

CARACTERIZAÇÃO METABOLÔMICA DA CARNE DE BOVINOS TERMINADOS À PASTO OU EM CONFINAMENTO COM DUAS TAXAS DE GANHO DE PESO

Rafael Matsushima¹, Juan Gómez¹, Nara R. B. Cônsolo¹, Mariane Beline¹, Daniel S. Antonelo¹, Bruna Pavan¹, Luiz A. Colnago², Saulo da Luz e Silva¹

¹Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo

² EMBRAPA Instrumentação

rafael.matsushima@usp.br

Objetivos

O objetivo foi caracterizar os metabólitos da carne de Angus x Nelore terminados em sistema a pasto e em confinamento com duas taxas de ganho de peso.

Métodos e Procedimentos

Vinte e quatro machos castrados Angus x Nelore foram utilizados em um delineamento inteiramente casualizado com um arranjo fatorial 2 x 2, sendo, dois sistemas de terminação (pasto e confinamento) e duas taxas de ganho de peso (alto e baixo), com 6 animais por tratamento. Os animais foram abatidos com 540 kg de peso vivo. Uma amostra do músculo *Longissimus* foi coletada e congelada a -80°C, para posterior análise.

As amostras foram preparadas como descrito por Beckonert et al. (2007) e analisadas por ressonância magnética nuclear de prótons unidimensionais para o perfil do metabólito. Os espectros foram adquiridos a 300K num espectro Bruker Avance 14,1 T a 600,13 MHz para ¹H, com uma sonda BBO de 5 mm. Os espectros foram processados utilizando o software Chenomx NMR Suite Professional 7.7 e a concentração avaliada no MetaboAnalyst 4.0. Os dados foram transformados em log e escalados em Pareto. Foi realizada uma análise de dados não supervisionada (PCA).

Resultados

Quarenta metabólitos relacionados ao metabolismo muscular e de gordura e alguns outros compostos foram quantificados. Houve diferença na concentração de metabólitos entre

animais terminados a pasto ou em confinamento, com alta ou baixa taxa de ganho de peso, onde os PC1 e PC2 explicaram 46% e 31,9% da variância, respectivamente, explicando 77,9% da variância total (Figura 1A). O *loading plot* mostra a distribuição de metabólitos que podem ser correlacionados com os tratamentos, onde os metabólitos colocados na carga positiva 1 podem ser correlacionados com terminação à pasto, e os em carga negativa 1 com animais de confinamento (Figura 1B).

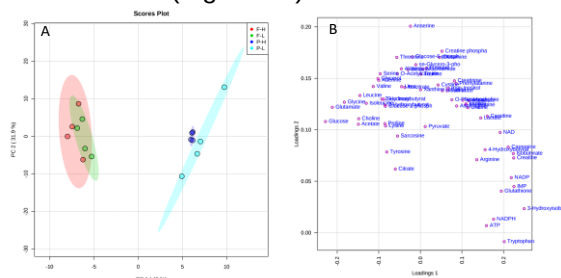


Figura 1: Análises de componentes principais (PCA) score plot (A) e loading plot (B).

Conclusões

Animais terminados a pasto ou em confinamento diferem no perfil metabolômico da carne, entretanto, as taxas de ganho de peso têm um pequeno impacto nesse perfil.

Referências Bibliográficas

Beckonert, O. et al. Metabolic profiling, metabolomic and metabonomic procedures for NMR spectroscopy of urine, plasma, serum and tissue extracts. **Nature protocols**, v.2, n. 11, p. 2692-2703, 2007

METABOLOMIC CHARACTERIZATION OF MEAT FROM GRAZING OR FEEDLOT FINISHED CATTLE WITH TWO WEIGHT GAIN RATES

Rafael Matsushima¹, Juan Gómez¹, Nara R. B. Cônsolo¹, Mariane Beline¹, Daniel S. Antonelo¹, Bruna Pavan¹, Luiz A. Colnago², Saulo da Luz e Silva¹

¹College of Animal Science and Food Engineering, University of Sao Paulo,

²EMBRAPA Instrumentation

rafael.matsushima@usp.br

Objective

The aim of this study is to characterize the meat metabolites of cattle finished in grazing and feedlot system with two weight gain rates.

Materials and Methods

Twenty-four castrated Angus x Nelore males, were used in a completely randomized design in a 2 x 2 factorial arrangement, with two finishing system (grazing and feedlot) and two weight gain rates (high and low gain) with 6 animals per treatment. Animals were slaughtered when they reached 540 kg of body weight. After slaughter, a sample of Longissimus muscle was collected and frozen in liquid nitrogen and then stored at -80°C. Samples were prepared as described by Beckonert et al. (2007) and analyzed using one dimensional proton nuclear magnetic resonance (1D ¹H NMR) for metabolite profiling. ¹H NMR spectra were acquired at 300 K on a Bruker Avance 14.1 T spectrometer at 600.13 MHz for ¹H, using a BBO 5 mm probe. The spectra were processed using the Chenomx NMR Suite Professional 7.7 software and metabolite concentration was analyzed using MetaboAnalyst 4.0. Data were log-transformed and Pareto-scaled. Unsupervised (PCA) data analysis was performed.

Results

Forty metabolites from muscle and fat metabolism and some other compounds were quantified. The score plot data, showed some differences on metabolites concentration

between animals finished in grazing or feedlot, with high or low weight gain rate, in which the PC1 and PC2 accounted for 46% and 31.9% of the variance, explaining 77.9% of the total variance (Figure 1A). Also, the loading plot shows the distribution of metabolites that could be correlated with treatments. In which, the metabolites placed at the positive Loading 1 can be correlated with animals finished at grazing system, and those placed at negative Loading 1 with feedlot system (Figure 1B)

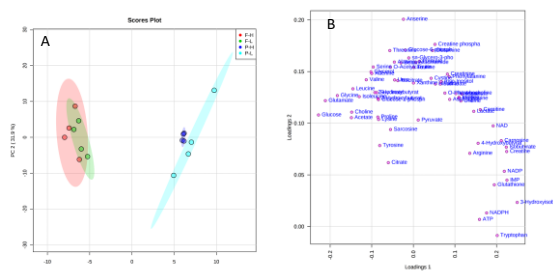


Figure 1: Principal component analysis (PCA) score plot (A) and loading plot (B).

Conclusions

Grazing or feedlot finished animals differ in meat metabolomic profile, however, weight gain rates has a small impact in this profile.

References

Beckonert, O. et al. Metabolic profiling, metabolomic and metabonomic procedures for NMR spectroscopy of urine, plasma, serum and tissue extracts. **Nature protocols**, v.2, n. 11, p. 2692-2703, 2007.