

# **Doctorado en Ingeniería**

## **Mención en Ciencia y Tecnología de Alimentos**



**Universidad Nacional  
de Entre Ríos**

### **Resumen extendido de Tesis**

**“Estudio de polimorfismos de ADN asociados a calidad  
de carne en cerdos híbridos”**

Doctoranda: Mg. Viviana Rita Rodríguez

Directora: Dra. Mariana Lagadari

La producción y el consumo de carne de cerdo en los últimos años han evidenciado un franco crecimiento a nivel mundial. Por lo tanto, ante las mayores exigencias de los mercados internacionales, y el aumento del consumo interno, las estrategias que favorecen una mejora en su calidad se encuentran en un proceso de desarrollo continuo. Debido a esto, el análisis de su calidad debe abarcar todos los puntos que constituyen la cadena productiva. La percepción de la calidad de carne depende de un concepto subjetivo del consumidor, quien ya no solo está exigiendo un alto contenido magro de la canal sino también terneza, marmolado, aroma y acidez óptimos de la carne, en adición a las características que la hacen elegible en góndola como el color y la capacidad de retención de agua. El concepto calidad de carne está relacionado además a componentes nutricionales, higiénicos, tecnológicos y genéticos como así también a factores del metabolismo celular que influyen en sus atributos. Dada la importancia de la industria de la carne porcina en favor del desarrollo social y económico del país, el objetivo de este trabajo consiste en implementar la biología molecular como herramienta de selección en cerdos híbridos, para obtener una mejora en la calidad. Considerando que 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, se realizó una búsqueda de relaciones entre marcadores genéticos y caracteres relacionados a calidad de carne.

Para alcanzar los resultados, en primera instancia se propuso caracterizar la población de cerdos de productores locales, provenientes de líneas genéticas híbridas, en cuanto a la diversidad de polimorfismos en genes candidatos para calidad de carne: RYR1<sub>1843C>T</sub>, RN<sub>200R>Q/199I>V</sub>, CAST<sub>638S>A</sub>, CAST<sub>76872G>A</sub>, SOX6A<sub>42812066G>A</sub> y SOX6B<sub>43023574G>C</sub>. Posteriormente, se estableció la frecuencia genotípica y alélica de estos últimos en animales libres de Halotano del plantel reproductivo y su incidencia en muestras de carne de la progenie. Esto se llevó a cabo para hacer más objetiva la ulterior relación entre los polimorfismos observados y los parámetros de calidad, eliminando del estudio al alelo perjudicial para Halotano. Este alelo es el causante de carnes poco atrayentes y que por ende no son aceptadas por los consumidores, las carnes blandas, pálidas y exudativas (PSE) que producen de graves pérdidas económicas para la industria porcina, así como también podría estar involucrado en la muerte súbita de los animales previa a la faena. Estos objetivos se plantearon con la finalidad de orientar a los productores en la elección de los

progenitores a utilizar en programas de cruzamiento y de sentar las bases para la búsqueda e identificación de nuevos marcadores moleculares relacionados con los atributos de la carne, de manera de optimizar la aceptabilidad del producto en cada mercado específico. La hipótesis de trabajo que se planteó para esta propuesta es que los polimorfismos de los genes relacionados a calidad de carne pueden utilizarse como herramientas predictivas para contribuir en los programas de mejoramiento animal y auxiliar así al productor a cumplir con las diversas expectativas del mercado ya sea el de consumo en fresco o el industrial.

Para este estudio se analizaron 195 muestras de animales pertenecientes a 13 diferentes establecimientos de la región noreste de la provincia de Entre Ríos, en Argentina. Las líneas híbridas examinadas, estaban compuestas por animales derivados de cruzamientos de hembras Landrace x Yorkshire y un porcentaje de razas chinas, con machos híbridos terminales con diferentes proporciones de Duroc, Pietrain, Hampshire; Yorkshire y Landrace.

Se realizó la determinación molecular de los polimorfismos mediante PCR-RFLP de muestras de pelo de parentales no relacionados entre sí para incluirlas en el estudio de la diversidad genética y estructura poblacional. Para tal fin se calcularon las frecuencias alélicas y genotípicas, la diversidad genética intra racial mediante la heterocigosidad observada, la heterocigosidad esperada, el número de alelos por locus, la frecuencia del segundo alelo más común y el equilibrio de Hardy-Weinberg, la diversidad genética entre razas mediante los índices de fijación de los animales respecto al total de la población ( $F_T$ ), respecto a las subpoblaciones ( $F_{IS}$ ) y el grado de diferenciación genética entre las subpoblaciones ( $F_{ST}$ ). La estructura poblacional se analizó mediante desequilibrio de ligamiento, árboles de distancia, análisis de los componentes principales y el *software* Structure. A continuación, la progenie de estos animales, implicada en el estudio de calidad, fue faenada industrialmente en frigoríficos de la región, donde se registró el pH de las muestras a los 45 minutos. Con estricto registro de su trazabilidad, a las 24 horas, y luego del despiece en carnicería, se obtuvieron las muestras. A partir de esta instancia se llevaron a cabo en laboratorio las técnicas moleculares de PCR-RFLP para caracterizarlas genéticamente y las correspondientes a los parámetros de calidad de carne, en una región del músculo *longissimus thoracis* que va de la décima a la décimo segunda costilla. Los

parámetros analizados fueron *pH*, color ( $L^*$ ,  $a^*$  y  $b^*$ ), marmoleado (M), resistencia al corte (RC), humedad (H) y capacidad de retención de agua (CRA). Este último mediante las técnicas de mermas por goteo (MG) registradas a las 24 y 48hs, mermas por descongelación (MD) y mermas por cocción (MC), generando así un acervo de ADN y de muestras de carne de líneas híbridas sentando las bases para futuros estudios aplicables a otros polimorfismos.

Como resultado del análisis de diversidad los genes analizados mostraron un elevado polimorfismo y heterocigosidad poblacional, como así también dentro de los establecimientos estudiados. Se evidenció además, una selección moderada hacia los alelos con conocido efecto perjudicial de los genes RYR1 y RN.

El análisis de los SNPs y su relación con los parámetros de calidad de carne presentó diferencias para ciertos polimorfismos. El polimorfismo  $RN_{200R>Q199I>V}$ , estaría relacionado con el *pH*, el color, el M y con la H. El polimorfismo  $CAST_{638S>A}$ , se vincularía con el *pH*, las MD, H y M. De los polimorfismos analizados en SOX6,  $SOX6A_{42812066G>A}$ , estaría relacionado con el *pH* y con el color y el polimorfismo  $SOX6B_{43023574G>C}$  con el *pH*, las MD, MC y M. Los datos obtenidos sugerirían que los animales portadores de los alelos  $rn^*$  para RN, C para  $CAST_{638S>A}$ , A para  $SOX6A_{42812066G>A}$  y C para  $SOX6B_{43023574G>C}$  presentarían genotipos beneficiosos para carne fresca.

De esta manera, los resultados aquí presentados sugieren que los polimorfismos analizados pueden ser utilizados como herramienta para la selección de genotipos superiores en cuanto a calidad de carne, relacionando así la investigación con la genética aplicada al mejoramiento animal y la obtención de productos de calidad. Por otro lado, el análisis poblacional indicaría que las líneas genéticas estudiadas si bien se encuentran seleccionadas para algunos caracteres productivos, presentan alto grado de variabilidad genética, lo que indicaría que estos genes aún no han estado sujetos a selección. Así, con la diversidad brindando un escenario propicio para la selección de caracteres beneficiosos, se encuentra un amplio campo de trabajo para la mejora genética vinculando las características de las carnes con su mercado de destino.