

DIFERENCIAS EN LA ACTIVIDAD DESATURASA Y ELONGASA ENTRE TEJIDOS Y GENOTIPOS DE CERDOS DUROC

Henríquez E, Ros-Freixedes R, Pena RN, Tor, M y Estany¹, J.

¹Universitat de Lleida, Departament de Producció Animal, Rovira Roure, 191, 25198 Lleida
jestany@prodan.udl.cat

INTRODUCCIÓN

La composición de la grasa, y en particular el de contenido de ácido oleico, tiene cada vez más importancia en la calidad de la carne, ya que los ácidos grasos influyen aspectos tecnológicos como son la dureza, la vida útil y el sabor (Wood et al., 2003). Por su parte, el ácido oleico, es uno de los dos principales ácidos grasos monoinsaturados que se encuentran en los depósitos de grasa (Ren et al., 2004) y ha sido correlacionado positivamente con el sabor a carne de cerdo, la preferencia de sabor y la aceptabilidad general (Cameron et al., 2000). Ros-Freixedes et al. (2012) demostraron que el contenido de C18:1n-9 en músculo está determinado genéticamente y que por tanto es posible mejorarlo mediante selección. Se conoce que en las rutas de síntesis de C18:1n-9 intervienen enzimas desaturasas y elongasas cuya actividad puede variar entre tejidos y puede verse influida por variantes estructurales de los genes que las codifican, siendo la enzima clave que cataliza la biosíntesis del ácido oleico la estearoil-CoA desaturasa (Miyazaki y Ntambi, 2003). En este trabajo se presentan los resultados de un experimento diseñado para comprobar si existen diferencias en la actividad desaturasa (SCD) y elongasa (E) entre tejidos y genotipos para el gen *SCD* en cerdos Duroc.

MATERIAL Y MÉTODOS

En el experimento se utilizaron 48 cerdos castrados Duroc, nacidos de los apareamientos entre 19 machos y 48 hembras. Todos ellos fueron criados en 3 lotes de forma similar a la indicada en Ros-Freixedes et al (2012). A los 205 días de edad, se sacrificaron en un matadero comercial, donde de cada uno de ellos se recogió una muestra de los músculos glúteo medio (GM) y semimembranoso (SM), de grasa subcutánea (GS), entre la tercera y cuarta últimas costillas, y de hígado (H). Las muestras de SM, GS y H se recolectaron inmediatamente después del sacrificio y se conservaron en nitrógeno líquido mientras que las de GM se tomaron después de refrigerarse la canal a 2°C durante 24 horas. Una vez descongeladas, las muestras se liofilizaron y pulverizaron. Una alícuota representativa de cada una de ellas se utilizó para determinar por duplicado su composición en ácidos grasos según Bosch et al. (2009), a la vez que se empleó una modificación del método para cuantificar C18:1n-7. Las 192 muestras se distribuyeron en un diseño factorial de 4 tejidos x 3 genotipos. En la **Tabla 1** se indica el porcentaje medio, respecto al total de ácidos grasos determinados, de los ácidos grasos considerados en este trabajo.

Tabla 1. Número de cerdos y porcentaje medio (desviación típica) de los ácidos grasos considerados en este trabajo según tejido

Ácido graso %	Glúteo medio	Semimembranoso	Grasa subcutánea	Hígado
n	48	48	48	48
C16:0	24.60 (0.84)	22.44 (1.03)	22.41 (1.21)	18.81 (2.25)
C16:1n-7	3.56 (0.45)	3.53 (0.49)	2.13 (0.29)	1.34 (0.46)
C18:0	11.61 (0.95)	10.68 (0.84)	11.66 (1.04)	20.88 (3.56)
C18:1n-9	39.65 (1.33)	40.04 (2.57)	40.58 (2.66)	20.12 (4.70)
C18:1n-7	5.71 (0.62)	6.51 (0.59)	2.61 (2.03)	3.01 (0.60)

Con el contenido de los ácidos grasos de la **Tabla 1** se calcularon para cada cerdo y tejido los índices $SCD1=C16:1n-7/C16:0$ y $SCD2=C18:1n-9/C18:0$, como indicadores de la actividad de la enzima estearoil-CoA desaturasa, así como los $E1=C18:0/C16:0$ y

E2=C18:1n-7/C16:1n-7 como indicadores de la actividad elongasa. Paralelamente, se extrajo una muestra de ADN de cada cerdo con el fin de genotiparlos según el polimorfismo AY487830:g.2281A>G descrito en la región promotora del gen SCD por Ros-Freixedes et al. (2013) en estas jornadas.

Las diferencias entre tejidos y genotipos para los índices SCD1, SCD2, E1 y E2 se analizaron mediante un modelo animal en el que se incluyeron como efectos fijos el lote (lotes 1 a 3), el tejido (GM, SM, GS y H) y el genotipo (AA, AG y GG), mientras que como efecto aleatorio se consideró el animal. Los efectos del tejido y del genotipo se contrastaron con la prueba de Kenward–Roger y la diferencia entre niveles dentro de factor con la prueba de Tukey-HSD. Se obtuvieron también mediante el método REML las correlaciones fenotípicas entre índices según tejido. Los análisis estadísticos se realizaron utilizando el paquete estadístico JMP 8 (SAS Institute Inc, Cary, NC).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la **Tabla 2** se indican las diferencias entre índices según tejido y genotipo. Los índices desaturasa SCD1 y SCD2 son mayores en músculo, especialmente en SM, que en GS y H. Este comportamiento diferenciado de la estearoil-CoA desaturasa es similar a lo observado por Doran et al. (2006), quienes indicaron, que para una dieta reducida en proteína, la expresión proteica de SCD aumentaba en el músculo de cerdo (*longissimus thoracis et lumborum*) pero no en el tejido adiposo subcutáneo. En la población a la que pertenecen los cerdos utilizados en este experimento, la cual fue seleccionada para reducir el espesor de grasa dorsal a grasa intramuscular constante, Cánovas et al. (2009) reportaron una disminución significativa de la expresión proteica de SCD en tejido adiposo subcutáneo pero no en músculo (SM), mientras que Muñoz et al. (2013) no encontraron un efecto significativo de la selección genética en la expresión hepática de SCD. Estos resultados confirman que la proteína SCD se expresa de forma tejido-específica. Por el contrario, la actividad elongasa resulta mucho mayor en H y en GS, especialmente E2. El genotipo AA, en línea con los resultados de Ros-Freixedes et al. (2013), presenta mayor actividad SCD, particularmente evidente en SCD2. Por el contrario, no se observan diferencias entre genotipos para la actividad elongasa.

Tabla 2. Medias mínimo-cuadráticas (\pm error típico) de la actividad desaturasa y elongasa ($\times 100$) según tejido y genotipo del promotor del gen SCD porcino

	Índices			
	SCD1	SCD2	E1	E2
Tejido				
SM	15.66 \pm 0.25 ^a	377.91 \pm 5.49 ^a	48.88 \pm 2.49 ^b	188.48 \pm 6.17 ^b
GM	14.38 \pm 0.25 ^b	344.14 \pm 5.49 ^b	48.53 \pm 2.49 ^b	164.12 \pm 6.17 ^c
GS	9.45 \pm 0.25 ^c	329.45 \pm 5.49 ^b	53.30 \pm 2.49 ^b	257.76 \pm 6.17 ^a
Hígado	6.87 \pm 0.25 ^d	102.56 \pm 5.49 ^c	116.09 \pm 2.49 ^a	245.68 \pm 6.17 ^a
SNP g.2281A>G				
AA	12.10 \pm 0.25 ^a	300.50 \pm 5.32 ^a	67.30 \pm 1.98 ^a	209.75 \pm 5.91 ^a
GA	11.68 \pm 0.25 ^a	286.21 \pm 5.32 ^{ab}	64.80 \pm 1.98 ^a	209.59 \pm 5.91 ^a
GG	10.99 \pm 0.25 ^b	278.82 \pm 5.32 ^b	64.80 \pm 1.98 ^a	222.68 \pm 5.91 ^a

Índices SCD1 = C16:1n-7/C16:0, SCD2 = C18:1n-9/C18:0, E1 = C18:0/C16:0, E2 = C18:1n-7/C16:1n-7
^{a, b, c, d} Dentro de una columna y factor, las medias con superíndices distintos difieren significativamente (P<0.05)

La **Tabla 3** refleja la correlación fenotípica entre los índices desaturasa y elongasa según tejido. Los índices SCD1 y SCD2 se encuentran positivamente correlacionados en todos los tejidos, de la misma forma que lo están E1 y E2. Por el contrario, las correlaciones entre los

índices SCD y los E son negativas. Es interesante resaltar la correlación desfavorable y alta entre SCD2 y E1, ya que ello sugiere que un aumento de la actividad desaturasa en el paso de ácido esteárico (C18:0) a oleico (C18:1n-9), podría verse limitada por la biosíntesis del esteárico (C18:0) a partir de palmítico (C16:0).

Tabla 3. Correlación fenotípica entre los índices desaturasa y elongasa según tejido

Índices		Tejidos			
		Hígado	GM	GS	SM
SCD2	SCD1	0.89*	0.49*	0.71*	0.44*
E1	SCD1	-0.88*	-0.63*	-0.89*	-0.59*
E1	SCD2	-0.93*	-0.87*	-0.75*	-0.74*
E2	SCD1	-0.79*	-0.63*	-0.66*	-0.63*
E2	SCD2	-0.71*	-0.45*	-0.09	0.2
E2	E1	0.78*	0.69*	0.59*	0.29

*(P<0.05)

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bosch, L., Tor, M., Reixach, J. & Estany J. 2009. *Meat Sci.* 82:432-437
- Cameron, N., Enser, M., Nute, G., Whittington, F., Penman, J., Fisker, A., Perry, A. & Wood, J. 2000. *Meat Sci.* 55:187-195
- Cánovas, A., Estany, J., Tor, M., Pena, R. & Doran, O. 2009. *J. Anim. Sci.* 87:3905-3914
- Doran, O., Moule, S., Teye, G., Whittington, F., Hallett, K. & Wood, J. 2006. *Brit. J. Nutr.* 95:609-617
- Miyazaki, M & Ntambi, J. 2003. *Prostag. Leukotr. E.S.S.* 68:113-121
- Muñoz, R., Estany, J., Tor, M. & Doran, O. 2013. *Meat Sci.* 93:746-751
- Ren, J., Knorr, C., Huang, L. & Brenig, B. 2004. *Gene.* 340:19-30
- Ros-Freixedes, R., Reixach, J., Tor, M & Estany, J. 2012. *J. Anim. Sci.* 90:4230-4238
- Wood, J., Richardson, R., Nute, G., Fisher, A., Campo, M., Kasapidou, E., Sheard, P. & Enser, M. 2003. *Meat Sci.* 66:21-32.

Agradecimientos: Proyecto financiado por el MICINN (AGL2009-09779). Eliana Henriquez agradece la beca del Instituto Agronómico Mediterráneo de Zaragoza. R. Ros-Freixedes es beneficiario de una beca FPI (BES-2010-034607).

DESATURASE AND ELONGASE ACTIVITY ACROSS TISSUES AND GENOTYPES IN DUROC PIGS

ABSTRACT: Fat content and composition, particularly oleic acid (C18:1n-9), are two aspects that influence meat quality. The biosynthesis of C18:1n-9 depends on the stearoyl-CoA desaturase (SCD) and elongase (E) enzymes. The aim of the present study was to determine whether the activity of these enzymes differs across tissues and genotypes in Duroc pigs. Genotypes were based on the *AY487830:g.2281A>G* polymorphism of the *SCD* gene. The SCD related-ratios {SCD1=C16:1n-7/C16:0; SCD2=C18:1n-9/C18:0} were greater in muscle than in subcutaneous fat and liver, confirming that SCD activity is tissue-specific. The elongase ratios {E1=C18:0/C16:0; E2=C18:1n-7/C16:1n-7} were greater in liver and subcutaneous fat than in muscle. The AA genotype had higher activity for SCD but not for E. The correlations between SCD ratios, as well as those between E ratios, were positive in all tissues. By contrast, the correlations between SCD and E ratios were negative.

Keywords: intramuscular fat; fat composition; pigs; stearoyl-CoA desaturase