

GENÉTICA MOLECULAR Y CALIDAD DE CARNE

Luis Varona*. 2008. aacporcinos.

*Área de Producción Animal, Centre UdL-IRTA.

www.produccion-animal.com.ar

Volver a: [Carne porcina y subproductos](#)

INTRODUCCIÓN

Un esquema tradicional de selección en mejora genética porcina involucra la obtención de dos líneas, una materna y otra paterna, que se cruzan posteriormente para producir los animales destinados a la producción comercial.

La línea paterna, única o generada mediante cruce de varias líneas, se selecciona con un mayor peso para caracteres de crecimiento (aumento del peso a edad de sacrificio y porcentaje de carne magra), mientras que la línea materna, generalmente producida por cruce de líneas maternas, se selecciona para caracteres reproductivos (tamaño de camada).

Tanto la elección de líneas genéticas divergentes en línea paterna (Pietrain, Duroc, Yorkshire, paterno, etc) y materna (Landrace, Yorkshire, maternos, etc) como la selección divergente permite aprovechar la complementariedad entre las líneas e incrementar el vigor híbrido o heterosis.

Este esquema básico ha proporcionado una sustancial mejora en la eficacia y la rentabilidad del sector porcino. En caracteres de crecimiento se están obteniendo incrementos del orden del 1% anual, y en caracteres reproductivos, el tamaño medio de camada (nacidos vivos) ha pasado de 9.76 a 11.39. Como consecuencia, es previsible que estos caracteres tengan menos peso en la selección en un futuro próximo, y hace previsible que se consideren nuevos grupos de caracteres. Entre estos nuevos grupos de caracteres, destacan por su importancia los relacionados con la calidad de la carne, tanto en el aspecto sensorial de la misma, como en su relación con la salud humana.

Los *caracteres de calidad sensorial* de la carne son caracteres complejos en cuanto a su definición, porque dependen en gran medida de valoraciones subjetivas. Una posibilidad es la creación de paneles de catadores que otorguen una valoración a los productos, pero con un coste difícil de asumir en condiciones no experimentales. Sin embargo, existen una serie de caracteres más sencillos de medir que están genéticamente correlacionados con la calidad de la carne porcina. Entre estos caracteres cabe citar el pH, cuyo incremento parece correlacionado una mayor la calidad sensorial de la carne. Otro criterio que influye de manera sustancial en la calidad de la carne es el porcentaje de grasa intramuscular. Este carácter esta altamente correlacionado con la percepción de calidad en el consumidor, y además, su correlación genética con crecimiento y porcentaje de magro en la canal, permite su selección conjunta.

Otro grupo de caracteres relacionados con la calidad de la carne son aquellos relacionados con *la oferta de un producto más saludable para el consumo humano*. Aunque, comparado con otros productos cárnicos, la carne porcina presenta menores niveles de colesterol y un nivel más alto de ácidos grasos monoinsaturados, estos caracteres presentan variabilidad genética entre y dentro de línea, con lo que son susceptibles de ser mejorados mediante selección genética. Además, su relación con los caracteres productivos es prácticamente nula, con lo que se podría conseguir un producto más saludable, con la misma eficiencia productiva.

También podemos considerar relacionados con la salud humana y sobre todo con el bienestar animal a los caracteres de resistencia a enfermedades. La normativa sanitaria de la Unión Europea ha limitado considerablemente la utilización de antibióticos en la producción porcina. Por este motivo, los caracteres relacionados con la resistencia natural de los animales a los procesos patológicos cobran un gran interés. Esta resistencia puede ser medida de manera indirecta del contenido de inmunoglobulinas en sangre u otros parámetros relacionados con al respuesta inmune.

GENÉTICA MOLECULAR

El genoma porcino consta de unos 30000 genes distribuidos a lo largo de 19 cromosomas autosómicos y la pareja de cromosomas sexuales, en estos momentos (Mayo 2003) se conocen 1739 secuencias anónimas, principalmente microsátélites no codificantes, y 927 genes de función conocida (<http://iowa.thearkdb.org>). Comparado con el desarrollo de proyectos como el genoma humano o el genoma del ratón, dentro del reino animal, el conocimiento del genoma porcino es todavía muy limitado, aunque se prevé que en los próximos años aumentara exponencialmente. A modo de ejemplo se presenta el mapa de genes y marcadores moleculares del cromosoma 6 porcino en la Figura 1.

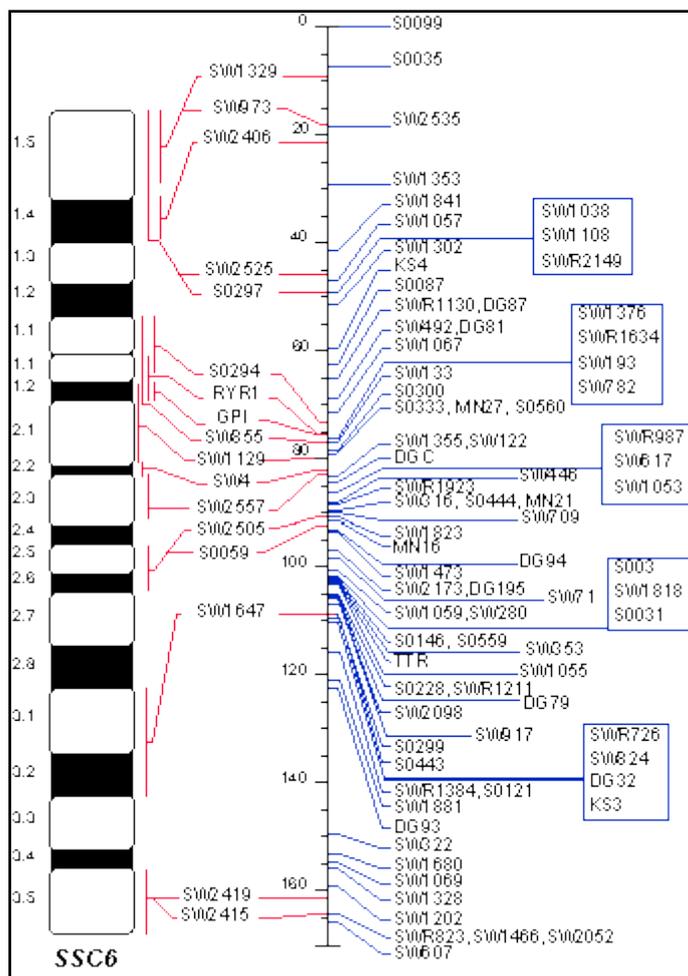


Figura 1. Genes y Marcadores moleculares en el Cromosoma 6.

Tradicionalmente, la mejora genética ha utilizado los conocimientos en genética cuantitativa, y la información procedente de los registros fenotípicos y genealógicos en las poblaciones, pero, conceptualmente, selecciona los animales con una composición genética más adecuada a los objetivos de selección. El desarrollo de la genética molecular va a revolucionar los planteamientos de la mejora genética porque proporciona, o proporcionará, información directa acerca del patrimonio genético de los individuos. Aunque a largo plazo, el número y la magnitud de las posibilidades puede ser casi tan grande como la imaginación nos permita; a corto y medio plazo, se presentan varias posibilidades de la utilización práctica de la genética molecular en la mejora genética porcina:

1. Utilización de los marcadores moleculares neutros en selección asistida por marcadores. Estos marcadores neutros, generalmente microsatélites, permiten trazar cual de los dos alelos de un progenitor de este marcador se ha transmitido a la descendencia. Si este microsatélite está localizado físicamente en la cercanía de un gen o una región del genoma relacionada con un carácter de interés (QTL), se puede saber con que probabilidad ha recibido el individuo el alelo “favorable” o “desfavorable” de este gen, incrementado la precisión en la valoración genética de los individuos y por lo tanto la velocidad de respuesta a la selección.
2. Otra posibilidad es mediante la detección directa de genes que tengan un efecto mayor en la expresión fenotípica del carácter. El mejor ejemplo de este tipo de genes es el gen RYR1, que determina la sensibilidad al estrés, y sus conocidas repercusiones. Una vez detectados estos genes de efecto grande su utilización en la selección es directa, mediante la eliminación de los individuos portadores de los alelos desfavorables. Además del gen RYR1 se han asociado efectos con los genes MC4R (Cr. 1), IGF2 (Cr. 2), HFAB (Cr. 6), SLA (Cr. 7), PIT1 (Cr. 13), RN (Cr. 15) con efecto en caracteres de crecimiento, engrasamiento y calidad de la canal y de la carne, y con los genes ESR (Cr. 1), FSHB (Cr. 2), OPN (Cr. 8), RBP4 (Cr. 14), PRLR (Cr. 16) y AR (Cr. 18) asociados a caracteres reproductivos. Pese a todo, hay que ser conscientes que estas asociaciones se han detectado en poblaciones concretas, y estos resultados no son fácilmente extrapolables a otras poblaciones. Los resultados favorables en un ambiente genético particular (línea o raza), no tienen porque verse reflejados en un ambiente genético diferente. El genoma es muy complejo, y una interpretación maniquea de alelos “buenos” y alelos “malos” es una simplificación que muchas veces no va a llevar a un incremento de la eficacia y la rentabilidad, o por lo menos, no superior al obtenido por métodos clásicos de selección.
3. Una tercera posibilidad de actuación en cuanto a la utilización de la información molecular es su uso en la detección de genes de interés en poblaciones distintas. Sí criamos en una misma granja, con las mismas condi-

ciones ambientales, a un grupo de Pietrains, unos Ibéricos y unos Meishans, los primeros crecerán más, los segundos tendrán mejor calidad de carne y los terceros producirán tamaños de camada más grandes. En consecuencia, éstas líneas o razas poseen genes o combinaciones de genes que determinan su mayor rendimiento para algunos caracteres. La genética molecular puede utilizarse para, en cruces experimentales F2, localizar estos genes diferenciales de estas líneas, y posteriormente, introducirlos en líneas comerciales de alto rendimiento mediante introgresión. En los últimos años se han llevado a cabo un gran número de experimentos en el mundo para detectar genes en diversas poblaciones.

RESULTADOS: GENÉTICA MOLECULAR Y CALIDAD DE CARNE

En España se ha realizado un proyecto conjunto entre el Área de Producción Animal del Centre UdL-IRTA, el Departamento de Mejora Genética del CIT-INIA de Madrid y la Unitat de Genética del Departament de Producció Animal de la UAB, que contó con la colaboración del CTC-IRTA y de la Universidad de Murcia.

Este experimento consistió en un cruce experimental F2 entre cerdo Ibérico y Landrace, para producir segregación genética (ver fotos), que permita detectar genes de calidad de la canal y de la carne. Como principales resultados se detectaron QTL para engrasamiento (Cr. 4 y Cr. 6), porcentaje de grasa intramuscular (Cr. 6 y Cr. X), perfil de ácidos grasos (Cr. 4, Cr. 8 y Cr. 12), área del lomo (Cr. 2), longitud de la canal (Cr. 4), cantidad de hematina (Cr. 4 y Cr. 7) y pigmentación de la carne (Cr. 4).

En la Figura 2, se presenta el barrido genómico para grasa intramuscular en el cromosoma 6, donde se observa la presencia de un QTL en torno a la posición 120. Este resultado indica que en torno a esta posición se encuentran uno o varios genes que explican la diferencia fenotípica entre el cerdo Ibérico y el Landrace.

EJEMPLOS DE SEGREGACIÓN GENÉTICA EN LA F2

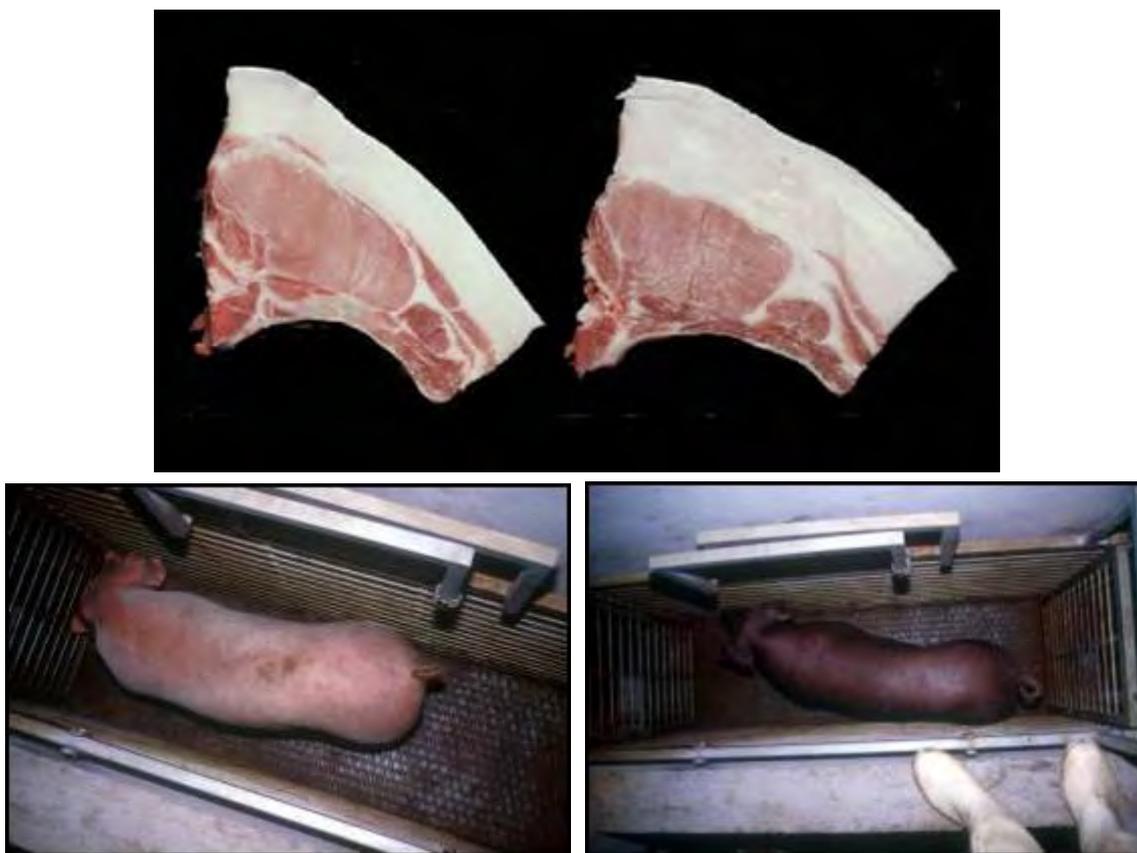
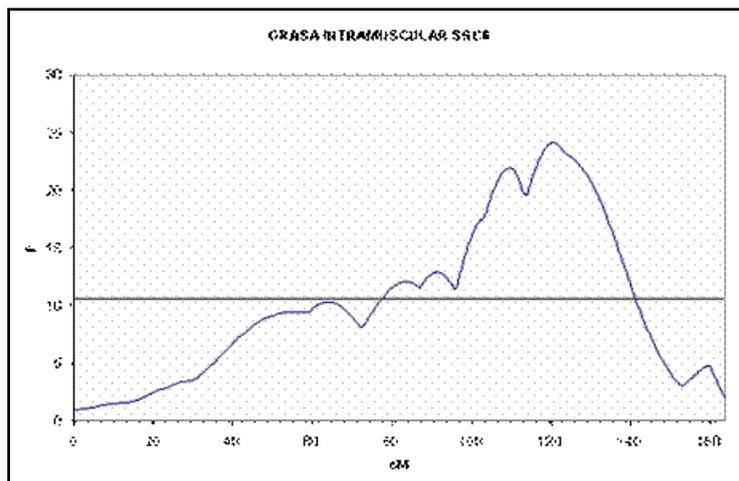


Figura 2.- Barrido Genómico para Grasa Intramuscular en el Cromosoma 6.



NUEVOS PROYECTOS

PROYECTO CICYT: LIPGEN

En este proyecto se pretende investigar las bases genéticas de la variación en la composición lipídica en la carne porcina. Y, además, el porcino se utilizará como modelo para el estudio del metabolismo humano, aprovechando la estructura familiar y la posibilidad de tomar muestras de órganos sin las dificultades legales que presenta trabajar con humanos.

El diseño experimental constará de 5 machos cruzados con 400 hembras para obtener 400 lechones, todos ellos de raza Duroc, la cual se utiliza comercialmente para la producción de jamón curado de calidad. Estos lechones serán controlados individualmente para ingesta y crecimiento diario, evaluando así la eficiencia alimentaria. Además, a estos animales se les medirán los niveles de colesterol en sangre, composición de ácidos grasos y grasa intramuscular.

Serán genotipados para 32 genes candidatos susceptibles de afectar al metabolismo lipídico y para 100 microsatélites repartidos a lo largo del genoma. También se estudiará la expresión de genes del metabolismo lipídico mediante la extracción de ARNm en hígado, músculo y grasa. Este ARNm se usará para identificar ESTs (Expressed Sequence Tags). Con todos los resultados, se construirán mapas genéticos de los marcadores, QTLs, genes candidatos y ESTs. Se van a evaluar genes con un efecto conocido en colesterol en humanos, para contrastar su efecto en la especie porcina, y, mediante mapeo comparativo, se estudiará el efecto de estos genes en el metabolismo lipídico de cada especie.

PROYECTO INIA: IBMAP3

CONCLUSIONES

El objetivo principal es incrementar el conocimiento de la base genética de la calidad de carne de cerdo con vistas al desarrollo de nuevas estrategias de mejora. Este objetivo se abordará mediante tres alternativas complementarias:

- Objetivo 1. Obtención de 3 líneas porcinas de origen Landrace, Pietrain y Duroc que incluyan un segmento del cromosoma 6 de origen ibérico y evaluación de los efectos de este segmento sobre porcentaje de grasa intramuscular y calidad de carne.
- Objetivo 2. Análisis de genes candidatos posicionales en las regiones cromosómicas donde se han detectado QTL que afectan a porcentaje de grasa intramuscular y contenido en ácidos grasos, para la identificación de las mutaciones responsables de los efectos previamente detectados sobre caracteres de calidad de carne.
- Objetivo 3. Determinación de diferencias en perfiles de expresión génica, entre los distintos genotipos comparados, en los tejidos de mayor relación con la calidad de carne y atendiendo a las diferentes etapas del desarrollo.

La genética cuantitativa y su aplicación a la mejora animal ha supuesto un importante cambio fenotípico en los caracteres de interés en producción porcina. En los últimos años, las modificaciones en la situación del mercado imponen la inclusión de nuevos caracteres en el objetivo de selección, destacando entre estos los relacionados con la calidad de la carne. Por otra parte, el desarrollo de la genética molecular ofrece un importante número de herramientas para mejorar la calidad de carne de nuestras poblaciones, y, en este sentido, los proyectos de investigación realizados en España ofrecen resultados muy atractivos para su utilización práctica a corto y medio plazo.

Volver a: [Carne porcina y subproductos](#)