

Estimação de parâmetros genéticos de uma população F_2 de suínos

Estimation of genetic parameters in an F_2 swine population

MENDONÇA, Patrícia Tristão¹; LOPES, Paulo Sávio¹; BRACCINI NETO, José²;
CARNEIRO, Paulo Luiz Souza^{3*}; TORRES, Robledo de Almeida¹; GUIMARÃES,
Simone Eliza Facioni¹; VERONEZE, Renata¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Zootecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

²Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Faculdade de Agronomia, Departamento de Zootecnia, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.

³Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Departamento de Ciências Biológicas, Jequié, Bahia, Brasil.

*Endereço para correspondência: plscarneiro@gmail.com

RESUMO

Objetivou-se estimar parâmetros genéticos de características de carcaça, cortes de carcaça, qualidade de carne e desempenho de suínos em uma população F_2 (Piau x linhagem comercial), para melhor se compreender a herança e a associação entre essas características. Para obter as estimativas de herdabilidades e correlações genéticas foi utilizado um modelo animal unicaracterístico e bicaracterístico, respectivamente, e os parâmetros foram estimados a partir dos componentes de variância e covariância, obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita por meio do programa MTDFREML. As herdabilidades estimadas, em modelo unicaracterístico, variaram de 0,10 a 0,43 para o grupo de características de carcaça, de 0,07 a 0,47 para cortes de carcaça, de 0,14 a 0,40 para qualidade de carne e de 0,18 a 0,86 para características de desempenho. As correlações genéticas estimadas em modelo bicaracterístico foram altas para algumas características, o que pode ser indicativo de que estas são controladas pelos mesmos genes ou genes ligados. Estudos futuros de mapeamento dos locos de características quantitativas, nesta população permitirão uma melhor compreensão das causas das correlações genéticas existentes entre as características, bem como determinar em qual região cromossômica localiza-se os locos de características quantitativas.

Palavras-chave: correlação genética, herdabilidade, locos de características quantitativas, raça Piau

SUMMARY

The aim of this work was to estimate genetic parameters for carcass, carcass cuts, meat quality and performance traits in an F_2 swine population (Piau x commercial strain) in order to understand the inheritance of the traits and the association among them. Heritability estimates and genetic correlations were obtained using univariate and bivariate animal models, respectively, and (co)covariance components were obtained by means of restricted maximum likelihood analyses using the software MTDFREML. The heritability estimates using single trait model ranged from 0.10 to 0.43 for carcass, 0.07 to 0.47 for carcass cuts, 0.14 to 0.40 for meat quality and 0.18 to 0.86 for performance traits. The genetic correlation estimates using bi-trait model were high for several traits, showing that they are controlled by the same genes or linked genes. These results suggest that a better understanding of the genetic correlation among the traits, as well as, the quantitative trait loci position can be obtained by mapping studies in this population.

Keywords: genetic correlation, heritability, Piau breed, quantitative trait loci

INTRODUÇÃO

Entre os parâmetros genéticos de uma população, a herdabilidade e a correlação genética são as principais estimativas de interesse. Quantificar esses parâmetros para características de interesse econômico é de fundamental importância para promover uma seleção mais eficiente. Nesse sentido, entender a associação entre as características de qualidade da carne e as de desempenho e carcaça é importante para atender aos objetivos do melhoramento genético de suínos (BARBOSA et al, 2010).

Além disso, estimativas de parâmetros genéticos em populações F_2 podem ser úteis para confirmar a existência de locos de características quantitativas pleiotrópicos. Zhang et al. (1998) realizaram mapeamento dos locos de características quantitativas em gado de leite e observaram que vários cromossomos, em particular o seis; nove; 14; 20 e 26, apresentaram locos de características quantitativas associados a mais de uma característica.

Estudos têm relatado a identificação de locos de características quantitativas em suínos para uma variedade de características (SILVA et al., 2003a; SILVA et al., 2003b; GONÇALVES et al., 2005; PIRES et al., 2005 e 2008; PAIXÃO et al., 2008a; SILVA et al., 2008; EDWARDS et al, 2008a,b, SILVA et al., 2009; PINTO et al., 2010, GONG et al., 2010, SOUZA et al., 2011). A maioria desses estudos utilizaram cruzamentos entre raças divergentes e focaram características de crescimento, carcaça, cortes de carcaça, órgãos internos e qualidade de carne. Os locos de características quantitativas identificados nos cruzamentos não necessariamente segregam dentro das raças comerciais e, por essa razão, necessitam ser verificados nestas para

permitir a implementação da seleção assistida por marcadores.

Além do objetivo do estudo dos locos de características quantitativas, que visa a identificar genes que possam ser utilizados no melhoramento por meio da seleção assistida por marcadores, existe o objetivo de compreender melhor a herança dessas características e a causa da correlação genética (pleiotropia ou ligação). A obtenção de parâmetros genéticos, a partir de dados fenotípicos e informações de parentesco, permitem corroborar os estudos dos locos de características quantitativas.

Assim, objetivou-se neste trabalho estimar parâmetros genéticos e fenotípicos de características de carcaça, cortes de carcaça, qualidade de carne e desempenho de suínos em uma população F_2 , para uma melhor compreensão da herança e associação destas características.

MATERIAL E MÉTODOS

A formação da população F_2 e a obtenção dos dados fenotípicos foram realizadas na Granja de Melhoramento de Suínos do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), no período de novembro de 1998 a julho de 2001.

A população F_2 foi desenvolvida a partir do cruzamento entre dois varrões da raça naturalizada brasileira Piau e 18 fêmeas de linhagem comercial (composto branco), selecionadas para características de desempenho e carcaça. Desse cruzamento entre as linhas parentais foram obtidos 240 animais F_1 , dos quais foram escolhidos aleatoriamente 11 varrões, provenientes de diferentes leitegadas, que foram acasalados (monta natural) com 54 fêmeas para formação da F_2 .

Os animais F₂ foram divididos em cinco lotes, de acordo com o mês de nascimento. Os machos foram castrados aos 10 dias, e os animais foram desmamados aos 21 dias e, dos 77 aos 105 dias de idade mediu-se o consumo alimentar individual.

O abate dos animais foi realizado quando o peso médio do lote atingia 65 (64,84 ± 5,53) kg de peso vivo (147,83 ± 9,95 dias de idade). Os animais permaneceram em jejum por cerca de 18 horas antes do abate, período em que tiveram pleno acesso à água fresca. Foram retiradas, da última para a penúltima costela da meia-carcaça esquerda ainda quente, amostras do músculo *Longissimus thoracis*, a partir do qual foram obtidas as características de qualidade de carne. As análises dessas características foram conduzidas no Laboratório de Carnes do Departamento de Tecnologia de Alimentos da UFV. As metodologias empregadas na avaliação dessas características estão descritas em Benevenuto Júnior (2001).

O conjunto das características mensuradas nos suínos F₂ foi agrupado em

características de carcaça (Tabela 1), cortes de carcaça (Tabela 2), qualidade de carne (Tabela 3) e desempenho (Tabela 4). Para obter as estimativas de herdabilidades foi utilizado um modelo animal unicaracterístico, representado por: $y = Xb + Za + e$, em que y é o vetor das observações; b é o vetor de efeitos fixos (grupo contemporâneo formado pela concatenação de sexo, lote de nascimento e covariáveis lineares: peso da carcaça para o grupo de características de carcaça; peso da banda direita resfriada para o grupo de cortes de carcaça; idade ao abate para o grupo de qualidade de carne; tamanho da leitegada a desmama para P21, P42, P63, P77, P105 e peso aos 77 dias de idade para GPD, CR, CA); a é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos; e é o vetor de efeitos aleatórios residuais; e X e Z são as matrizes de incidência, que relacionam os efeitos fixos e aleatórios de animal com as observações, respectivamente.

Tabela 1. Número de observações (N), médias, desvios padrão e os valores mínimos e máximos para as características de carcaça

Características	N	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
RCARC (%)	515	81,99	2,04	75,67	87,78
MBCC (cm)	535	86,01	4,22	72,00	104,00
MLC (cm)	530	71,67	3,29	59,00	85,00
SH (mm)	535	40,43	5,47	27,00	56,00
UC (mm)	537	19,84	4,82	5,00	36,00
UL (mm)	535	28,51	5,95	14,00	49,00
LL (mm)	468	44,99	2,05	32,62	49,87
P2 (mm)	536	16,86	3,79	8,00	32,00
ETO (mm)	468	21,60	5,41	10,12	34,79
EBACON (mm)	527	24,95	6,63	11,00	45,00

RCARC = rendimento de carcaça com pés e cabeça; MBCC = comprimento de carcaça pelo Método Brasileiro de Classificação de Carcaça; MLC = comprimento de carcaça pelo Método Americano; SH = maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar; UC = espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar; UL = espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar; LL = menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar; P2 = espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5cm da linha dorso-lombar; ETO = igual a P2 mensurada na carcaça resfriada; EBACON = espessura do bacon.

Tabela 2. Número de observações (N), médias, desvios padrão e os valores mínimos e máximos para as características de corte de carcaça

Características	N	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
PP (kg)	535	7,29	0,86	3,88	10,18
PPL (kg)	537	5,00	0,64	2,78	7,39
PCOPA (kg)	537	2,33	0,36	1,21	3,87
PCOPAL (kg)	537	1,68	0,27	0,75	2,67
PPA (kg)	537	4,87	0,64	2,56	7,07
PPAL (kg)	537	2,71	0,40	1,53	5,32
PC (kg)	536	3,48	0,53	1,74	5,88
PL (kg)	536	1,03	0,21	0,29	2,30
PB (kg)	536	2,68	0,481	0,65	4,31
PCOS (kg)	537	1,52	0,25	0,90	2,69
PAPADA (kg)	537	0,71	0,21	0,28	1,81
PF (kg)	537	0,22	0,04	0,11	0,36
PBR (kg)	537	0,46	0,17	0,13	1,23

PP = peso total do pernil; PPL = peso do pernil sem pele e sem capa de gordura; PCOPA = peso total da copa; PCOPAL = peso da copa sem pele e sem capa de gordura; PPA = peso total da paleta; PPAL = peso da paleta sem pele e sem capa de gordura; PC = peso total do carré; PL = peso do lombo; PB = peso total do bacon; PCOS = peso das costelas; PAPADA = peso total da papada; PF = peso do filezinho e PBR = peso da banha rama.

Tabela 3. Número de observações (N), médias, desvios padrão e os valores mínimos e máximos para as características de qualidade de carne

Característica	N	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
pH45 (pH)	509	6,49	0,27	5,35	7,00
pH24 (pH)	514	5,71	0,15	5,40	6,66
GOTEJ (%)	515	3,22	1,71	1,08	8,93
COZ (%)	508	32,62	2,51	24,24	39,64
PTOT (%)	407	34,26	2,68	25,40	40,51
MACIEZ (kg/cm ²)	402	5541,60	865,45	3293,20	7941,60
L	459	45,03	1,96	32,62	49,87
A	448	0,07	0,61	-0,68	2,89
B	457	6,61	0,55	5,02	7,96
H	400	84,02	5,61	62,06	94,95
C	413	6,71	0,52	5,00	7,97

pH45 = pH 45 minutos após o abate; pH24 = pH 24 horas após o abate; GOTEJ = perda de peso por gotejamento; COZ = perda de peso por cozimento; PTOT = perda de peso total; MACIEZ = maciez objetiva (força de cisalhamento); L = luminosidade; A = índice de vermelho; B = índice de amarelo; H = tonalidade de cor; e C = índice de saturação. L, A, e B obtidos com base no sistema de Hunter.

Tabela 4. Número de observações (N), médias, desvios padrão e os valores mínimos e máximos para as características de desempenho

Característica	N	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
P21 (kg)	567	4,94	1,08	2,15	8,69
P42 (kg)	574	8,38	1,83	3,39	12,95
P63 (kg)	584	16,34	3,32	8,22	26,53
P77 (kg)	611	21,42	4,29	9,30	34,50
P105 (kg)	589	36,47	6,31	17,59	55,00
CR (kg)	601	39,97	8,01	16,31	64,74
GPD (kg/dia)	590	0,53	0,13	0,10	0,89
CA	585	2,79	0,07	1,53	6,71
PA (kg)	506	64,79	5,56	42,2	79,50
IDA (dia)	519	147,75	10,12	116,00	180,00

P21, P42, P63, P77 e P105 = peso aos 21, 42, 63, 77 e 105 dias de idade, respectivamente; PA = peso ao abate; GPD = ganho de peso médio diário dos 77 aos 105 dias; CR = consumo de ração dos 77 aos 105 dias; CA = conversão alimentar dos 77 aos 105 dias e IDA = idade ao abate.

No caso das correlações genéticas, foi utilizado um modelo animal bicaracterístico representado por:

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

em que y_i é o vetor das observações para a i -ésima característica; b_i é o vetor de efeitos fixos para a i -ésima característica; a_i é o vetor de efeitos de animal para a i -ésima característica; e_i é o vetor de efeitos residuais para a i -ésima característica; X_i e Z_i são as matrizes de incidência e Φ é uma matriz nula.

As herdabilidades e correlações foram estimadas a partir dos componentes de variância e covariância obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita por meio do programa MTDFREML ("Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood"), descrito por Boldman et al. (1995).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de herdabilidade encontradas para as características de carcaça foram, em sua maioria, de médias a altas, o que indicou a existência de variabilidade genética aditiva para essas características na população (Tabela 5). As estimativas de herdabilidade para RCARC, MBCC e MLC foram próximas às encontradas por Ginè et al. (2004). Para rendimento de carcaça alguns autores encontraram estimativas maiores, conforme Hicks et al. (1998) de 0,43 e Oliveira et al. (1997) com valores na faixa de 0,52 a 0,63.

As estimativas de herdabilidade encontradas para as diferentes mensurações da espessura de toucinho variaram de 0,10 a 0,43. Costa et al. (2001) encontraram estimativas com valores de 0,34, 0,43 e 0,50 para a raça Duroc, Large White e Landrace, respectivamente. As pesquisas de Torres Júnior et al. (1998) apontaram 0,37 e 0,51 para Large White e Landrace, respectivamente, e Barbosa et al. (2008a e

2008b) de 0,44 para Large White. A estimativa de herdabilidade para P2 foi maior do que a apresentada por Ginè et al. (2004) de 0,16. Para espessura do bacon, a estimativa de herdabilidade foi de 0,25. Foram observadas, em sua maioria, correlações genéticas negativas do comprimento de carcaça com a maioria das características, destacando-se as espessuras de toucinho (Tabela 5). Esses resultados estão de acordo com Hicks et al. (1998), que ao trabalharem com comprimento de carcaça, também

encontraram correlações genéticas negativas entre esta característica e as espessuras de toucinho estudadas. Pires et al. (2006), ao trabalharem com mapeamento de locos de características quantitativas no cromossomo 6, com a mesma população do estudo atual, afirmaram que havia evidência de QTL que influenciavam as características comprimento de carcaça pelo método brasileiro (MBCC) e espessura de bacon (EBACON).

Tabela 5. Estimativas de herdabilidade e de correlações genéticas e fenotípicas para as características de carcaça¹

Item	RCARC	MBCC	MLC	SH	UC	UL	LL	P2	ETO	EBACON
RCARC	0,36	-0,35	-0,51	0,38	-0,04	-0,17	-0,03	0,34	0,32	0,34
MBCC	-0,30	0,25	NC	-0,45	-0,28	-0,45	0,40	-0,35	-0,19	-0,67
MLC	-0,33	NC	0,23	-0,15	-0,02	-0,11	-0,16	-0,32	-0,10	NC
SH	0,15	-0,34	-0,34	0,10	0,76	0,87	-0,20	0,73	0,40	0,44
UC	0,18	-0,48	-0,48	0,47	0,10	0,79	-0,34	0,83	0,67	0,59
UL	0,14	-0,48	-0,42	0,52	0,65	0,43	0,19	0,59	0,45	0,62
LL	-0,07	0,20	0,22	-0,08	-0,15	-0,06	0,25	-0,43	-0,40	0,11
P2	0,22	-0,47	-0,47	0,55	0,67	0,68	-0,17	0,21	0,97	0,94
ETO	0,16	-0,40	-0,42	0,45	0,58	0,60	-0,16	0,75	0,19	0,87
EBACON	0,17	-0,51	NC	0,46	0,57	0,60	-0,16	0,70	0,63	0,25

¹As estimativas de herdabilidade (análises unicaracterísticas) são apresentadas na diagonal; as estimativas de correlações genéticas (análises bicaracterísticas) são apresentadas acima da diagonal; e as estimativas de correlações fenotípicas (análises bicaracterísticas) são apresentadas abaixo da diagonal.

RCARC = rendimento de carcaça com pés e cabeça; MBCC = comprimento de carcaça pelo Método Brasileiro de Classificação de Carcaça; MLC = comprimento de carcaça pelo Método Americano; SH = maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar; UC = espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar; UL = espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar; LL = menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar; P2 = espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5cm da linha dorso-lombar; ETO = espessura de toucinho a 6,5 cm da linha dorso-lombar; equivalente à P2; EBACON = espessura do bacon; NC = características que não atingiram a convergência.

O rendimento de carcaça apresentou correlações genéticas médias e positivas com a maioria das espessuras de toucinho. Esse resultado difere do apresentado por Oliveira et al. (1997),

que verificaram correlações genéticas negativas e altas entre o rendimento de carcaça e espessura de toucinho média e P2.

As espessuras de toucinho apresentaram-se altamente correlacionadas entre si e com a espessura do bacon, com destaque para P2, que demonstrou correlações genéticas mais expressivas. Esses resultados sugerem que um mesmo gene ou grupo gênico pode afetar essas características.

Silva et al. (2008) realizaram estudo de mapeamento dos locos de características quantitativas associado com características de carcaça, na F₂ do atual estudo, e detectaram locos de características quantitativas para as características de deposição de gordura entre os marcadores microssatélite S0001 e SW58. Embora as medidas de espessura de toucinho tenham sido obtidas em diferentes locais da carcaça, as regiões cromossômicas de detecção dos locos de características quantitativas foram similares, e indicaram a presença de um ou mais genes nesta região que atuam simultaneamente sobre a deposição de gordura subcutânea.

Com relação às características de cortes de carcaça, a estimativa da herdabilidade para o peso do pernil sem pele e sem gordura foi de 0,47 (ver Tabela 6), próximo às estimativas encontradas por van Wijk et al. (2005) de 0,39, e Oliveira et al. (1997) de 0,49. Ressalte-se que van Wijk et al. (2005) avaliaram uma população de animais cruzados (Large White - Pietran x Linha comercial), enquanto Oliveira et al. (1997) avaliaram um rebanho de animais da raça Large White. A herdabilidade da característica peso do filezinho também foi alta, ou seja, 0,46. Para as demais características de corte de carcaça, com exceção das características PPA, PPAL e PL que apresentaram herdabilidades médias, as estimativas de herdabilidade foram baixas, e indicaram baixa variabilidade genética.

Foi observada alta correlação genética do peso do pernil sem pele e sem gordura com o peso do lombo (0,70). Esse resultado está de acordo com o obtido por van Wijk et al. (2005), que encontraram correlação genética de 0,74, entre peso do pernil e do lombo, ambos sem pele e sem gordura. Foram encontradas correlações genéticas médias do peso total do pernil e o do pernil sem pele e sem gordura com o peso do filezinho de 0,64 e 0,63, respectivamente, e entre o peso do lombo e do filezinho, 0,59.

As altas correlações genéticas estimadas entre os cortes (Tabela 6) podem ter ocorrido devido aos efeitos pleiotrópicos, isto quer dizer que os mesmos genes influenciaram várias características. Outra possibilidade seria a ligação gênica, isto é, os genes que determinam as características poderiam estar ligados. Pires et al. (2008), ao avaliarem a população F₂, bem similar à utilizada no presente trabalho, encontraram locos de características quantitativas sugestivo ($P < 0,10$), em regiões próximas para peso total do pernil limpo, peso de lombo e peso de filezinho no cromossomo 6 de suínos. Tal fato aponta para a existência de pleiotropia ou ligação gênica, o que ajuda a explicar as correlações encontradas para tais características.

Além disso, os autores também encontraram outro loco de característica quantitativa sugestivo ($P < 0,10$) para peso de paleta, no entanto tal loco de característica quantitativa estava localizado relativamente distante dos outros, sem poder, dessa forma, ser utilizado para explicar as correlações das características com o peso de paleta. Análises adicionais dos locos de características quantitativas, que avaliem os demais cromossomos, permitirão melhor entendimento sobre as correlações existentes entre as características de corte nessa população.

Tabela 6. Estimativas de herdabilidade (diagonal) e de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) para as características de corte de carcaça¹

Item	PP	PPL	PCOPA	PCOPAL	PPA	PPAL	PC	PL	PB	PCOS	PAPADA	PF	PBR
PP	0,07	0,65	-0,52	-0,23	-1	-0,05	-0,16	0,41	-0,86	-0,08	0,82	0,64	-0,25
PPL	0,52	0,47	0,45	0,87	0,21	0,77	-0,61	0,7	-0,36	0,83	-0,22	0,63	-0,72
PCOPA	-0,12	0,06	0,10	0,89	0,04	0,35	-0,29	0,76	NC	0,32	-0,02	-0,11	-0,5
PCOPAL	-0,004	0,3	0,78	0,13	0,06	0,7	-0,62	0,67	-0,85	0,83	0,3	0,06	-0,61
PPA	0,03	0,15	0,15	0,18	0,26	0,46	-0,25	NC	-0,25	-0,47	-0,94	0,23	-0,48
PPAL	0,19	0,55	0,14	0,32	0,48	0,37	-0,59	0,29	-0,68	0,84	-0,53	0,86	-0,47
PC	0,09	-0,1	-0,04	-0,03	-0,37	-0,27	0,12	-0,19	0,21	0,44	-0,12	-0,38	0,12
PL	0,23	0,52	0,12	0,25	NC	0,29	0,2	0,23	-0,97	NC	0,16	0,59	-0,76
PB	-0,21	-0,31	NC	-0,3	-0,22	-0,22	-0,04	-0,25	0,10	-0,16	-0,13	-0,7	0,99
PCOS	-0,14	0,2	-0,02	0,12	0,04	0,1	-0,12	NC	-0,17	0,09	0,39	0,43	-0,84
PAPADA	0,01	-0,03	-0,08	-0,11	-0,49	-0,24	-0,02	0,02	0,11	0,05	0,13	-0,53	0,2
PF	0,14	0,39	0,02	0,1	0,07	0,32	-0,08	0,3	-0,15	0,15	-0,06	0,46	-0,54
PBR	-0,14	-0,54	-0,11	-0,24	-0,34	-0,46	0,23	-0,32	0,41	-0,13	0,002	-0,2	0,32

PP = peso total do pernil; PPL = peso do pernil sem pele e sem capa de gordura; PCOPA = peso total da copa; PCOPAL = peso da copa sem pele e sem capa de gordura; PPA = peso total da paleta; PPAL = peso da paleta sem pele e sem capa de gordura; PC = peso total do carré; PL = peso do lombo; PB = peso total do bacon; PCOS = peso das costelas; PAPADA = peso total da papada; PF = peso do filezinho e PBR = peso da banha rama; NC – não houve convergência.

Os valores de herdabilidade estimados para as características de qualidade de carne variaram de 0,14 a 0,40 (Tabela 7). As estimativas de herdabilidade para luminosidade (L), índice de vermelho (A) e índice de amarelo (B) foram de 0,27, 0,39 e 0,31, respectivamente, maiores que as apresentadas por van Wijk et al. (2005) de 0,18; 0,21 e 0,15 para as mesmas características.

A estimativa de herdabilidade para pH24 foi de 0,16, semelhante à encontrada por van Wijk et al. (2005), de 0,11 e próxima às estimativas de

0,13 a 0,20 publicadas por Hermes et al. (2000) e Andersen e Pedersen (2000); de 0,07 por Suzuki et al. (2005); de 0,19 por Schinckel (2009). A estimativa de herdabilidade para pH45 foi de 0,14, valor próximo da estimativa encontrada por Schinckel (2009), que ao trabalhar com pH medido uma hora após o abate, encontrou valor de 0,19, e menor do que a encontrada por Larzul et al. (1997), de 0,32, que trabalharam com pH medido 30 minutos após o abate.

Tabela 7. Estimativas de herdabilidade (diagonal) e de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) para as características de qualidade de carne¹

Item	pH45	pH24	GOTEJ	COZ	PTOT	MACIEZ	L	A	B	H	C
pH45	0,14	NC	NC	-0,62	-0,74	0,17	-0,47	-0,01	-0,60	-0,12	-0,50
pH24	NC	0,16	-0,49	0,24	-0,27	0,10	-0,67	0,22	-0,55	-0,18	-0,37
GOTEJ	NC	-0,20	0,22	0,64	0,83	-0,30	0,82	0,41	0,60	-0,19	0,41
COZ	-0,16	0,04	0,29	0,37	NC	-0,46	0,06	0,63	0,63	-0,14	0,71
PTOT	-0,43	-0,08	0,68	NC	0,40	-0,27	0,20	0,68	0,42	-0,41	0,47
MACIEZ	0,23	0,17	-0,34	-0,05	-0,15	0,32	-0,62	-0,36	-0,59	0,31	-0,72
L	-0,02	-0,25	0,18	0,09	0,22	-0,37	0,27	0,23	0,44	0,38	0,98
A	-0,06	0,03	-0,01	0,09	0,07	-0,09	-0,19	0,39	-0,05	NC	0,03
B	-0,02	-0,31	0,18	0,24	0,24	-0,32	0,71	-0,27	0,31	0,24	NC
H	0,03	-0,06	0,02	0,003	-0,04	0,08	0,41	NC	0,36	0,33	0,19
C	0,01	-0,29	0,16	0,26	0,24	-0,35	0,96	-0,12	NC	0,21	0,30

¹pH45 = pH 45 minutos após o abate; pH24 = pH 24 horas após o abate; GOTEJ = perda de peso por gotejamento; COZ = perda de peso por cozimento; PTOT = perda de peso total; MACIEZ = maciez objetiva (força de cisalhamento); L = luminosidade; A = índice de vermelho; B = índice de amarelo; H = tonalidade de cor; e C = índice de saturação; NC = não houve convergência.

Para índice de saturação, a estimativa de herdabilidade de 0,30 foi semelhante ao observado por autores como Van Wijk et al. (2005) e Andersen e Pedersen (2000). Para perda por gotejamento e perda por cozimento foram encontradas estimativas de herdabilidade de 0,22 e 0,37, respectivamente. Na literatura, encontraram-se estimativas nesta faixa para perda por gotejamento, entre 0,08 a

0,30 (HERMESCH et al., 2000; SCHINCKEL, 2009; SUZUKI et al., 2005). Schinckel (2009) e Suzuki et al. (2005) estimaram valores menores para perda por cozimento de 0,08 e 0,09, respectivamente.

Para maciez foi encontrada estimativa de herdabilidade de 0,32, valor próximo às apresentadas por Van Wijk et al. (2005), de 0,20; Schinckel (2009), de

0,26 e Suzuki et al. (2005), de 0,45. A maior estimativa de herdabilidade encontrada para características de qualidade de carne foi de 0,40 para perda total. Entretanto, não foram encontrados valores de herdabilidade para essa característica na literatura.

Correlações de médias a altas e negativas foram observadas entre pH45 e COZ e PTOT. Pires et al. (2005) encontraram locos de características quantitativas em regiões próximas para pH45 e GOTEJ, no cromossomo 6, para esta população F₂, o que indicou a presença de um ou mais genes, que atuavam simultaneamente em ambas as características nessa região.

As estimativas de correlações genéticas encontradas neste trabalho, para perda por gotejamento e luminosidade foram de 0,82. Esse resultado foi semelhante ao apresentado por van Wijk et al. (2005), de 0,81. Já, as correlações entre perda por gotejamento, índice de vermelho e índice de saturação foram de 0,41 e 0,41, respectivamente, que diferiram das encontradas por esses autores de -0,13 e -0,85. Em geral, foram observadas correlações médias a altas entre as características de capacidade de retenção de água (perda por gotejamento, perda por cozimento e perda de peso total) e as características de cor (índice de vermelho, índice de amarelo, luminosidade e índice de saturação).

A cor está relacionada com a quantidade de pigmento presente na fração líquida da carne, e assim, com a capacidade da carne em reter água. Paixão et al. (2008b) encontraram locos de características quantitativas no cromossomo 16 para A e COZ, e para PTOT no cromossomo 18.

Obteve-se correlações genéticas negativas de média a alta magnitude, da maciez, com as características de cor e capacidade de retenção de água. Assim, quanto maior a perda de água, maior será a força de

cisalhamento e menor a maciez da carne, a qual terá uma coloração mais clara.

Em relação ao pH, foram observadas em sua maioria, correlações negativas para o pH24 e pH45, e as características relacionadas com a capacidade de retenção de água visto que, a mudança de pH da carne *post-mortem* está diretamente relacionada à capacidade da carne em reter água; quanto maior o pH menor a perda de água (BENEVENUTO JÚNIOR, 2001).

As correlações genéticas entre pH45 e luminosidade, índice de amarelo, perda por cozimento, perda de peso total e índice de saturação foram de -0,47, -0,6, -0,62, -0,74 e -0,5, respectivamente. Pires et al. (2005), ao trabalharem com mapeamento de locos de características quantitativas de suínos, geneticamente divergentes no cromossomo 6, encontraram um loco de característica quantitativa que se relacionava com o pH45. As correlações entre pH24 e luminosidade e índice de amarelo de -0,67 e -0,55, foram semelhantes às apresentadas por van Wijk et al. (2005) de -0,6 e -0,46, e menores que a observada por Schinckel (2009), para pH24 e luminosidade, de -0,8.

As estimativas de herdabilidade (Tabela 8) para os pesos estudados nas várias idades apresentaram valores altos, com variação de 0,51 a 0,86, a exceção do peso ao abate em que a estimativa foi de 0,18. As características de desempenho IDA, CA e GPD apresentaram estimativas de herdabilidade de 0,25, 0,25 e 0,40, respectivamente. Esses valores foram semelhantes aos encontrados por Roso et al. (1995) para as três características em suínos da raça Duroc.

Foi observada uma correlação genética (Tabela 8) entre CA e o GPD de -0,91 e semelhante à encontrada por Roso et al. (1995). Essa alta correlação genética tem como explicação a existência de

genes pleiotrópicos ou ligados que determinam ambas características. Entretanto, Paixão et al. (2008a) não observaram locos de características

quantitativas (QTL) na mesma região do cromossomo 16, 17 e 18 para as características de desempenho da mesma população F₂.

Tabela 8. Estimativas de herdabilidade (diagonal) e de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) para as características de desempenho¹

Item	P21	P42	P63	P77	P105	CR	GPD	CA	PA	IDA
P21	0,79	0,85	0,81	0,77	0,57	-0,03	-0,39	NC	-0,16	-0,90
P42	0,79	0,76	0,90	0,87	0,68	-0,15	-0,29	0,27	0,01	-0,86
P63	0,74	0,85	0,86	0,9	0,88	-0,13	-0,23	-0,15	-0,14	-0,93
P77	0,69	0,81	0,9	0,70	NC	NC	NC	NC	-0,09	NC
P105	0,52	0,65	0,73	NC	0,51	0,94	NC	NC	0,27	NC
CR	-0,03	-0,06	-0,06	NC	0,77	0,19	0,74	-0,39	0,54	-0,44
GPD	-0,10	-0,05	-0,10	NC	NC	0,64	0,40	-0,91	0,61	-0,27
CA	NC	0,06	-0,01	NC	NC	-0,16	-0,55	0,25	-0,15	0,50
IDA	-0,44	-0,48	-0,15	NC	NC	-0,30	-0,35	0,30	0,10	0,25

¹P21, P42, P63, P77 e P105 = peso aos 21, 42, 63, 77 e 105 dias de idade, respectivamente; GPD = ganho de peso médio diário dos 77 aos 105 dias; CR = consumo de ração dos 77 aos 105 dias; CA = conversão alimentar dos 77 aos 105 dias e IDA = idade ao abate; NC = não houve convergência.

Em estudo de mapeamento no cromossomo 6 dessa população, Pires et al. (2007) relataram que o valor máximo de F para GPD, na posição de 101 cM, poderia estar correlacionado com CR (QTL em 99 cM), como evidência de efeitos pleiotrópicos deste loco nessas características. Assim, a correlação genética alta entre GPD e CR de 0,74 (Tabela 8) evidencia a presença de genes pleiotrópicos ou ligados e corrobora o estudo de Pires et al. (2007).

As correlações fenotípicas (Tabela 8), entre todas as características, apresentaram em sua maioria, o mesmo sentido que as correlações genéticas e divergiram apenas em magnitude.

As médias e altas correlações genéticas estimadas para as várias características dessa população indicam que estas possuem genes em comum que atuam

sobre elas. Estudos futuros de mapeamento de locos de características quantitativas nessa população podem levar a uma melhor compreensão das causas das correlações genéticas existentes entre as características.

REFERÊNCIAS

- ANDERSEN, S.; PEDERSEN, B. Genetic parameters for colour traits and pH and correlations to production traits. In: ANNUAL MEETING OF THE EUROPEAN FEDERATION OF ANIMAL SCIENCE, 51, 2000, Zurich. **Proceeding...** Zurich: European Federation of Animal Science, 2000. n.100, p.129-133.

BARBOSA, L.T.; LOPES, P.S.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J.; TORRES, R.A.; COSTA, A.R.C.; PIRES, A.V.; SANTANA JUNIOR, M.L. Comparação entre modelos para estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho em suínos da raça Large White. **Revista Ceres**, v.55, p.60-65, 2008a.

BARBOSA, L.T.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J.; TORRES, R.A.; SANTANA JUNIOR, M.L.; VERONEZE, R. Estimação de parâmetros genéticos em suínos usando Amostrador de Gibbs. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, p.1200-1206, 2008b.

BARBOSA, L.T.; REGAZZI, A.J.; BACKES, A.A.; FAGUNDES, J.L.; MORAIS, J.A.S. Associação entre qualidade da carne e características quantitativas de suínos por meio de correlação canônica. **Revista Brasileira Saúde Produção Animal**[Online], v.11, p.1150-1162, 2010.

BENEVENUTO JÚNIOR. A.A. **Avaliação de rendimento de carcaça e de qualidade da carne de suínos comerciais de raça nativa e cruzados**. 2001. 93f. Dissertação (Mestrado em Tecnologia de Alimentos) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2001.

BOLDMAN, K.G.; KRIESE, S.; VAN VLECK, L.D.; KACHMAN, S.D. **MTDFREML user's guide**. USDA/ARS, Claycenter, Nebraska, 1995. 114p.

COSTA, A.R.C; LOPES, P.S.; TORRES, R.A.; REGAZZI, A.J; SILVA, M.A.; EUCLYDES, R.F.; PIRES, A.V.; Estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho de suínos das raças Large White, Landrace e Duroc. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.49-55, 2001.

EDWARDS, D.B.; ERNST, C.W.; TEMPELMAN, R.J.; BATES, R.O. Quantitative trait loci mapping in an F₂ Duroc x Pietrain resource population: I. Growth traits. **Journal Animal Science**, v.86, p.241-253, 2008a.

EDWARDS, D.B.; ERNST, C.W.; RANEY, N.E.; DOUMIT, M.E.; HOGE, M.E.; BATES, R.O. Quantitative trait locus mapping in an F₂ Duroc x Pietrain resource population: II. Carcass and meat quality traits. **Journal Animal Science**, v.86, p.254-266, 2008b.

GINÉ, G.A.F.; FREITAS, R.T.F.; OLIVEIRA, A.I.G.; PEREIRA, I.G.; GONÇALVES, T.M. Estimativa de parâmetros genéticos para características de carcaça em um rebanho de suínos Large White. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.337-343, 2004.

GONÇALVES, T.M.; OLIVEIRA, H.N.; BOVENHUIS, H.; BINK, M.; ARENDONK, J.V. Modelos alternativos para detecção de locos de características quantitativas (QTL) de carcaça e crescimento nos cromossomos 4, 5 e 7 de suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.1540-1552, 2005.

GONG, Y.F.; LU, X.; WANG, Z.P.; HU, F.; LUO, Y.R.; CAI, S.Q.; QI, C.M.; LI, S.; NIU, S.Y.; QIU, X.T.; ZENG, J.; ZHANG, Q. Detection of quantitative trait loci affecting haematological traits in swine via genome Scanning. **BMC Genetics**, v.11, p.1-9, 2010.

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

HICKS, C.; TSUTOMU, F.;
SCHINCKEL, A.P. Estimates of genetic
parameters for daily gain and carcass
traits for Japanese Large White Swine.
Swine Day Report, 1998. 3p.

LARZUL, C.; LEFAUCHEUR, L.;
ECOLAN, P.; GOGUÉ, J.; TALMANT,
A.; SELLIER, P.; LE ROY, P. ;
MONIN, G. Phenotypic and genetic
parameter for longissimus muscle fiber
characteristics in relation to growth.
carcass and meat quality traits in Large
White pigs. **Journal of Animal Science**,
v.75, p.3126-3137, 1997.

OLIVEIRA, A.I.G.; SAENZ, E.A.C.;
FERRAZ, J.B.S.; FIALHO, T.E.
Parâmetros genéticos para características
de carcaça de suínos. 2. Estimativas de
correlações genéticas e fenotípicas.
Revista Brasileira de Zootecnia, v.26,
p.61-65, 1997.

PAIXÃO, D.M.; GUIMARÃES, S.E.F.;
SILVA FILHO, M.I.; LOPES, P.S.;
PEREIRA, M.S.; SOLERO, B.P.
Detecção de locos de características
quantitativas nos cromossomos 16, 17 e
18 de suínos. **Revista Brasileira de
Zootecnia**, v.37, p.1781-1787, 2008a.

PAIXÃO, D.M.; SILVA FILHO, M.I.;
PEREIRA, M.S.; LOPES, M.S.;
BARBOSA, L.; SOUZA, K.R.S.;
LOPES, P.S.; GUIMARÃES, S.E.F.
Quantitative trait loci for carcass, internal
organ and meat quality traits on porcine
chromosomes 16, 17 and 18. **Genetics
and Molecular Biology**, v.31, p.898-901,
2008b.

PINTO, A.P.G.; LOPES, P.S.; LOPES,
M.S.; SILVA FILHO, M.I.; SOUZA,
K.R.S.; CARNEIRO, P.L.S.;
GUIMARÃES, S.E.F. Detecção de locos
de características quantitativas nos
cromossomos 9, 10 e 11 de suínos.
Revista Brasileira de Zootecnia, v.39,
p.2174-2181, 2010.

PIRES, A.V.; LOPES, P.S.;
GUIMARÃES, S.E.F.; GOMIDE,
L.A.M.; BENEVENUTO JÚNIOR,
A.A.; CARMO, F.M.S. Quantitative
trait loci mapping for meat quality traits
in swine chromosome 6. **Arquivo
Brasileiro de Medicina Veterinária e
Zootecnia**, v.57, p.608-615, 2005.

PIRES, A.V.; LOPES, P.S.;
GUIMARÃES, S.E. Mapeamento de
locos de características quantitativas no
cromossomo 6, associados às
características de carcaça e órgãos
internos de suínos. **Revista Brasileira
de Zootecnia**, v.35, p.1660-1668, 2006
(supl.).

PIRES, A.V.; LOPES, P.S.;
GUIMARÃES, C.T.; GUIMARÃES,
S.E.F. Mapping quantitative trait loci
for performance traits on pig
chromosome 6 (SSC6). **Archivos
Latinoamericanos de Producción
Animal**, v.15, p.25-31, 2007.

PIRES, A.V.; LOPES, P.S.;
GUIMARÃES, S.E.F.; GUIMARÃES,
C.T.; PEIXOTO, J.O. Mapeamento de
locos de características quantitativas
associados à composição de carcaça, no
cromossomo 6 de suíno. **Arquivo
Brasileiro de Medicina Veterinária e
Zootecnia**, v.60, p.725-732, 2008.

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

SCHINCKEL, A.P. **Genetics of Pork
Quality**. Disponível em:
<http://www.ansc.purdue.edu/courses/ansc443/Class_notes/genetics.html>
Acesso em: 2 jun. 2009.

SILVA, M.V.; LOPES, P.S.; GUIMARÃES, S.E.F.; TORRES, R.A. Utilização de marcadores genéticos em suínos. I. Características reprodutivas e de resistência a doenças. **Archivos Latinoamericanos de Produccion Animal**, v.11, p.1-10, 2003a.

SILVA, M.V.; LOPES, P.S.; GUIMARÃES, S.E.F.; TORRES, R.A. Utilização de marcadores genéticos em suínos. II. Características de desempenho e de qualidade da carne. **Archivos Latinoamericanos de Produccion Animal**, v.11, p.11-20, 2003b.

SILVA, K.M.; PAIXÃO, D.M.; SILVA, P.V.; SOLERO, B.P.; PEREIRA, M.S.; LOPES, P.S.; GUIMARÃES, S.E.F. Mapping of quantitative trait loci and confirmation of the FAT1 region on chromosome 4 in an F₂ population of pigs. **Genetics and Molecular Biology**, v.31, p.475-480, 2008.

SILVA, K.M.; GUIMARÃES, S.E.F.; LOPES, P.S.; NASCIMENTO, C.S.; LOPES, M.S.; AMARAL, M.D.D.A. Mapeamento de locos de características quantitativas para desempenho no cromossomo 4 de suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.474-479, 2009.

SOUSA, K.R.S.; GUIMARÃES, S.E.F.; SILVA FILHO, M.I.; LOPES, M.S.; PINTO, A.P.G.; VERARDO, L.L.; BRACCINI NETO, J.; LOPES, P.S. Mapeamento de locos de características quantitativas nos cromossomos 5, 7 e 8 de suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 11, p.115-123, 2011.

SUZUKI, K.; IRIE, M.; KADOWAKI, H.; SHIBATA, T.; KUMAGAI, M.; NISHIDA, A. Genetic parameter estimates of meat quality traits in Duroc pigs selected for average daily gain, longissimus muscle area, backfat thickness, and intramuscular fat content. **Journal of Animal Science**, v.83, p.2058-2065, 2005.

TORRES JÚNIOR, R.A.A.; SILVA, M.A.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J.; EUCLYDES, R.F. Estimativas de componentes de (co)variância para características produtivas de suínos Landrace e Large White pelo método da máxima verossimilhança restrita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.27, p.283-291, 1998.

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

ZHANG, Q.; BOICHARD, D.; HOESCHELE, I.; ERNST, C.; EGGEN, A.; MURKVE, B.; PFISTER-GENSKOW, M.; WITTE, L.A.; GRIGNOLA, F.E.; UIMARI, P. THALLER, G.; BISHOP, M.D. Mapping quantitative trait loci for milk production and health of dairy cattle in a large outbred pedigree. **Genetics**, v.149, p.1959-1973, 1998.

Data de recebimento: 18/04/2011

Data de aprovação: 29/02/2012