

POLIMORFISMOS DEL GEN SOX6 Y SU RELACIÓN CON LA CALIDAD DE CARNE DE CERDO

Rodríguez V.¹; Maffioly J.¹; Lagadari M.^{1,2}

¹Facultad de Ciencias de la Alimentación - Universidad Nacional de Entre Ríos. Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Argentina.

lagadarim@fcal.uner.edu.ar



RESUMEN

La selección asistida por marcadores moleculares constituye una excelente herramienta para la mejora en la calidad de carne que se posiciona como nuevo objetivo en la producción porcina. En este trabajo, se analizó la incidencia de polimorfismos del gen SOX6 en cerdos, libres de la mutación en gen de Halotano, de una población del noreste entrerriano. SOX6 es un factor de transcripción importante en la diferenciación de fibras musculares y sus efectos sobre la calidad de la carne comienzan a estudiarse dado que las características de la fibra muscular influyen sobre atributos como el color, la capacidad de retención de agua (CRA), la textura y el veteado de la carne. Se analizaron dos polimorfismos de un solo nucleótido (SNP): uno de ellos, SOX6a (dbSNP ID: rs81358375), está localizado en el intrón 3 de SOX-6-like (Entrez Gene ID: 100738152) mientras que el otro, SOX6b (dbSNP ID: rs321666676), se ubica en el exón 7 de SOX-6 (Entrez Gene ID: 397173), vecino al extremo 3' de SOX6 like. A través de un análisis por PCR-RFLP, se caracterizó la población en estudio de acuerdo a las fre-

Trabajo ganador del "Premio AATA 50 Años al Mejor Trabajo de Investigación y Desarrollo en Tecnología de



Alimentos" en el XVII Congreso de Ciencia y Tecnología de Alimentos - CyTAL 2019- desarrollado en Buenos Aires del 20 al 22 de noviembre de 2019.

cuencias alélicas y genotípicas del gen SOX6. A su vez, se analizó el efecto de SOX6a y SOX6b, sobre los parámetros de calidad de carne. Los resultados mostraron que tanto el pH como el color se vieron influenciados significativamente por SOX6a, particularmente por el alelo A que se encontró representado en un 75,39%. Mientras que SOX6b mostró influencia sobre la merma por cocción, donde el genotipo GG (42,39%) presentó menor pérdida de agua, por lo que resultaría interesante su consideración según el destino final que se le dé a la carne. Este trabajo sugiere que SOX6 podría ser considerado un potencial gen candidato para los atributos de calidad de la carne. La implementación de este tipo de estrategias contribuye al crecimiento de la industria porcina y responde a las exigencias de los consumidores.

Palabras clave: Calidad de carne, cerdo, Halotano, SOX6, pH, color, CRA

INTRODUCCIÓN

Debido al importante incremento de la producción y del consumo de la carne porcina en favor del desarrollo social y económico del país, las estrategias que favorecen una mejora en su calidad se encuentran en un proceso de avance continuo. La definición de calidad de carne depende de percepciones subjetivas del consumidor, quien ya no sólo está exigiendo un alto contenido magro de la canal sino también ternura, marmolado, aroma y acidez óptimos en adición a las características que la hacen elegible en góndola, como el color y la capacidad de retención de agua (CRA). Además, el concepto calidad está relacionado a componentes sensoriales, nutricionales, higiénicos, tecnológicos y genéticos, como así también a factores del metabolismo celular que influyen en los atributos de la carne. Por lo tanto,

ante las mayores exigencias del mercado, la industria de la carne de cerdo debe abarcar todos los puntos que constituyen la cadena de producción (Chan *et al.* 1997, Suman *et al.* 2007, Faustman *et al.* 1998, Chan *et al.* 1998, Vestergaard *et al.* 2000).

La carga genética de los animales es un factor fundamental que condiciona e incide en las características de rendimiento y en los parámetros de calidad. A través de herramientas propias de la genética y biología molecular se han detectado genes que poseen efectos directos sobre caracteres de calidad (Candek-Potokar *et al.*, 1998; Wood *et al.*, 1996, Stuczynska *et al.*, 2018). Varios de estos genes pueden convertirse en herramientas útiles si son considerados como marcadores moleculares. Entre ellos se encuentra el gen de Halontano (Hal o Ryr1) en el cromosoma 6, que codifica para el receptor de liberación de calcio en el músculo esquelético (Bastos *et al.*, 2001). La mutación no sinónima C1843T produce carnes PSE (del inglés pale, soft, exudative) pálidas, blandas y exudativas consideradas de menor calidad y de menor valor para procesos industriales (Fujii *et al.*, 1991; Shen *et al.*, 1992, Schilling *et al.*, 2003).

Antiguamente, la selección se basaba sólo en características fenotípicas, así el alelo mutado (t) fue ampliamente distribuido, dado que los animales portadores presentaban una apariencia hipermusculada y un alto contenido magro. En la actualidad, se lo conoce por su acción perjudicial sobre las características organolépticas de la carne. Este polimorfismo de nucleótido único (SNP) C1843T a su vez es causante del Síndrome de Estrés Porcino (SEP) o Síndrome de Hipertermia Maligna, relacionado con una alta tasa de mortalidad por estrés (Otsu *et al.*, 1992, Calvo *et al.*, 1997). Razas como Pietrain, Poland China y Landrace con características magras y con gran desarrollo muscular, implicaban animales portadores del SEP, una enfermedad hereditaria autosómica recesiva (Christian, 1972; Harrison, 1981).

Otra manifestación de las carnes PSE es la condición bicolor de los jamones, músculos claros y oscuros, que los desvaloriza para su industrialización (Bastos *et al.*, 2001, Marini *et al.*, 2012). Posteriormente, fueron detectadas varias regiones polimórficas en el genoma porcino y numerosos SNPs de interés para el estudio de calidad de carne. SOX6 es un factor de transcripción versátil y juega un papel importante en la diferenciación de fibras musculares (Heidt *et al.*, 2013); particularmente en la especificación de la fibra lenta durante la diferenciación del músculo

esquelético mediante la inhibición de la transcripción de varios genes sarcoméricos (Hagiwara, 2011, Quiat *et al.*, 2011). Se han descrito dos SNPs para SOX6 que estarían relacionados con el pH, la CRA y el color en poblaciones Pietrain y DuPi (Duroc x Pietrain) (Zhang *et al.*, 2015). Uno de estos SNPs (dbSNP ID: rs81358375) está localizado en el intrón 3 de SOX-6-like (Entrez Gene ID: 100738152) y el otro (dbSNP ID: rs321666676) está localizado en el exón 7 de SOX-6 (Entrez Gene ID: 397173), vecino al extremo 3' de SOX6 like.

En este contexto, considerando el tipo de fibra muscular un factor determinante para la calidad de la carne (Klont *et al.*, 1998) con propiedades que derivan en respuestas divergentes con respecto al estrés previo al sacrificio y la disminución del pH post mortem (Karlsson *et al.*, 1999); este trabajo pretende establecer la incidencia de los polimorfismos de SOX6 en una población de cerdos del noreste entrerriano. A su vez, se analizará el efecto de los polimorfismos de SOX6 en cerdos libres de Halotano sobre parámetros relacionados a la calidad de la carne porcina con el objetivo de evaluar su potencialidad como marcador molecular.



CALCIO

- Carbonato de Calcio Pesado
- Carbonato de Calcio Liviano
- Carbonato de Calcio con densidades específicas

Calcio para compresión directa:

- Carbonato de Calcio CD
- Citrato de Calcio CD

Molinos y Panificados – Alfajores y Galletitas
Leches y Yogures – Dulces y Postres – Productos Dietéticos
Fármacos y Cosméticos – Uso veterinario – Alimento balanceado

- Certificación GMP: Good Manufacturing Practice
- Certificación ANMAT: Ingredientes Farmacéuticos Activos

CAFUNE S.A.: (54 11) 4918-2677 / 2680
carbofarma@carbofarma.com.ar

www.carbofarma.com.ar

MATERIALES Y MÉTODOS

Obtención y manejo de muestras

Se analizaron 294 muestras de cerdos del noreste entrerriano. Del total, 239 correspondieron a muestras de pelo de los parentales, las cuales fueron conservadas en la oscuridad en bolsas plásticas, a temperatura ambiente. Siguiendo la trazabilidad, se tomaron 55 muestras de carne. El sacrificio se estableció entre el quinto y sexto mes de vida, cuando los animales adquirirían un peso entre 90 y 110 kg con una alimentación comercial a base de maíz. Los animales fueron transportados en camiones y mantenidos en corrales bajo condiciones de ayuno 12 horas previas a la matanza, posteriormente fueron sacrificados bajo condiciones industriales. A las 24 horas del sacrificio, se tomó una muestra de músculo de cada animal (*Longissimus dorsi*) de la región que abarca de la décima a la décimo tercera costilla, realizando cortes de aproximadamente 2 cm de grosor y se las almacenó a temperatura de refrigeración ($4 \pm 1^\circ\text{C}$). Estas 55 muestras fueron utilizadas para desarrollar las técnicas de determinación de calidad de carne, a continuación fueron congeladas (-20°C) y se utilizaron para la extracción de ADN.

Determinaciones analíticas

pH: Se estableció el pH inicial en el músculo *longissimus dorsi*, sobre una sección adyacente a la 10ª costilla a los 45 minutos de sacrificado el animal en el predio destinado a la matanza. Posteriormente se realizó una segunda medición a las 24 horas. Las determinaciones se realizaron con el auxilio de un pHmetro portátil (Oakton modelo pH11) equipado con un electrodo de vidrio de penetración (Oakton modelo 35805-18) registrándose un promedio de tres lecturas efectuadas en distintos lugares de la misma sección.

Color: Se determinó el color a las 24 horas luego del sacrificio, sobre una sección correspondiente a la 10ª costilla. Las muestras se dejaron oxigenar por 30 minutos y posteriormente se realizaron las determinaciones por triplicado. Se empleó un equipo Minolta CR-700, utilizando el espacio de color CIELAB (CIE, 1978), iluminante A y ángulo de observador de 10° . Se midieron las coordenadas *L (luminosidad), *a (coordenada rojo-verde) y *b (coordenada amarillo-azul) (AMSA, 2012) (Bertram *et al.*, 2000).

Merma de agua por goteo: Según el método de Honikel (1987), se determinó la pérdida de agua por goteo de una sección correspondiente a la 11ª costilla. Se midió la pérdida de peso del trozo de músculo escurriendo en una bolsa plástica a 4°C , a las 24 y 48 horas post mortem. Se expresó en forma porcentual respecto del peso de la muestra fresca.

Mermas de cocción: Previo a la cocción, todas las muestras fueron preservadas bajo congelación por un lapso de dos meses. A las 24 horas de su descongelación en heladera a 4°C , se procedió a la cocción de las mismas siguiendo la metodología propuesta por el AMSA (1995). En un grill George Foreman se colocó una sección correspondiente a la 10ª costilla de aproximadamente 2 cm de grosor. Con el auxilio de un punzón, se colocó un sensor de temperatura (Yokogawa, mod. DX106-1-2) en el centro geométrico de cada bife. Cuando la temperatura alcanzó los 71°C la muestra fue retirada del grill y se dejó enfriar a temperatura ambiente. A continuación se pesó para determinar las mermas producidas por la cocción. Las mismas fueron expresadas en porcentaje respecto del peso de los bifes previo a la cocción.

Terneza: Se evaluó la fuerza máxima de corte con el equipo Stable Micro Systems TA-XT2i utilizando la célula Warner-Bratzler, sobre cilindros de 1,27 cm de diámetro cortados con la fibra paralela al eje longitudinal. Se determinó fuerza máxima de cizalla en kgf (AMSA, 1995) y se registró el valor medio de un mínimo de ocho cilindros extraídos de cada muestra. La muestra corresponde a una sección de la 10ª costilla cocida 24 horas antes.

Humedad: La humedad se determinó por desecación en estufa a 125°C durante cuatro horas, de acuerdo con el método 950.46 descrito por la AOAC (2007). Se registró el valor medio de cinco réplicas para cada muestra, posteriormente se expresaron los resultados como porcentaje con respecto al total de la muestra analizada.

Técnicas Moleculares

Extracción de ADN a partir de muestra de pelo: La obtención de ADN genómico se realizó a partir de bulbos de pelos extraídos mediante el método del bromuro de cetil-trimetil amonio (CTAB) (Murray y Thompson 1980, Sambrook *et al.*, 1994). Se incubaron 15 bulbos en buffer TE, 10% SDS y proteinasa K (1mg/ml) por 15 minutos a 37°C . Luego, se adicionó NaCl 5M y CTAB (0,7M NaCl, 10% CTAB, Genbiotech) y se incubó a 65°C por 10 minutos. Posteriormente se transfirió la solución a un nuevo tubo evitando acarrear restos de pelo y se adicionó cloroformo: alcohol isoamílico en una proporción 24:1, se centrifugó a 13000 rpm por 12 minutos y la fase acuosa se transfirió a un nuevo tubo. Para precipitar el ADN se adicionó isopropanol frío, se mezcló por inversión y se centrifugó a 13000 rpm 6 minutos. Finalmente, se realizaron dos lavados del pellet con de etanol 70%, se dejó secar a temperatura ambiente y se resuspendió en 15 μl de buffer TE.

TABLA 1 - Nombre, secuencias de los primers, enzimas y productos de PCR y RFLP expresados en pares de bases (pb). F: primer forward, R: primer reverse, (De Marini *et al.*, 2012, Zhang *et al.*, 2015).

Nombre	Primer (5'-3')	Producto PCR (pb)	Enzima	Producto RFLP (pb)
Ryr1	F:GTGCTGGATGTCCTGTGTTCCCT R: CTGGTGACATAGTTGATGAGGTTTG	134	HhaI	134/92+42
SOX6a	F:CCAGTCCATCCTTTCCTTGA R:GTTTCCAAAAGGGAATGCAG	402	BsmBI	402/305 + 97
SOX6b	F:CAATGCCATCGTTGAGTCTG R:GTTGACTGCACATCTTCTCCCTG TTGGATCGTCT	258	BsmBI	258/217 + 41

Extracción de ADN a partir de muestras de músculo: Se pesaron entre 0,02 y 0,03g de carne procesada previamente con mortero, luego cada muestra se resuspendió en buffer TE. Se utilizó el mismo protocolo de extracción con CTAB que se utilizó para las muestras de pelo.

Cuantificación y evaluación del ADN obtenido: La concentración de la muestra de ADN se calculó teniendo en cuenta el valor de absorbancia obtenido a una longitud de onda de 260 nm. Mientras que la relación de absorbancias A260/280 se utilizó para evaluar la pureza de las muestras.

Amplificación de ADN mediante PCR: Para cada muestra de ADN, la mezcla de PCR estuvo compuesta por 2.5 µl de buffer 10X, 1.25 µl de Mg, 0.5 µl de dNTPs, 1 µl de Primer Forward, 1 µl de Primer Reverse, 16.25 µl de Agua y 0.5 µl de ADN polimerasa más el ADN purificado en un volumen final de 25 µl. Los primers utilizados figuran en la Tabla 1. La amplificación por PCR se realizó en un termociclador PCR convencional ESCO AERIS con el siguiente programa de ciclo: desnaturalización inicial a 94°C por 5 min.; 38 ciclos de 94°C por 30 seg., temperatura de anelling específica para cada par de primers, por 30 seg. y 72°C por 30 seg., y una extensión final a 72°C por 7 min. Una alícuota de 5µl del producto de PCR será sometida a electroforesis en gel de agarosa al 1% con 0,1 µg/ml de bromuro de etidio, visualizada con transiluminador UV y fotografiada usando una cámara digital Kodak EasyShare Z7590.

Genotificación mediante fragmentos polimórficos largos de restricción (RFLP): De acuerdo al protocolo del fabricante, una alícuota de 10µl del producto de amplificación por PCR se digirió con la enzima de restricción correspondiente (Tabla 1).

Posteriormente, esta digestión se sometió a electroforesis en gel de agarosa al 3% con 0,1 µg/ml de Bromuro de Etidio, visualizada con Transiluminador UV y fotografiada.

Análisis estadísticos: Las frecuencia alélicas y genotípicas se calcularon según la siguiente fórmula: frecuencia genotipo A + ½ frecuencia genotipo AB. La asociación entre las distintas variantes genotípicas y los atributos de la carne se realizaron mediante un ANOVA simple para cada parámetro estudiado mediante el programa Statgraphic.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se caracterizó la población en estudio de acuerdo a las frecuencias alélicas y genotípicas para los genes Halotano y SOX6. Para el gen Ryr1, el alelo normal C se encuentra representado por el 82,42% y el alelo mutado t, relacionado con carnes PSE, por el 17,58% siendo las frecuencias genotípicas 64,96% para CC y 35,04% para el genotipo Ct. A continuación, se consideraron únicamente las 191 muestras libres de Halotano (CC) para proseguir con el análisis y descartar así, la interacción del alelo t y los polimorfismos de SOX6 en relación a las variables fenotípicas observadas. En la tabla 2 se representan las frecuencias observadas de los polimorfismos de SOX6 en las 191 muestras porcinas libres de Halotano.

TABLA 2 - Frecuencias alélicas y genotípicas del gen SOX6 con sus respectivos sitios polimórficos (a y b), N=191

Gen	Genotipo	Frecuencia genotípica (%)	Frecuencia alélica (%)
SOXa	AA	50,78	A: 75,39
	GA	49,22	G: 24,61
SOXb	GG	42,93	G: 68,75
	GC	51,83	C: 31,25
	CC	5,24	

TABLA 3 - Análisis de la interacción de los polimorfismos de SoX6 y los parámetros de calidad de carne en cerdos libres de Halotano

Parámetro de calidad de Carne	P valor SOX6a	P valor SOX6b	P valor de la interacción
pH 45 min	0,0261	0,7531	0,8032
pH 24h	0,0747	0,7322	0,9985
*L	0,1657	0,9633	0,6617
*a	0,0360	0,9399	0,5816
*b	0,0331	0,8460	0,9877
M 24h	0,4577	0,5864	0,2732
M 48h	0,7426	0,7217	0,4995
MD	0,1072	0,5995	0,7762
MC	0,8344	0,0420	0,2154
H	0,3993	0,6925	0,3328
Terneza	0,5885	0,3620	0,1319
Marmolado	0,9386	0,8730	0,9858

Valores P < 0.05 indican diferencias significativas.

Para el gen SOX6 se estudiaron dos SNPs: SOX6a, (dbSNP ID: rs81358375) localizado en el intrón 3 de SOX-6-like que implica un cambio de A por G, y SOXb (dbSNP ID: rs321666676) localizado en el exón 7 de SOX-6 que corresponde a un cambio de C por G. Para el polimorfismo SOX6a se observaron las siguientes frecuencias genotípicas en animales libres de Halotano 50,78% AA y 49,22% AG, evidenciando una alta frecuencia del alelo A (75,39%), siendo ésta mayor a la reportada en 2015 (17% para Pietrain y 36 % para DuPi) mientras que para el polimorfismo SOX6b se observa una elevada frecuencia del alelo G distribuyéndose en los siguiente genotipos GG 42,93%, GC

51,83%; y si bien el genotipo CC no fue observado por Zhang y colaboradores (2015), en esta población del noreste entrerriano se encuentra representado en un 5,24%. Estos resultados constituyen un segundo acercamiento a un análisis poblacional de los polimorfismos asociados al factor de transcripción SOX6 luego del trabajo publicado por Zhang y colaboradores (2015).

En muestras de carne libres de Halotano se obtuvieron los siguientes genotipos: 60% GA y 40% AA para SOX6a y 40% GC, 2,85%, CC y 57,14 % GG para SOX6b. Las frecuencias alélicas se vieron representadas por A 70% y G 30% para SOX6a y G 77% y C 23 para SOX6b.

TABLA 3 - Análisis de la interacción de los polimorfismos de SoX6 y los parámetros de calidad de carne en cerdos libres de Halotano

Parámetros de calidad de Carne	SOX6a		SOX6b	
	GA	AA	CG	GG
pH 45 min	6,22 ± 0,56 a*	6,68 ± 0,45 b	6,47±0,49	6,37±0,62
pH 24 h	5,64±0,26	5,84±0,51	5,78±0,46	5,70±0,33
*L	57,64±6,17	54,33±6,11	56,04±5,35	55,94±7,39
*a	11,46±2,31 a	9,75±1,44 b	10,63±2,29	10,57±2,02
*b	12,13±2,57 a	9,95±2,48 b	11,13±2,33	10,94±3,27
M 24h %	2,91±1,99	2,91±1,64	3,36±2,09	2,977±1,69
M 48h %	4,77±1,97	4,53±1,88	4,78±2,16	4,52±1,75
MD %	1,89±1,42	3,13±2,59	2,71±1,89	2,31±2,19
MC %	26,03±9,24	25,37±8,31	29,06±7,92 a	22,34±9,12 b
H %	72,00±1,76	72,55±1,54	72,40±1,77	72,15±1,59
Terneza	3,72±1,05	3,90±0,69	3,97±0,77	3,65±1,01
Marmolado	1,94±0,79	1,97±1,07	1,98±0,95	1,93±0,83

* Letras distintas por genotipo y por parámetro indican diferencias significativas. Según test LSD α : 0,05

A continuación, se analizaron los resultados de los parámetros de calidad de carne y su interacción con los polimorfismos analizados (Tabla 3).

De la tabla 3 se desprende que si bien la interacción entre ambos polimorfismos de SOX6 no es significativa para los parámetros analizados, en el caso de SOX6a los valores de pH medidos a los 45 minutos de la faena y los parámetros de color a* y b* mostraron resultados estadísticamente significativos, por lo que posteriormente se evaluó el aporte de cada uno de los genotipos sobre los parámetros analizados. La Tabla 4 muestra los resultados del análisis de la interacción de los polimorfismos de SOX6 y los parámetros de calidad de carne. El genotipo CC para SOX6b fue despreciado para el análisis estadístico por encontrarse representado por una única muestra.

Los resultados mostraron que tanto el pH como el color se vieron influenciados significativamente por SOX6a, particularmente por el alelo A que se encontró representado en un 75,39%. Mientras que SOX6b mostró influencia sobre las mermas por cocción, donde el genotipo GG (42,93%) presentó una pérdida de agua que sugeriría un efecto favorable para la calidad de carne. No obstante, el genotipo CG de SOX6b (51,83%) podría estar vinculado con un aumento de las

mermas en general, siendo sólo significativas las mermas por cocción. Estos resultados implican la necesidad de integrar muestras CC al estudio para arribar a conclusiones certeras sobre este efecto.

Los resultados presentados en este trabajo sugieren que SOX6 podría ser considerado un potencial gen candidato para los atributos de calidad de la carne y el aporte de los diferentes genotipos debería ser considerado de acuerdo al destino final que se le dé a la carne.

CONCLUSIONES

De los resultados obtenidos se desprende que aún existe una alta incidencia (17,52%) del alelo perjudicial de Halotano, alelo t, en la población de cerdos del noreste entrerriano. Si bien se encuentra en heterocigosis, este genotipo puede conducir no sólo a carnes de baja calidad sino también a pérdidas económicas al generar descendencia susceptible al SEP, por lo que es necesaria su vigilancia a nivel del plantel reproductivo. En cuanto a los polimorfismos asociados al gen SOX6, los resultados obtenidos sugieren una relación con el pH, color y CRA. Particularmente, el alelo A de SOX6a podría presentar un efecto sobre el pH y el color, resultando beneficioso para la calidad de carne. Se destaca así al genotipo AA para SOX6a como el ideal para carne



On line en
www.publitec.com

Av. Honorio Pueyrredón 550 - Piso 1 (1405) CABA - ARGENTINA
Tel.: +54 11 6009 3067 - info@publitec.com.ar

Publitec S.A.
ARGENTINA

1966 - 2019
53 años
difundiendo ciencia
y tecnología alimentaria

fresca. Estos resultados constituyen una importante contribución para la implementación de programas de mejora genética para la industria porcina.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen al de Laboratorio de Industrias Cárnicas (LIC) de la Facultad de Ciencias de la Alimentación y al apoyo financiero de la UNER PID 8078 y PID 8093.

REFERENCIAS

- AMERICAN MEAT SCIENCE ASSOCIATION (amsa). (2012) Meat Color Measurement Guidelines Illinois: American Meat Science Association - National Livestock and Meat Board. Illinois.
- AMERICAN MEAT SCIENCE ASSOCIATION (amsa). (1995). Research guidelines for cookery, sensory evaluation and instrumental tenderness measurements of fresh meat. Illinois: American Meat Science Association - National Livestock and Meat Board. 48p.
- AOAC. (2007). Official methods of analysis of AOAC international. 18th ed. Washington: Association of Official Analytical Chemists.
- Bastos, R.G.; Federizzi, J.; Deschamps, J.C.; Cardellino, R.A.; Dellagostin, O.A. (2001). Efeito do Gene do Estresse Suíno sobre Características de Quantidade e Qualidade de Carcaça. Rev Bras Zootec, 30(1):37-40.
- Bertram, H.C.; Petersen, J.S., Andersen, H.J. (2000). Relationship between RN (-) genotype and drip loss in meat from Danish pigs. Meat Sci, 56(1):49-55.
- Calvo, J.H.; Osta, R.; Garcia-Muro, E., Zaragoza, P. (1997). Síndrome de estrés porcino: aplicación y ventajas de la PCR para su diagnóstico. Med. Vet, 14. 2: 110-113.
- Candek-Potokar, M.; Zlender, B.; Lefaucheur, L., Bonneau, M. (1998). Effects of age and/or weight at slaughter on longissimus dorsi muscle: Biochemical traits and sensory quality in pigs. Meat Sci, 48:287-300.
- Chan, W.K.M.; Faustman, C.; Decker, E.A. (1997). Oxymyoglobin oxidation as affected by oxidation products of phosphatidylcholine liposomes. J Food Sci, 62: 709-712.
- Chan, W.K.; Faustman, C.; Velasquez-Pereira, J.; McDowell, L.R., Batra, T.R. (1998). Effects of alpha-tocopherol on metmyoglobin formation and reduction in beef from cattle fed soybean or cottonseed meal diets. J Anim Sci, 76: 1421-6.
- Christian, L.L. (1972). A review of the role of genetics in animal stress susceptibility and meat quality. Proceedings of the quality symposium, Wisconsin University, Madison 91 -115.
- CIE. (1978). Supplement 2 to CIE Publication 15 (1971). Recommendations on uniform color spaces, color difference equations, psychometric color terms. Paris: Bureau Central de la CIE.
- Faustman, C.; Chan, W.K.; Schaefer, D.M., Havens, A. (1998). Beef Color Update: The Role for Vitamin E. J Anim Sci, 76:1019-26.
- Fujii, J.; Otsu, K.; Zorzato, F.; de Leon, S.; Khanna, V.K.; Weiler, J.E.; O'Brien, P.J., MacLennan, D.H. (1991). Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. Science, 26; 253(5018):448-51.
- Hagiwara, N. 2011. Sox6, jack of all trades: a versatile regulatory protein in vertebrate development. Dev Dyn 240:1311-1321.
- Harrison, G. (1981). The malignant hyperthermia porcine. Int Anesthesiol Clin, 17 (4): 19-47.
- Heidt, H.; Cinar, M.U.; Uddin, M.J.; Looft, C.; Jungst, H.; Tesfaye, D.; Becker, A.; Zimmer, A.; Ponsuksili, S.; Wimmers, K.; Tholen, E.; Schellander, K., Grosse-Brinkhaus, C. (2013). A genetical genomics approach reveals new candidates and confirms known candidate genes for drip loss in a porcine resource population. Mamm Genome 24:416-426.
- Honikel. (1987). Influence of Chilling on Meat Quality Attributes of Fast Glycolysing Pork Muscles. Evaluation and Control of Meat Quality in Pigs. Current Topics in Veterinary Medicine and Animal Science, 38: 273-283.
- Marini, S.J.; Vanzetti, L.S.; Borelli, V.; Villareal, A.; Denegri, G.; Cottura, G.; Panichelli, D.; Silva, P.; Campagna, D., Brunori J., Spiner N.; Franco, R. (2012). RYR1 gene variability and effect on meat pH in Argentinean hybrids swines. In Vet., 14(1).
- Murray, M.G. y Thompson, W. F. (1980). Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. Nucleic Acids Res, 8(19) 4321-4325.
- Otsu, K.; Phillips, M.S.; Khanna, V.K.; Leon, S., Mac Lennan, D.H. (1992). Refinement of diagnostic assays for a probable causal mutation of porcine and human malignant hyperthermia. Genomics, 13: 835.
- Quiat, D.; Voelker, K.A.; Pei, J.; Grishin, N.V.; Grange, R.W.; Bassel-Duby, R., Olson, E.N. (2011). Concerted regulation of myofiber-specific gene expression and muscle performance by the transcriptional repressor Sox6. Proc Natl Acad Sci U S A, 108:10196-10201.
- Sambrook, J.; Fritsch, E.F.; Maniatis, T. (1994). Molecular Cloning: A laboratory manual. 2nd ed. New York: Cold Spring Harbor. 3v.
- Schilling, M.W.; Mink, L.E.; Gochenour, P.S.; Marriott, N.G., Alvarado, C.Z. (2003). Utilization of pork collagen for functionality improvement of boneless cured ham manufactured from pale, soft, and exudative pork. Meat Sci, 65(1):547-53.
- Shen, H.; Lahucky, R.; Kovac, L.; O'Brien, P.J. (1992). Comparison of Hal gene status with PNMR-determined muscle metabolites and with Ca sequestration activity of anoxia-challenged muscle from pigs homozygous and heterozygous for porcine stress syndrome. Pig News and Information, 13: 105-109.
- Stuczyska A, Piórkowska K, Tyra M, ukowski K. (2018). The effect of QTL-rich region polymorphisms identified by targeted DNA-seq on pig production traits. Mol Biol Rep, 45(3):361-371.
- Suman, S.P., Faustman, C., Stamer, S.L., Liebler, D.C. (2007). Proteomics of lipid oxidation-induced oxidation of porcine and bovine oxymyoglobins. Proteomics, 7: 628-640
- Vestergaard, M., Oksberg, N., Henckel, P. (2000). Influence of feeding intensity, grazing and finishing feeding on muscle fibre characteristics and meat colour of semitendinosus, longissimus dorsi and supraspinatus muscles of young bulls. Meat Science, 54: 177-185.
- Wood, J.D.; Brown, S.N.; Nute, G.R.; Whittington, F.M.; Perry, A.M.; Johnson, S.P., Enser, M. (1996). Effects of breed, feed level and conditioning time on the tenderness of pork. Meat Sci, 44:105-112.
- Zhang, R.; Grobe-Brinkhaus, C.; Heidt, H.; Jasim Uddin, M.; UlasCinar, M.; Tesfaye, D.; Tholen, D.; Looft, C.; Schellander, K.; Neuhoff, C. (2015). Polymorphisms and expression analysis of SOX-6 in relation to porcine growth, carcass, and meat quality traits. Meat Science, 107:26-32.