pecuária municipal. IBGE, organizador. *Inst Bras Geogr e Estatística. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística*; 2015;43:47.
- Ingham VM, Fogarty NM, Gilmour AR, Afolayan RA, Cummins LJ, Gaunt GM, Stafford J, Edwards JEH. Genetic evaluation of crossbred lamb production. 4. Genetic parameters for first-cross animal performance. *Aust J Agric Res*. 2007;58:839–846.
- Inoue K, Kobayashi M, Shoji N, Kato K. Genetic parameters for fatty acid composition and feed efficiency traits in Japanese Black cattle. *Animal*. 2011;5:987–94.
- Inoue K, Shoji N, Honda T, Oyama K. Genetic relationships between meat quality traits and fatty acid composition in Japanese black cattle. *Anim Sci J*. 2016;
- Ip C, Dong Y, Ip MM, Banni S, Carta G, Angioni E, Murru E, Spada S, Melis MP, Saebo A. Conjugated Linoleic Acid Isomers and Mammary Cancer Prevention. *Nutr Cancer*. 2002;43:52–58.
- Jacob RH, D'Antuono MF, Gilmour AR, Warner RD. Phenotypic characterisation of colour stability of lamb meat. *Meat Sci. The Authors*; 2014;96:1040–1048.
- Jakobsen MU, Overvad K, Dyerberg J, Heitmann BL. Intake of ruminant trans fatty acids and risk of coronary heart disease. *Int J Epidemiol*. 2008;37:173–182.
- Jiang A-A, Li MZ, Liu HF, Bai L, Xiao J, Li XW. Higher expression of acyl-CoA dehydrogenase genes in adipose tissues of obese compared to lean pig breeds. *Genet Mol Res*. 2014;13:1684–1689.
- Jiménez-Colmenero F, Sánchez-Muniz FJ, Olmedilla-Alonso B. Design and development of meat-based functional foods with walnut: Technological, nutritional and health impact. *Food Chem*. 2010;123:959–967.

- Joo ST, Kim GD, Hwang YH, Ryu YC. Control of fresh meat quality through manipulation of muscle fiber characteristics. *Meat Sci. The Authors*; 2013;95:828–36.
- Joris PJ, Mensink RP. Role of cis-Monounsaturated Fatty Acids in the Prevention of Coronary Heart Disease. *Curr Atheroscler Rep. Current Atherosclerosis Reports*; 2016;18.
- Kadri NK, Gulbrandtsen B, Lund MS, Sahana G. Genetic dissection of milk yield traits and mastitis resistance quantitative trait loci on chromosome 20 in dairy cattle 1. *J Dairy Sci. American Dairy Science Association*; 2015;98:9015–9025.
- Kang MJ, Shin MS, Park JN, Lee SS. The effects of polyunsaturated:saturated fatty acids ratios and peroxidisability index values of dietary fats on serum lipid profiles and hepatic enzyme activities in rats. *Br J Nutr.* 2005;94:526–32.
- Karamichou E, Merrell BG, Murray WA, Simm G, Bishop SC. Selection for carcass quality in hill sheep measured by X-ray computer tomography. *animal.* 2007;1:3.
- Karamichou E, Richardson RI, Nute GR, Gibson KP, Bishop SC. Genetic analyses and quantitative trait loci detection, using a partial genome scan, for intramuscular fatty acid composition in Scottish Blackface sheep. *J Anim Sci.* 2006a;84:3228–3238.
- Karamichou E, Richardson RI, Nute GR, McLean K a., Bishop SC. Genetic analyses of carcass composition, as assessed by X-ray computer tomography, and meat quality traits in Scottish Blackface sheep. *Anim Sci.* 2006b;82:151–162.
- Kärst S, Cheng R, Schmitt AO, Yang H, de Villena FPM, Palmer AA, Brockmann GA. Genetic determinants for intramuscular fat content and water-holding capacity in mice selected for high muscle mass. *Mamm Genome.* 2011;22:530–543.
- Kasai T, Ohguchi K, Nakashima S, Ito Y, Naganawa T, Kondo N, Nozawa Y. Increased activity of oleate-dependent type phospholipase D during actinomycin D-induced apoptosis in Jurkat T cells. *J Immunol.* 1998;161:6469–74.
- Kelley NS, Hubbard NE, Erickson KL. Conjugated linoleic acid isomers and cancer. *J Nutr.* 2007;137:2599–2607.

- Kenmochi N, Suzuki T, Uechi T, Magoori M, Kuniba M, Higa S, Watanabe K, Tanaka T. The Human Mitochondrial Ribosomal Protein Genes: Mapping of 54 Genes to the Chromosomes and Implications for Human Disorders. *Genomics*. 2001;77:65–70.
- Kepler CR, Hirons KP, Tove SB. Intermediates and Products of the Biohydrogenation of Linoleic Acid by Intermediates of Linoleic and Products of the Biohydrogenation Acid by *Butyrivibrio fibrisolvens*. *J Biol Chem*. 1966;241:1350–1354.
- Khlijji S, van de Ven R, Lamb TA, Lanza M, Hopkins DL. Relationship between consumer ranking of lamb colour and objective measures of colour. *Meat Sci*. Elsevier Ltd; 2010;85:224–229.
- Kim E-S, Ros-Freixedes R, Pena RN, Baas TJ, Estany J, Rothschild MF. Identification of signatures of selection for intramuscular fat and backfat thickness in two Duroc populations. *J Anim Sci*. 2015;93:3292.
- Knapp RH, Terry CA, Savell JW, Cross HR, Mies WL, Edwards JW. Characterization of cattle types to meet specific beef targets. *J Anim Sci*. 1987;67:2294–2308.
- Knee BW, Cummins LJ, Walker PJ, Kearney GA, Warner RD. Reducing dark-cutting in pasture-fed beef steers by high-energy supplementation. *Aust J Exp Agric*. 2007;47:1277–1283.
- Knight MI, Daetwyler HD, Hayes BJ, Hayden MJ, Ball AJ, Pethick DW, McDonagh MB. An independent validation association study of carcass quality, shear force, intramuscular fat percentage and omega-3 polyunsaturated fatty acid content with gene markers in Australian lamb. *Meat Sci*. The Authors; 2014;96:1025–1033.
- Koohmaraie M, Geesink GH. Contribution of postmortem muscle biochemistry to the delivery of consistent meat quality with particular focus on the calpain system. *Meat Sci*. 2006;74:34–43.
- Kris-Etherton PM, Pearson TA, Wan Y, Hargrove RL, Moriarty K, Fishell V, Etherton TD. High-monounsaturated fatty acid diets lower both plasma cholesterol and triacylglycerol concentrations. *Am J Clin Nutr*. 1999;70:1009–1015.

- Kristensen L, Therkildsen M, Riis B, Sørensen MT, Oksbjerg N, Purslow PP, Ertbjerg P. Dietary-induced changes of muscle growth rate in pigs: effects on in vivo and postmortem muscle proteolysis and meat quality. *J Anim Sci.* 2002;80:2862–71.
- Kummerow FA. MODIFICATION OF CELL MEMBRANE COMPOSITION BY DIETARY LIPIDS AND ITS IMPLICATIONS FOR ATHEROSCLEROSIS. *Ann N Y Acad Sci.* 1983;414:29–43.
- Kwon J, Goate A. The candidate gene approach. *Alcohol Res Heal.* 2000;
- Landim AV, Cardoso MTM, Castanheira M, Fioravanti MCS, Louvandini H, McManus C. Fatty acid profile of hair lambs and their crossbreds slaughtered at different weights. *Trop Anim Health Prod.* 2011;43:1561–1566.
- Laporta J, Hernandez LL. Serotonin receptor expression is dynamic in the liver during the transition period in Holstein dairy cows. *Domest Anim Endocrinol.* Elsevier Inc; 2015;51:65–73.
- Larsson SC, Orsini N. Red meat and processed meat consumption and all-cause mortality: A meta-analysis. *Am J Epidemiol.* 2014;179:282–289.
- Latimori NJ, Kloster AM, García PT, Carduza FJ, Grigioni G, Pensel NA. Diet and genotype effects on the quality index of beef produced in the Argentine Pampeana region. *Meat Sci.* 2008;79:463–469.
- Lawrence GD. Dietary Fats and Health : Dietary Recommendations in the Context of Scientific Evidence 1. *Adv Nutr.* 2013;4:294–302.
- Lawrie RA. Lawrie's Meat Science [Internet]. Lawrie's Meat Sci. Elsevier; 2006a.
- Lawrie RA. Lawrie's Meat Science [Internet]. Lawrie's Meat Sci. Elsevier; 2006b.
- Lea W, Abbas AS, Sprecher H, Vockley J, Schulz H. Long-chain acyl-CoA dehydrogenase is a key enzyme in the mitochondrial beta-oxidation of unsaturated fatty acids. *Biochim Biophys Acta.* 2000;1485:121–8.



- Lee K-T, Byun M-J, Kang K-S, Park E-W, Lee S-H, Cho S, Kim H, Kim K-W, Lee T, Park J-E, Park W, Shin D, Park H-S, Jeon J-T, Choi B-H, Jang G-W, Choi S-H, Kim D-W, Lim D, Park H-S, Park M-R, Ott J, Schook LB, Kim T-H, Kim H. Neuronal Genes for Subcutaneous Fat Thickness in Human and Pig Are Identified by Local Genomic Sequencing and Combined SNP Association Study. Mailund T, organizador. PLoS One. 2011;6:e16356.
- Lemos MVA, Chiaia HLJ, Berton MP, Feitosa FLB, Aboujaoud C, Camargo GMF, Pereira ASC, Albuquerque LG, Ferrinho AM, Mueller LF, Mazalli MR, Furlan JJM, Carneiro R, Gordo DM, Tonussi R, Espigolan R, Silva RM de O, de Oliveira HN, Duckett S, Aguilar I, Baldi F. Genome-wide association between single nucleotide polymorphisms with beef fatty acid profile in Nelore cattle using the single step procedure. BMC Genomics. BMC Genomics; 2016;17:213.
- Li C, Sun D, Zhang S, Wang S, Wu X, Zhang Q, Liu L, Li Y, Qiao L. Genome wide association study identifies 20 novel promising genes associated with milk fatty acid traits in Chinese Holstein. PLoS One. 2014a;9.
- Li P, Wang T, Mao Y, Zhang Y, Niu L, Liang R, Zhu L, Luo X. Effect of ultimate pH on postmortem myofibrillar protein degradation and meat quality characteristics of Chinese Yellow crossbreed cattle. ScientificWorldJournal. 2014b;2014:174253.
- Li X, Feng F, Gao R, Wang L, Qian Y, Li C, Zhou G. Application of near infrared reflectance (NIR) spectroscopy to identify potential PSE meat. J Sci Food Agric. 2015;n/a-n/a.
- Listrat A, Lebret B, Louveau I, Astruc T, Bonnet M, Lefaucheur L, Picard B, Bugeon J. How Muscle Structure and Composition Influence Meat and Flesh Quality. ScientificWorldJournal. 2016;2016:3182746.
- Liu H, Dong H, Robertson K, Liu C. DNA methylation suppresses expression of the urea cycle enzyme carbamoyl phosphate synthetase 1 (CPS1) in human hepatocellular carcinoma. Am J Pathol. Elsevier Inc.; 2011;178:652–61.
- Liu Q, Zhang J, Guo W, Zhao Y, Hu X, Li N. Identifying lipid metabolism genes in pig liver after clenbuterol administration. Front Biosci (Elite Ed). 2012;4:2605–16.
- Logan CY, Nusse R. The Wnt signaling pathway in development and disease. Annu Rev Cell Dev Biol. 2004;20:781–810.

- Lou Y, Liu S. The TIPE (TNFAIP8) family in inflammation, immunity, and cancer. *Mol Immunol*. Elsevier Ltd; 2011;49:4–7.
- Luo C, Qu H, Wang J, Wang Y, Ma J, Li C, Yang C, Hu X, Li N, Shu D. Genetic parameters and genome-wide association study of hyperpigmentation of the visceral peritoneum in chickens. *BMC Genomics*. BMC Genomics; 2013a;14:334.
- Luo W, Nie Q, Zhang X. MicroRNAs Involved in Skeletal Muscle Differentiation. *J Genet Genomics*. Elsevier Limited and Science Press; 2013b;40:107–116.
- Ma X, Guan L, Xuan J, Wang H, Yuan Z, Wu M, Liu R, Zhu C, Wei C, Zhao F, Du L, Zhang L. Effect of polymorphisms in the CAMKMT gene on growth traits in Ujumqin sheep. *Anim Genet*. 2016;47:618–622.
- Mach N, Blum Y, Bannink A, Causeur D, Houee-Bigot M, Lagarrigue S, Smits MA. Pleiotropic effects of polymorphism of the gene diacylglycerol-O-transferase 1 (DGAT1) in the mammary gland tissue of dairy cows. *J Dairy Sci*. Elsevier; 2012;95:4989–5000.
- Madruga MS, Sousa WH de, Rosales MD, Cunha M das GG, Ramos JL de F. Qualidade da carne de cordeiros Santa Inês terminados com diferentes dietas. *Rev Bras Zootec*. 2005;34:309–315.
- Madruga MS, Vieira TRDL, Cunha MDGG, Pereira Filho JM, Queiroga RDCRDE, Sousa WH de. Efeito de dietas com níveis crescentes de caroço de algodão integral sobre a composição química e o perfil de ácidos graxos da carne de cordeiros Santa Inês. *Rev Bras Zootec*. 2008;37:1496–1502.
- Magnani R, Dirk LMA, Triebel RC, Houtz RL. Calmodulin methyltransferase is an evolutionarily conserved enzyme that trimethylates Lys-115 in calmodulin. *Nat Commun*. Nature Publishing Group; 2010;1:1–6.
- Mancini RA, Hunt MC. Current research in meat color. *Meat Sci*. 2005;71:100–121.
- Mapiye C, Aldai N, Turner TD, Aalhus JL, Rolland DC, Kramer JKG, Dugan MER. The labile lipid fraction of meat: From perceived disease and waste to health and opportunity. *Meat Sci*. Elsevier B.V.; 2012;92:210–220.

- McAfee AJ, McSorley EM, Cuskelly GJ, Moss BW, Wallace JMW, Bonham MP, Fearon AM. Red meat consumption: An overview of the risks and benefits. *Meat Sci.* Elsevier Ltd; 2010;84:1–13.
- Mei S, Ni H-M, Manley S, Bockus A, Kassel KM, Luyendyk JP, Copples BL, Ding W-X. Differential roles of unsaturated and saturated fatty acids on autophagy and apoptosis in hepatocytes. *J Pharmacol Exp Ther.* 2011;339:487–98.
- Menendez JA, Lupu R. Fatty acid synthase and the lipogenic phenotype in cancer pathogenesis. *Nat Rev Cancer.* 2007;7:763–77.
- Mensink RP, Katan MB. Effect of dietary fatty acids on serum lipids and lipoproteins. A meta-analysis of 27 trials. *Arterioscler Thromb Vasc Biol.* 1992;12:911–919.
- Mensink RP, Zock PL, Kester ADM, Katan MB. Effects of dietary fatty acids and carbohydrates on the ratio of serum total to HDL cholesterol and on serum lipids and apolipoproteins: a meta-analysis of 60 controlled trials. *Am J Clin Nutr.* 2003;77:1146–55.
- Mente A., De Koning L., Shannon HS., Anand SS. A systematic review of the evidence supporting a causal link between dietary factors and coronary heart disease. *Arch Intern Med.* 2009;169:659–669.
- Meuwissen TH, Hayes BJ, Goddard ME. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics.* 2001;157:1819–29.
- Mexia AA, Macedo F de AF de, Alcalde CR, Sakaguti ES, Martins EN, Zundt M, Yamamoto SM, Macedo RMG de. Desempenhos reprodutivo e produtivo de ovelhas Santa Inês suplementadas em diferentes fases da gestação. *Rev Bras Zootec.* 2004;33:658–667.
- Miar Y, Plastow GS, Moore SS, Manafiazar G, Charagu P, Kemp RA, Van Haandel B, Huisman AE, Zhang CY, McKay RM, Bruce HL, Wang Z. Genetic and phenotypic parameters for carcass and meat quality traits in commercial crossbred pigs. *J Anim Sci.* 2014;92:2869–2884.
- Micha R, Wallace SK, Mozaffarian D. Red and processed meat consumption and risk of incident coronary heart disease, stroke, and diabetes mellitus: A systematic review and meta-analysis. *Circulation.* 2010;121:2271–2283.

- Miles EA, Calder PC. Influence of marine n-3 polyunsaturated fatty acids on immune function and a systematic review of their effects on clinical outcomes in rheumatoid arthritis. *Br J Nutr.* 2012;107 Suppl:S171-84.
- Miller MF, Carr MA, Ramsey CB, Crockett KL, Hoover LC. Consumer thresholds for establishing the value of beef tenderness. *J Anim Sci.* 2001;79:3062–3068.
- Misztal I, Tsuruta S, Strabel T, Auvray B, Druet T, Lee DH. BLUPF90 and related programs (BGF90). *Proc 7th World Congr Genet Appl to Livest Prod.* 2002;28:21–22.
- Morris BJ, Willcox DC, Donlon TA, Willcox BJ. **FOXO3**: A Major Gene for Human Longevity - A Mini-Review. *Gerontology.* 2015;61:515–525.
- Mortimer SI, van der Werf JHJ, Jacob RH, Hopkins DL, Pannier L, Pearce KL, Gardner GE, Warner RD, Geesink GH, Hocking Edwards JE, Ponnampalam EN, Ball AJ, Gilmour AR, Pethick DW. Genetic parameters for meat quality traits of Australian lamb meat. *Meat Sci. Elsevier B.V.;* 2014;96:1016–1024.
- Mortimer SI, Van Der Werf JHJ, Jacob RH, Pethick DW, Pearce KL, Warner RD, Geesink GH, Hocking Edwards JE, Gardner GE, Ponnampalam EN, Kitessa SM, Ball AJ, Hopkins DL. Preliminary estimates of genetic parameters for carcass and meat quality traits in Australian sheep. *Anim Prod Sci.* 2010;50:1135–1144.
- Muoio DM, MacLean PS, Lang DB, Li S, Houmard JA, Way JM, Winegar DA, Corton JC, Dohm GL, Kraus WE. Fatty acid homeostasis and induction of lipid regulatory genes in skeletal muscles of peroxisome proliferator-activated receptor (PPAR) alpha knock-out mice. Evidence for compensatory regulation by PPAR delta. *J Biol Chem.* 2002;277:26089–97.
- Murphy EF, Jewell C, Hooiveld GJ, Muller M, Cashman KD. Conjugated linoleic acid enhances transepithelial calcium transport in human intestinal-like Caco-2 cells: an insight into molecular changes. *Prostaglandins Leukot Essent Fatty Acids.* 2006;74:295–301.
- Murray RK, Granner DK, Rodwell VW. Harper: *Bioquímica Ilustrada.* 27<sup>o</sup> ed. São Paulo: Mc Graw Hill; 2007.
- Nelson DL, Cox MM. *Princípios de Bioquímica de Lehninger.* 5<sup>a</sup>. Porto Alegre: Artmed; 2011.

- Nogi T, Honda T, Mukai F, Okagaki T, Oyama K. Heritabilities and genetic correlations of fatty acid compositions in longissimus muscle lipid with carcass traits in Japanese Black cattle. *J Anim Sci.* 2011;89:615–621.
- Nonneman DJ, Shackelford SD, King DA, Wheeler TL, Wiedmann RT, Snelling WM, Rohrer GA. Genome-wide association of meat quality traits and tenderness in swine. *J Anim Sci.* 2013;91:4043–4050.
- Ntambi JM. The regulation of stearoyl-CoA desaturase (SCD). *Prog Lipid Res.* 1995;34:139–150.
- Ntambi JM, Miyazaki M. Regulation of stearoyl-CoA desaturases and role in metabolism. *Prog Lipid Res.* 2004;43:91–104.
- OECD. Meat consumption (indicator). 2016.
- Offer G, Knight P, Jeacocke R, Almond R, Cousins T, Elsey J, Parsons N, Sharp A, Starr R, Purslow P. The structural basis of the water-holding, appearance and toughness of meat and meat products. *Food Microstruct.* 1989. p. 151–170.
- Olalgaquiaga Perez JR, Bressan MC, Bragagnolo N, Prado OV, Lemos AL da SC, Bonagurio S. Efeito do peso ao abate de cordeiros Santa Inês e Bergamácia sobre o perfil de ácidos graxos, colesterol e propriedades químicas. *Ciência e Tecnol Aliment.* 2002;22:11–18.
- Oliveira D, Machín L, Deliza R, Rosenthal A, Walter EH, Giménez A, Ares G. Consumers' attention to functional food labels: Insights from eye-tracking and change detection in a case study with probiotic milk. *LWT - Food Sci Technol.* 2016;68:160–167.
- Olmedilla-Alonso B, Jiménez-Colmenero F, Sánchez-Muniz FJ. Development and assessment of healthy properties of meat and meat products designed as functional foods. *Meat Sci.* Elsevier Ltd; 2013;95:919–930.
- Osório JC da S, Osório MTM, Sañudo C. Características sensoriais da carne ovina. *Rev Bras Zootec.* 2009;38:292–300.
- Pearce KL, Rosenvold K, Andersen HJ, Hopkins DL. Water distribution and mobility in meat during the conversion of muscle to meat and ageing and the impacts on fresh meat quality attributes — A review. *Meat Sci.* Elsevier Ltd.; 2011;89:111–124.

- Penasa M, Tiezzi F, Gottardo P, Cassandro M, De Marchi M. Genetics of milk fatty acid groups predicted during routine data recording in Holstein dairy cattle. *Livest Sci. Elsevier*; 2015;173:9–13.
- Perini JÂ de L, Stevanato FB, Sargi SC, Visentainer JEL, Dalalio MM de O, Matshushita M, de Souza NE, Visentainer JV. Ácidos graxos poli-insaturados n-3 e n-6: Metabolismo em mamíferos e resposta imune. *Rev Nutr.* 2010;23:1075–1086.
- Petrini J, lung LHS, Rodriguez MAP, Salvian M, Pértille F, Rovadoscki GA, Cassoli LD, Coutinho LL, Machado PF, Wiggans GR, Mourão GB. Genetic parameters for milk fatty acids, milk yield and quality traits of a Holstein cattle population reared under tropical conditions. *J Anim Breed Genet.* 2016;133:384–395.
- Prevolnik M, Čandek-Potokar M, Škorjanc D. Predicting pork water-holding capacity with NIR spectroscopy in relation to different reference methods. *J Food Eng.* 2010;98:347–352.
- Purchas RW. Some effects of nutrition and castration on meat production from male Suffolk cross (Border Leicester-Romney-cross) lambs. I Growth and carcass quality. *New Zeal J Agric Res.* 1978;21:367–376.
- Purchas RW, Burnham DL, Morris ST. Effects of growth potential and growth path on tenderness of beef longissimus muscle from bulls and steers. *J Anim Sci.* 2002;80:3211–3221.
- Qiao M, Fletcher DL, Smith DP, Northcutt JK. The effect of broiler breast meat color on pH, moisture, water-holding capacity, and emulsification capacity. *Poult Sci.* 2001;80:676–680.
- Queiroz L de O, Santos GR de A, Macêdo F de AF de, Mora NHAP, Torres MG, Santana TEZ, Macêdo FG de. Características quantitativas da carcaça de cordeiros Santa Inês, abatidos com diferentes espessuras de gordura subcutânea. *Rev Bras Saúde e Produção Anim.* 2015;16:712–722.
- Ramayo-Caldas Y, Fortes MRS, Hudson NJ, Porto-Neto LR, Bolormaa S, Barendse W, Kelly M, Moore SS, Goddard ME, Lehnert SA, Reverter A. A marker-derived gene network reveals the regulatory role of PPARGC1A, HNF4G, and FOXP3 in intramuscular fat deposition of beef cattle. *J Anim Sci.* 2014;92:2832–2845.

- Renaville B, Bacciu N, Lanzoni M, Corazzin M, Piasentier E. Polymorphism of fat metabolism genes as candidate markers for meat quality and production traits in heavy pigs. *Meat Sci.* Elsevier Ltd; 2015;110:220–223.
- Renerre M. La couleur de la viande et sa mesure. *Bull Tech Cent Rech Zootech Vet Theix.* 1982;47:47–54.
- Resconi VC, Escudero A, Beltr??n JA, Olleta JL, Sa??udo C, Mar Campo M del. Color, lipid oxidation, sensory quality, and aroma compounds of beef steaks displayed under different levels of oxygen in a modified atmosphere package. *J Food Sci.* 2012;77:10–18.
- Reverter A, Fortes MRS. Genome-Wide Association Studies and Genomic Prediction [Internet]. *Methods Mol. Biol.* 2013.
- Rincon G, Islas-Trejo A, Castillo AR, Bauman DE, German BJ, Medrano JF. Polymorphisms in genes in the SREBP1 signalling pathway and SCD are associated with milk fatty acid composition in Holstein cattle. *J Dairy Res.* 2012;79:66–75.
- Rodrigues GH, Susin I, Pires AV, de Alencar SM, Mendes CQ, Gentil RS. Perfil de ?cidos graxos e composi??o qu?mica do m?sculo longissimus dorsi de cordeiros alimentados com dietas contendo polpa c?trica. *Rev Bras Zootec.* 2010;39:1346–1352.
- Ross SE, Hemati N, Longo KA, Bennett CN, Lucas PC, Erickson RL, MacDougald OA. Inhibition of adipogenesis by Wnt signaling. *Science.* 2000;289:950–3.
- Rotta PP, Do Prado RM, Do Prado IN, Valero MV, Visentainer JV, Silva RR. The effects of genetic groups, nutrition, finishing systems and gender of Brazilian cattle on carcass characteristics and beef composition and appearance: A review. *Asian-Australasian J Anim Sci.* 2009;22:1718–1734.
- Saatchi M, Garrick DJ, Tait RG, Mayes MS, Drewnoski M, Schoonmaker J, Diaz C, Beitz DC, Reecy JM. Genome-wide association and prediction of direct genomic breeding values for composition of fatty acids in Angus beef cattle. *BMC Genomics.* 2013;14:730.
- Safari E, Fogarty NM, Gilmour AR. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livest Prod Sci.* 2005;92:271–289.

- Sañudo C, Enser ME, Campo MM, Nute GR, María G, Sierra I, Wood JD. Fatty acid composition and sensory characteristics of lamb carcasses from Britain and Spain. *Meat Sci.* 2000;54:339–346.
- Sañudo Astiz C. Calidad de la canal y de la carne ovina y caprina y los gustos de los consumidores. *Rev Bras Zootec.* 2008;37:143–160.
- Sarkar S, Dey BK, Dutta A. MiR-322/424 and -503 Are Induced during Muscle Differentiation and Promote Cell Cycle Quiescence and Differentiation by Down-Regulation of Cdc25A. *Mol Biol Cell.* 2010;21:2138–2149.
- Sarmiento JLR, Torres R a., Pereira CS, Sousa WH, Lopes PS, Araújo C V., Euclides RF. Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. *Arq Bras Med Vet e Zootec.* 2006;58:68–77.
- Sartorius T, Ketterer C, Kullmann S, Balzer M, Rotermund C, Binder S, Hallschmid M, Machann J, Schick F, Somoza V, Preissl H, Fritsche A, Hering HU, Hennige AM. Monounsaturated fatty acids prevent the aversive effects of obesity on locomotion, brain activity, and sleep behavior. *Diabetes.* 2012;61:1669–1679.
- Savell JW, Mueller SL, Baird BE. The chilling of carcasses. *Meat Sci.* 2005;70:449–459.
- Schennink A, Stoop WM, Visker MHPW, Heck JML, Bovenhuis H, van der Poel JJ, van Valenberg HJF, van Arendonk JAM. DGAT1 underlies large genetic variation in milk-fat composition of dairy cows. *Anim Genet.* 2007;38:467–73.
- Schulka AC, Colla EX. Alimentos Funcionais E Suas Perspectivas No Mercado. *FOOD INGREDIENTS Bras.* 2014;84–85.
- Schwingshackl L, Hoffmann G. Monounsaturated Fatty Acids and Risk of Cardiovascular Disease: Synopsis of the Evidence Available from Systematic Reviews and Meta-Analyses. *Nutrients.* 2012;4:1989–2007.
- Scollan N, Hocquette JF, Nuernberg K, Dannenberger D, Richardson I, Moloney A. Innovations in beef production systems that enhance the nutritional and health value of beef lipids and their relationship with meat quality. *Meat Sci.* 2006;74:17–33.



- Seals DF, Courtneidge SA. The ADAMs family of metalloproteases: multidomain proteins with multiple functions. *Genes Dev.* 2003;17:7–30.
- Sentandreu MA, Coulis G, Ouali A. Role of muscle endopeptidases and their inhibitors in meat tenderness. *Trends Food Sci Technol.* 2002;13:398–419.
- Seong J, Yoon H, Kong HS. Identification of microRNA and target gene associated with marbling score in Korean cattle (Hanwoo). *Genes Genomics. The Genetics Society of Korea;* 2016;38:529–538.
- Shimabukuro M, Wang MY, Zhou YT, Newgard CB, Unger RH. Protection against lipoapoptosis of beta cells through leptin-dependent maintenance of Bcl-2 expression. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 1998;95:9558–61.
- Sibut V, Hennequet-Antier C, Le Bihan-Duval E, Marthey S, Duclos MJ, Berri C. Identification of differentially expressed genes in chickens differing in muscle glycogen content and meat quality. *BMC Genomics.* 2011;12:112.
- Silva MR, Pedrosa VB, Silva JCB, Eler JP, Guimarães JD, Albuquerque LG. Testicular traits as selection criteria for young Nelore bulls. *J Anim Sci.* 2011;99:2061–2067.
- Silva FLR da, Araújo AM De. Características de reprodução e de crescimento de ovinos mestiços Santa Inês, no Ceará. *Rev Bras Zootec.* 2000;29:1712–1720.
- Simionatto JI, Costa LS, Silva RR, Macedo MS, Lira AP, Lacerda ECQ. Relação Ômega 6 e 3 em Ovinos da Raça Santa Inês Alimentados com Diferentes Níveis de Inclusão de Casca de Soja em Substituição ao Milho. Intergovernmental Panel on Climate Change, organizador. *Rev Científica Produção Anim. Cambridge: Cambridge University Press;* 2011;13:111–114.
- Simopoulos AP. The importance of the omega-6/omega-3 fatty acid ratio in cardiovascular disease and other chronic diseases. *Exp Biol Med (Maywood).* 2008;233:674–88.
- Siurana A, Calsamiglia S. A metaanalysis of feeding strategies to increase the content of conjugated linoleic acid (CLA) in dairy cattle milk and the impact on daily human consumption. *Anim Feed Sci Technol. Elsevier B.V.;* 2016;217:13–26.

- Smith GC, Belk KE, Sofos JN, Tatum JD, Williams SN. Economic implications of improved color stability in beef. In: A. Decker, Faustman C, Lopez-Bote CJ, organizadores. *Antioxidants muscle foods Nutr Strateg to Improv Qual*. New York: Wiley Interscience; 2000. p. 397–426.
- Sorio A, Rasi L. Ovinocultura e abate clandestino: um problema fiscal ou uma solução de mercado? *Rev Política Agrícola*. 2010;71–83.
- Sousa W, Pereira C. Estimativas de componentes de (co) variância e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos da raça Santa Inês. *Rev Bras ....* 1999;1252–1262.
- Sousa WH De, Nonato R, Lôbo B, Morais R. Ovinos Santa Inês : Estado de Arte e Perspectivas. *Simpósio Int sobre caprino e ovino corte*. 2003;501–522.
- Staiger K, Staiger H, Weigert C, Haas C, Haring H-U, Kellerer M. Saturated, but Not Unsaturated, Fatty Acids Induce Apoptosis of Human Coronary Artery Endothelial Cells via Nuclear Factor- B Activation. *Diabetes*. 2006;55:3121–3126.
- Sumara G, Sumara O, Kim JK, Karsenty G. Gut-Derived Serotonin Is a Multifunctional Determinant to Fasting Adaptation. *Cell Metab. Elsevier Inc.*; 2012;16:588–600.
- Takada I, Kouzmenko AP, Kato S. Wnt and PPAR $\gamma$  signaling in osteoblastogenesis and adipogenesis. *Nat Rev Rheumatol*. 2009;5:442–447.
- Tang DG, La E, Kern J, Kehrer JP. Fatty acid oxidation and signaling in apoptosis. *Biol Chem*. 2002;383:425–42.
- Terpstra AH. Differences between humans and mice in efficacy of the body fat lowering effect of conjugated linoleic acid: role of metabolic rate. *J Nutr*. 2001;131:2067–8.
- Tholstrup T, Vessby B, Sandstrom B. Difference in effect of myristic and stearic acid on plasma HDL cholesterol within 24 h in young men. *Eur J Clin Nutr*. 2003;57:735–42.

- Tiezzi F, Parker-Gaddis KL, Cole JB, Clay JS, Maltecca C. A Genome-Wide Association Study for Clinical Mastitis in First Parity US Holstein Cows Using Single-Step Approach and Genomic Matrix Re-Weighting Procedure. *PLoS One*. 2015;10:e0114919.
- Tizioto PC, Decker JE, Taylor JF, Schnabel RD, Mudadu M a, Silva FL, Mourão GB, Coutinho LL, Tholon P, Sonstegard TS, Rosa a N, Alencar MM, Tullio RR, Medeiros SR, Nassu RT, Feijó GLD, Silva LOC, Torres R a, Siqueira F, Higa RH, Regitano LC a. Genome scan for meat quality traits in Nelore beef cattle. *Physiol Genomics*. 2013;45:1012–20.
- Uemoto Y, Abe T, Tameoka N, Hasebe H, Inoue K, Nakajima H, Shoji N, Kobayashi M, Kobayashi E. Whole-genome association study for fatty acid composition of oleic acid in Japanese Black cattle. *Anim Genet*. 2011;42:141–148.
- van Binsbergen R, Calus MPL, Bink MCAM, van Eeuwijk FA, Schrooten C, Veerkamp RF. Genomic prediction using imputed whole-genome sequence data in Holstein Friesian cattle. *Genet Sel Evol. Genetics Selection Evolution*; 2015;47:71.
- VanRaden PM. Efficient methods to compute genomic predictions. *J Dairy Sci*. 2008;91:4414–23.
- Vartiainen E, Laatikainen T, Tapanainen H, Puska P. Changes in Serum Cholesterol and Diet in North Karelia and All Finland. *Glob Heart. World Heart Federation (Geneva)*; 2016;11:179–184.
- Viana JGA. Panorama Geral da Ovinocultura no Mundo e no Brasil. *Rev Ovinos*. 2008;4:1–9.
- Viana JGA, Moraes MRE De, Dorneles JP. Dinâmica das importações de carne ovina no Brasil: análise dos componentes temporais. *Semin Ciências Agrárias*. 2015;36:2223.
- Vidal O, Varona L, Oliver MA, Noguera JL, Sanchez A, Amills M. Malic enzyme 1 genotype is associated with backfat thickness and meat quality traits in pigs. *Anim Genet*. 2006;37:28–32.

- Viladomiu M, Hontecillas R, Bassaganya-Riera J. Modulation of inflammation and immunity by dietary conjugated linoleic acid. *Eur J Pharmacol.* Elsevier; 2015;1–9.
- Wang H, Misztal I, Aguilar I, Legarra A, Muir WM. Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes. *Genet Res (Camb).* 2012;94:73–83.
- Warner RD, Greenwood PL, Pethick DW, Ferguson DM. Genetic and environmental effects on meat quality. *Meat Sci.* The American Meat Science Association; 2010;86:171–183.
- Węglarz A. Meat quality defined based on pH and colour depending on cattle category and slaughter season. *Czech J Anim Sci.* 2010;55:548–556.
- Wei Y, Wang D, Topczewski F, Pagliassotti MJ. Saturated fatty acids induce endoplasmic reticulum stress and apoptosis independently of ceramide in liver cells. *Am J Physiol Endocrinol Metab.* 2006;291:E275-81.
- Wheeler TL, Shackelford SD, Johnson LP, Miller MF, Miller RK, Koohmaraie M. A Comparison of Warner-Bratzler Shear Force Assessment Within and among Institutions. *J Anim Sci.* 1997;75:2423–2432.
- Wood JD, Enser M, Fisher AV, Nute GR, Sheard PR, Richardson RI, Hughes SI, Whittington FM. Fat deposition, fatty acid composition and meat quality: A review. *Meat Sci.* 2008;78:343–358.
- Wood JD, Richardson RI, Nute GR, Fisher A V, Campo MM, Kasapidou E, Sheard PR, Enser M. Effects of fatty acids on meat quality: a review. *Meat Sci.* 2004;66:21–32.
- Wu C, Orozco C, Boyer J, Leglise M, Goodale J, Batalov S, Hodge CL, Haase J, Janes J, Huss JW, Su AI. BioGPS: an extensible and customizable portal for querying and organizing gene annotation resources. *Genome Biol.* 2009;10:R130.
- Würzner R. Deficiencies of the complement MAC II gene cluster (C6, C7, C9): is subtotal C6 deficiency of particular evolutionary benefit? *Clin Exp Immunol.* 2003;133:156–159.

- Xiang L. Leptin gene transfer regulates fibromuscular development and lipid deposition in muscles via SIRT1, FOXO3a and PGC-1 $\alpha$  in mice in vivo. *Int J Mol Med*. 2011;28:617–623.
- Xiao YF, Gomez AM, Morgan JP, Lederer WJ, Leaf A. Suppression of voltage-gated L-type Ca<sup>2+</sup> currents by polyunsaturated fatty acids in adult and neonatal rat ventricular myocytes. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 1997;94:4182–7.
- Yang Q, Abedi-Valugerdi M, Xie Y, Zhao X-Y, Möller G, Nelson BD, DePierre JW. Potent suppression of the adaptive immune response in mice upon dietary exposure to the potent peroxisome proliferator, perfluorooctanoic acid. *Int Immunopharmacol*. 2002;2:389–97.
- Yehuda S, Rabinovitz S, Carasso RL, Mostofsky DI. The role of polyunsaturated fatty acids in restoring the aging neuronal membrane. *Neurobiol Aging*. 2002;23:843–853.
- Yen C-LE, Stone SJ, Koliwad S, Harris C, Farese R V. Thematic Review Series: Glycerolipids. DGAT enzymes and triacylglycerol biosynthesis. *J Lipid Res*. 2008;49:2283–2301.
- Youdim KA, Martin A, Joseph JA. Essential fatty acids and the brain: Possible health implications. *Int J Dev Neurosci*. 2000;18:383–399.
- Yu S-L, Lee S-M, Kang M-J, Jeong H-J, Sang B-C, Jeon J-T, Lee J-H. Identification of Differentially Expressed Genes Between Preadipocytes and Adipocytes Using Affymetrix Bovine Genome Array. *J Anim Sci Technol*. 2009;51:443–452.
- Yuan J, Wang K, Yi G, Ma M, Dou T, Sun C, Qu L-J, Shen M, Qu L, Yang N. Genome-wide association studies for feed intake and efficiency in two laying periods of chickens. *Genet Sel Evol. BioMed Central*; 2015;47:82.
- Zhang C, Wang Z, Bruce H, Kemp RA, Charagu P, Miar Y, Yang T, Plastow G. Genome-wide association studies (GWAS) identify a QTL close to PRKAG3 affecting meat pH and colour in crossbred commercial pigs. *BMC Genet*. 2015;16:33.
- Zhang CL, Yuan J, Wang Q, Wang YH, Fang XT, Lei CZ, Yang DY, Chen H. The association of bovine T1R family of receptors polymorphisms with cattle growth traits. *Res Vet Sci. Elsevier Ltd*; 2012a;93:783–787.

- Zhang H, Wang Z, Wang S, Li H. Progress of genome wide association study in domestic animals. *J Anim Sci Biotechnol*. 2012b;3:26.
- Zhang L, Liu J, Zhao F, Ren H, Xu L, Lu J, Zhang S, Zhang X, Wei C, Lu G, Zheng Y, Du L. Genome-Wide Association Studies for Growth and Meat Production Traits in Sheep. *PLoS One*. 2013a;8.
- Zhang XH, Qi YX, Gao X, Li JY, Xu SZ. Expression of ADAMTS4 and ADAMTS5 in longissimus dorsi muscle related to meat tenderness in Nanyang cattle. *Genet Mol Res*. 2013b;12:4639–4647.
- Zhu W, Zhang H. Why do we test multiple traits in genetic association studies? *J Korean Stat Soc*. 2009;38:1–10.
- 2015 – 2020 Dietary Guidelines for Americans. 8<sup>o</sup> ed. U.S. Dep. Heal. Hum. Serv. U.S. Dep. Agric. Washington: U.S. Government Printing Office; 2015.