

Correlação do proteoma muscular com a qualidade de bovinos Angus x Nelore terminados em diferentes sistemas de terminação e taxas de ganho de peso

Larissa Alves Koulicoff¹, Daniel Silva Antonelo¹

¹Universidade de São Paulo, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia

larissa.koulicoff@alumni.usp.br

Objetivos

Caracterizar o perfil proteico da carne de bovinos com diferentes taxas de ganho de peso (TGP) em cada sistema de terminação (ST) a fim de identificar potenciais biomarcadores proteicos para a maciez da carne.

Métodos e Procedimentos

Trinta e seis machos castrados Angus x Nelore foram utilizados em um delineamento inteiramente casualizado com quatro tratamentos: 1) confinamento com alta TGP (CA, 1,5 kg/d); 2) confinamento com baixa TGP (CB, 0,9 kg/d); 3) pasto com alta TGP (PA, 0,9 kg/d); 4) pasto com baixa TGP (PB, 0,6 kg/d), com 9 animais por tratamento. A TGP foi controlada quinzenalmente por meio da taxa de lotação, no ST a pasto, e por meio de 30% de restrição alimentar, no ST em confinamento.

Após atingirem 530 kg de peso vivo, os animais foram abatidos e amostras do músculo *Longissimus thoracis* entre a 12ª e 13ª costelas foram coletadas e armazenadas para determinação da força de cisalhamento (FC) e perfil proteico. A FC foi determinada conforme recomendações da *American Meat Science Association* (AMSA, 2015). O proteoma cárneo foi extraído, quantificado e 500 µg de proteína foram aplicados nos géis de eletroforese bidimensional. Os pontos de proteína foram considerados diferencialmente abundantes entre os géis ao exibir uma diferença de intensidade de 1,5 vezes ou mais e que estivesse associada a uma significância estatística de 5% no teste t de *Student*. A identificação das proteínas diferencialmente expressas entre as comparações foi realizada por espectrometria de massa (LC-MS/MS).

Resultados

A carne de animais em confinamento apresentou menor força de cisalhamento ($P < 0,05$) que a de animais a pasto, sem diferença dentro do ST. Sete proteínas foram diferencialmente abundantes: actina (ACTA1), albumina (ALB), triose-fosfato isomerase (TPI1), anexina 2 (ANXA2), troponina T (isoforma rápida; TNNT3), AMP desaminase 1 (AMPD1) e fosfoglicerato mutase 2 (PGAM2). ACTA1 e TNNT3 foram mais abundantes em animais PB, enquanto que a TPI1 foi mais abundante em animais CA. ANXA2 e PGAM2 foram mais abundantes em animais PA comparados aos animais CB. ALB e AMPD1 foram mais abundantes em animais CA comparados aos animais CB. ANXA2 e PGAM2 foram as únicas proteínas significativamente correlacionadas com a FC da carne.

Conclusões

O ST afetou o metabolismo muscular e impactou diretamente sobre a maciez da carne, no qual músculos glicolíticos, como de animais confinados, geraram carnes mais macias. No entanto, a TGP dentro do ST não afetou a maciez da carne, o que sugere que o ST tem um impacto mais pronunciado do que a TGP sobre a maciez da carne. Além disso, futuros estudos para confirmação da ANXA2 e PGAM2 como biomarcadores proteicos da maciez da carne bovina são necessários.

Referências Bibliográficas

AMSA. Research guidelines for cookery, sensory evaluation, and instrumental tenderness measurements of meat. 2nd. ed. Champaign, Illinois: American Meat Science Association, 2015.

Correlation of the muscle proteome with meat quality from Angus x Nellore cattle finished in different finishing systems and weight gain rates

Larissa Alves Koulicoff¹, Daniel Silva Antonelo¹

¹University of Sao Paulo, College of Veterinary and Animal Science, Brazil

larissa.koulicoff@alumni.usp.br

Objectives

Characterize the beef proteome profile from cattle with different weight gain rates (WGR) within each finishing system (FS) in order to identify potential biomarkers for beef tenderness.

Materials and Methods

Thirty-six Angus x Nellore steers were used in a completely randomized design with four treatments: 1) feedlot with high WGR (FH, 1.5 kg/d); 2) feedlot with low WGR (FL, 0.9 kg/d); 3) pasture with high WGR (PH, 0.9 kg/d); 4) pasture with low WGR (PL, 0.6 kg/d), with 9 animals per treatment. The WGR was controlled by 30% of feed restriction and stocking rate in feedlot and pasture system, respectively.

When reached 530 kg of live weight, the animals were slaughtered and samples of the *Longissimus thoracis* muscle were collected between the 12th and 13th ribs and stored for shear force (SF) and proteome profile analyzes. The SF was measured according to the American Meat Science Association (AMSA, 2015). Beef proteome was extracted, quantified and 500 µg of protein were loaded into a two-dimensional electrophoresis gel. Protein spots were considered differentially abundant between the gels when a 1.5-fold change in intensity was associated with a 5% statistical significance ($P < 0.05$) in the Student's t-test. The identification of proteins differentially expressed between comparisons was performed by mass spectrometry (LC-MS/MS).

Results

Steaks from feedlot animals had lower SF ($P < 0.05$) than those from pasture animals, with no difference within the FS. Seven proteins were differentially abundant: actin (ACTA1), albumin (ALB), triosephosphate isomerase 1 (TPI1), annexin 2 (ANXA2), troponin T (fast isoform; TNNT3), AMP deaminase 1 (AMPD1) and phosphoglycerate mutase 2 (PGAM2). ACTA1 and TNNT3 were more abundant in PL animals, while TPI1 was more abundant in FH animals. ANXA2 and PGAM2 were more abundant in PH animals compared to FL animals. ALB and AMPD1 were more abundant in FH animals compared to FL animals. ANXA2 and PGAM2 were the only proteins significantly correlated with meat tenderness.

Conclusions

FS affected muscle metabolism and directly impacted on beef tenderness, in which more glycolytic muscles from feedlot animals produced more tender beef. However, WGR within the FS did not affect beef tenderness, which suggests that the FS has a more pronounced impact on beef tenderness than WGR. In addition, further studies involving ANXA2 and PGAM2 as protein biomarkers for beef tenderness are needed.

References

AMSA. Research guidelines for cookery, sensory evaluation, and instrumental tenderness measurements of meat. 2nd. ed. Champaign, Illinois: American Meat Science Association, 2015.