# DIFERENCIAS EN EL PERFIL FISIOLÓGICO Y CONTENIDO DE GRASA INTRAMUSCULAR EN UN DISEÑO EXPERIMENTAL DE MEDIOS HERMANOS MATERNOS Duroc y Duroc X Pietrain \*

Marc Tor<sup>1@</sup>, Lluís Bosch<sup>2</sup>, Josep Reixach<sup>3</sup>, Joan Estany<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departament de Producció Animal. Universitat de Lleida. Rovira Roure, 191. 25198 Lleida.

<sup>2</sup> Departament d'Enginyeria Química, Agrària i Tecnologia Agroalimentària. Universitat de Girona.17071. Girona. <sup>3</sup>Selección Batallé S.A. 17421. Riudarenes.

<sup>®</sup>e-mail: mtor@prodan.udl.es

#### INTRODUCCIÓN

El contenido y la composición de la grasa intramuscular (GIM) en porcino son el resultado de procesos biológicos complejos, por lo que es difícil determinar qué genes y proteínas son los responsables de su variación. La identificación de genes en animales se ha basado en ensayar genes candidato por su función fisiológica o en hacer un barrido de todo el genoma mediante marcadores moleculares. Usando ambos procedimientos se han localizado algunos QTLs asociados a la composición corporal y en particular a las características de la GIM (Óvilo et al. 2002; Clop et al., 2003; Sato et al., 2006). Recientemente, con la aparición de microarrays específicos, se están desarrollando nuevos experimentos basados en el análisis de expresión génica (Mullen et al, 2006). Otra línea de investigación ha procurado encontrar directamente indicadores fisiológicos relacionados con la GIM, siendo quizás el IGF-I (Suzuki et al., 2004) y las FABP (Damon et al., 2006) dos de los más prometedores. Este planteamiento, al igual que en el caso de los genes, no tiene porqué limitarse a un indicador candidato, ya que existe la posibilidad de realizar barridos masivos de la proteínas de un tejido mediante técnicas de proteómica. En este trabajo se presenta un experimento diseñado para disponer de individuos divergentes para el contenido de GIM dentro de una misma camada, con el fin de generar un material animal susceptible de ser utilizado en estudios de expresión génica y proteómica. En particular, se discuten las diferencias encontradas en el perfil fisiológico del plasma sanguíneo y en las características de la carne y del tejido adiposo entre medios hermanos maternos Du y DUxPi.

#### **MATERIAL Y MÉTODOS**

#### Diseño del experimento

#### Técnicas de análisis

El hemograma y la fórmula leucocitaria se realizó por contaje electrónico mediante el sistema SYSMEX HST-430. La valoración de los lípidos totales por el método de Zollner y Kirsch. La dosificación de lipoproteínas en sangre por Electroforesis sobre Gel de Agarosa.

<sup>\*</sup> Trabajo financiado por la CICYT (ref. proyecto: AGL2003-05361)

El colesterol total se determinó por el método Roeschlau & Allain (ref:. CHOLESTEROL OSR6116, Olympus Diagnostica, Lismeehan, Ireland). Los triglicéridos por GPO-PAP Trinder (TRIGLYCERIDE OSR6133, Olympus Diagnostica, Lismeehan, Ireland). La sideremia por método tripiridiltriazina (IRON OSR6186, Olympus Diagnostica, Lismeehan, Ireland). El HDL-colesterol y LDL-colesterol por colorimetría enzimática (HDL-CHOLESTROL OSR6187, Olympus Diagnostica, Lismeehan, Ireland y LDL-CHOLESTROL OSR6183, Olympus Diagnostica, Lismeehan, Ireland). Las proteínas totales por el método de Biuret (TOTAL PROTEIN OSR6132, Olympus Diagnostica, Lismeehan, Ireland). El contenido y la composición de la grasa intramuscular se determinó por cromatografía gaseosa (CG) en columna capilar, previa esterificación metílica directa sobre el tejido (Rule, 1997).

## Análisis estadístico

Los datos fueron analizados por un análisis de varianza mediante el PROC GLM del paquete estadístico SAS (S.A.S. Inst. Inc., Cary, North Carolina, USA) con un modelo que incluyó el tipo genético, el sexo y su interacción.

# **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

Para las características de canal y grasa estudiadas (Tabla 1), el efecto del tipo genético ha predominado claramente sobre él del sexo, no habiéndose detectado ninguna interacción significativa entre ambos (p<0.05). Durante todo el periodo de crecimiento el peso de los animales cruzados fue superior al de los Duroc, llegándose a diferencias de casi 20 kg en el momento del sacrificio. En cuanto a la composición tisular, el cruce DuxPi presentó un 5,2% más de magro que los animales Duroc puros, mientras que en el contenido de GIM las diferencias fueron en sentido contrario, presentando los animales Duroc un 3.7% más de GIM. En el músculo *glutaeus medius* las diferencias en GIM van en el mismo sentido pero no fueron significativas (p<0.05). Las diferencias entre tipos genéticos en cuanto a composición de la grasa, se explican por el mayor grado de engrasamiento general de los animales Duroc. No hay diferencias en el contenido de ácidos grasos saturados (SFA) y monoinsaturados (MUFA) pero si en los polinsaturados (PUFA), cuyo contenido es menor en el tipo Duroc, debido probablemente a una mayor tasa de síntesis endógena de grasa.

Tabla 1. Características de la canal y de la grasa intramuscular por tipo genético y sexo.

	Du	DuxPi		22	32	
Peso vivo 180 días (kg)	101.22	120.62	***	107.68	114.17	ns
Peso canal (kg)	75.80	93.67	***	82.32	87.15	ns
% magro	47.54	52.76	***	51.54	48.76	ns
% GIM <i>m. glutaeus medius</i> 1	12.31	10.15	ns	10.33	12.13	ns
% GIM <i>m. longissimus</i> 1	11.06	7.33	***	8.57	9.82	ns
% SFA m. longissimus	43.47	42.09	ns	41.17	44.40	*
% MUFA m. longissimus	40.44	38.22	ns	39.28	39.37	ns
% PUFA m. longissimus	16.07	19.68	**	19.54	16.21	*

<sup>&</sup>lt;sup>1</sup> Expresado sobre materia seca. \*\*\* p<.0001; \*\* p<0.01; \*p<0.05

No se han encontrado diferencias entre genotipos ni en el hemograma ni en la fórmula leucocitaria a los 28 días, lo que refleja un grado alto de uniformidad en el estado sanitario general de los animales. En la Tabla 2 se detalla el perfil bioquímico en sangre a los 28 días en ambos tipos genéticos. La concentración plasmática de proteínas totales fue superior en los cerdos DuxPi en relación con los Du. Respecto a las variables más directamente relacionadas con el metabolismo de las grasas, se han registrado valores ligeramente superiores a los de otros experimentos sobre la misma población (Pena et al., 2006). Cabe destacar niveles superiores de triglicéridos y quilomicrones en los animales Du y valores superiores de LDL-colesterol en los animales DuxPi. Por el contrario, no se han hallado diferencias significativas entre tipos genéticos en HDL-colesterol, colesterol, lípidos totales,

alfa-lipoproteínas, beta-lipoproteínas y prebeta-lipoproteínas. Ello anima a lanzar la hipótesis de que las diferencias entre estos dos genotipos respecto al metabolismo lipídico, podrían estar más relacionadas con los mecanismos que regulan la absorción de los lípidos que con las fases posteriores del mismo.

El experimento ha permitido obtener animales genéticamente divergentes para la composición corporal con un mínimo de variación genética y ambiental. La diferencia entre tipos genéticos del experimento para el porcentaje de magro y GIM ha sido de al menos una desviación típica genética de la observada para estos caracteres en la población Du de referencia y aproximadamente el doble del rango esperable dentro de camada. Con el banco de datos biológico obtenido, en este momento se están desarrollando estudios de comparación de perfiles proteómicos (Tor et al, 2007) y de expresión génica, con los que identificar biomarcadores expresados diferencialmente en ambos tipos.

Tabla 2. Perfiles bioquímicos del plasma sanguíneo por tipo genético a los 28 días de vida.

	Du	Du x Pi	
CONCENTRACIONES EN SANGRE			
Glucosa g/l	0.86	0.81	ns
Colesterol g/l	1.2	1.42	ns
Triglicéridos (g/l)	1.15	0.90	*
Hierro (mcg/dl)	144	124	ns
Lípidos totales (g/l)	4.31	4.33	ns
HDL-colesterol (g/l)	0.44	0.40	ns
LDL-colesterol (g/l)	0.53	0.78	*
Proteínas totales (g/l)	51.55	55.83	***
DOSIFICACIÓN LIPOPROTEINAS			
Quilomicrones (%)	4.93	3.42	**
Beta-Lipoproteína (%)	44.89	45.54	ns
Prebeta-Lipoproteína (%)	16.31	16.84	ns
Alfa-Lipoproteína (%)	33.84	34.18	ns

<sup>\*\*\*</sup> p<.0001; \*\* p<0.05; \*p<0.1

## **REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS**

Clop A., Ovilo C., Perez-Enciso M., Cercos A., Tomas A., Fernández A., Coll A., Folch J.M., Barragán C., Díaz I., Oliver M.A., Varona L., Silió L., Sanchez A., Noguera J.L. 2003. Mam. Genome 14:650-656.

Damon M., Louveau I., Lefaucheur L., Lebret B., Vincent A., Leroy P., Sanchez M.P., Herpin P., Gondret P. 2006. J. Anim. Sci. 84:1083-1092.

Mullen A. M., Stapleton P., Corcoran D., Hamil, R. M., White A. 2006. Meat Science 74:3-16. Ovilo C., Oliver M. A., Noguera J. L., Clop A., Barragan C., Varona L., Rodriguez C., Toro M. A., Sanchez A., Perez E. M., Silió, L. 2002 *Genet. Sel. Evol.*, 34, 465-479.

Pena R., Gallardo D., Amills D., Varona L., Soler J., Ramírez O., Tibau J., Reixach J., Díaz I., Prat J.M., Noguera J.L., Quintanilla R., 2006. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brasil.

Rule D. C. (1997) Meat Science 46, 23-32.

Sato S., Hasebe H., Sato S., Asahi Y., Hayashi T., Kobayashi E., Sugimoto Y. 2006. Anim. Genet. 37:113-120.

Suzuki K., Nakagawa M., Katho K., Kadowaki H., Shibata T., Uchida H., Obara Y., Nishida A. 2004. J. Anim. Sci. 82:994-999.

Tor M., Gabarró M., Bosch L., Villalba D., Reixach J., Estany J., 2007. Estudio de perfiles proteómicos de plasma sanguíneo asociados al contenido de grasa intramuscular en la especie porcina. XII Jornadas sobre Producción Animal.