

**ASOCIACION  
INTERPROFESIONAL PARA EL  
DESARROLLO AGRARIO  
(AIDA)**

**XXXVIII JORNADAS DE ESTUDIO**

**XII JORNADAS**

**SOBRE PRODUCCION ANIMAL**

16 y 17 de mayo de 2007

Zaragoza

**TOMO II**

**COLABORAN:**

Gobierno de Aragón: Departamento de Ciencia, Tecnología y Universidad  
Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)  
Centro Internacional de Altos Estudios Agronómicos Mediterráneos (IAMZ)  
Caja de Ahorros de la Inmaculada (CAI)  
Universidad de Zaragoza  
Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias (INIA)

# ITEA

**Información Técnica Económica Agraria**  
**Revista de la Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario**

**SECRETARIA DE LAS JORNADAS:**

BEGOÑA PANEA DOBLADO

**COORDINADORES DE SECCION:**

Genética: JORGE HUGO CALVODO

Patología Animal: RAÚL CARLOS MAINAR JAIME

Nutrición-Alimentación Animal: MARGALIDA JOY TORRENS

Sistemas Ganaderos-Economía y gestión: ISABEL CASASÚS PUEYO

Calidad de los Productos: M<sup>a</sup> ANGELES LATORRE GÓRRIZ

Reproducción: ALBINA SANZ PASCUA

**Secretaría:** Mercedes Ferruz Andrés

Mayo 2007 Volumen Extra Número 28 tomo II	<b>DIRECCION Y REDACCION</b> Montañana, 930 - Apartado 727 50080 ZARAGOZA (ESPAÑA)	Depósito legal: Z-577-82 ISSN: 1130-6009 INO Reproducciones, S.A. 50016 Zaragoza
---	--	---

**Prohibida toda reproducción total o parcial sin autorización expresa de la  
Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario**

**ITEA no se solidariza necesariamente con las opiniones en los artículos firmados  
que publica, cuya responsabilidad corresponde a los autores**

## **ÍNDICE**

### **TOMO II**

#### **GENÉTICA**

##### **Genética:** Trazabilidad y genética de poblaciones

- Identificación y trazabilidad en la cadena productiva ovina, mediante el uso combinado de la identificación electrónica (e-id) y los marcadores moleculares (ADN).- Caja, G., Ghirardi, J.J., Hernández-Jover, M., Sánchez, A. . . . . 369
- Trazabilidad de bovinos y su carne mediante un sistema basado en el uso de la identificación electrónica (e-ID) y de marcadores moleculares (ADN).- Ghirardi, J.J., Caja, G., Hernández-Jover, M., Sánchez, A. . . . . 372
- Cálculo del tamaño efectivo a partir de varianzas familiares: ejemplos en la oveja Xalda y pony asturcón.- Gutiérrez, J.P., Fernández, I., Álvarez, I., Royo, L.J., Pérez-Pardal, L., Goyache, F. . . . . 375
- Caracterización preliminar de las líneas paternas de la raza ovina Xalda de Asturias mediante polimorfismos en el cromosoma Y.- Pérez-Pardal, L., Royo, L.J., Álvarez, I., Fernández, I., Gutiérrez, J.P., Goyache, F. . . . . 378
- Análisis de estimadores de parentesco basados en información molecular en una población comercial de rodaballo (*S. maximus*).- Rodríguez-Ramilo, S. T., Toro, M. A., Martínez, P., Castro, J., Bouza, C., Fernández, J. . . . . 381
- Caracterización genética de la raza caprina Retinta extremeña mediante el estudio de microsatélites.- Parejo, J. C., Padilla, J. A., Sansinforiano, M.E., Rabasco, A., Martínez-Trancón, M., Portilla, J., Mateos, S., Salazar, J. . . . . 384

##### **Genética:** Selección

- Selección genómica para la introducción de alelos foráneos. Un estudio de simulación.- Varona, L. . . . . 387
- Selección por tasa de ovulación en conejo. Estimación de la respuesta en tasa de ovulación y tamaño de camada.- Mocé, M.L., Santacreu, M.A., Laborda, P., Climent, A., Blasco, A. . . . . 390
- Efecto de la selección por velocidad de crecimiento sobre el crecimiento relativo en conejo.- Pascual, M., Plá, M., Blasco, A. . . . . 393
- Selección en vacuno lechero: estudio preliminar de los costes por tratamiento de las mamitis y las cojeras.- Yaici, S., Pérez-Cabal, M.A. . . . . 396

##### **Genética:** Análisis de supervivencia

- Estimación de parámetros genéticos de la mortalidad individual del lechón al parto.- Ibáñez- Escriche, N., Varona, L., Quintanilla, R., Casellas, J., Noguera, J.L. . . . . 399
- Análisis genético conjunto de la longevidad funcional en tiempos discretos y la producción lechera. Desarrollo metodológico.- González-Recio, O., Alenda, R. . . . . 402
- Modelos recursivos para el análisis simultáneo de caracteres productivos y de supervivencia.- Martínez, J.C., García, L.A. . . . . 405

##### **Genética:** Pósters I. Porcino, aves, equinos.

- Evaluación del Gen FABP2 como gen candidato para la composición de ácidos grasos en porcino.- Estellé, J., Mercadé, A., Pérez-Enciso, M., Pena, R.N., Silió, L., Sánchez, A., Folch, J.M. . . . . 408

- Estudio del gen del receptor de partículas LDL porcino y su asociación con niveles de lipoproteínas plasmáticas.- Pena, R.N., Canovas, A., Noguera, J.L., Díaz, I., Varona, L., Quintanilla, R. . . . . 411
- Identificación de genotipos de los loci H-FABP, MC4R y LEPR en ganado porcino mediante primer extensión.- Padilla, J. A., Portilla, J., Parejo, J. C., Corral, J.M., Mateos, S., Salazar, J., Izquierdo, M., Rabasco, A., Martínez-Trancón, M., Sansinforiano, M.E. . . . . 414
- QTL para duración de la gestación en cerdas F2 Ibérico Meishan.- Casellas, J., Varona, L., Muñoz, G., Ramírez, O., Barragán, C., Tomás, A., Martínez, M., Ovilo, C., Sánchez, A., Noguera, J.L., Rodríguez, M.C. . . . . 417
- Resultados preliminares sobre la variabilidad de las reservas corporales en cerdas reproductoras chino-europeas.- Alfonso, L., Arzoz, A., Viguera, J., Flamarique, F. . . . . 420
- Metodología para el estudio *in vitro* de factores que afectan a la expresión de genes marcadores de la adipogénesis: muestras individuales vs. mezcla de individuos.- Arana, A., Soret, B., Martínez, P., Egozcue, J., Alfonso, L. . . . . 423
- Estudio del determinismo genético de la eficiencia alimentaria individual en una población Duroc.- Ibáñez-Escriche, N., Soler, J., Varona, L., Reixach, J., Tibau, J., Quintanilla, R. . . . . 426
- Evaluación de la hibridación y características genéticas en perdices de la comunidad autónoma de Aragón.- García, C.B., Monteagudo, L.V., Tejedor, M.T., Angulo, B., Grúas, C., Gómez, M.J., Marín, F., Arruga, M.V. . . . . 429
- Caracterización genética de una población autóctona: la gallina de Chulilla.- Grimal, A., Viudes de Castro, M.P., Vicente, J.S., Gómez, E.A. . . . . 432
- Análisis estadístico de la asimetría fluctuante. Un ejemplo en aves de puesta.- Prieto, M.T., Campo, J.L., Dávila, S.G., Gil, M.G. . . . . 435
- Modelos para la valoración genética de la disciplina de concurso completo de equitación a partir del control de rendimientos en las pruebas de selección de caballos jóvenes.- González, M. A., Cervantes, I., Gómez, M. D., Bartolomé, E., Serradilla, J. M., Valera, M. . . . . 438
- Efecto del coccidiostático decoquinato en la reorganización de cromosomas meióticos de *Eimeria tenella*.- Luis V. Monteagudo, Emilio Del Cacho, Margarita Gallego, Marc Pagès, Caridad Sánchez Acedo . . . . . 441

**Genética:** Genética funcional

- Estudio de expresión génica en el músculo porcino asociado a parámetros de colesterol y engrasamiento.- Cánovas, A., Casellas, J., Varona, L., Díaz, I., Quintanilla, R., Pena, R.N. . . . . 444
- ¿Existe simetría en el nivel de expresión del transcriptoma?- Casellas, J., Varona, L. . . . . 447
- Diferencias en el perfil fisiológico y contenido de grasa intramuscular en un diseño experimental de medios hermanos maternos Duroc y Duroc X Pietrain.- Tor, M., Bosch, L., Reixach, J., Estany, J. . . . . 450
- Estudio de perfiles proteómicos de plasma sanguíneo asociados al contenido de grasa intramuscular en la especie porcina.- Tor, M., Gabarró, M., Bosch, L., Villalba, D., Reixach, J., Estany, J. . . . . 453

**Genética: QTLs y genes candidatos I**

- Asociación entre el gen de la acetil-CoA carboxilasa y el perfil de ácidos grasos en un cruce entre cerdos Ibéricos y Landrace.- Alves, E. , Barragán, C. , Fernández, A.I., Fernández, A. , Estellé, J., Quintanilla R., Rodríguez, C. . . . . 456
- Polimorfismo y análisis de asociación del gen de la Acetil-CoA Carboxilasa  $\alpha$  (*ACACA*) porcina.- Gallardo D., Quintanilla R., Ramírez O., Prat-Cuffi J.M., Amills M. . . . . 459
- Efectos de la sustitución IGF2:g.3072G>A sobre caracteres productivos y de calidad de carne en cerdos pesados.- Fernández, A.I., Ovilo, C., Fernández, A., Rodríguez, C., Silió, L. . . . . 462
- Concordancia posicional de QTL relacionados con el metabolismo del colesterol y triglicéridos en humano y porcino.- Gallardo, D., Pena, R.N., Amills, M., Varona, L., Ramírez, O., Díaz, I., Prat-Cuffi, J.M., Reixach, J., Noguera, J.L., Quintanilla, R. . . . . 465
- Elección y mapeo de genes candidato subyacentes a dos QTL para tamaño de camada detectados en el cromosoma 12 porcino.- Fernández, A., Fernández, A.I., Rodríguez, C., Tomas, A. ,Estellé, J., Noguera, J.L., Ovilo, C. . . . . 468
- Estudios de expresión y de asociación del efecto del gen PTHLH sobre el número de mamas en un cruce F2 entre cerdo *Ibérico* y *Meishan*.- Martínez, M., Noguera, J.L., Tomàs, A., Alves, E., Pena, R.N. . . . . 471

**Genética: QTLs y genes candidatos II**

- Variabilidad nucleotídica y haplotípica del GEN *FABP5* porcino.- Ojeda, A., Estellé, J., Folch, J.M., Pérez-Enciso, M. . . . . 474
- Asociación de los polimorfismos del exón 7 del gen de la b-caseína (*csn2*) con la producción y composición de la leche en ovino merino.- Corral, J.M. , Izquierdo, M., Mateos, S., Parejo, J.C., Salazar, J., Rabasco, A., Martínez-Trancón, M., Sansinforiano, M.E., Hernández, F.I., Portilla, F.J., Padilla, J.A. . . . . 477
- Asociación del polimorfismo del gen de la k-caseína (*CSN3*) con la producción y composición de la leche en ovino merino.- Corral, J.M. , Izquierdo, M., Mateos, S., Parejo, J.C., Salazar, J., Rabasco, A., Martínez-Trancón, M., Sansinforiano, M.E., Hernández, F.I., González-Crespo, J., Jiménez-Hernando, M.A., Portilla, F.J., Padilla, J.A. . . . . 480
- Caracterización estructural de genes del complejo mayor de histocompatibilidad caprino de clase I.- Zidi, A., Sánchez, A., Amills, M. . . . . 483
- Genes candidatos para el desarrollo embrionario en conejos: I. gen del receptor de la progesterona.- Peiró, R., Merchán, M., Santacreu, M.A., Argente, M.J., García, M.L., Agea, I., Muelas, R., Folch, J.M., Blasco, A. . . . . 486

**Genética: Miscelánea**

- Estimación de la heredabilidad de la asimetría fluctuante en aves de puesta. Efectos de la edad y el sexo.- Campo, J.L., Dávila, S.G., Gil, M.G., Muñoz I. . . . . 489
- Agresividad y picaje en aves de puesta de diferentes razas. Relación con la duración de la inmovilidad muscular y el cociente de leucocitos.- Dávila, S.G., Campo, J.L., Gil, M.G. . . . . 492
- Efecto de la consanguinidad sobre la fertilidad y la facilidad de parto en el vacuno de leche. Resultados preliminares.- González-Recio, O., López de Maturana, E., Gutiérrez, J.P. . . . . 495
- Estudio de la primera lactación de ovejas Lacaune y Assaf en sistema de producción intensivo.- Huertas, G.G., Pérez-Cabal, M.A., Hernández, F., Alenda, R. . . . . 498

- Pesos económicos para los caracteres de composición lechera en la raza ovina Manchega.- Ramón, M., Pérez-Guzmán, M.D. . . . . . 501
- ¿Un gen de gran efecto para prolificidad en raza Rasa Aragonesa?- Jurado J.J., Calvo J.H. . . . . . 504
- SIMOGAN y mejora genética.- Altarriba, J., Yagüe, G., Moreno, C., Varona, L. . . . . 507

**Genética:** Pósters II. Rumiantes y conejos

- Efecto del locus *csn3* sobre la composición de la leche de cabra de raza murciano-granadina.- Caravaca, F., Urrutia, B., Carrizosa, J., Angiolillo, A., Jordana, J., Amills, M., Badaoui, B., Serradilla, J.M. . . . . . 510
- Efecto de los fenotipos de  $\alpha s1$ -caseína BB, BC y BD en la composición de leche de oveja de raza Merina.- Caio, S., Izquierdo, M., González, J., Hernández, F.I., Corral, J.M., Rodríguez, J., Roa, I. . . . . . 513
- Estudio de la diversidad y relaciones genéticas entre cinco razas ovinas del Pirineo Oriental.- Ferrando, A., Parés, P.M., Marmi, J., Avellanet, R., Jordana, J. . . . . . 516
- Parámetros genéticos para caracteres de producción de leche en vacas mestizas tropicales.- Chirinos, Z., Márquez, O. . . . . . 519
- Selección del carácter velocidad de ordeño y su inclusión en un índice de sanidad de la ubre en vacuno lechero.- Fernández-Perea, M.T., Carabaño, M.J., Alenda, R., Serrano, M. . . . . . 522
- Estimación de parámetros genéticos para el peso al nacer en becerros criollo limonero de Venezuela.- Contreras, G. E., Chirinos, Z., Rico, M. . . . . . 525
- Utilización de razas ovinas de carne para mejorar la productividad de los rebaños del noreste de Patagonia.- Álvarez, J. M., García, J. C., Giorgetti, H. D., Rodríguez, G. Rodríguez, R. y Baselga, M. . . . . . 528
- Inferencia bayesiana de estructura genética poblacional en la raza bovina Blanca Cacereña.- Padilla, J. A., Calero, R., Sansinforiano, M.E., Parejo, J. C., Martínez-Trancón, M., Bartolomé, P., Rabasco, A. . . . . . 531
- Inferencia de hibridación en la raza bovina Blanca Cacereña.- Padilla, J. A., Sansinforiano, M.E., Parejo, J. C., Rabasco, A., Martínez-Trancón, M. . . . . . 534
- Variabilidad en la región codificante del gen *PRNP* de la raza ovina criolla negra "Chilota".- Álvarez, L., de la Barra, R., Arranz, J.J., San Primitivo, F. . . . . . 537
- Genes candidatos para el desarrollo embrionario en conejo: III. Gen del *timp1*.- Argente, M.J., García, M.L., Agea, I., Muelas, R., Peiró, R., Merchán, M., Folch, J.M., Santacreu, M.A., Blasco, A. . . . . . 540
- Genes candidatos para el desarrollo embrionario en conejos: II. Gen de la oviductina.- García, M.L., Muelas R., Agea, I., Merchán, M., Peiró, R., Blasco, A., Santacreu, M.A., Folch, J.M., Argente, M.J. . . . . . 543
- Estimación de las componentes de varianza para las características seminales en conejo. Análisis preliminares.- Lavara, R., García, M.L., Baselga, M., Vicente, J.S. . . 546

## PATOLOGÍA ANIMAL

### Patología animal: Patología parasitaria

- Prevalencia de infección por nematodos gastrointestinales en vacas rubia gallega explotadas en semiextensivo.- Díaz, P., Pedreira, J., Arias, M., Painceira, A., Lomba, C., Sánchez-Andrade, R., Morrondo, P., Díez-Baños, P. . . . . 549
- Repercusiones económicas de la cisticercosis hepática ovina.- Luzón, M., Rojo-Vázquez, F.A., Peñalver, J., López, J., Meana, A. . . . . 552
- Nuevas aportaciones sobre la parasitofauna del ganado ovino en explotaciones extensivas de secano.- Valcárcel F., Fernández, N., Olmeda, A.S., Meana, A., Rojo-Vázquez, F.A. . . . . 555
- Prevalencia de infección por *Calicophoron daubneyi* en vacas explotadas en Galicia: cronobiología de este trematodo.- Suárez, J. L., Díaz, P., Francisco, I., Pardo, M., Paz, A., Sánchez-Andrade, R., Díez-Baños, P., Morrondo, P. . . . . 558
- Prevalencia de la hipodermosis bovina en Galicia mediante un estudio de matadero. - Vázquez, L., Dacal, V., Panadero, R., López, C., Cienfuegos, S., Morrondo, P., Díez, P. . . 561
- Análisis de la intensidad de parasitación por larvas-1 de *Hypoderma lineatum* en ganado vacuno de Galicia.- Dacal V., Vázquez L., Panadero R., López C., Cienfuegos S., Morrondo P., Díez P. . . . . 564
- Niveles leucocitarios circulantes en ganado vacuno durante la fase esofágica de *Hypoderma lineatum* (Diptera: Oestridae).- Vázquez, L., Panadero, R., Dacal, V., Cienfuegos, S., Fernández, G., Díez, P., Morrondo, M<sup>a</sup> P., López, C. . . . . 567
- Algunos parámetros bioquímicos en ovejas infectadas por *Teladorsagia circumcincta* alimentadas con una dieta hipoproteica.- Martínez-Valladares M., Vara-del Río M.P., Rojo-Vázquez F.A. . . . . 570
- Selección para la resistencia a los antihelmínticos de algunas especies de tricostongílidos ovinos en condiciones experimentales. Implicaciones en el control antiparasitario.- Álvarez-Sánchez, M.A., Pérez-García, J., Cruz-Rojo, M. A. y Rojo-Vázquez, F.A. . . . . 573
- Dinámica de la excreción de huevos de nematodos gastrointestinales y del balance energético en el parto ovino.- Uriarte, J., Calvete, C., Valderrábano, J. . . . . 576
- El APISTÁN® en el control de la varroasis en Portugal.- Afonso, S., Coelho, A., Ferreira, M., Branco, J. . . . . 579
- Lectinas: ¿metabolitos secundarios de las plantas con efecto antihelmíntico en ovinos?- Ríos-de Álvarez, L., Jackson, F., Grant, G., Huntley, J.F. . . . . 582
- Sistemas tradicionales de producción de carne de pollo.- García, N. . . . . 585
- Repetición de abortos asociados a *Neospora caninum*: Estudio en una explotación durante 3 años.- Pabón, M., López-Gatius, F., García-Ispierto, I., Bech-Sàbat, G., Nogareda, C., Almería de la Merced, S. . . . . 588

### Patología animal: Patología infecciosa

- Expansión de la población de culicoides imicola en España y análisis filogenético de la misma, basado en el análisis del gen de la citocromo oxidasa subunidad I (COI).- Calvo J.H., Calvete C., Martínez-Royo A., Estrada R., Miranda M.A., Borrás D., Sarto i Monteys V., Pages N., Delgado J.A., Collantes F., Lucientes J. . . . . 591
- Valoración de la eficacia de diferentes barreras físicas y químicas para reducir la abundancia de potenciales vectores del virus de la lengua azul en el interior de ins-

talaciones ganaderas.- Calvete C., Díaz-Molina M., Díez-De la Varga C., Boluda A., Estrada R., Miranda M.A., Borrás D., Lucientes J. . . . .	594
- Campaña de control del Maedi Visna en Aragón: primeros rebaños calificados.- Pérez, M., Biescas, E., de Andrés, X., Leginagoikoa, I., Salazar, E., Malo, J.M., Pérez, A., Izquierdo, S., Cáncer, J., Berriatúa, E., Reina, R., Bolea, R., de Andrés, D., Gracia, J., Amorena, B., Badiola, J.J., Luján, L. . . . .	597
- Correspondencia entre las características genéticas del virus y la patología ovina encontrada en infecciones por lentivirus de pequeños rumiantes españoles.- Reina, R., Glaría, I., Benavides, J., Biescas, E., Crespo, H., Lucas, N., de Andrés, X., Ramírez, H., Pérez, M.M., Ciriza, J., Contreras, A., Pérez, V., Luján, L., Badiola, J.J., Amorena, B., de Andrés, D. . . . .	600
- Detección de animales afectados de scrapie en focos de erradicación mediante biopsias de tejido linfoide.- Monleón, E., Acín, C., Bolea, R., Monzón, M., Galindo, I., Vargas, M.A., Badiola, J.J. . . . .	603
- Evaluación de dos ELISAS comerciales para la detección de anticuerpos específicos frente a <i>Salmonella</i> spp en cerdos de matadero.- Mainar, R.C., Atashparvar, N. Chirino-Trejo, M. . . . .	606
- El milq® PROGRAM implementado en 165 explotaciones de vacuno lechero en la provincia de Girona (Cataluña) durante los años 2005-2006.- Iglesias, C., Casas M. . . . .	609
- El uso de la haptoglobina como indicador de la salud ganado bovino y ovino de vocación lechera.- Vieira e Brito, A.N., Cerqueira, E., Costa, M. L., Martínez, M.G., Oliveira, J.C. . . . .	612
- Lesiones macroscópicas relacionadas con la acidosis ruminal en toros de lidia.- García, J.J., Alonso, M.E., Bartolomé; D.J., Posado, R., Gaudioso, V. . . . .	615

## **CALIDAD DE LOS PRODUCTOS**

### **Calidad de los productos: Porcino no Ibérico**

- Análisis de la relación entre el espesor de la grasa dorsal y el tamaño de los adipocitos en cerdas reproductoras.- Mendizábal, J.A., Abadía, S., Abaurrea, E., Alfonso, L. . . . .	618
- Efecto de la saturación de la grasa del pienso sobre la composición de ácidos grasos de la grasa dorsal del cerdo.- Cordero, G., Olivares, A., Daza, A., Sanz, E., Gómez-Izquierdo, E., Isabel, B., López-Bote, C. . . . .	621
- Efecto de la genética y grasa del alimento sobre las características de la canal y de la carne en el cerdo.- Olivares, A., Cordero, G., Rodríguez, A., Rey, A., Mercado, E., López-Bote, C., Daza, A. . . . .	624
- Efecto de la genética china y del sexo sobre la productividad y calidad de la canal del cerdo blanco.- Viguera, J., Flamarique, F., Ezpeleta, J.C., Alfonso, L., de Mercado, E., Sanz, E., Peinado, J. . . . .	627

### **Calidad de los productos: Porcino Ibérico**

- Control individualizado de cerdos ibéricos "in vivo" en campo y sobre la canal en matadero mediante tecnología NIRS.- De Pedro, E., Garrido, A., Pérez-Marín, D., Guerrero, J.E., López, A. . . . .	630
- Validez de la analítica de ácidos grasos en cerdo ibérico.- Porras, C.J., Pérez, J.L., Brun, P., Casas, C. . . . .	633



- Valoración sensorial por los consumidores de paletas procedentes de cerdos ibéricos con distintos manejos.- Pérez-Almero, J.L., Porras, C.J., Brun, P., Casas, C. . . . . 636
- Efecto del sistema de alimentación sobre el perfil de ácidos grasos de la grasa subcutánea de cerdos ibéricos de pienso.- Daza A., Álvarez D., Rey A.I., Olivares, A., Cordero G., López-Bote C.J. . . . . 639
- Predicción de la proporción de ácidos grasos principales en la capa externa dorsal subcutánea de cerdos ibéricos al final de la montanera.- Daza A., Olivares A., Cordero G., López-Bote C.J. . . . . 642

**Calidad de los productos:** Bovino: efecto de factores no alimentarios.

- Estudio de las propiedades contráctiles del músculo *Triceps braquial* de toros de lidia de diferentes encastes.- Bartolomé, D.J., Alonso, M.E., García, J.J., Posado, R., Picard, B., Gaudioso, V. . . . . 645
- Asociación entre factores pre-sacrificio y la frecuencia de expurgos en la canal de terneros de cebo.- Mach, N., Bach, A., Velarde, A., Devant, M. . . . . 648
- Análisis sensorial de tres tipos de carne de vacuno por un panel de consumidores.- Indurain, G., Beriain, M. J., Insausti, K., Sarriés, V. . . . . 651
- Aplicación de la tecnología NIRS para estimar parámetros físicos indicativos de la calidad de la carne de vacuno.- Prieto, N., Andrés, S., Giráldez, F.J., Mantecón, A.R., Lavín, P. . . . . 654
- Primeros resultados sobre la caracterización de la grasa de la raza bovina Pajuna.- Horcada A., Polvillo O., Juárez M., Alcalde M.J., Valera M., Luque A. . . . . 657

**Calidad de los productos:** Pósters

- Estudio comparativo del perfil de ácidos grasos de la carne de ternera y añejo de la raza tudanca acogible a la IGP Carne de Cantabria".- Martínez, A., Sánchez, L., Moreno, T., Calderón, L., Cimadevilla, C., Humada M.J., San Miguel, B., Fernández, E. . . . . 660
- Efecto del cruce de hembras de raza morucha con machos Charolés y Limusín sobre la calidad de la carne y su composición en ácidos grasos.- Vieira, C., Martínez, B., González-Fernández, C., García-Cachán, M.D. . . . . 663
- Efecto de la castración y del acabado sobre la calidad sensorial de la carne de terneros de raza Parda de Montaña.- Panea, B., Joy, M., Abidi W., Carrasco S., Albertí, P., Ripoll, G., Blanco, M., Casasús, I. . . . . 666
- Producción de cebones de raza Parda de Montaña: efecto de distintas alternativas de manejo sobre la calidad de la canal y de la carne.- Abidi, W., Joy, M., Ripoll, G., Albertí, P., Blanco, M., Casasús, I. . . . . 669
- Efecto del tiempo y la forma de maduración en la calidad de la carne de ternera en tres piezas comerciales.- García-Torres, S., López-Parra, M.M., Blanco, M.T., osorio, C., Tejerina, D. . . . . 672
- Predicción de la cantidad de grasa intramuscular de la carne de cebones mediante ecografía y análisis de imagen.- Delfa, R., Mendizábal, J.A., Fernández, A., Ripoll, G., Blanco, M., Casasús, I., Joy, M., Purroy, A. . . . . 675
- Influencia de la duración del ayuno y de la espera antes del sacrificio sobre los rendimientos productivos y características de la canal de cerdos cebo.- Rodríguez, A., Sanz, E., de Mercado, E., Gómez, E., Alevia, A., Chico, M., Flores, L. . . . . 678
- Influencia de la fuente de grasa y del uso de emulsionantes en los índices productivos de lechones destetados precozmente.- Sanz, E., de Mercado, E., Gómez, E. García, A., Casado, E., Rodríguez, A. . . . . 681

- Relación entre componentes del “quinto cuarto” y rendimientos a la canal de cerdos de la raza porcina Celta.- Carril, J.A., Vázquez, M.A., Sánchez, L., Iglesias, A. . . . . 684
- Influencia del cruzamiento sobre la calidad de la canal y de la carne de cerdo blanco cebado en extensivo.- Latorre, M.A., Iguacel, F., Sanjoaquín, L., García-Chapullé, J.L., Ripoll, G., Revilla, R. . . . . 687
- Características sensoriales de la canal y la carne de lechones adscritos a la M.G. “Cochinillo de Segovia”: efecto de la edad de sacrificio y de la formulación de hierro administrada.- Sánchez, M.J., Martínez, B., Vieira, C., Rubio, B., Sánchez, M., Díaz, M.T., García, M.D. . . . . 690
- Características de la canal y la composición corporal de lechones amparados por la marca de garantía “Cochinillo de Segovia”: efecto de la edad de sacrificio y de la formulación de hierro administrado.- Vaquero, M., Vieira, C, Martínez, B., Sánchez, M.J., Bermejo, C., Molinero, C., Díaz, M.T. . . . . 693
- Efecto del sistema de alimentación sobre los resultados productivos y las características de la canal de cerdos ibéricos acabados con pienso en estabulación. Daza, A., Álvarez, D., Olivares, A., Cordero G.,López-Bote C.J. . . . . 696
- Composición en ácidos grasos principales de los lípidos neutros y polares del lomo (*longissimus dorsi*) y del hígado de cerdos ibéricos acabados con pienso en estabulación.- Daza A.,, Álvarez D., Isabel B., Olivares A., Cordero G., López-Bote C.J. . . . 699
- Espectroscopía del infrarrojo cercano para la cuantificación de grasa de origen animal presente en mezclas lipídicas.- Bautista, J. Garrido, A., Guerrero, J.E., Pérez, D. . . . . 702

**Calidad de los productos:** Ovino: efecto de factores no alimentarios.

- Efecto del sistema de manejo sobre la textura y el análisis sensorial de la carne de corderos de raza Churra Tensina.- Carrasco, S., Panea, B., Ripoll, G., Álvarez-Rodríguez, J., Sanz, A., Joy, M. . . . . 705
- Análisis sensorial de tres tipos de carne de ovino por un panel de consumidores.- Indurain, G., Insausti, K., Beriain, M. J., Sarriés, V. . . . . 708
- Composición en ácidos grasos del cordero lechal en función de la raza.- Revilla, I., Vivar-Quintana, A.M., Lurueña-Martínez, M.A., Palacios, C. . . . . 711
- Uso de técnicas multivariantes para la clasificación de lechazos en función de la raza y peso.- Revilla, I., Vivar-Quintana, A.M. . . . . 714
- Efecto de los dobles transportes sobre la calidad instrumental de la carne de corderos en época cálida.- Rivero L., María G.A., Miranda-de la Lama G., Sañudo C., Olleta J.L., Campo M. M., Muela E, Lara, P. . . . . 717
- Efecto de los dobles transportes sobre la calidad sensorial de la carne de corderos en época cálida.- Rivero L., María G.A., Miranda de la Lama G., Sañudo C., Olleta J.L., Campo M. M., Muela, E. . . . . 720
- Influencia de la raza sobre la aceptabilidad en el hogar de la carne de cabrito y comparación con la especie ovina.- Sañudo, C., Campo, M.M., Cilla, I., Muela, E., Olleta, J.L., Lara, P., Beltrán, J.A., Sierra, I., Cepero, R., Delfa, R., Horcada, A., Alcalde, M.J. . . . . 723

**Calidad de los productos:** Ovino: efecto de la alimentación.

- Efecto de la inclusión de pulpa de remolacha (sin o con vinaza) en el pienso de corderos en la fase de cebo sobre las características de la canal y de la carne.- Fernández, B., López-Campos, O., Bodas, R., Prieto, N., Mantecón, A.R., Giráldez, F.J. . . . 726

- Utilización de aceite o semillas de girasol en la ración de corderos en crecimiento. Efecto sobre la composición de la grasa.- Manso, T., Castro, T., Jimeno, V., del Álamo, M., Mantecón, A.R. . . . . . 729
- Utilización de grasas de origen vegetal en raciones de ovejas Lacaune: composición de la grasa.- Castro, T., Manso, T., Jimeno, V., del Álamo, M., Mantecón, A.R. . . . . . 732
- Composición en ácidos grasos de las fracciones lipídicas de la carne de ovino según el sistema de producción basado en pienso concentrado o pasto.- Álvarez-Acero, I., Díaz, M.T., De La Fuente, J., Álvarez, S., Pérez, C., Lauzurica, S., Oliver, M.A., Sañudo, C., Cañeque, V. . . . . . 735

**Calidad de los productos: Otras especies**

- Características físicas de la carne de pollos de raza castellana negra y de una  $F_1$  resultante del cruce de gallos mejorados de raza Penedesenca Negra y de gallinas de raza Castellana Negra (CASPEN).- Asenjo, B., Miguel, J.A., Ciria, J., Francesch, A., Calvo, J.L. . . . . . 738
- Características sensoriales de la carne de pollos de raza castellana negra y de una  $F_1$  resultante del cruce de gallos mejorados de raza Penedesenca Negra y de gallinas de raza Castellana Negra (CASPEN).- Miguel, J.A., Asenjo, B., Ciria, J., Francesch, A., Calvo, J.L. . . . . . 741
- Análisis diferencial entre el huevo de *Coturnix c. Coturnix* y sus híbridos con *Coturnix japonica*.- Caballero de la Calle, J.R., Peña, J. C., Calle, M.I., Caballero, J.V. . . . . . 744
- Análisis de la morfología del pollito de codorniz europea y sus híbridos de codorniz japonesa.- Caballero de la Calle, J.R., Peña, J. C., Calle, M.I., Caballero, J.V. . . . . . 747
- Efecto de la conservación sobre la calidad de carne de pintadas.- López-Parra, M.M., García-Torres, S., Blanco, M.T., Osorio, C. Sanabria, C. . . . . . 750
- Efecto del peso y del sexo sobre el perfil de ácidos grasos de la carne de conejo.- Carrilho, M.C., Campo, M.M., López, M. . . . . . 753
- Comparación entre líneas y efecto del almacenamiento en refrigeración en los lípidos de la carne de conejo.- Hernández, P., Cesari, V., Blasco, A. . . . . . 756
- Color de la carne y de la grasa de potros de raza Burguete y cruzados de Hispano-Bretón.- Alcalde, M.J., Gómez, M.D., Romero, F., Juárez, M., Horcada, A., Valera, M. . . . . . 759

**Calidad de los productos: Bovino: efecto de la alimentación I.**

- Utilización de semilla de lino en pienso de terneros: efecto en los parámetros productivos.- Albertí, P., Ripoll, G., Lahoz, F., Panea, B., Joy, M. . . . . . 762
- Efecto la inclusión de lino y vitamina e en la dieta sobre la evolución del color de la carne de terneros de raza Pirenaica.- Ripoll, G., Albertí, P., Panea, B., Joy, M. . . . . . 765
- Efecto de la alimentación con dietas ricas en ácidos grasos poliinsaturados sobre el desarrollo del tejido graso de terneros.- Sayed, S., Abadía, S., Mendizábal, J.A., Arana, A., Soret, B., Albertí, P. . . . . . 768
- Acabado de vacas de desecho Holstein Frisian: efecto duración del acabado y tiempo de maduración sobre la textura de la carne.- González, L., Bispo, E., Moreno, T., Pérez, N., Monserrat, L., Franco, D. . . . . . 771

**Calidad de los productos: Bovino: efecto de la alimentación II.**

- Acabado de vacas de desecho Holstein Frisian: efecto duración del acabado sobre la ganancia de peso y las características de la canal y de la carne.- Bispo, E., Franco, D., González, L., Monserrat, L., Pérez, N., Moreno, T. . . . . . 774

- Efecto de la estrategia de alimentación invernal sobre los rendimientos y la calidad de la canal en cebones de raza Parda de Montaña.- Carrasco, S., Joy, M., Blanco, M., Albertí, P., Ripoll, G., Casasús I. . . . . 777
- Efecto de la estrategia de alimentación invernal sobre la calidad de la carne en cebones de raza Parda de Montaña.- Carrasco, S., Joy, M., Albertí, P., Ripoll, G., Blanco, M., Panea, B., Casasús. I. . . . . 780
- Calidad sensorial e instrumental de la carne de terneros cebados con diferentes sistemas de alimentación ecológica.- Velasco S., Silva M.T., Jiménez M., Tejerina J.I., Cuevas F.J., Dochao J., Urquía J.J. . . . . 783
- Influencia de la adición en la dieta de vitamina E y flavonoides en la composición de la grasa intramuscular de la carne de vacuno.- Cilla, I., Sañudo, C., Campo, M.M., Acero, I., Cañeque, V., Olleta, J.L., Lara, P., Albertí, P., Granizo, J., Catalán, O. . . . . 786
- Relación entre el contenido en vitamina E y la oxidación lipídica en carne de vacuno de diferentes sistemas de producción.- Resconi, V. C., Campo, M. M., Richardson R. I. . . . . 789

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>	<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Abad, M.....	27	Andrés, S. ....	654
Abadía, S. ....	618, 768	Angiolillo, A. ....	510
Abaurrea, E. ....	618	Anguita, B.....	33, 45
Abecia, J. A. ....	6, 9, 36	Anguita, M.....	189
Abecia, L. ....	225	Angulo, B.,.....	429
Abidi, W. ....	330, 666, 669	Antunes, V. ....	87, 90
Acero, I. ....	786	Añez, J. ....	270, 297
Acín, C. ....	603	Arana, A. ....	423, 768
Afonso, S. ....	579	Arbe, X. ....	222
Agea, I. ....	72, 486, 540, 543	Argamentoría, A. ....	153
Aguilar, M. ....	351, 354	Argente, M.J. ....	72, 486, 540, 543
Aguilera, J.F.....	192	Arias, M. ....	549
Aguinaga, M. A. ....	192	Arias-Álvarez, M. ....	42
Alabart, J.L.....	60	Arranz, J.J. ....	537
Albanell, E. ....	246	Arrebola, F. A.....	96
Albertí, P.....	666, 669, 762, 765, 768, 777, 780, 786	Arriaga, H.....	11
Alcalde, M. J. ....	657, 723, 759	Arroyo, J. M <sup>a</sup> . ....	99, 105
Alenda, R. ....	402, 498, 522	Arruga, M. V.....	429
Alevia, A. ....	678	Arzoz, A.....	420
Alfonso, J.....	48	Asenjo, B. ....	738, 741
Alfonso, L. ....	420, 423, 618, 627	Atashparvar, N. ....	606
Alierta, S. ....	357	Auclair, E. ....	219
Almería de la Merced, S.	588	Avellanet, R. ....	516
Alonso, M.E.....	252, 255, 273, 615, 645	Ayadi, M. ....	285
Altarriba, J. ....	507	Bach, A. ....	162, 168, 648
Álvarez D. ....	639, 696, 699	Badaoui, B. ....	510
Álvarez, I. ....	375, 378	Badia, R. ....	219
Álvarez-Acero, I.....	735	Badiola, J.J.....	597, 600, 603
Álvarez, J. M.....	528	Balcells, J. ....	225, 249, 276
Álvarez, L. ....	537	Barragán, C.,.....	417, 456
Álvarez, S.....	735	Barroeta, A. C.....	210
Álvarez-Rodríguez, J....	309, 312, 705	Barrufet, M. ....	189
Álvarez-Sánchez, M. A. .	573	Bartolomé, D. J.....	252, 255, 273, 615, 645
Alves, E. ....	456, 471	Bartolomé, E. ....	438
Alvir, M. R.....	99, 102, 105	Bartolomé, P.....	531
Amills, M.....	459, 465, 483, 510	Baselga, M. ....	18, 528, 546
Amorena, B. ....	597, 600	Baucells, M. D. ....	210
		Bautista, J. ....	702
		Bech-Sabat, G. ....	78, 588
		Belanche, A.....	114, 276, 279
		Belenguer, A. ....	225

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Beltrán, J.A.....	723
Benavides, J.....	600
Beriain, M. J. ....	651, 708
Bermejo, C. ....	693
Bernués, A. ....	315, 318, 324, 327
Berriatúa, E. ....	597
Bertin, G.....	267
Biescas, E. ....	597, 600
Bispo, E.....	771, 774
Blanch, E.....	21
Blanch, M. ....	117, 231
Blanco, M. ....	315, 318, 330, 666, 669, 675, 777, 780
Blanco, M. T.....	672, 750
Blandon, J.C.....	156, 267
Blasco, A. ....	390, 393, 486, 540, 543, 756
Bodas, R. ....	183, 240, 726
Bolea, R. ....	597, 603
Boluda, A. ....	594
Borrás, D. ....	59, 591
Bosch, L. ....	450, 453
Bouza, C. ....	381
Branco, J. ....	579
Brufau, J.....	195, 219
Brun, P.....	633, 636
Caballero de la Calle, J. R. ....	300, 744, 747
Caballero, J. V.....	744, 747
Caio, S.....	513
Caja, G.,.....	138, 177, 180, 246, 267, 285, 306, 369, 372
Calderón, L. ....	660
Calero, R. ....	531
Calle, M. I. ....	300, 744, 747
Calleja, L. ....	276
Calsamiglia, S.....	81, 108, 111, 117, 129, 132, 156, 159, 165, 168, 228, 231

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Calvete, C.....	576, 591, 594
Calvo, J. H. ....	60, 504, 591
Calvo, J.L. ....	738, 741
Campo, J.L. ....	435, 489, 492
Campo, M.M.....	717, 720, 723, 753, 786, 789
Cáncer, J. ....	597
Cánovas, A.....	441
Cantalapiedra, G. ....	120
Cañeque, V.....	735, 786
Carabaño, M. J. ....	522
Caravaca, F. ....	510
Carné, S.....	246, 306
Carrasco, S. ....	666, 705, 777, 780
Carril, J. A.....	684
Carrilho, M. C. ....	753
Carrizosa, J. ....	510
Carro, M. D. ....	126, 243
Casado, E. ....	681
Casals, R.....	138, 177, 180, 246
Casanovas, A. ....	33
Casao, A. ....	6, 9, 36
Casas, C. ....	633, 636
Casas, M. ....	609
Casasús, I. ....	309, 312, 315, 318, 330, 666, 669, 675, 777, 780
Casellas, J.....	321, 399, 417, 441, 447
Castañares, N. ....	186
Castelló, A. ....	231
Castillejos, L. ....	108
Castillo, V. ....	285
Castro, J. ....	381
Castro, T. ....	729, 732
Catalá, M.....	33, 786
Catalán, O. ....	786
Cebrián-Pérez, J. A. ....	6, 9, 12, 15
Cepero, R.....	723

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>	<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Cerisuelo, A.....	189	de Andrés, D. ....	600
Cerqueira, E. ....	87, 90, 612	de Andrés, X. ....	597
Cervantes, I.....	438	de Coca-Sinova, A. ....	216, 264
Cesari, V.....	756	de la Barra, R. ....	537
Chacaltana, A. ....	33	de la Fuente, G. ....	114, 276
Chacón, G. ....	357	de la Fuente, J. ....	735
Chapullé, J. L. G.....	687	de la Fuente, L. F.....	303
Chávez, L. R.....	261	de la Fuente, M. A. ....	171
Chico, M. ....	678	de la Roza-Delgado, B. ....	147, 153
Chirinos, Z.....	360, 519, 525	de Mercado, E.....	627, 678, 681
Chirino-Trejo, M.....	606	de Pedro, E. ....	630
Choque-López, J. A.....	210	del Álamo, M. ....	729, 732
Cienfuegos, S.....	561, 564, 567	Delfa, R. ....	675, 723
Cilla, I. ....	723, 786	Delgado, J. A. ....	591
Cimadevilla, C. ....	660	Denli, M. ....	156
Ciria, J. ....	270, 297, 738, 741	Dervishi, E.....	60
Ciriza, J. ....	600	Devant, M.....	168, 648
Climent, A. ....	390	Díaz, D. ....	213
Cocero, M.J. ....	60	Díaz, I.....	411, 441, 465
Coelho, A. ....	579	Díaz, M. T. ....	690, 693, 735
Colás, C. ....	9, 12, 15	Díaz, P. ....	549, 558
Collantes, F. ....	591	Díaz-Molina, M.....	594
Contreras, A. ....	600	DiCostanzo, A. ....	117
Contreras, G. E. ....	525	Díez, P. ....	561, 564, 567
Cordero, G. ....	621, 624, 639, 642, 696, 699	Díez-Baños, P.....	549, 558
Corral, J.M.....	414, 477, 480, 513	Díez-de la Varga, C. ....	594
Cortell, C. ....	39	DiLorenzo, N. ....	117
Costa, M. C. ....	87, 90	Doce, R. R.....	282
Costa, M. L. ....	612	Dochao, J. ....	333, 783
Coy, P. ....	30	Domínguez, J.C.....	27
Crespo, H. ....	600	dos Santos, J. ....	204
Creus, E. ....	204, 258	Duch, X. ....	246
Cruz-Rojo, M. A.....	573	Duran-Montg�e, P. ....	207
Cuevas, F. J. ....	333, 783	Egozcue, J. ....	423
Dacal, V. ....	561, 564, 567	Eguinoa, P. ....	351, 354
Dvila, S. G. ....	435, 489, 492	Estany, J.....	450, 453
Daza, A. ....	294, 336, 621, 624, 639, 642, 696, 699	Estell�e, J.....	408, 456, 468, 474
		Estell�s, F.....	345
		Esteve, E. ....	195
		Esteve-García, E. ....	207
		Estrada, R. ....	591, 594

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Ezpeleta, J.C. ....	627
Faleiro, A. G. ....	165
Fandiño, I. ....	267
Fandiño, J. I. ....	228
Fantova, E. ....	291
Faría, J. ....	360, 363
Fernández de Ahumada, E. ....	144
Fernández, A. ....	456, 462, 468, 675
Fernández, A. I. ....	456, 462, 468
Fernández, B. ....	75, 726
Fernández-Díez. ....	726
Fernández, E. ....	570
Fernández, G. ....	567
Fernández, I. ....	375, 378
Fernández, J. ....	381
Fernández, M. ....	123, 240
Fernández, N. ....	555
Fernández, R. ....	249
Fernández-Perea, M. T. ....	522
Ferrando, A. ....	516
Ferreira, M. ....	579
Ferret, A. ....	132, 165, 168, 228
Fina, M. ....	321
Flamarique, F. ....	420, 627
Flores, C. ....	138, 177, 180, 267, 285
Flores, E. ....	24
Flores, L. ....	678
Folch, J. ....	60
Folch, J.M. ....	408, 474, 486, 540, 543
Fondevila, M. ....	114, 135, 225
Fonseca, C. ....	33
Fontecha, J. ....	81, 159
Forcada, F. ....	6, 9, 36
Francesch, A. ....	738, 741
Francisco, I. ....	558
Franco, D. ....	771, 774
Frutos, P. ....	171, 282

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Fuentes, M. C. ....	81, 129, 132, 159
Fuentetaja, A. ....	348
Gabarró, M. ....	453
Gadea J. ....	30, 51, 54
Galindo, I. ....	603
Gallardo, D. ....	459, 465
Garbayo, J.M. ....	57
García, A. ....	96, 681
García, C. B. ....	429
García, F. ....	219
García, J. C. ....	528
García, J.J. ....	252, 255, 273, 615, 645
García, L.A. ....	405
García, M. D. ....	690
García, M. L. ....	72, 543, 546
García, N. ....	856
García-Belenguer, S. ....	357
García-Cachán, M. D. ....	663
García-García, R.M. ....	42
García-González, R. ....	240
García-Ispierto, I. ....	78
García-Martínez, A. ....	324, 327
García-Mengual, E. ....	48
García-Paloma, J. A. ....	84
García-Rodríguez, A. ....	429
García-Roselló, E. ....	48
García-Torres, S. ....	672, 750
García-Vázquez, F. ....	30, 51, 54
Garrido, A. ....	144, 630, 702
Gasa, J. ....	189, 201
Gatica, M. C. ....	3
Gaudioso, V. ....	252, 255, 273, 615, 645
Ghirardi, J. J. ....	306, 369, 372
Gil, M. G. ....	435, 489, 492
Giorgetti, H. D. ....	528
Giráldez, F. J. ....	174, 183, 237, 282, 654, 726
Giraldo, L. A. ....	126, 243, 366
Glaría, I. ....	600
Gómez de Segura, A. ....	201, 210



<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Gómez, E. ....	678, 681
Gómez, E. A. ....	339, 342, 432
Gómez, F. ....	192
Gómez, L. ....	273
Gómez, M. D. ....	438, 759
Gómez, M. J. ....	429
Gómez-Cortés, P. ....	171
Gómez-Izquierdo, E. ....	621
González -Alvarado, J. M. ....	216, 264
González, A. ....	81, 159
González, B. ....	360
González, E. ....	261
González, J. ....	99, 102, 105
González, J. S. ....	237, 240
González, L. ....	771, 774
González, L. A. ....	168
González, M. A. ....	438
González, M. T. ....	147
González-Casquet O. ....	96
González-Crespo, J. ....	480, 513
González-Fernández, B. J. ....	96
González-Fernández, C. ....	663
González-Recio, O. ....	402, 495
González-Sánchez, D. ....	216
Gonzalo-Orden, J.M. ....	186
Gordón, A. ....	93
Goyache, F. ....	375, 378
Gracia, J. ....	597
Gracia, M. I. ....	213
Granizo, J. ....	786
Grant, G. ....	582
Grimal, A. ....	339, 342, 432
Grúas, C. ....	429
Grullón, L. ....	54
Guerrero, J.E. ....	144, 630, 702
Gumbao, D. ....	51
Gutiérrez, A. ....	213
Gutiérrez, J. P. ....	495, 375, 378
Gutiérrez-Adán, A. ....	51, 54

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Guzmán, J.L. ....	3
Hart, K. J. ....	279
Hermes, R. G. ....	201
Hernández, F. ....	498
Hernández, F. I. ....	93, 477, 480, 513
Hernández, P. ....	756
Hernández-Jover, M. ....	369, 372
Hervás, G. ....	171, 174, 186, 282
Horcada, A. ....	657, 723, 759
Huertas, G. G. ....	498
Humada, M. J. ....	660
Hunter, R. H. F. ....	63
Huntley, J.F. ....	582
Ibáñez-Escriche, N. ....	399, 426
Iborra, A. ....	219
Iglesias, A. ....	684
Iglesias, C. ....	609
Iguacel, F. ....	687
Incera, J.M. ....	300
Indurain, G. ....	651, 708
Insausti, K. ....	651, 708
Isabel, B. ....	621, 699
Izquierdo, D. ....	33, 45
Izquierdo, M. ....	414, 477, 480, 513
Izquierdo, S. ....	597
Jackson, F. ....	582
Jiménez, M. ....	333, 783
Jiménez-Hernando, M. A. ....	480
Jiménez-Macedo, A.R. ....	45
Jiménez-Moreno, E. ....	216, 264
Jimeno, V. ....	729, 732
Jordana, J. ....	510, 516
Joy, M. ....	330, 666, 669, 675, 705, 762, 765, 777, 780
Juárez M. ....	657, 759
Juárez-Iglesias, M. ....	171
Jurado, J.J. ....	504
Laborda, P. ....	390

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Lahoz, F.....	762
Láinez, M. ....	345
Lara, P. ....	717, 723, 786
Latorre, M. A.....	687
Lauridsen, C.....	207
Lauzurica, S. ....	735
Lavara, R.....	18, 546
Lavín, P.....	174, 183, 654
Lázaro, R.....	198, 216, 222, 264, 348
Leginagoikoa, I.....	597
Lizardo, R.....	195
Lomba, C.....	549
Lombardía, V. ....	84
López de Maturana, E. ...	495
López, A.....	630
López, C.....	561, 564, 567
López, J.....	186
López-Serrano, J.....	552
López, M. ....	753
López, S. ....	123, 183, 237, 240
López-Béjar, M.....	42
López-Bote, C. J.....	621, 624, 639, 642, 696, 699
López-Campos, O. ....	174, 726
López-Gatius, F. ....	57, 63, 78, 588
López-Parra, M.M. ....	672, 750
Lorenzo, P. L.....	42, 75
Lucas, N., .....	600
Lucientes, J. ....	591, 594
Luján, L. ....	597, 600
Luque, A.....	657
Lurueña-Martínez, M. A.	711
Luzón, M. ....	552
Mach, N.....	648
Maeztu, F. A. ....	351, 354
Mainar, R. C. ....	606
Malo, J.M.....	597
Manrique, E.....	288
Manso, T.....	729, 732
Manteca, X.....	165, 168

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Mantecón, A.R. ....	171, 174, 183, 186, 282, 654, 726, 729, 732
Manzanilla, E. G. ....	189, 201
Marco-Jiménez, F.....	39
María, G. A. ....	357, 717, 720
Marín, C. ....	345
Marín, F. ....	429
Marmi, J. ....	516
Márquez, O. ....	519
Martín, A. I.....	120
Martín, L.....	261
Martín, R. ....	294
Martín, R. A. ....	96
Martínez, A.....	660
Martínez, B.....	663, 690, 693
Martínez, J.C.....	405
Martínez-López, M. A. ..	84, 345
Martínez, M. ....	417
Martínez-Giner, M. ....	471
Martínez, M. E.....	243
Martínez, M. G.....	87, 90, 612
Martínez, P. ....	219
Martínez-Fernández, P. .	423
Martínez-Portela, P.....	381
Martínez-Fernández, A. .	153
Martínez-Royo, A. ....	591
Martínez-Trancón, M. ...	384, 414, 477, 480, 531, 534
Martínez-Valladares, M.	570
Martín-García, A. I.....	279
Martino, A.....	3
Martín-Orúe, S. M. ....	204, 258
Martín-Peláez, S. ....	258
Martín-Tereso, J. ....	108
Matás, C.....	30
Mateos, G. G. ....	198, 216, 222, 264, 348
Mateos, S.....	384, 414, 477, 480
Mateu, E.....	204, 210, 258
Mateus, E. F. ....	210

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Maza, M. T.....	291
Meana, A.....	552, 555
Medrano, A.....	24
Mendizábal, J. A.....	618, 675, 768
Mendoza, N.....	15
Mercadé, A.....	408
Mercado, E.....	624
Merchán, M. ....	486, 540, 543
Merino, P. ....	111
Miguel, J. A.....	738, 741
Millán P.....	75
Miranda, M. A. ....	591, 594
Miranda-de la Lama, G.....	357, 717, 720
Mocé, E. ....	21, 39
Mocé, M. L.....	390
Mogas, T.....	33, 45
Molina, E. ....	120
Molinero, C.....	693
Molist, F. ....	201
Monleón, E. ....	603
Monserrat, L. ....	771, 774
Monteagudo, L. V.....	429
Montoya, E. ....	366
Monzón, M. ....	603
Morales, R. ....	219
Moreno, C.....	507
Moreno, T. ....	660, 771, 774
Morrondo, P. ....	549, 558, 561, 564, 567
Mota, M. ....	225
Moumen, A.....	120
Moya, D. ....	132, 228
Muela, E.....	717, 723
Muelas, R.....	72, 486, 540, 543
Muiño-Blanco, T.....	6, 9, 12, 15, 36
Mungóí, M. ....	138, 177, 180
Muñoz, G. ....	417
Muñoz, I. ....	489
Muriel, A.,.....	66, 69
Newbold, C.,J.....	279
Newbold, J.,R.....	81, 159
Nicodemus, N.....	75

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Nieto, R. ....	192
Nogareda, C.....	588
Noguera, J.L.....	399, 411, 417, 465, 468, 471
Ojeda, A. ....	474
Olaizola, A.M.....	288, 324, 327
Olivares, A.....	621, 624, 639, 642, 696, 699
Oliveira, J.C.....	87, 90, 612
Oliver, M.,A.....	735
Olleta, J.L. ....	717, 720, 723, 786
Olmeda, A.,S.....	555
Oregi, L.,M. ....	249
Osorio, C. ....	672, 750
Ouarti, M. ....	99, 105
Ovilo, C.....	417, 462, 468
Pabón, M.....	588
Padilla, J. A.....	384, 414, 477, 480, 531, 534
Pagès, N. ....	591
Painceira, A.....	549
Palacín, I. ....	6
Palacio, J.....	309, 312
Palacios, C. ....	303, 711
Palacios, M.....	102
Panadero, R. ....	561, 564, 567
Panea, B. ....	666, 705, 762, 765, 780
Paramio, M. T.....	33, 45
Pardo, M.....	558
Pardos, L.....	291
Parejo, J. C. ....	384, 414, 477, 480, 531, 534
Parés, P. M. ....	516
Pascual, M. ....	393
Paz, A.....	558
Pedreira, J. ....	549
Peinado, J.....	627
Peiró, R. ....	486, 540, 543
Peláez, J.....	27
Pena, R. N.....	408, 411, 441, 465, 471

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>	<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Peña, J. C.....	744, 747	Ramírez, O.....	414, 459, 465
Peñalver, J.....	552	Ramón, M. ....	501
Peralta, B.....	258	Ramos, S. ....	243
Pereda, N. ....	75	Ranilla, M. J.....	126, 243
Pérez, A. ....	597	Rebollar, P. G.....	42, 75
Pérez, B. ....	135	Reina, R., .....	597, 600
Pérez, C. ....	735	Reixach, J. ....	426, 450, 453, 465
Pérez, D. ....	144, 630, 702	Resconi, V. C. ....	789
Pérez, J.F. ....	156, 189, 201, 204, 258	Revilla, I. ....	711, 714
Pérez, J.L. ....	330, 636	Revilla, R.....	309, 312, 315, 318, 687
Pérez, M.....	147	Rey, A.....	624
Pérez, M.M.....	597, 600	Rey, A. I. ....	639
Pérez, N. ....	771, 774	Richardson, R. I.....	789
Pérez, V. ....	282	Rico, M. ....	525
Pérez-Cabal, M. A. ....	396, 498	Ríos-de Álvarez, L.....	582
Pérez-Enciso, M. ....	408, 474	Ripoll, G. ....	666, 669, 675, 687, 705, 762, 765, 777, 780
Pérez-García, J. ....	573	Risco, A.....	93
Pérez-Guzmán, M. D....	501	Rivero, L.....	357, 717, 720
Pérez-Pardal, L. ....	375, 378	Roa, I. ....	513
Pérez-Pé, R., .....	6, 9, 15	Rodríguez, A. ....	624, 678, 681
Picard, B.....	255, 645	Rodríguez, A. B. ....	174, 183
Piedrafita, J. ....	321	Rodríguez, C. ....	456, 462, 468
Pla, M. ....	393	Rodríguez, C. A.....	99, 102
Polvillo, O. ....	657	Rodríguez, C. M. ....	105
Porrás, C. J.....	633, 636	Rodríguez, G.....	528
Portilla, F. J. ....	384, 414, 477, 500	Rodríguez, J.....	513
Posado, R.,.....	252, 255, 273, 615, 645	Rodríguez, M. C. ....	417
Prat-Cuffi, J.M., .....	459, 465	Rodríguez, R. ....	528
Presa, P. ....	147	Rodríguez-Alcalá, L. M. .81, 159	
Prieto, M. T. ....	435	Rodríguez-Gil, J.E. ....	24
Prieto, N. ....	654, 726	Rodríguez-Ramilo, S. T. .381	
Purroy, A.....	675, 768	Rojo-Vázquez, F. A.....	552, 555, 570, 573
Quintanilla, R. ....	399, 411, 426, 441, 456, 459, 465	Romaguera, R.....	33, 45
Rabasco, A.,.....	384, 414, 477, 480, 531, 534	Román, M. T. ....	27
Ramió-Lluch, L. ....	24	Romero, F.....	759
Ramírez, H. ....	59	Royo, L.J. ....	375, 378
		Rubio, B.....	690

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>	<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Ruiz de la Torre, J.L. ....	165, 168	Serrano, A. ....	66, 69, 93
Ruiz, S. ....	30, 54	Serrano, B. ....	57
Safaa, H. M. ....	222	Serrano, M. ....	522
Salado, S. ....	156	Serrano, M.P. ....	198, 222, 348
Salama, A. A. K. ....	246, 267, 306	Sierra, I. ....	723
Salazar, E. ....	597	Silió, L. ....	408, 462
Salazar, J. ....	384, 414, 477, 480	Silva, M. T. ....	333, 783
Salcedo, G. ....	141, 150, 234	Silvestre, M. A. ....	48
Saldo, J. ....	267	Soler, J. ....	426
Salomó, J. ....	195	Soret, B. ....	423, 768
Salvador, I. ....	48	Spanghero, M. ....	111
San Miguel, B. ....	660	Suárez, F. ....	84
San Primitivo, F. ....	537	Suárez, J. L. ....	558
Sanabria, C. ....	750	Such, X. ....	285
Sánchez J., ....	213	Tejedor, M. T. ....	429
Sánchez, A. ....	363, 369, 372, 408, 417	Tejerina J. I. ....	333, 783
Sánchez, C. ....	81, 159	Tejerina, D. ....	672
Sánchez, L. ....	660, 684	Tejero, C. ....	162
Sánchez, M, ....	690	Tejido, M. L. ....	126, 243
Sánchez, M. J. ....	690, 693	ter Wijlen, H. ....	108
Sánchez, P. ....	60	Terré, M. ....	162
Sánchez-Andrade, R. ....	549, 558	Theil P. K. ....	207
Sanjoaquín, L. ....	687	Tibau, J. ....	426
Sansegundo, M. ....	30	Tomàs, A. ....	417, 468, 471
Sansinforiano, M. E. ....	384, 414, 477, 480, 531, 534	Tor, T. ....	450, 453
Santacreu, M. A. ....	390, 486, 540, 543	Toral, P. G. ....	282
Santolaria, P. ....	63	Toro, M. A. ....	381
Santos, J.E. ....	81, 159	Torres, A. ....	345
Sanz, A. ....	57, 309, 312, 315, 318, 705	Torres, R. ....	96
Sanz, E. ....	621, 627, 678, 681	Uriarte, J. ....	576
Sañudo, C. ....	717, 720, 723, 735, 786	Urquía, J.J. ....	333, 783
Sarriés, V. ....	651, 708	Urrutia, B. ....	510
Sarto i Monteys, V. ....	591	Valcárcel, F. ....	555
Sayed, S. ....	768	Valderrábano, J. ....	576
Serradilla, J. M. ....	438, 510	Valencia, D.G. ....	198, 222, 348
		Valera, M. ....	438, 657, 759
		Vaquero, M. ....	693
		Vara-del Río, M.P. ....	570
		Vargas, J.E. ....	123, 237
		Vargas, M. A. ....	603
		Varona, L. ....	387, 399, 411, 415, 426, 441, 447, 465, 507

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Vázquez, L. ....	564, 567
Vázquez, M. A. ....	684
Vega, S. ....	6
Velarde, A. ....	648
Velasco, S. ....	333, 78
Vicente, F. ....	153
Vicente, J. S. ....	18, 39, 147, 432, 546
Vieira e Brito, A. N. ....	87, 90, 612
Vieira, C. ....	663, 690, 693
Vieira, J. ....	87, 90
Viguera, J. ....	420, 627
Villalba, D. ....	453
Villaroel, M. ....	357
Vitto, R. ....	270, 297

<b>AUTORES</b>	<b>Páginas</b>
Viudes de Castro, M. P. ....	39, 432
Vivar-Quintana, A. M. ....	711, 714
Wallace, R. J. ....	240
Yagüe, G. ....	50
Yaici, S. ....	396
Yániz, J.L. ....	57, 63, 78
Yañez-Ruiz, D.R. ....	123, 276, 279
Yáñez, J. ....	36
Zamudio, A. ....	288
Zanfi, C. ....	111
Zapata, M. ....	366
Zarazaga, L. A. ....	3
Zidi, A. ....	285, 483

# *Genética*





## IDENTIFICACIÓN Y TRAZABILIDAD EN LA CADENA PRODUCTIVA OVINA, MEDIANTE EL USO COMBINADO DE LA IDENTIFICACIÓN ELECTRÓNICA (e-ID) Y LOS MARCADORES MOLECULARES (ADN)<sup>1</sup>

Caja, G., Ghirardi, J.J., Hernández-Jover, M., Sánchez, A.  
 Grup de Recerca en Remugants, Universitat Autònoma de Barcelona, Campus UAB,  
 Bellaterra, 08193. gerardo.caja@uab.es

### INTRODUCCIÓN

En la actualidad, el sector agroalimentario está marcado por el criterio de trazabilidad (EC 178/2002), esto es, por el control de todos los procesos de producción desde sus inicios hasta la comercialización de los productos finales. Es así, que la trazabilidad se impone en la producción ganadera ya que la carne es un producto alimenticio básico, con obvias implicancias sanitarias y adquirida por un consumidor cada vez más preocupado por lo que consume. Esta información se logra mediante un sistema confiable de trazabilidad. El objetivo del presente trabajo fue implementar y validar un doble sistema de identificación y trazabilidad para los ovinos y su carne, basado en el uso de la identificación electrónica (e-ID) y los marcadores moleculares (ADN) en la cadena productiva.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Un total de 1.908 corderos de diferentes razas (Merino, n = 981; Merino Precoz, n = 542; Manchega, n = 104; Lacaune, n = 73; y Ripollesa, n = 208) nacidos en 7 granjas diferentes de Barcelona y Extremadura, fueron electrónicamente identificados antes de destete (< 15 g PV) por medio de dos tipos de mini-bolos ruminales. El minibolo B1 (9.1 g; 9.5 × 38.5 mm diámetro × largo; Rumitag, Barcelona) y el minibolo B2 (20.1 g; 11.2 × 56.4 mm diámetro × largo; Rumitag). Los corderos estaban identificados desde el nacimiento mediante un crotal convencional plástico (CC: 1.5 g; 1.0- × 3.5-cm; Tip-Tag, Allflex-Azasa, Madrid, España). Al momento de aplicar el bolo ruminal se procedió a tomar una muestra biológica para su posterior análisis de los marcadores moleculares. Para ello se utilizó un crotal especialmente diseñado para este tipo de biopsias: CB (n = 980; Biopsytec, Alemania). Dicho crotal consiste en un tubo de muestra cuyo tapón (colocado en la pieza macho del crotal) actúa como sacabocado, cortando un pequeño trozo de tejido auricular. Para vincular los tubos de biopsia y los bolos ruminales se utilizó un lector de radiofrecuencia, posteriormente los tubos fueron almacenados para su conservación a -18°C.

Posteriormente al destete los corderos fueron alojados en grupos de 25 a 120 animales, de acuerdo a su sexo y fecha de nacimiento. Aquí fueron alimentados con pienso, paja y agua *ad-libitum* hasta alcanzar su peso óptimo para faena (hembras, 21 a 24 kg PV; y machos, 23 a 28 kg PV). Los animales fueron faenados en dos mataderos (Ecorxador Sabadell, Barcelona y Oviso, Badajoz). En los mataderos la transferencia de la identidad del animal (bolo ruminal) a la canal, fue automatizado mediante el desarrollo de distintos equipos y lectores instalados en las líneas de sacrificio. Los dispositivos utilizados para la identificación automatizada de las canales, fueron etiquetas electrónicas de alta frecuencia (HF: 13.56 MHz; 45 × 76 mm, Tiris, Holanda). Durante el faenado y previo al eviscerado, se procedió a la lectura automática del bolo ruminal mediante una antena de baja frecuencia (LF: 134,2 Khz; 94 × 52 cm, Rumitag) colocada próxima a la cavidad abdominal, pero sin entrar en contacto con la canal. La activación del sistema de lectura y transferencia se automatizó mediante un sensor de tipo final de carrera colocado antes del punto de eviscerado. En este mismo paso, un operario colocó una etiqueta en blanco sobre el lector-grabador HF (S6350, Tiris, Holanda), de esta manera el código del bolo ruminal fue transferido a la etiqueta electrónica de radiofrecuencia. Dicha etiqueta fue manualmente aplicada en la extremidad posterior izquierda de cada animal, a la altura del tarso (garrón).

Una vez finalizado el proceso de faenado y previo al envío de las canales a cámaras de frío, se tomó la segunda muestra de tejido para su análisis. Para ello se utilizó un dispositivo de muestreo de canales: (CB) consistente en un tubo de biopsia (Biopsytec), pero sin la aplicación de un crotal. Todas las muestras fueron conservadas a -18°C hasta su envío a

<sup>1</sup> Trabajo incluido en el Proyecto QLk1-CT-2001-02229 (EID+DNA Tracing).

laboratorio. Los tubos utilizados, fueron vinculados con el código de e-ID de las canales, mediante un lector de alta frecuencia conectado a un ordenador de mano (iPAQ h2210, Hewlett-Packard). Para el análisis del ADN se seleccionaron 12 microsátélites específicos para ovino, con el fin de evaluar el grado de coincidencia entre las muestras obtenidas en granja respecto a las muestras obtenidas de las canales. Los análisis de ADN se realizaron en el 'Servei Veterinari de Genètica Molecular' de la UAB.

Los resultados de eficiencia de los dispositivos utilizados fueron analizados por medio del procedimiento CATMOD de SAS (versión 8.2, SAS Inst. Inc., Cary, USA). Los tiempos de aplicación y biopsia fueron analizados por medio del procedimiento GLM de SAS.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

No se registraron lesiones o accidentes durante la aplicación de los minibolos a los corderos, esto coincide con los resultados observados en corderos lactantes por Garin *et al.* (2003, 2005) y Ghirardi *et al.* (2007), utilizando similares tipos de minibolos. La mortalidad media de corderos durante todo el periodo de cebo fue 2.2%, por lo tanto menor que el 6.8% mencionado por Garin *et al.* (2005) para corderos bajo similares condiciones de cebo intensivo. El tiempo medio requerido para la administración del minibolo y la toma de biopsia fue de  $44 \pm 3$  s. Dicho tiempo no fue afectado por el tipo de minibolo ( $P = 0.451$ ) o por las diferentes razas de corderos ( $P = 0.738$ ). El tiempo obtenido en nuestro trabajo fue mayor que (35 s) el reportado por Ghirardi *et al.* (2006) para la aplicación de minibolos en similares condiciones. La diferencia observada (9 s) puede ser atribuida al proceso de muestreo (biopsia) requerida por el sistema de trazabilidad implantado.

Las pérdidas de crotales convencionales (CC) en granja fue en promedio de 2.1%. Por otra parte, otro 1.1% de los crotales no pudo ser leído al final del periodo de cebo, debido a alteraciones producidas por las mordeduras de los corderos, obteniéndose para este CC una trazabilidad en granja de 96.8% (Tabla 1). En el caso del crotal de biopsia (CB) las pérdidas en granja fueron 1.6%, y no se registraron problemas de mordeduras, probablemente por ser este crotal de tipo botón. Sin embargo, 0.6% de los tubos (CB) se rompieron o el tapón se perdió durante el proceso de toma de muestra (Tabla 1).

Las pérdidas de crotales observadas en nuestro trabajo, resultan bajas cuando se las compara con los rangos (6.3 al 11.4%) reportados en corderos de cebo en la literatura (Caja *et al.*, 2000; Conill *et al.*, 2002; Garin *et al.*, 2005), esto puede ser atribuido al corto periodo de cebo de estos corderos y a una estación favorable para la cicatrización de las heridas (invierno). La retención de minibolos en granjas vario de acuerdo a tipo de dispositivo (Tabla 1), aunque las diferencias no fueron perceptibles para el procedimiento CATMOD de SAS debido a que no se registraron pérdidas para el B2. La simulación de 3 pérdidas para B2, permitió separar los valores de trazabilidad de B1 y B2 en  $P < 0.05$ . Sin embargo, la retención de B1 (98.4%) fue mayor que la reportada por Garin *et al.* (2003; 91.5%) con el mismo tipo de minibolo en corderos de cebo, quizás debido a el corto periodo de cebo de nuestro experimento ( $< 80$  d). La retención del tipo B2 (100%) coincide con el valor previamente reportado por Ghirardi *et al.* (2006, 2007) para este tipo de minibolo en corderos bajo similares condiciones de cebo intensivo.

La lectura automática y transferencia de datos semiautomática del código e-ID del cordero a la canal, medidas como canales etiquetadas con eficacia, fue del 98.9% (Tabla 1). Aunque ambos procesos, la lectura del bolo (LF) y el grabado de la etiqueta (HF) fueron realizados automáticamente, un operario extra fue necesario en la línea de sacrificio para colocar las etiquetas en los animales, lo cual incrementó el coste operativo. La mayoría de los fallos en las transferencias (99%) fueron registrados en el matadero con línea de matanza semiautomática ('Ovisio', Badajoz) y fueron atribuidos a la velocidad irregular de dicha línea.

La trazabilidad total desde las granjas hasta las canales fue mayor para B2 que para B1 (99.9 y 96.1%, respectivamente;  $P < 0.05$ ), como se indica en la Tabla 1.

Del total de canales etiquetadas electrónicamente ( $n = 1,755$ ), 49.5% fueron utilizadas para tomar una segunda muestra de tejido, por medio de los tubos de muestras para canales CB. Sin embargo, 1.1% de las etiquetas de las canales no pudieron ser leídas o estaban rotas, siendo solo el 98.9% capaces de ser leídas por el HF pocket PC y vinculadas con el código de e-ID de los corderos. Además, 0.8% de los tubos CB se rompieron al momento del muestreo, siendo necesario su reemplazo.

De las 50 (2.8%) muestras de carne y sus correspondientes pares de muestras de los animales, elegidas al azar para analizar el ADN por medio de los microsatélites, solo 1 par no coincidió (2.0%). El error fue atribuido a la transferencia semiautomática de la e-ID o a errores humanos durante el muestreo de las canales.

Tabla 1. Resultados de la implementación de un doble sistema de identificación y trazabilidad basado en la e-ID y el ADN en corderos de cebo y su carne <sup>1</sup>.

Item	Crotales		Bolos		Total, n (%)
	CC	CB	B1	B2	
En la explotación					
Aplicados, n	1.908	980	1.091	817	1.908 (100)
Bajas, n	42	42	25	17	42 (2.2)
No reportados <sup>2</sup>	71	71	68	3	71 (3.7)
Rotos al aplicar, n (%)	-	6 (0.6)	-	-	6 (0.3)
Trazados, n	1.795	929	998	797	1.795 (94.1)
Pérdidas, n (%)	38 (2.1)	3 (0.3)	16 (1.6)	0	-
No legibles, n (%)	20 (1.1)	0	0	0	-
Trazabilidad, %	96.8 <sup>c</sup>	99.7 <sup>b</sup>	98.4 <sup>b</sup>	100 <sup>a</sup>	-
En el matadero					
Sacrificados, n	-	-	998	797	1.795
Bolos retenidos	-	-	982	797	1.779
Bolos leídos en línea, n	-	-	979 (99.7)	796 (99.9)	1.775 (99.8)
Canales etiquetadas, n	-	-	959 (98.0)	796 (100)	1.755 (98.9)
Etiquetas no grabadas, n (%)	-	-	20 (2.0)	0	20 (1.1)
Trazabilidad, %	-	-	97.7 <sup>b</sup>	99.9 <sup>a</sup>	-
Trazabilidad total, %	-	-	97.8 <sup>b</sup>	98.1 <sup>a</sup>	-
Auditoria en Matadero, n					
Canales muestreadas, n	-	868	476	392	868 (49.5)
Rotos al muestrear, n (%)	-	7 (0.8)	-	-	7 (0.8)
Muestras analizadas, n (%)	-	50 (5.8)	27	23	50 (2.8)
ADN no coincidente, n (%)	-	1 (2.0)	1	0	1 (2.0)
Conformidad, %	-	98.0	-	-	98.0

<sup>1</sup>: Abreviaturas: Crotales convencional (CC), Crotales y tubos Biopsytec para canales (CB), minibolo Rumitag de 9.1 g (B1) y minibolo Rumitag de 20.1 g (B2).

<sup>a, b, c</sup>Valores con diferentes letras en la misma línea son diferentes a  $P < 0.05$ .

En conclusión, cuando se utilizaron bolos y dispositivos de biopsias adecuados, el doble sistema e-ID y ADN en corderos, mostró una elevada eficiencia de trazabilidad 98.0%, bajo las condiciones de la cadena productiva de carne ovina en España.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Caja G., R. Nehring, C. Conill. 2000. Identifying livestock with passive transponders. Meat Automation, 1:19-21.
- Conill C., G. Caja, R. Nehring, O. Ribó. 2002. The use of passive injectable transponders in fattening lambs from birth to slaughter: Effects of injection position age and breed. J. Anim. Sci., 80:919-925.
- Garín D., G. Caja, C. Conill. 2003. Effects of small ruminal boluses used for electronic identification of lambs on the growth and development of the reticulorumen. J. Anim. Sci. 81:879-874.
- Garín D., G. Caja, C. Conill. 2005. Performance and effects of small ruminal boluses for electronic identification of young lambs. Livest. Prod. Sci. 92:47-58.
- Ghirardi J.J., G. Caja, D. Garín, M. Hernández-Jover, O. Ribó, J. Casellas. 2006. Evaluation of the retention of different sized electronic identification boluses in the forestomachs of sheep. J. Anim. Sci. 84:2865-2872.
- Ghirardi J.J., G. Caja, C. Flores, D. Garín, F. Bocquier. 2007. Suitability of electronic mini-boluses for early identification of lambs. J. Anim. Sci. 85:248-257.

## **TRAZABILIDAD DE BOVINOS Y SU CARNE MEDIANTE UN SISTEMA BASADO EN EL USO DE LA IDENTIFICACIÓN ELECTRÓNICA (e-ID) Y DE MARCADORES MOLECULARES (ADN)<sup>1</sup>**

Ghirardi, J.J., Caja, G., Hernandez-Jover, M., Sánchez, A.  
Grup de Recerca en Remugants, Universitat Autònoma de Barcelona, Campus UAB,  
Bellaterra, 08193. gerardo.caja@uab.es

### **INTRODUCCIÓN**

En los últimos años existe una creciente preocupación por parte de los consumidores por conocer el origen e historial de procesamiento de los alimentos que se consumen, concepto denominado como trazabilidad. La trazabilidad primeramente se demostraba como opción voluntaria, pero actualmente se ha convertido en una necesidad objetiva para dar cumplimiento al Reglamento Europeo (EC 178/2002) que exige la trazabilidad en la cadena alimentaria. El desarrollo de este concepto, se remonta a las últimas tres décadas y tiene su origen en las distintas crisis afrontadas por el sector, tales como la EEB, los brotes de fiebre aftosa, o los problemas por alimentos contaminados con dioxinas, que centraron fuertemente la atención en dicho concepto. Por estas razones, la seguridad en la cadena alimentaria se ha convertido en un factor de la gran importancia, según lo demuestra la creciente demanda de certificación de los productos cárnicos. El objetivo del presente trabajo fue implementar y validar un doble sistema de identificación y trazabilidad para los bovinos y su carne, basado en el uso de la identificación electrónica (e-ID) y los marcadores moleculares (ADN).

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

Un total de 3.657 terneros de cebo pertenecientes a 7 explotaciones asociadas a la Cooperativa de Ivars (Ivars de Urgell, Lleida), fueron identificados, utilizando dos tipos de bolos ruminales de material cerámico. El bolo B1 (75.2 g; 21.0 × 68.0 mm diámetro × largo; Rumitag, Barcelona) y bolo B2 (72.5 g; 18.0 × 77.5 mm diámetro × largo; Rumitag). Todos los terneros estaban previamente identificados con dos crotales plásticos CO (10.1 g; Allflex-Azasa, Madrid), de acuerdo al Reglamento Europeo CE 1760/2000.

Los bolos fueron aplicados durante la fase de lactancia artificial por el personal encargado del manejo de los terneros. En este mismo momento se tomó una biopsia de cada animal, mediante dos crotales plásticos: C1 (n = 2.562; Biopsytec, Alemania) y C2 (n = 1.095; TypiFix, Suiza). Ambos crotales consisten en tubos de muestras cuyos tapones (colocados en las piezas machos de los crotales) actúan como sacabocados, cortando un pequeño trozo de tejido auricular, para el posterior análisis del ADN. El código de cada tubo de biopsia se vinculó con el código del bolo ruminal aplicado a cada animal mediante un lector de radiofrecuencia. Los tubos de biopsias se almacenaron a -18°C (Biopsytec) o a temperatura ambiente (TypiFix). Los terneros fueron enviados a sacrificio cuando alcanzaron un peso de 360-380 kg PV en hembras y 460-480 kg PV en machos. Todos los animales fueron faenados en el matadero 'Mercabarna' (Barcelona) trabajando a una velocidad de línea de aproximadamente 70 terneros/h. En el matadero la transferencia de la identidad del animal (bolo ruminal) a la canal, fue automatizado mediante el desarrollo de distintos equipos y lectores instalados en la línea de sacrificio. Como soporte para la identificación automatizada de las canales se utilizaron etiquetas electrónicas de alta frecuencia (13.56 MHz; 45 × 76 mm, Tiris, Holanda). Durante el faenado se colocó una etiqueta electrónica en blanco en la extremidad posterior izquierda de cada animal, a la altura del tarso (garrón). Posteriormente, en el punto de eviscerado se procedió a la lectura automática del bolo ruminal mediante una antena (94 × 52 cm, Rumitag) colocada debajo de la cinta transportadora de vísceras. En este mismo paso, el código del bolo ruminal fue transferido a la etiqueta electrónica de radiofrecuencia mediante un lector-grabador (S6350, Tiris, Holanda) colocado a la altura del garrón. La activación del sistema de lectura y transferencia

<sup>1</sup> Trabajo incluido en el Proyecto QLk1-CT-2001-02229 (EID+DNA Tracing).

se automatizó mediante un sensor de tipo final de carrera colocado antes del punto de eviscerado.

Al final del proceso de faenado, se tomó la segunda muestra de tejido para su análisis y comparación con la muestra obtenida en origen de los animales. Para ello se utilizaron dos dispositivos de muestreo: (C1) consistió en tubos de biopsia (Biopsytec), pero sin la aplicación de un crotal, el segundo dispositivo (C2) fue una lanceta plástica con bordes en sierra (IdentiGen, Irlanda); estas lancetas se guardaron individualmente en bolsas de plástico numeradas. Todas las muestras fueron conservadas a  $-18^{\circ}\text{C}$  hasta su envío a laboratorio. Los tubos y lancetas utilizados, fueron vinculados con el código de e-ID de las canales, mediante un lector de alta frecuencia conectado a un ordenador de mano (iPAQ h2210, Hewlett-Packard). Para el análisis del ADN se seleccionaron 12 microsatélites específicos para bovino, con el fin de evaluar el grado de coincidencia entre las muestras obtenidas durante la colocación de crotales respecto a las muestras obtenidas de las canales. Los análisis de ADN se realizaron en el 'Servei Veterinari de Genètica Molecular' de la UAB. Para completar la cadena seguida por la carne e implementar un sistema de auditoría de la trazabilidad, se efectuaron muestreos de un total de 30 cortes de carne procedentes de 9 carnicerías de la ciudad de Barcelona.

Los resultados de eficiencia de los dispositivos utilizados fueron analizados por medio del procedimiento CATMOD de SAS (versión 8.2, SAS Inst. Inc., Cary, USA). Los tiempos de aplicación y biopsia fueron analizados por medio del procedimiento GLM de SAS.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La mortalidad durante el periodo de cebo fue de 2.9%. Esta mortalidad fue mayor que el 1.9% reportado por Ghirardi *et al.* (2006) en terneros bajo similares condiciones intensivas. A su vez, se encontró por debajo del promedio de 6% mencionado por Buxadé (1997) para terneros de cebo intensivo en España.

El tiempo medio requerido para la administración del bolo y la toma de biopsia, con los terneros inmovilizados en el cornadizo autoblocante, fue de  $52 \pm 6$  s. Este tiempo no difirió entre los dos tipos de bolos utilizados ( $P = 0.621$ ). Sin embargo, se observaron diferencias significativas en los tiempos de aplicación de los dos tipos de dispositivos de biopsias (E1, 53 s; y E2, 47 s;  $P < 0.001$ ). Con respecto a los crotales oficiales (CO) de plástico al final del periodo de cebo, se registró un 3.6% de pérdidas, aunque no se registró ningún caso de pérdida de ambos crotales en el mismo animal. Estos valores coinciden con los reportados por Ghirardi *et al.* (2006; 3.5%), y fueron menores a los reportados por Conill *et al.* (2000; 11.4%) bajo condiciones similares de manejo. Con respecto a la retención de bolos ruminales durante el periodo de cebo, su valor varió entre 99.8 a 100% (Tabla 1) de acuerdo con el tipo de bolo. El 100% de retención del tipo B2 coincide con lo reportado por Ghirardi *et al.* (2006) para el mismo tipo de bolo en terneros de cebo intensivo. La retención final para el bolo tipo B1 fue similar al 99.7 % reportado por Ribó *et al.* (2003) durante el Proyecto Europeo IDEA. Además, el 0.7% de los tubos de muestras tipo C1 se rompieron durante el muestreo, estas muestras fueron repetidas utilizando nuevos tubos. En las mismas condiciones, el dispositivo tipo lanceta C2 (100%) demostró ser más adecuado para la toma de muestras desde las canales.

A fin de auditar el proceso de trazabilidad, se eligieron al azar un total de 176 pares de muestras de los terneros y de las canales (8.7% de los terneros faenados) que fueron analizadas para determinar el polimorfismo del ADN de un total de 12 microsatélites, específicamente seleccionados para bovinos (Sánchez *et al.*, 2005).

El resultado fueron 5 pares (2.8%) de muestras no coincidentes. Estos fallos pudieron deberse a errores humanos durante el muestreo de las canales o durante la preparación y envío de las muestras al laboratorio. Además, en las muestras enviadas para analizar se detectó la presencia de individuos gemelos univitelinos (0.6%).

La auditoría realizada en los puntos de venta al público, sobre un total de 30 cortes de carne recogidos de 9 carnicerías diferentes, evidenció un 100% de coincidencia entre las muestras de los terneros y las muestras de las canales.

En conclusión, cuando se utilizan dispositivos adecuados, como fueron en este caso los bolos electrónicos y dispositivos de toma de biopsias, el doble sistema de identificación y auditoría 'e-ID+ADN Tracing' mostró altos niveles de trazabilidad individual para la cadena

de producción de carne bovina seguida (97.2%). Además, la aplicación de la etiquetas electrónicas de radio frecuencia y la transferencia automática de la identificación individual del animal a la canal, demostró ser una técnica de alto interés para conseguir una elevada trazabilidad individual en la cadena cárnica del bovino. Sin embargo, los equipos de lectura así como el soporte de las etiquetas y lugar de colocación deberían ser mejorados para su implementación a mayor escala.

Tabla 1. Resultados de la implementación de un doble sistema de identificación y trazabilidad basado en la e-ID y el ADN en terneros de cebo y su carne<sup>1</sup>.

Item	Crotales		Bolos		Total, n (%)
	C1	C2	B1	B2	
<b>En la explotación</b>					
Aplicados, n	2.562	1.095	3.057	600	3.657 (100)
Bajas, n	82	24	85	21	106 (2.9)
No reportados <sup>2</sup>	199	79	235	43	278 (7.6)
Rotos al aplicar, n (%)	32 (1.2)	3 (0.3)	-	-	35 (0.9)
Trazados, n	2.281	992	2.737	536	3.273 (89.5)
Pérdidas, n (%)	37 (1.6)	9 (0.9)	6 (0.2)	0	-
Trazabilidad, %	98.4 <sup>c</sup>	9.1 <sup>b</sup>	99.8 <sup>b</sup>	100 <sup>a</sup>	-
<b>En el matadero</b>					
Sacrificados, n	-	-	2.737	536	3.273
Bolos retenidos	-	-	2.731	536	3.267
Bolos leibles <sup>2</sup>	-	-	1.522	536	2.058 (63.0)
Bolos leídos en línea, n	-	-	1.512 (99.3)	534 (99.6)	2.046 (99.4)
Canales etiquetadas, n	-	-	1.491 (98.6)	526 (98.5)	2.017 (98.6)
Etiquetas no grabadas, n (%)	-	-	21 (1.4)	8 (1.5)	29 (1.4)
Trazabilidad, %	-	-	98.0 <sup>b</sup>	98.1 <sup>a</sup>	-
Trazabilidad total, %	-	-	97.8 <sup>b</sup>	98.1 <sup>a</sup>	-
Auditoria en Matadero, n	357	543	731	169	900 (44.6)
Rotos al muestrear, n (%)	6 (0.7)	0	-	-	6 (0.7)
Muestras analizadas, n (%)	-	176 (8.7)	-	-	176 (8.7)
ADN no coincidente, n (%)	-	5 (2.8)	-	-	5 (2.8)
Conformidad, %	-	97.2	-	-	97.2
Auditoria en punto de venta, n	-	50	-	-	50
Rotos al muestrear, n (%)	-	0	-	-	0
Muestras analizadas, n (%)	-	50 (5.6)	27	23	50 (5.6)
Conformidad por ADN, %	-	100	-	-	100

<sup>1</sup>: Abreviaturas: Crotales Biopsytec (E1), Crotales Typi-Fix y lancetas plásticas para canales (E2), bolo Rumitag de 75 g (B1) y bolo Rumitag de 73 g (B2).

<sup>2</sup>: Terneros comprobables en línea. 1.209 terneros no pudieron ser leídos debido a fallos en los equipos de lectura al comienzo del experimento. Estos terneros fueron leídos manualmente a la entrada en la línea de sacrificio.

<sup>a, b, c</sup>Valores con diferentes letras en la misma línea son diferentes a  $P < 0.05$ .

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Buxadé, C. 1997. Vacuno de carne: aspectos claves. Ediciones Mundi-Prensa. Madrid, Spain.
- Conill, C., G. Caja, R. Nehring, O. Ribó. 2000. Effects of injection position and transponder size on the performances of passive injectable transponders used for the electronic identification of cattle. *J. Anim. Sci.* 78:3001-3009.
- Ghirardi J.J., G. Caja, D. Garín, J. Casellas, M. Hernández-Jover 2006. Evaluation of the retention of electronic identification boluses in the forestomachs of cattle. *J. Anim. Sci.* 84:2260-2268.
- Ribó, O., M. Cuypers, C. Korn, U. Meloni, G. Centioli, D. Cioci, A. Ussorio, and J. Veran. 2003. IDEA Project, large scale project on livestock electronic identification. Final Report. v. 3.0. Disponible: <http://idea.jrc.it/pages%20idea/final%20report.htm>.
- Sánchez A., Jimenez N. 2005. Panel de microsateélites para bovinos. Disponible: <http://quiro.uab.es/tracing/>.

## CÁLCULO DEL TAMAÑO EFECTIVO A PARTIR DE VARIANZAS FAMILIARES: EJEMPLOS EN LA OVEJA XALDA Y PONI ASTURCÓN

Gutiérrez, J.P.<sup>1</sup>, Fernández, I.<sup>2</sup>, Álvarez, I.<sup>2</sup>, Royo, L.J.<sup>2</sup>, Pérez-Pardal, L.<sup>2</sup>, Goyache, F.<sup>2\*</sup>  
<sup>1</sup>Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040-Madrid; <sup>2</sup>SERIDA-Somió, C/ Camino de los Claveles 604, 33203 Gijón (Asturias); \*e-mail: fgoyache@serida.org

### INTRODUCCIÓN

El tamaño efectivo de una población ( $N_e$ ) es un parámetro clave en conservación y genética de poblaciones por su relación con la inversa de los incrementos de consanguinidad, las pérdidas de variabilidad genética debidas a deriva genética y sus posibilidades de adaptación a cambios ambientales (Falconer y McKay, 1996). Cuando se dispone de información genealógica profunda el parámetro  $N_e$  puede estimarse mediante el incremento

de consanguinidad entre dos generaciones consecutivas ( $\Delta F$ ) en la forma  $N_e = \frac{1}{2\Delta F}$ . Sin embargo, en pequeñas poblaciones con poca profundidad de pedigrí esta fórmula no produce estimas ajustadas a la realidad. En consecuencia, deben intentarse otras aproximaciones que tengan en cuenta el número de reproductores existentes y las varianzas familiares. El programa ENDOG (Gutiérrez y Goyache, 2005; disponible en la dirección Web <http://www.ucm.es/info/prodanim/Endog4En.zip>) está diseñado para la monitorización de poblaciones ganaderas mediante información genealógica. En una nueva versión (v4.0) el programa ENDOG ha incorporado el cálculo de  $N_e$  mediante varianzas familiares. El objetivo de esta nota es proporcionar ejemplos del funcionamiento de esta nueva función del programa ENDOG utilizando pedigríes analizados con anterioridad de la oveja Xalda de Asturias (Álvarez *et al.*, 2007) y Poni de raza Asturcón (Royo *et al.*, 2007).

### MATERIAL Y MÉTODOS

El programa ENDOG v4.0 calcula  $N_e$  a partir de varianzas familiares como

$$N_e = \frac{8N_c}{V_{km} + V_{kf} + 4} L$$

, donde  $N_c$  es el número de reproductores (machos y hembras) en una población de referencia,  $V_{km}$  y  $V_{kf}$  las varianzas de las familias de reproductores machos y hembras, respectivamente, y  $L$  el intervalo generacional en unidades del intervalo temporal especificado. Estrictamente, el cálculo de  $N_e$  mediante esta metodología debería tener en cuenta el número total de animales reproductores en una generación (Falconer y McKay, 1996) que se desconoce en una situación de solapamiento generacional; es por ello que este número se aproxima como  $N_c \cdot L$ . Además, ENDOG v4.0 incluye la posibilidad de calcular  $N_e$  en periodos aproximados al número de años del correspondiente intervalo generacional para posibilitar la detección de periodos en que se hayan producido cambios en la política de selección y apareamientos de una población. Cuando el análisis se realiza en una población de referencia ENDOG asume que esa población corresponde a una generación. Si no es así, el usuario debe transformar el valor de  $N_e$  obtenido mediante un factor ( $L/y$ ) donde  $L$  es el intervalo generacional en años e  $y$  el número de años incluidos en el periodo analizado. Como ejemplo del funcionamiento de esta nueva función incorporada en ENDOG se han analizado las genealogías de 1181 animales de poni de raza Asturcón (839 vivos) y 1851 animales de la raza ovina Xalda (1491 vivos) incluidos en los Libros Genealógico de ACPRA y ACOXA desde su fundación y previamente analizados (Royo *et al.*, 2007; Álvarez *et al.*, 2007).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los intervalos generacionales medios ( $\pm$  error estándar) calculados para el poni Asturcón y la oveja Xalda fueron de  $7,7 \pm 0,15$  y  $2,98 \pm 0,06$  años, respectivamente. Asimismo, el periodo analizado fue de 35 y 18 años (28 y 16 para los animales vivos), respectivamente.

La Tabla 1 muestra el número de reproductores (machos y hembras) y sus tamaños familiares medios. Nótese que estos resultados pueden estar infraestimados debido a que en los primeros años de funcionamiento de los Libros Genealógicos el registro de reproductores no era exhaustivo. El poni Asturcón presenta valores de  $N_e$  de 10,5 para todos los animales del pedigrí y de 12,2 para los animales vivos. En la oveja Xalda el valor de  $N_e$  en los animales vivos (4,4) es menor que el obtenido para todo el pedigrí (7,3). En todo caso, los tamaños familiares medios para machos y hembras reproductores son prácticamente iguales en el pedigrí completo y en los animales vivos en ambas poblaciones.

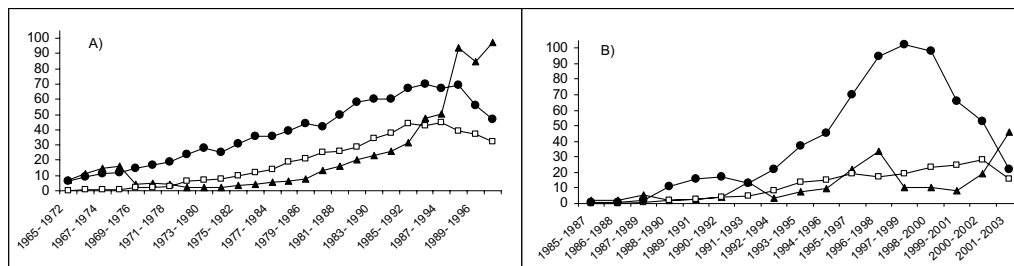
Tabla 1. Número de individuos, progenie media y tamaño efectivo ( $N_e$ ) calculados en las poblaciones de Poni Asturcón y oveja Xalda para el total de los pedigríes disponibles y para las poblaciones vivas en el momento de recogida de datos.

	Machos reproductores		Hembras reproductoras		$N_e$
	Número	Progenie media	Número	Progenie media	
<b>Poni Asturcón</b>					
Pedigrí completo	70	4,6	141	2,3	10,5
Animales vivos	48	4,1	95	2,3	12,2
<b>Oveja Xalda</b>					
Pedigrí completo	69	6,2	229	1,6	7,3
Animales vivos	39	6,0	160	1,6	4,4

La Figura 1 muestra la variación del parámetro  $N_e$  en las dos bases de datos analizadas por periodos de tiempo que comprenden el intervalo generacional medio correspondiente. El valor de  $N_e$  en el poni Asturcón tiende a aumentar desde 1980 hasta llegar a 97,3 en el periodo que comprende los animales nacidos entre 1990 y 1997 debido fundamentalmente al paulatino aumento del número de machos y hembras dedicadas a reproducción situándose en valores iguales o superiores a 40 sementales y de cerca de 70 desde el periodo 1985-1992 hasta el periodo 1988-1995. Los valores de  $N_e$  obtenidos en la oveja Xalda son más erráticos a pesar del aumento lento pero sostenido de carneros puestos a la reproducción desde 1992, y no están ligados totalmente al gran incremento de ovejas dedicadas a la reproducción que se observa especialmente entre las nacidas desde el año 1996 y hasta el periodo 1998-2000 con valores superiores 95. Esto se debe al nacimiento en los años 1998, 1999 y 2000 de tres carneros (0329, 0464 y 0569) cuya progenie es de 79, 134 y 74 individuos inscritos en el Libro Genealógico de ACOXA lo que muestra un gran desequilibrio hacia estos individuos entre los animales dedicados a la reproducción en la población presente de la raza. De la detección de este desequilibrio en la utilización de reproductores deberían establecerse recomendaciones para la optimización de la política de selección y apareamientos realizada en la raza Xalda. La nueva función incorporada en la versión 4.0 del programa ENDOG permite obtener información adicional de utilidad para la monitorización de los Libros Genealógicos en pequeñas poblaciones ganaderas. Otras mejoras incluidas en la nueva versión de ENDOG que pueden ser de utilidad para los usuarios son: información proveída por defecto sobre el número de hijos de cada reproductor, la reordenación y reenumeración por defecto de los animales en el pedigrí analizado e información sobre el grado de acabado de las genealogías. Además, ENDOG puede calcular la mayor parte de los parámetros no sólo para la población completa sino para las subpoblaciones identificadas. Finalmente, la nueva versión de ENDOG permite calcular los coeficiente individuales de consanguinidad para diferente números de generaciones, lo que permite al usuario diferenciar entre consanguinidad de origen reciente o no.



Figura 1. Variación del número de machos (cuadrados blancos) y hembras (círculos negros) reproductoras y tamaño efectivo (triángulos negros) de las poblaciones de Poni Asturcón (A) y oveja Xalda (B) por periodos de años de nacimiento de los reproductores equivalentes a un intervalo generacional medio en cada población.



Este trabajo ha sido financiado por el INIA mediante los proyectos RZ03-011 y RZ2004-00007-C02. Los autores agradecen a las asociaciones de criadores de Poni Asturcón (ACPRA; <http://www.asturcones.com/>) y oveja Xalda de Asturias (ACOXIA; <http://www.xalda.com/>) el apoyo prestado para su realización.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Álvarez, I., Royo, L.J., Gutiérrez, J.P., Fernández, I., Arranz, J.J., Goyache, F., 2007. Genetic diversity loss due to selection for scrapie resistance in the rare Spanish Xalda sheep breed. *Livest. Sci.*, doi:10.1016/j.livsci.2007.01.147.
- Falconer, D.S., Mckay, T.F.C., 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*, Longman, Harlow.
- Gutiérrez, J.P., GOYACHE, F., 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122: 172-176.
- Royo, L.J., Álvarez, I., Gutiérrez, J.P., Fernández, I., Goyache, F., 2007. Genetic variability in the endangered Asturcón pony assessed using genealogical and molecular information. *Livest. Sci.*, doi:10.1016/j.livsci.2006.09.010

## CARACTERIZACIÓN PRELIMINAR DE LAS LÍNEAS PATERNAS DE LA RAZA OVINA XALDA DE ASTURIAS MEDIANTE POLIMORFISMOS EN EL CROMOSOMA Y

Pérez-Pardal, L.<sup>1</sup>, Royo, L.J.<sup>1</sup>, Álvarez, I.<sup>1</sup>, Fernández, I.<sup>1</sup>, Gutiérrez, J.P.<sup>2</sup>, Goyache, F.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>SERIDA-Somió, C/ Camino de los Claveles 604, 33203 Gijón (Asturias); <sup>2</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid; \*e-mail: [fgoyache@serida.org](mailto:fgoyache@serida.org)

### INTRODUCCIÓN

La oveja Xalda es una raza autóctona asturiana en peligro de extinción descrita desde los años 80 (Álvarez Sevilla *et al.*, 2004). Su Libro Genealógico se gestiona por la asociación de criadores ACOXA ([www.xalda.com](http://www.xalda.com)). La raza Xalda ha sido caracterizada desde el punto de vista genético, tanto con marcadores genómicos tipo microsatélite (Álvarez *et al.*, 2004, 2005) como de secuenciación de ADN mitocondrial (Pedrosa *et al.*, 2007), encuadrándose en el tronco churro. De acuerdo con el origen geográfico de los animales y de su importancia en la conservación de la raza, ACOXA reconoce la existencia de 9 líneas diferenciadas (Goyache *et al.*, 2003): *Adrao*, *Antón*, *Arquil.lina*, *Brañaseca*, *Candaneu*, *Eilao*, *Eirrondo*, *Ixuxú* y *Oubal.lu*. La mayoría de los moruecos utilizados y sus madres provienen de esas líneas fundacionales.

Recientemente Meadows *et al.* (2006) han realizado el primer análisis de la diversidad genética existente en el cromosoma Y ovino. En este trabajo se analizaron machos de razas de los 5 continentes, incluyendo las razas españolas Latxa, Manchega y Rasa Aragonesa. En estas razas españolas se han detectado únicamente 2 haplotipos diferentes, aunque todos los animales excepto 1 (de la raza Rasa Aragonesa) eran portadores del mismo haplotipo, que es además el más común entre todas las razas domésticas estudiadas independientemente de su localización.

El objetivo del presente trabajo es estimar la variabilidad genética existente en las líneas paternas de la raza Xalda mediante marcadores específicos del cromosoma Y. Con ello se pretende obtener una nueva información a tener en cuenta a la hora de diseñar estrategias de conservación dentro de la raza.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha obtenido ADN de 105 machos de la razas Xalda (49), Rubia del Molar (10), Manchega (11), Colmenareña (4), Castellana (2), Assaf española (25) y Karakul (4) y dos hembras de la raza Xalda. Los animales analizados de la raza Xalda representan prácticamente todos los machos fundadores de la raza, y la mayoría de machos reproductivos activos actualmente inscritos en el libro genealógico gestionado por ACOXA. Las muestras se genotiparon con el marcador SRYM18 (Meadows *et al.*, 2006) en un secuenciador automático ABI310 (Applied Biosystems).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos en el análisis se muestran en la Tabla1. Aunque existe una discrepancia de tamaño entre los alelos descritos por Meadows *et al.* (2006) hemos encontrado, como esos autores un alelo predominante (nuestro alelo 141) en dos tercios de los machos analizados y un alelo propio de la raza Karakul. Destaca el hecho de que el 63% de los animales de raza Xalda genotipados presenten un alelo diferente del mayoritario en las razas ovinas españolas. Estudios posteriores deberán determinar si este alelo equivale a los descritos previamente por Meadows *et al.* (2006) en razas ovinas británicas o africanas, abriendo nuevas posibilidades de análisis filogenético para la raza.

Tabla 1. Número de machos (N) y resultados obtenidos en el genotipado del marcador SRYM18 en 7 razas ovinas.

Raza	N	Tamaño de los alelos		
		139	141	143
Karakul	4	4		
Assaf Española	25		25	
Colmenareña	4		4	
Manchega	11		11	
Rubia del Molar	10		10	
Castellana	2		2	
Xalda	49		18	31
Total	105	4	70	31

De los 49 machos de raza Xalda genotipados, 14 son machos sin genealogía considerados fundadores. De ellos, 7 animales presentaron el alelo 143 y el resto el alelo 141. Los animales que presentaron el alelo 143 se asignaban a las líneas fundadoras *Antón* (6) e *Ixuxú* (1), mientras que los que presentaron el alelo 141 pertenecían a las líneas *Antón* (1), *Candanéu* (2) o no se asignaron a ninguna línea fundadora. Los rebaños que recuperaron las líneas *Antón* e *Ixuxú* son los que tuvieron la mayor responsabilidad en el inicio de la recuperación de la raza y sus animales presentan una marcada calidad racial por lo que han sido ampliamente utilizados por los ganaderos asociados en ACOXA. La acumulación en la población Xalda del alelo 143 puede deberse a una utilización preferente de los carneros fundadores que portaban este alelo y sus descendientes. El hecho de que los animales que conformaron esos rebaños fueran recuperados en los inicios del programa de conservación de la raza Xalda permite pensar, en principio, que la presencia del alelo 143 en la población no se debe a la introgresión de poblaciones ovinas foráneas.

El análisis de Meadows *et al.* (2006) del marcador SRYM18 incluía la secuenciación del fragmento amplificado para la identificación de un SNP no incluido en la secuencia repetitiva, lo que aumentaba el número de polimorfismos estudiados. Futuros análisis deberán incluir esta fuente de información genética adicional para evaluar la existencia de mayor variabilidad en nuestra muestra de animales.

### AGRADECIMIENTOS

Este trabajo se ha financiado mediante los proyectos MEC- CGL2005-03761/ BOS, MEC-INIA RZ2004-00007-C02 y PC-REC04-27 del Gobierno del Principado de Asturias. Los autores agradecen a la asociación de criadores ACOXA (<http://www.xalda.com/>), así como a las asociaciones de criadores de las razas ovinas Rubia del Molar y Colmenareña y la Cooperativa Castellana de Ganaderos su total colaboración.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Álvarez I., Gutiérrez, J.P., Royo L.J, Fernández I., Gómez, E., Goyache, F. 2004. Genetic relationships and admixture among sheep breeds from Northern Spain assessed using microsatellites. *J. Anim. Sci.*, 82, 2246, 2252.
- Álvarez I., Gutiérrez, J.P., Royo L.J, Fernández I., Gómez, E., Arranz, J.J., Goyache, F. 2005. Testing the usefulness of the

molecular coancestry information to assess genetic relationships on livestock using a set of Spanish sheep breeds. *J. Anim. Sci.*, 83: 737-744. • Álvarez Sevilla, A., Gutiérrez, J.P., Fernández, I., Royo, L.J., Álvarez, I., Gómez, E., Goyache, F. 2004. Conservación de la oveja Xalda de Asturias. *AGRI*, 34: 41-49. • Goyache F., Gutiérrez J.P., Fernández I., Gómez E., Álvarez I., Díez J., Royo L.J. 2003. Monitoring pedigree information to conserve the genetic variability in endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.*, 120: 95-103. • Meadows J.R.S., Hanotte O., Drögemüller C., Calvo J., Godfrey R., Coltman D., Maddox J.F., Marzanov n., Kantanen J., Kijas J.W. 2006. Globally dispersed Y chromosomal haplotypes in wild and domestic sheep. *Animal Genetics*, 37: 444-453. • Pedrosa S., Arranz J.-J., Brito N., Molina A., San Primitivo F., Bayón Y. 2007. Mitochondrial diversity and the origin of Iberian sheep. *Genetics Selection and Evolution*, 39: 91-103.

## ANÁLISIS DE ESTIMADORES DE PARENTESCO BASADOS EN INFORMACIÓN MOLECULAR EN UNA POBLACIÓN COMERCIAL DE RODABALLO (*S. MAXIMUS*).

Rodríguez-Ramilo, S.T.<sup>1</sup>, Toro, M.A.<sup>1</sup>, Martínez, P.<sup>2</sup>, Castro, J.<sup>2</sup>, Bouza, C.<sup>2</sup>, Fernández, J.<sup>1</sup>

1. Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria ([ramilo@inia.es](mailto:ramilo@inia.es))

2. Dpto. de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Santiago de Compostela

### INTRODUCCIÓN

El conocimiento de las relaciones de parentesco entre los individuos que integran una población de animales o de plantas es importante en numerosas áreas de investigación en genética básica y aplicada. Esta información es necesaria, por ejemplo, para estimar componentes de varianza y valores mejorantes (Lynch y Walsh, 1998), y también sirve de criterio para el manejo de poblaciones con el objetivo de evitar la pérdida de diversidad y el incremento de la consanguinidad (Caballero y Toro, 2000 y 2002). Habitualmente, el parentesco se calcula a partir de la información genealógica. Sin embargo, la ausencia de esta información es frecuente en poblaciones naturales e incluso en poblaciones comerciales, especialmente en acuicultura. Por ejemplo, sería interesante obtener algún tipo de conocimiento sobre la estructura familiar de la población en estudio para elegir los individuos que contribuirán a la siguiente generación de forma que no estén emparentados, y así mantener la máxima diversidad genética posible en la población en cuestión.

El desarrollo y aplicación de marcadores moleculares altamente polimórficos (especialmente los microsatélites) ha permitido que se puedan estimar las relaciones entre individuos cuando parte o la totalidad de la genealogía no está disponible (Avice, 1994; Frankham *et al.*, 2002). Consecuentemente, se han desarrollado numerosos estimadores de parentesco para inferir la genealogía indirectamente a partir de la información molecular proporcionada por los distintos tipos de marcadores. Una descripción de la mayoría de estos estimadores puede encontrarse en Toro *et al.* (2002) y Fernández y Toro (2006), pudiendo clasificarse en aquéllos que estiman parentescos por parejas de individuos (métodos *pairwise*) y aquéllos basados en la reconstrucción explícita de la genealogía.

El objetivo del presente estudio es evaluar el comportamiento de diversos estimadores de parentesco basados en la información molecular en una población comercial de rodaballo (*Scophthalmus maximus*) cuya genealogía es conocida.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se genotiparon un total de 560 individuos procedentes de una población comercial de rodaballo empleando 11 microsatélites con un elevado grado de polimorfismo (Castro *et al.*, 2004). En la población evaluada el número medio de alelos fue de 14,18 y la diversidad génica (heterocigosidad esperada) promedio de 0,80. La población analizada estaba constituida por 140 familias de 4 hermanos. Algunas de las familias compartían un progenitor por lo que se pudieron encontrar 15 familias de medios hermanos, englobando en total 28 de las familias de hermanos.

El coeficiente de parentesco entre los individuos  $i$  y  $j$  (probabilidad de que un alelo elegido al azar del individuo  $i$  sea idéntico por descendencia a uno elegido al azar del individuo  $j$ ; Malécot, 1948) se obtuvo a partir de la genealogía. Este coeficiente toma valores de 0, 0,125 y 0,25 si  $i$  y  $j$  no están relacionados (NR), son medios hermanos (MH) o son hermanos (H), respectivamente. De forma análoga, también es posible definir el parentesco molecular como la probabilidad de que dos alelos elegidos al azar, uno de cada individuo, sean iguales. Esta probabilidad puede calcularse para cada alelo de un locus y sumarse para todos los alelos de un locus marcador. Considerando varios marcadores, el parentesco molecular estimado será la media aritmética de los valores obtenidos con cada uno de ellos.

A partir de la información que proporciona el parentesco molecular se han propuesto distintos estimadores que intentan inferir el parentesco genealógico. En la Tabla 1 se muestra un resumen de los estimadores considerados en este estudio.

Tabla 1. Estimadores de parentesco analizados

Abreviatura	Tipo	Referencia
$f_{OG}$	parejas de individuos	Queller y Goodnight (1989)
$f_R$	parejas de individuos	Ritland (1996)
$f_{LR}$	parejas de individuos	Lynch y Ritland (1999)
$f_W$	parejas de individuos	Wang (2002)
$f_{FT}$	reconstrucción de genealogías	Fernández y Toro (2006)

Debido a que los estimadores de parentesco por parejas de individuos proporcionan estimas que se distribuyen de forma continua, se establecieron dos puntos de corte para discriminar entre las tres clases de relaciones genealógicas disponibles (H, MH y NR). El umbral para distinguir entre NR y MH se estableció en 0,0625 y el correspondiente entre MH y H en 0,1875, que son puntos equidistantes de los respectivos valores de parentesco (0 para NR, 0,125 para MH y 0,25 para H). En los estimadores de parentesco por parejas de individuos las frecuencias alélicas se estimaron empleando la información molecular disponible de la población actual en estudio. El estimador  $f_{FT}$  consiste básicamente en simular genealogías y aceptar aquella que muestre mayor correlación con el parentesco molecular.

Para analizar el ajuste entre las relaciones genealógicas reales y las estimadas se evaluó la proporción de asignaciones correctas e incorrectas (Thomas y Hill, 2002). Al considerar individuos H, MH y NR, existen 9 situaciones dependiendo de la relación estimada y la real. Tres de ellas se corresponden con relaciones estimadas correctamente, otras 3 son sobreestimaciones y las 3 últimas se corresponderían con subestimaciones.

También se evaluó el porcentaje de tripletes incongruentes de H. Este tipo de incongruencias se producen en situaciones en las que los individuos  $i$  y  $j$  son clasificados como H, los individuos  $j$  y  $k$  también son clasificados como H, pero la relación estimada entre los individuos  $i$  y  $k$  no es H.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Tabla 2 muestra el número de asignaciones correctas e incorrectas correspondientes a los distintos estimadores de parentesco analizados. Los estimadores que detectan un mayor número de parejas de individuos NR asignados correctamente son  $f_R$  y  $f_{LR}$ . Sin embargo, los demás estimadores de parentesco por parejas de individuos ( $f_{OG}$  y  $f_W$ ) presentaron un éxito más reducido en la asignación de parejas NR. El estimador que emplea la reconstrucción explícita de la genealogía ( $f_{FT}$ ) presentó un comportamiento intermedio en este caso. En la asignación de MH y H los estimadores de parentesco por parejas de individuos presentaron un comportamiento más adecuado.

Se ha demostrado (Toro *et al.*, 2002) que los estimadores de parentesco por parejas de individuos presentan un comportamiento adecuado en casos en los que se dispone de una estima precisa de las frecuencias alélicas en la población de referencia, como podría ser el caso de la población analizada en este estudio que se remonta una sola generación y con un censo elevado por lo que la deriva genética es muy reducida.

Tabla 2. Número de asignaciones correctas (coincidencia entre el parentesco actual y el estimado) e incorrectas. En columnas se indican las relaciones actuales y en filas las estimadas. Numero total de parejas de individuos: 156.520

Estimado	$f_{OG}$			$f_R$			$f_{LR}$			$f_W$			$f_{FT}$		
	NR	MH	H	NR	MH	H	NR	MH	H	NR	MH	H	NR	MH	H
<b>NR</b>	126.431	75	9	146.645	116	47	142.213	87	21	126.805	80	6	129.079	162	252
<b>MH</b>	27.504	130	172	8.093	97	388	12.134	114	226	27.234	123	170	26.063	84	384
<b>H</b>	1.473	51	675	670	43	421	1.061	55	609	1.369	53	680	266	10	220

El porcentaje de asignaciones correctas e incorrectas, así como el porcentaje de tripletes de hermanos incongruentes se muestra en la Tabla 3. El estimador  $f_{FT}$  presentó un

comportamiento intermedio con respecto a los estimadores de parentesco por parejas de individuos en lo que refiere al porcentaje de asignaciones correctas y sobreestimadas. El porcentaje de subestimadas en todos los casos fue menor que el de sobreestimadas, posiblemente debido a que en la población evaluada, la inmensa mayoría de las parejas de individuos no tienen ningún tipo de parentesco en común.

Tabla 3. Porcentaje de asignaciones correctas e incorrectas (subestimadas y sobreestimadas) y porcentaje de tripletes de hermanos (H) incongruentes

Porcentaje	$f_{OG}$	$f_R$	$f_{LR}$	$f_W$	$f_{FT}$
Asignaciones subestimadas	0,2	0,4	0,2	0,2	0,5
Asignaciones sobreestimadas	18,5	5,6	8,5	18,3	16,8
Asignaciones correctas	81,3	94,0	91,3	81,5	82,7
Tripletes H incongruentes	83,5	67,9	72,9	83,3	0,0

En cuanto al porcentaje de tripletes de hermanos incongruentes, es importante resaltar que el estimador  $f_{FT}$ , por su naturaleza, no produce incongruencias, mientras que cualquiera de los estimadores de parentesco por parejas de individuos muestra más de un 65% de incongruencias. Hay que hacer notar que podrían darse otras situaciones de incompatibilidad en el establecimiento de familias de H teniendo en cuenta los genotipos, pero no se han evaluado en este estudio.

En resumen, los resultados indican que los métodos para inferir parentesco por parejas de individuos a partir de la información molecular (Queller y Goodnight, 1989; Ritland, 1996; Lynch y Ritland, 1999; Wang, 2002) presentaron un buen comportamiento al evaluar parejas de individuos debido, probablemente, a que la población evaluada de rodaballo dispone de una situación poblacional favorable y una información molecular disponible muy precisa.

Sin embargo, al evaluar el comportamiento de los estimadores de parentesco en más de dos individuos a la vez, es el método que implica una reconstrucción explícita de la genealogía (Fernández y Toro, 2006), el que presenta el mejor comportamiento. Esta ventaja del método de reconstrucción de genealogías podría ser de gran importancia, por ejemplo, para realizar contribuciones y apareamientos de mínimo parentesco. Además, en la fundación de un stock de peces es probable que no se disponga de una estructura poblacional tan marcada y también podría darse la posibilidad de contar con parentescos de mayor grado. Por tanto, se esperaría que en este tipo de situaciones el método que implica una reconstrucción explícita de la genealogía presentase un comportamiento más aceptable que los estimadores de parentesco por parejas de individuos.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Avise, J.C. 1994. Chapman and Hall, New York, USA.
- Caballero, A., Toro, M.A. 2000. Genet. Res. 75: 331-343.
- Caballero, A., Toro, M.A. 2002. Conserv. Genet. 3: 289-299.
- Castro, J., Bouza, C., Presa, P., Pino-Querido, A., Rianza, A., Ferreiro, I., Sánchez, L., Martínez P. 2004. Aquaculture 242: 119-135.
- Fernández, J., Toro, M.A. 2006. Mol. Ecol. 15: 1657-1667.
- Frankham, R., Ballou, J.D., Briscoe, D.A. 2002. Cambridge University Press, Cambridge, Reino Unido.
- Lynch, M., Ritland, K. 1999. Genetics 152: 1753-1766.
- Lynch, M., Walsh, B. 1998. Sinauer Associates. Sunderland, Massachusetts, USA.
- Malécot, G. 1948. Masson et Cie., Paris, Francia.
- Queller, D.C., Goodnight K.F. 1989. Evolution 43: 258-275.
- Ritland, K. 1996. Genet. Res. 67: 175-186.
- Thomas S.C., Hill, W.G. 2002. Genet. Res. 79: 227-234.
- Toro M.A., Barragán C., Óvilo C., Rodríguez J., Rodríguez, C., Silió, L. 2002. Conserv. Genet. 3: 309-320.
- Wang, J. 2002. Genetics 160: 1203-1215.

## **CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA RAZA CAPRINA RETINTA EXTREMEÑA MEDIANTE EL ESTUDIO DE MICROSATÉLITES.**

Parejo, J. C., Padilla, J. A., Sansinforiano, M.E., Rabasco, A., Martínez-Trancón, M., Portilla, J., Mateos, S., Salazar, J.

Dpto. Producción Animal y Ciencia de los Alimentos. Facultad de Veterinaria. Universidad de Extremadura. Campus Universitario s/n. 10071. Cáceres. jpadilla@unex.es

### **INTRODUCCIÓN**

Cualquier estrategia encaminada a la conservación de recursos genéticos animales requiere definir y evaluar los recursos que se hallen en peligro, para lo que se hace esencial una descripción y caracterización completa de los mismos así como un control de sus censos y sistemas de explotación.

La Retinta Extremeña es una raza caprina catalogada como raza autóctona de protección especial, que al igual que ocurre con otras muchas razas de nuestro país, está sufriendo las consecuencias del abandono de los sistemas de explotación tradicionales o su evolución hacia otros más intensivos y tecnificados, con la consiguiente sustitución de animales rústicos y adaptados al medio natural por otros más seleccionados y mejorados. Esta situación conlleva irremediablemente a una disminución del censo de estas razas rústicas, fragmentación de sus poblaciones por disminución del flujo genético entre ellas y aumento de la endogamia en grupos reproductivos aislados, resultando en una disminución del número efectivo poblacional y grave pérdida de variabilidad genética, que suele derivar en numerosas ocasiones en la extinción de estas razas.

En el caso concreto de la raza caprina Retinta Extremeña la disminución del censo ha sido drástica en los últimos 30 años, pasando de 655 machos y 16832 hembras en 1986 según datos de EAAP (European Association for Animal Production), a poco más de un millar de animales en la actualidad, repartidos en menos de 10 ganaderías.

Aunque esta raza se encuentra bien definida desde el punto de vista morfológico, productivo y reproductivo, es necesaria una adecuada caracterización genética como pilar fundamental para cualquier estrategia de conservación que se pretenda llevar a cabo en la raza.

Se ha demostrado que el estudio con marcadores microsatélites es una herramienta útil y eficaz para la evaluación de la diversidad genética de especies y razas, la distribución de ésta entre sus poblaciones y para el control de filiación de los animales mediante la utilización de pruebas de paternidad.

En este trabajo pretendemos la caracterización genética de la raza caprina Retinta Extremeña mediante el estudio de 22 loci microsatélites polimórficos.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

Hemos utilizado muestras de sangre de 271 animales (60 ♂ y 211 ♀) de la raza Retinta Extremeña, procedentes de 8 ganaderías diferentes (CSR, CDM, JSM, JSQ, JLD, JPG, JRC y ART) y 30 animales de la raza Saanen (SAA) como grupo externo de referencia (outgroup). El ADN fue extraído utilizando el kit *Perfect gDNA Blood Mini* (Eppendorf AG). Los 22 microsatélites estudiados se amplificaron en reacciones de PCR individuales o múltiplex, utilizando cebadores marcados con diferentes fluorocromos. Los productos obtenidos se separaron mediante electroforesis capilar en un analizador genético ABI PRISM 3130 (Applied Biosystems, USA) y se analizaron utilizando el software GeneMapper® 3.7.

Las estimaciones del número de alelos por locus, heterocigosidad observada y esperada, el PIC y el poder de exclusión del conjunto de loci se obtuvieron con el programa Cervus 2.0. (Tristan Marshall, 1998-2001). Los estadísticos F se estimaron mediante el programa GENETIX 4.05.2 (Belkiri *et al.*, 2001) y las desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg por locus se estimaron mediante el test exacto con el programa GENEPOP 1.2 (Raimond y Rousset, 1995).

Las relaciones entre ganaderías se han representado gráficamente en forma de dendrograma según la distancia obtenida entre grupos  $D_A$  de Nei (1983) y el UPGMA como algoritmo de agrupación, con un remuestreo de 1000 iteraciones y utilizando el programa



DISPAN (Tatsuya, 1993). También se han utilizado métodos de inferencia bayesiana para determinar si existe algún tipo de estructura genética en la raza, corriendo varias simulaciones bajo el modelo con mestizaje y frecuencias alélicas correlacionadas (modelo F) con el programa STRUCTURE 2.1. (Pritchard *et al.*, 2000).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la tabla 1 se muestran los resultados obtenidos en la raza Retinta Extremeña: el número de alelos obtenidos (k), las heterocigosidades esperada (He) y observada (Ho), el contenido de información polimórfica (PIC) y los loci que presentaron desviaciones del equilibrio H-W, con su significación.

Locus	k	H(O)	H(E)	PIC	HW
SRCRSP008	9	0.638	0.686	0.631	
OarFCB48	13	0.849	0.846	0.826	
SRCRSP024	12	0.642	0.697	0.658	***
INRA005	6	0.506	0.573	0.523	
ILSTS005	7	0.565	0.652	0.601	***
ETH10	4	0.509	0.551	0.46	
SRCRSP005	9	0.627	0.62	0.583	
SRCRSP009	12	0.841	0.86	0.843	
CSRD247	9	0.79	0.823	0.797	
SRCRSP023	15	0.852	0.854	0.838	*
INRABERN172	9	0.745	0.827	0.801	**
TGLA53	10	0.402	0.466	0.45	***
TGLA122	8	0.683	0.762	0.723	
CSRM60	7	0.779	0.824	0.799	
BM1818	12	0.771	0.823	0.798	
BM2113	10	0.52	0.581	0.549	
OarFCB20	7	0.454	0.545	0.517	
INRA023	11	0.749	0.774	0.739	
INRA032	9	0.668	0.666	0.612	
HAUT27	7	0.793	0.778	0.74	
ILSTS087	10	0.672	0.71	0.664	
INRA063	8	0.472	0.671	0.612	***

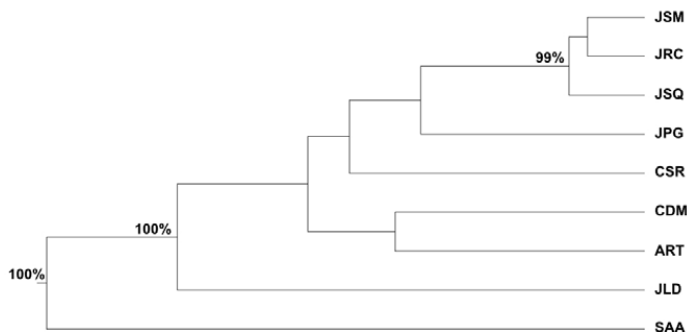
Tabla 1: Número de alelos (k), heterocigosis observada (Ho) y esperada (He), contenido de información polimórfica (PIC) y desviación del equilibrio Hardy-Weinberg (H-W), en cada uno de los loci analizados.

Hemos obtenido un total de 204 alelos, con un número de alelos por locus que osciló entre 4 y 15 y una media de  $9,27 \pm 2,55$ . Las heterocigosidades medias esperada y observada fueron de  $0,7087 \pm 0,025$  y  $0,6603 \pm 0,0061$  respectivamente y el PIC medio obtenido con todos los loci fue de 0,671.

Con los 22 microsatélites estudiados, el poder de exclusión total obtenido ha sido del 0.999917 para el primer parental y de 1 para el segundo parental, con lo que se pone de manifiesto que este grupo de marcadores tiene una capacidad de discriminación suficiente para ser utilizados en controles de filiación en la raza. No obstante, debemos estudiar si las desviaciones del equilibrio H-W presentadas por algunos loci son debidas a la presencia de alelos nulos, en cuyo caso podrían conllevar errores o dudas en las pruebas de paternidad (Dakin y Avise, 2004), y deberán ser obviados para estas pruebas.

Los valores medios de los estadísticos F obtenidos ( $F_{IS}=0.00601$ ,  $F_{IT}=0.07734$  y  $F_{ST}=0.07176$ ; Weir y Cockerham, 1984) junto con el valor de  $G_{ST}=0.076$  (Nei, 1973, 1977) obtenido para el conjunto de loci en toda la población indican que, aunque de forma moderada, empieza a existir cierta estructura en la población o diferenciación entre grupos reproductivos. Esta estructura la hemos representado gráficamente en forma de dendrograma (Figura 1), donde podemos observar como tres de las ganaderías muestran unas relaciones más cercanas entre ellas que con el resto (JSM, JRC y JSQ), y una de ellas (JLD), muestra una clara distancia con las demás. La raza Saanen, utilizada como “outgroup”, nos ha servido para poder mostrar un dendrograma enraizado.

Figura 1: Dendrograma de las 8 ganaderías estudiadas de la raza



Retinta extremeña y la raza Saanen como “outgroup”.

Esta representación coincide plenamente con los resultados obtenidos utilizando métodos de inferencia bayesiana del número de subpoblaciones. La mayoría de las simulaciones que se corrieron utilizando el programa STRUCTURE 2.1 estimaron un total de 6 subpoblaciones en la raza Retinta Extremeña ( $K=6$ ), donde una de ellas está constituida por las tres ganaderías más cercanas representadas en el dendrograma (JSM, JRC y JSQ), y las otras 5 se corresponden con el resto de ganaderías estudiadas.

Desgraciadamente y atendiendo a la evolución de la raza caprina Retinta Extremeña en los últimos años, es necesario la definición y puesta en marcha de un plan de conservación de la misma, antes de que el número de efectivos vivos y su variabilidad genética descendan hasta niveles irrecuperables. Los resultados obtenidos en este trabajo serán de mucha utilidad para la toma de decisiones en dicho plan de conservación.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., Bonhomme, F. 1996-2004 GENETIX 4.05, Université de Montpellier II, (France).
- CERVUS 2.0. General release version – 24 April 2001. Copyright Tristan Marshall 1998-2001.
- Dakin, E.E., Avise, J.C. 2004. *Heredity* 93:504-509.
- Nei, M. 1973. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*. 70:3321-3323.
- Nei, M. 1977. *Annals of human genetics*. 41:225-233.
- Nei, M., Tajima, F., Tateno, Y. 1983. *Journal of molecular evolution*. 19:153-170.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P. 2000. *Genetics* 155: 945–959.
- Raymond, M., Rousset, F, 1995. *J. Heredity*, 86:248-249.
- Tatsuya, O. (1993). The Pennsylvania State University. 328 Mueller Laboratory. University Park, PA 16802, USA.
- Weir, B.S., Cockerham, C.C. 1984. *Evolution* 38: 1358-1370.

Este trabajo es fruto de un Convenio Junta de Extremadura-UEx en materia de Conservación de Razas. Cofinanciado con fondos europeos FEOGA-ORIENTACIÓN medida 7.8 del programa operativo integrado de Extremadura 2000-2006.

## SELECCIÓN GENÓMICA PARA LA INTRODUCCIÓN DE ALELOS FORÁNEOS. UN ESTUDIO DE SIMULACIÓN.

Varona, L.  
Genètica i Millora Animal. IRTA. 25198. Lleida.  
Luis.varona@irta.es

### INTRODUCCIÓN

Los objetivos de los esquemas de selección son dependientes del entorno socioeconómico y, por tanto, dinámicos. Las modificaciones en la demanda de los productos de origen animal exigen la incorporación de nuevos caracteres en estos objetivos de selección. En ocasiones, se dispone de poblaciones con un nivel fenotípico muy elevado para algún carácter de especial interés. Un claro ejemplo es el patrimonio genético del cerdo ibérico para caracteres relacionados con calidad de carne. Existen diversas estrategias de incorporación de estos caracteres de particular interés en un programa de selección y mejora de una determinada población.

La introgresión mediante un cruce absorbente es la estrategia clásica de introducción de alelos foráneos en una población receptora, que puede generalizarse en la introgresión asistida por marcadores cuando no se conoce exactamente la mutación causal (Hospital *et al.*, 1992; Hospital, 2001).

Por otra parte, en los últimos años de han desarrollado técnicas de predicción del mérito genético que utilizan toda la información molecular disponible (Meuwissen *et al.*, 2001; Gianola *et al.*, 2003; Gianola *et al.*, 2006) denominadas todas ellas como selección genómica. Además, Piyasatian *et al.* (2006) prueban que en poblaciones con fuerte desequilibrio de ligamiento, tales como un cruce absorbente, los mecanismos de selección genómica son muy eficaces, incluso con un número relativamente bajo de marcadores moleculares.

Los objetivos de este trabajo son: 1) Comparar la eficiencia de un proceso de introgresión asistida por marcadores con un proceso de cruce absorbente asistido por selección genómica. 2) Comparar la eficiencia de estos procesos con la selección convencional en la población receptora.

### MATERIAL Y MÉTODOS

#### Selección Genómica vs. Introgresión Asistida por Marcadores

Se simularon datos de dos poblaciones (A y B), cuyas características son descritas en la siguiente Tabla 1.

Tabla 1. Parámetros utilizados en la simulación de las poblaciones (A y B).

Población	Carácter 1		Carácter 2	
	Media	Desv. Típ.	Media	Desv. Típ.
A	110	10	90	10
B	90	10	110	10

La diferencia genética entre las poblaciones A y B para el carácter 1, se simuló siempre de manera poligénica, es decir, controlada por un número grande de genes. Por el contrario, la diferencia para el carácter 2, se simuló bajo cuatro hipótesis distintas:

1. Un único gen fijado en las poblaciones A y B con alelos alternativos.
2. Cuatro genes, de igual magnitud, que están fijados en las poblaciones A y B con alelos alternativos.
3. Un gen mayor que determina el 25% de la diferencia entre las líneas y 100 poligenes que explican el 75% de la diferencia, y se encuentran distribuidos al azar en un genoma de 1000 cM. Todos los genes se encuentran fijados con alelos alternativos en las poblaciones A y B.
4. Un total de 100 poligenes, fijados en las dos poblaciones con alelos alternativos.

Los procesos de introgresión y selección genómica se simularon con un tamaño de la población receptora de 50 hembras, que, cruzadas con 5 machos, generaron 400 individuos, 200 machos y 200 hembras. En cada generación se seleccionaron 5 machos como progenitores de la generación siguiente. Se simularon en todos los individuos 400 marcadores completamente informativos, distribuidos al azar. En los procesos de selección genómica se utilizaron los datos fenotípicos de todos los individuos, en la introgresión asistida se aseguró que los descendientes portaran el alelo deseado. El proceso se repitió hasta la quinta generación (93.75% A - 6.75% B). En cada caso simulado se realizaron 50 réplicas.

### Selección Genómica vs. Selección Convencional

Simultáneamente, se simuló un proceso de selección individual en la población receptora, con un tamaño efectivo de 50. Se adoptaron tres estrategias diferentes: SC1 (selección para el carácter 1), SC2 (selección ponderada con pesos 1:1 para los caracteres) y SC3 (selección para el carácter 2). Además, se resimuló el proceso de selección genómica con el tercer caso de simulación (1 gen mayor y poligenes) seleccionando el carácter 1 en la población receptora (SGA).

Se plantearon 4 escenarios de simulación dependiendo de las heredabilidades (0.15 o 0.45) de los caracteres 1 y 2 en la población receptora. En todos los casos, los caracteres se asumieron como no correlacionados. Se realizaron 100 réplicas para cada estrategia de selección en cada caso de simulación.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados de la comparación entre la introgresión asistida por marcadores y la selección genómica se presentan en la Tabla 2.

Tabla 2. Media fenotípica de los resultados de la simulación del cruce absorbente con introgresión asistida por marcadores y selección genómica.

CASO	INTROGRESIÓN		SELECCIÓN GENÓMICA	
	CARÁCTER 1	CARÁCTER 2	CARÁCTER 1	CARÁCTER 2
1	108.72 (0.40)	110 (0.00)	108.56 (0.31)	110 (0.00)
2	108.79 (0.34)	110 (0.00)	109.01 (0.28)	110 (0.00)
3	108.61 (0.28)	96.22 (0.25)	108.54 (0.40)	99.51 (0.25)
4	108.80 (0.33)	91.41 (0.36)	108.44 (0.38)	96.11 (0.45)

Como puede observarse los resultados del proceso de selección genómica superan a los del proceso de introgresión asistida por marcadores en los casos 3 y 4 de simulación, mientras que son equivalentes en los casos 1 y 2.

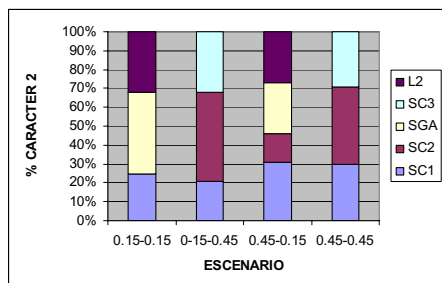
Los resultados de la comparación entre selección genómica en un cruce absorbente y las estrategias convencionales de selección en la población receptora se resumen en la Figura 1.

Si el carácter 2 es susceptible de introducirse en los criterios de selección de la población receptora, la selección genómica asistida por selección convencional fue superior en los escenarios de heredabilidad baja del carácter 2 (0.15), y cuando el peso económico del carácter 2 osciló entre el 25 y el 68 % con heredabilidad baja para el carácter 1 (0.15) y entre el 48 y el 71% con heredabilidad alta (0.45).

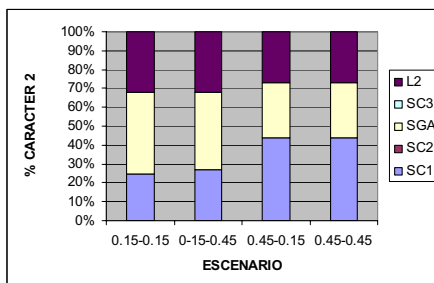
Si el carácter 2 no puede incluirse en los criterios de selección de la población receptora, la selección genómica asistida por selección convencional es interesante en todos los escenarios de simulación, sobre todo cuando la heredabilidad del carácter 1 es baja.

Figura 1. Estrategia más ventajosa en función del escenario de simulación y del peso económico del carácter 2.

a) Selección posible sobre el carácter 2



b) Selección no posible sobre el carácter 2



SC1: Selección individual para el carácter 1; SC2: Selección individual ponderada para los caracteres 1 y 2; SC3: Selección individual para el carácter 2; SGA: Selección genómica asistida por selección convencional en la línea receptora; L2: Línea donadora; 0.15-0.15: heredabilidades de 0.15 para los 2 caracteres; 0.15-0.45: heredabilidad de 0.15 para el carácter 1 y 0.45 para el carácter 2; 0.45-0.15: heredabilidad de 0.45 para el carácter 1 y 0.15 para el carácter 2; 0.45-0.45: heredabilidades de 0.45 para los dos caracteres.

Los resultados de este trabajo deben extenderse a un mayor número de situaciones, en cuanto a la magnitud de la diferencia entre líneas, la determinación genética de la diferencia entre líneas (dominancia, epistasia, interacción genotipo-ambiente genético), la relación entre los caracteres en la población receptora, y posibles distintos escenarios de dimensión y diseño del cruce absorbente.

#### AGRADECIMIENTOS

Agradezco sus útiles comentarios a R. Quintanilla, J. Casellas, R. Pena, A. Canovas, M. Martínez, N. Ibáñez y J. L. Noguera.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Gianola, D., Perez-Enciso, M., Toro, M. A. 2003. On marker-assisted prediction of genetic value: beyond the ridge. *Genetics* 163:347-365.
- Gianola, D., Fernando, R.L., Stella, A. 2006. Genomic-assisted prediction of genetic value with semiparametric procedures. *Genetics* 173:1761-1776.
- Hospital, F., Chevalet, C., Mulsant, P. 1992. Using markers in gene introgression breeding programs. *Genetics* 132:1199-1210.
- Hospital, F. 2001. Size of donor chromosome segments around introgressed loci and reduction of linkage drag in marker-assisted backcross programs. *Genetics* 158:1363-1379.
- Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J., Goddard, M. E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157:1819-1829.
- Piyasatian, N., Fernando, R. L., Dekkers, J. C. M. 2006. Genomic selection for composite line development using low density marker maps. En: Proc 8<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.

## SELECCIÓN POR TASA DE OVULACIÓN EN CONEJO. ESTIMACIÓN DE LA RESPUESTA EN TASA DE OVULACIÓN Y TAMAÑO DE CAMADA

Mocé, M.L.<sup>1</sup>, Santacreu, M.A., Laborda, P., Climent, A., Blasco, A.  
Departamento de Ciencia Animal. Universida Politécnica de Valencia.  
P.O. Box 22012. 46071 Valencia. Spain

### INTRODUCCIÓN

El tamaño de camada es un carácter económicamente importante en conejos y es objeto de selección en programas de mejora genética. La baja heredabilidad de este carácter ha provocado que la respuesta a la selección directa por tamaño de camada haya sido inferior a la esperada (revisado por Blasco *et al.*, 1993).

Se ha observado que en conejo la respuesta en tamaño de camada se ha producido fundamentalmente por un aumento de la tasa de ovulación (García *et al.*, 2000; Brun *et al.*, 1992 en conejo). Estos resultados unidos al hecho de que las estimas de la heredabilidad para tasa de ovulación son elevadas (Santacreu, 1992), apuntan a la tasa de ovulación como una carácter a través del cual seleccionar de modo indirecto el tamaño de camada. El objetivo de este trabajo es estimar la respuesta en tasa de ovulación y tamaño de camada en una línea de conejos seleccionada durante 6 generaciones por tasa de ovulación.

### MATERIAL Y MÉTODOS

**Animales.** Los animales pertenecen a una línea seleccionada por tasa de ovulación durante 6 generaciones. La línea fue creada a partir de animales provenientes de una línea sintética que se seleccionó por tamaño de camada durante 12 generaciones y posteriormente por capacidad uterina durante 10 generaciones. Las hembras se seleccionaron en función de su valor fenotípico y la presión de selección aplicada por generación fue de aproximadamente el 30%. Para reducir el aumento de la consanguinidad se trabaja con familias de machos, de manera que cada generación se selecciona un descendiente de cada macho, procurándose que esos descendientes provengan de camadas de las mejores hembras. Se han recogido datos de 1874 partos y 524 laparoscopias. La generación base estaba compuesta de 86 hembras y 19 machos, y de la primera a la sexta generación de selección la composición de la población fue la siguiente: 75-27, 93-19, 88-16, 91-19, 60-15 y 107-20, respectivamente.

**Caracteres.** Los caracteres analizados fueron tasa de ovulación (TOT) y tamaño de camada (TC). La TOT se estimó como el número de cuerpos lúteos contabilizados por laparoscopia el día 12 de la segunda gestación. El tamaño de camada se estimó como el número total de gazapos nacidos.

**Análisis Estadísticos.** El análisis genético se realizó con métodos bayesianos. Para el análisis del tamaño de camada se ajustó el siguiente modelo:

$$y_{ijk} = AE_i + EF_j + u_k + p_k + e_{ijk}$$

donde, AE es el efecto año-estación (19 niveles), EF es el estado de la hembra en el momento de la monta (3 niveles: nulípara, multípara lactante y multípara no lactante), u es el valor aditivo del animal, p es el efecto permanente no aditivo y ambiental del animal, y e es el error del modelo.

Para analizar la tasa de ovulación se ajustó el siguiente modelo:

$$y_{ijk} = AE_i + EF_j + u_k + e_{ijk}$$

Se realizó un análisis bivalente con aumento de datos. Después de varios análisis exploratorios se usó una cadena de 3,000,000 iteraciones, con un periodo de quemado de 200,000 iteraciones. Se tomó una muestra de cada 100 iteraciones. La convergencia se

---

<sup>1</sup> Dirección Actual: Departamento de Producción Animal y Ciencia y Tecnología de los Alimentos. Universidad Cardenal Herrera-CEU. Edificio Seminario. 46113 Moncada, Valencia, España. E-mail: mmocce@uch.ceu.es

comprobó usando el criterio de Geweke. Todas las distribuciones a priori fueron planas, salvo el efecto aditivo de los animales y el efecto permanente.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los valores medios obtenidos para el tamaño de camada (Tabla 1) se encuentran dentro del rango de los valores publicados para líneas maternas por otros autores (García y Baselga 2002; Santacreu *et al.*, 2005). Para la tasa de ovulación se observa que los valores obtenidos son ligeramente superiores (14.98 óvulos García y Baselga 2002 y 14.8 Santacreu *et al.*, 2005).

Tabla 1. Medias, desviaciones estándar (sd) y número de datos (N) para nacidos totales (NT) y tasa de ovulación (TOT) en las generaciones estudiadas.

		GENERACIÓN						
		Base	1	2	3	4	5	6
NT	Media	8.07	8.52	9.07	9.12	8.60	8.55	9.24
	Sd	3.02	2.54	2.87	2.95	2.89	3.07	3.02
	N	356	159	240	249	255	219	396
TOT	Media	15.11	15.45	15.53	16.21	15.53	15.14	16.62
	Sd	2.51	2.43	2.52	2.43	2.94	2.22	2.15
	N	75	73	86	77	57	56	100

La heredabilidad estimada para tasa de ovulación fue de 0.28 con una desviación típica de 0.10 (Tabla 2), valor que está en concordancia con las estimas publicadas por otros autores (Blasco *et al.*, 1992; Blasco *et al.*, 1993). Para el tamaño de camada al nacimiento el valor de la heredabilidad fue de 0.05 con desviación típica de 0.03, valor que está dentro del rango de las estimas obtenidas en otros trabajos en conejo (Blasco *et al.*, 1993; Blasco, 1996). Las estimas de heredabilidad de ambos caracteres son menores a las obtenidas por Ibáñez *et al.* (2006) con los datos de las tres primeras generaciones de este experimento de selección.

Tabla 2. Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de la heredabilidad de la tasa de ovulación (TOT) y el tamaño de camada (TC).

	Media	Mediana	SD	HPD (95%)	k	MC <sub>se</sub>	Z
TOT	0.28	0.28	0.10	0.09-0.49	0.12	0.002	-0.22
TC	0.05	0.04	0.03	0.007-0.12	0.01	0.0006	0.06

SD: Desviación estándar; HPD (95%): Intervalo de máxima densidad al 95%; k: límite del intervalo  $[k, \infty)$  conteniendo una probabilidad del 95%; MC<sub>se</sub>: error estándar de Monte Carlo; Z: Z-score del test de Geweke.

En la Figura 1 se muestran las tendencias genéticas para ambos caracteres y se puede observar que la selección por tasa de ovulación ha aumentado la tasa de ovulación en aproximadamente 1.60 oocitos, pero la respuesta correlacionada en tamaño de camada ha sido sustancialmente menor (0.40 gazapos). Estos resultados corroboran los obtenidos en los escasos experimentos de selección por tasa de ovulación que se han llevado a cabo en ratón y porcino (Bradford, 1969; Land y Falconer, 1969 en ratón y Lamberson *et al.*, 1991; Rosendo *et al.*, 2007 en porcino). En ratones, Bindon *et al.*, (1974) observaron que la selección por tasa de ovulación provocaba un incremento de la sensibilidad ovárica, de manera que las hembras respondían en mayor grado a los estímulos de la PMSG. Es

posible que esa mayor sensibilidad ovárica aumente la cantidad de folículos inmaduros ovulados, aumentando de este modo la mortalidad prenatal.

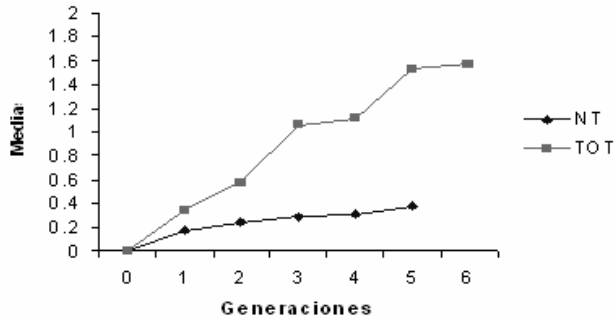


Figura 1. Tendencias genéticas para tasa de ovulación (TOT) y tamaño de camada (TC) en las distintas generaciones.

### CONCLUSIONES

Tras seis generaciones de selección por tasa de ovulación se ha mejorado la tasa de ovulación pero la respuesta correlacionada en tamaño de camada ha sido baja y no muy diferente a la obtenida por otros autores cuando se selecciona directamente por tamaño de camada.

### AGRADECIMIENTOS

A Miriam Piles por su colaboración en los análisis estadísticos.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bindon, B. M., Pennycuik, P.R. 1974. J. Reprod. Fert., 36: 221-224.
- Blasco, A., Santacreu, M. A., Thompson, R., Haley, C. S. 1992. Livestock Production, 34: 163-174.
- Blasco, A., Bidanel, J.P., Bolet, G., Haley, C.S., Santacreu, M.A. 1993. Livest. Prod. Sci. 37:1-21.
- Blasco, A. 1996. VI World Rabbit Congress, 2: 219-227. Toulouse. Francia.
- Bradford, G.E. 1969. Genetics, 61: 905-921.
- Brun, J.M., Bolet, G., Ouhayoun, J. 1992. J. Appl. Rabbit res. 15: 189-191.
- García, M.L., Baselga, M., Vicente, J.S., Lavara, R. 2000. VII World Rabbit Congress, A: 381-387.
- García, M. L., Baselga, M. 2002. Livestock Production Science. 74:45-53.
- Ibáñez, N., Santacreu, M. A., Martínez, M., Climent, A., Blasco, A. 2006. Livestock Science 101: 126-133.
- Lamberson, W.R., R. K. Johnson R. K., D. R. Zimmerman, T.E. Long. 1991. J. Anim. Sci. 69: 3129-3143.
- Land, R. B. y Falconer. D.S. 1969. Genet. Res., 13:25-45.
- Rosendo, A., Druet, T., Gogué, J., Bidanel, J.P. 2007. J. Anim. Sci., 85: 356-364.
- Santacreu, M.A., Mocé, M. L., Climent, A., Blasco, A. 2005. J. Anim. Sci., 83 : 2303-2307.



## EFFECTO DE LA SELECCIÓN POR VELOCIDAD DE CRECIMIENTO SOBRE EL CRECIMIENTO RELATIVO EN CONEJO

Pascual, M., Pla, M., Blasco, A.

Departamento de Ciencia Animal. Universidad Politécnica de Valencia. Camino de Vera s/n. 46071 Valencia; [ampasam@dca.upv.es](mailto:ampasam@dca.upv.es)

### INTRODUCCIÓN

La producción de carne de conejo en España está basada en un cruce a tres vías en el que hembras cruzadas procedentes de líneas seleccionadas por caracteres reproductivos son apareadas con machos seleccionados por caracteres de crecimiento. Esta última selección en la línea parental ha llevado a un aumento del peso adulto del conejo (Blasco *et al.*, 2003). El objetivo de este trabajo es estudiar si esta selección ha afectado también al crecimiento relativo de distintas partes del animal respecto al crecimiento global del animal, comparando dos grupos de conejos de la misma línea pero difiriendo en 11 generaciones de selección por velocidad de crecimiento.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Los conejos utilizados pertenecían a la línea R de la Universidad Politécnica de Valencia, seleccionada por velocidad de crecimiento entre las 4 y 9 semanas de vida (Baselga, 2002). Los animales pertenecían a un grupo Control (C) y un grupo Selección (S). Cuando la línea se encontraba en la generación de selección 7 se tomaron embriones y se vitrificaron. Tras varias generaciones de selección, los embriones se desvitrificaron y transfirieron a hembras receptoras. Los descendientes de los individuos procedentes de los embriones formaron el grupo Control. El grupo Selección se formó con animales de la generación de selección 18. Ambos grupos crecieron coetáneamente y bajo las mismas condiciones.

Un total de 314 animales de ambos grupos y sexos fueron pesados y sacrificados por medios humanitarios a las 4, 9, 13, 20 y 40 semanas (entre 15 y 20 animales por edad, grupo y sexo). Tras desollar al animal se extrajo y pesó el aparato gastrointestinal lleno. Las canales se almacenaron a 4°C durante 24 horas y se pesaron para obtener el peso de la canal fría. Se separó y pesó la cabeza. Tras separar el hígado, los riñones y las vísceras torácicas se pesó la canal de referencia (Blasco y Ouhayoun, 1996). Se extrajeron y pesaron la grasa escapular y perirenal (cuya suma representa la grasa disecable), y la canal resultante se disecó de acuerdo con la disección realizada por Deltoro y López (1985) (Figura 1), obteniendo el peso de la extremidad anterior, la caja torácica, el lomo, las paredes abdominales y la extremidad posterior. La extremidad posterior se disecó, obteniendo el peso de la carne y el peso del hueso.

Para el estudio de la evolución del grado de madurez de las variables respecto a la madurez del animal se utilizó el modelo propuesto por Butterfield *et al.* (1983a):

$$(l/l_m) = q (T/T_m) + (1-q) (T/T_m)^2, \text{ utilizando la forma lineal para el ajuste}$$

$$(l/l_m - (T/T_m)^2) = q (T/T_m - (T/T_m)^2),$$

donde  $l$  = peso de la variable,  $l_m$  = peso adulto de la variable,  $T$  = peso vivo del animal,  $T_m$  = peso vivo adulto del animal y  $q$  es el llamado coeficiente de madurez. Según esta ecuación, cuando  $q=1$  el grado de madurez de la variable crece al mismo ritmo que el grado de madurez del animal. Sin embargo, al contrario que en la ecuación alométrica propuesta por Huxley (1932), cuando  $q>1$  la variable es de crecimiento temprano respecto al peso vivo del animal, y cuando  $q<1$  la variable es de crecimiento tardío respecto al peso vivo del animal.

Se realizó un proc GLM del SAS (SAS Inst. Inc., Cary, NC), donde el modelo incluía el efecto grupo-sexo con 4 niveles (selección machos, selección hembras, control machos y control hembras) y la interacción entre el grupo-sexo y el coeficiente de madurez.  $T$  e  $l$  se estimaron como la media de peso vivo o peso de la variable por edad y grupo-sexo. Como valores de  $T_m$  e  $l_m$  se tomaron las medias por grupo-sexo de los animales de 40 semanas.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los coeficientes de madurez de las variables estudiadas y las diferencias entre grupos y entre sexos se pueden observar en la Tabla 1. El tracto gastrointestinal lleno mostró un crecimiento temprano ( $q > 1$ ), tal como observaron Butterfield *et al.* (1983b, 1984) y Thonney *et al.* (1987) en ovino y caprino. No se encontró efecto de la selección sobre el coeficiente de madurez. Butterfield *et al.* (1983b) tampoco encontraron diferencias en el coeficiente al comparar dos estirpes de la misma raza en la que una estaba seleccionada por peso al año de vida. Los machos mostraron una mayor  $q$ , es decir, un crecimiento más temprano que las hembras.

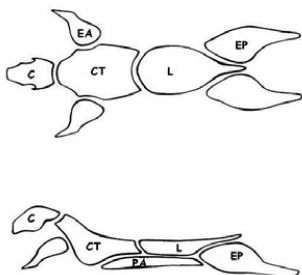


Figura 1. Disección anatómica en conejo (de Deltoro y López, 1985). C: cabeza; EA: extremidad anterior; PA: paredes abdominales; CT: caja torácica; L: lomo; EP: extremidad posterior.

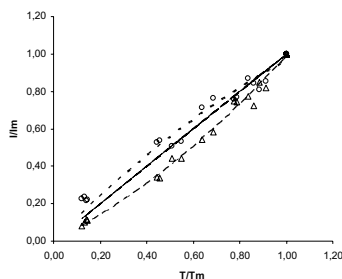


Figura 2. Representación de la evolución del grado de madurez de dos variables ( $III_m$ ) respecto al grado de madurez del animal ( $T/T_m$ ) y ajuste del modelo de Butterfield *et al.* (1983a): una variable de crecimiento temprano ( $q > 1$ ; - - - - -) y una variable de crecimiento tardío ( $q < 1$ ; —△—△—). La recta — representa  $q = 1$ .

Tabla 1. Coeficientes de madurez ( $q$ ), error estándar (e.e.) coeficiente de determinación ( $r^2$ ), diferencia entre grupos los grupos Selección (S) y Control (C) y entre machos (M) y hembras (H), error estándar de la diferencia (e.e.d.) y valor de P (P-valor).

	q	e.e.	$r^2$	Efecto de la selección			Efecto del sexo		
				S-C	e.e.d.	P-valor	M-H	e.e.d.	P-valor
TG	1,96	0,14	0,82	-0,16	0,23	0,52	0,78	0,23	0,00
CF	0,87	0,02	0,97	0,06	0,04	0,15	0,01	0,04	0,75
CR	0,74	0,02	0,95	0,11	0,05	0,03	-0,02	0,05	0,73
C	1,19	0,07	0,87	0,01	0,13	0,96	-0,38	0,13	0,01
EA	0,94	0,03	0,97	-0,04	0,05	0,44	-0,17	0,05	0,00
PA	0,74	0,06	0,84	0,27	0,10	0,01	-0,02	0,10	0,84
CT	0,59	0,04	0,85	0,15	0,07	0,05	0,14	0,07	0,07
L	0,87	0,05	0,84	0,03	0,10	0,76	-0,04	0,10	0,69
EP	0,91	0,03	0,95	-0,02	0,06	0,71	-0,13	0,06	0,03
C <sub>EP</sub>	0,77	0,05	0,87	-0,07	0,08	0,39	0,03	0,08	0,71
H <sub>EP</sub>	1,78	0,09	0,83	-0,01	0,18	0,96	0,22	0,18	0,26
GD	-0,14	0,11	0,12	0,23	0,23	0,33	0,27	0,23	0,25

TG: tracto gastrointestinal lleno; CF: canal fría; CR: canal de referencia; C: cabeza; EA: extremidad anterior; PA: paredes abdominales; CT: caja torácica; L: lomo; EP: extremidad posterior; C<sub>EP</sub>: carne de la extremidad posterior; H<sub>EP</sub>: hueso de la extremidad posterior; GD: grasa disecable de la canal.

La canal fría mostró un crecimiento tardío ( $q < 1$ ), ya que su porcentaje aumenta conforme aumenta la edad (y por tanto, el peso) del conejo (Ouhayoun, 1989). No se encontró efecto de la selección ni diferencias entre sexos. La canal de referencia mostró también un crecimiento tardío ( $q < 1$ ), tal como observaron Butterfield *et al.* (1984) y Thonney *et al.* (1987)

en ovino y caprino. La selección llevó a un crecimiento más temprano de la canal de referencia. No se encontraron diferencias significativas entre sexos. La cabeza mostró un crecimiento temprano ( $q > 1$ ), tal como observaron Butterfield *et al.* (1983b, 1984) en corderos. No se encontró efecto de la selección sobre su patrón de crecimiento. Los machos mostraron un crecimiento de la cabeza más tardío que las hembras.

El orden de precocidad de las distintas partes de la canal, de mayor a menor (i.e., de mayor  $q$  a menor  $q$ ) fue: extremidad anterior, extremidad posterior, lomo, pared abdominal y caja torácica. Todas las partes de la canal de referencia mostraron un crecimiento tardío respecto al peso vivo del animal. La selección por velocidad de crecimiento condujo a un crecimiento menos tardío de las paredes abdominales y de la caja torácica, mientras que los machos mostraron un crecimiento más tardío de la extremidad anterior y de la extremidad posterior que las hembras.

La carne de la extremidad posterior, que según Blasco *et al.* (1984) y Hernández *et al.* (1996) está altamente relacionada con el peso de la carne de la canal de referencia, mostró un crecimiento tardío ( $q < 1$ ), al igual que la grasa disecable, mientras que el hueso mostró un crecimiento temprano ( $q > 1$ ). Estos resultados están de acuerdo con los coeficientes de madurez para músculo, grasa y hueso de la canal de conejo obtenidos por Blasco *et al.* (1990). Butterfield *et al.* (1983a, 1984) y Taylor *et al.* (1989), también observaron un crecimiento temprano del hueso y tardío de la grasa de la canal en ovino y caprino. Sin embargo, estos autores encontraron un crecimiento temprano del músculo. Esto debe ser debido al alto engrasamiento de los ovinos y caprinos en estado adulto (superior al 20% del peso vivo; Butterfield *et al.*, 1983a, 1984; Taylor *et al.*, 1989) frente al bajo contenido de grasa disecable en conejo. No se encontró efecto de la selección sobre los coeficientes de madurez de la carne y hueso de la extremidad posterior y de la grasa disecable de la canal. Butterfield *et al.* (1983a) no encontraron diferencias en los coeficientes de madurez de músculo de la canal, hueso de la canal y grasa disecable en dos estirpes de cordero en la que una esta seleccionada por peso al año de vida. Tampoco se encontraron diferencias entre sexos. El bajo coeficiente de determinación ( $r^2$ ) en la grasa disecable se debió a la pendiente cercana a cero de la recta. Como conclusiones podemos decir que la selección por velocidad de crecimiento no afectó al crecimiento relativo de la mayoría de las partes de la canal estudiadas, encontrando sólo un aumento de la precocidad de la canal de referencia, paredes abdominales y caja torácica.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Baselga, M. 2002. In Khalil M. H., Baselga M. (editores). Rabbit genetic resources in Mediterranean countries. Options méditerranéennes. Serie B nº 38: 253-262.
- Blasco, A., Estany, J., Baselga, M. 1984. Annales de Zootechnie 33(2), 161-170.
- Blasco, A., Gou, P., Santacreu, M.A. 1990. In Proc. 4<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Edinburgh.
- Blasco, A., Ouhayoun, J. 1996. World Rabbit Science 4(2), 93-99.
- Blasco, A., Piles, M., Varona, L. 2003. Genetics, Selection and Evolution 35(1), 21-41.
- Butterfield, R.M., Griffiths, D.A., Thompson, J.M., Zamora, J., James, A.M. 1983a. Animal Production 36, 29-37.
- Butterfield, R.M., Zamora, J., James, A.M., Thompson, J.M. Reddacliff, K.J. 1983b. Animal Production 36, 461-470.
- Butterfield, R.M., Zamora, J., Thompson, J.M., Reddacliff, K.J. 1984. Animal Production 39, 251-258.
- Deltoro, J., López, A. 1985. Journal of Agricultural Science, Cambridge 105, 339-346.
- Hernández, P., Pla, M., Blasco, A. 1996. Meat Science 44, 75-83.
- Huxley, J. S. 1932. London: Methuen.
- Ouhayoun, J. 1989. INRA, Productions Animales 2(3), 215-226.
- Taylor, C.S., Murray, J.I., Thonney, M.L. 1989. Animal Production 49, 385-409.
- Thonney, M.L., Taylor, C.S., Murray, J.I., McClelland, T.H. 1987. Animal Production 45, 261-276.

## SELECCIÓN EN VACUNO LECHERO: ESTUDIO PRELIMINAR DE LOS COSTES POR TRATAMIENTO DE LAS MAMITIS Y LAS COJERAS

Yaici, S., Pérez-Cabal, M.A.

Departamento de Producción Animal – Universidad Politécnica de Madrid  
Ciudad Universitaria s/n - 28040 Madrid. ma.perezcabal@upm.es

### INTRODUCCIÓN

La selección intensiva por producción de leche ha dado lugar a problemas funcionales que comprometen el bienestar animal (Warnick *et al.*, 2001) y generan grandes pérdidas económicas en las explotaciones. Dada la alta incidencia de estos problemas en las explotaciones (20-40% mamitis y 5-70% cojeras) (Green *et al.*, 2002), el sector centra su atención en la selección por una mejor salud de la ubre y menores problemas de locomoción. El registro de las mamitis o las cojeras no es habitual en las explotaciones comerciales, excepto en los países nórdicos, de manera que los ganaderos están seleccionando a los animales más funcionales en cuanto a salud de la ubre y locomoción de forma indirecta, utilizando caracteres correlacionados genéticamente con estos problemas en mayor o menor grado. Algunos trabajos tratado de cuantificar los costes por mamitis, por ejemplo, en función del recuento celular (Pérez-Cabal *et al.*, 2004), y en los últimos años ya se realiza directamente por caso tratado, tanto en mamitis como en cojeras (Heringstad *et al.*, 2000; Sattler, 2002; Ettema y Østergaard, 2006).

Ante la importancia económica de las mamitis y las cojeras en las explotaciones lecheras es preciso estudiar si los criterios actuales (caracteres morfológicos, recuento de células somáticas y velocidad de ordeño) aportan información suficiente en la selección de reproductores, o si es necesario incorporar el registro sistemático de las mamitis y cojeras al control lechero oficial. Como estudio preliminar para cuantificar los costes totales generados por estos problemas de funcionalidad y determinar su importancia económica relativa en los programas de selección por rentabilidad, el objetivo de este trabajo es calcular el coste del tratamiento de las mamitis y las cojeras, debido a la aplicación de medicamentos y a la leche no comercializada.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se han utilizado los casos de mamitis y cojeras correspondientes al año 2006 y registrados en 25 ganaderías del País Vasco y Gerona, sobre un total de 2.593 vacas presentes. Las mamitis siempre han sido tratadas con medicación mientras que las incidencias de cojeras anotadas corresponden a cuatro tipos de tratamiento: arreglo, zapato, venda o medicación, considerándose sólo estas últimas para determinar el coste medio por tratamiento. En la Tabla 1 se presenta la cantidad de información utilizada en este trabajo.

Tabla 1. Datos utilizados en el estudio (entre paréntesis el número de vacas infectadas).

	Gerona	País Vasco	Total
<b>Casos mamitis</b>	619 (394)	603 (340)	1.222 (734)
<b>Casos cojeras</b>			
<b>Total</b>	197 (194)	169 (153)	366 (347)
<b>Con medicación</b>	147 (162)	138 (128)	285 (290)
<b>Nº vacas presentes/explotación</b>	79	136	100

Se han considerado como dos casos independientes de mamitis o cojeras de una misma vaca cuando las fechas de diagnóstico no coinciden, independientemente del número de cuarterones afectados. El coste de medicamento (CMED) por caso se ha calculado en función del precio de la aplicación de cada producto y de la duración del tratamiento. Los precios de las diferentes presentaciones de cada producto, la posología, los días de tratamiento y periodo de retirada de leche fueron proporcionados por los laboratorios correspondientes y distribuidores veterinarios.

Para calcular el coste por leche retirada (CRET) se consideró un precio medio de 0,25 €/kg y se realizó la estimación individualizada de la producción diaria en el momento de

la infección utilizando los datos de control lechero proporcionados por las asociaciones autonómicas EFRIFE y AFRIGI aplicando los siguientes criterios:

- Si la infección ocurrió entre dos controles, se consideraron dos intervalos (antes y después del punto medio) y la producción media diaria se estimó como la producción del punto medio del intervalo correspondiente.
- Si la infección ocurre tras el último control registrado de una vaca con lactación en curso, la producción diaria se consideró igual a la del último control.
- Si la infección ocurrió en el periodo seco, no se consideraron costes por leche no vendida.
- Si una vaca presenta dos casos seguidos de mamitis o cojeras, en la estimación de la producción diaria se tiene en cuenta el solapamiento de leche descartada para evitar el doble conteo.

El coste medio por vaca se ha calculado en función del número de casos que ha presentado cada animal y el coste correspondiente de cada caso.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En las Tablas 2 y 3 se muestran los costes por caso y los costes por vaca y año de la mamitis y las cojeras, respectivamente. El coste medio por caso de mamitis en 2006 fue de 64,58 €, siendo mayor en las explotaciones de Gerona (69,75 €/caso) que en las del País Vasco (59,24 €/caso) por mayores pérdidas por leche no comercializada. Esto es debido a los productos utilizados en las granjas de Gerona, pues la duración media del tratamiento y del periodo de retirada obligatorio de leches es superior que en el País Vasco. Así, el coste por vaca también es superior en esta zona (97,85 € frente a 92,53 €), siendo el coste medio igual a 95,36 €/vaca y año, dentro del rango obtenido por otros trabajos (33-101 €/vaca y año) teniendo en cuenta las diferencias en el precio de medicamentos, precio del kilo de leche y que incluyen, además, el coste del veterinario (Shim *et al.*, 2004; Berry y Amer, 2005; Wolfová *et al.*, 2006). Los valores encontrados por Pérez-Cabal *et al.* (2004) son superiores (175-350 €/vaca) al incluir los costes de veterinario y de la mano de obra extra. Pero teniendo en cuenta que se estimaron a partir del recuento celular por control (más asociado a la mamitis subclínica), es esperable que los resultados del presente trabajo sean más similares a los de otras poblaciones que han utilizado los casos de mamitis clínicas.

Tabla 2. Coste por caso, coste por vaca y año, kilos de leche no vendida e incidencia de mamitis por zona (CRET: coste por leche no comercializada; CMED: coste por medicamentos).

MAMITIS	Gerona	País Vasco	Media
<b>Coste por caso (€/caso)</b>	<b>69,75 ± 26,42</b>	<b>59,24 ± 23,55</b>	<b>64,58 ± 25,58</b>
CRET	47,55 ± 17,40	40,17 ± 18,53	43,92 ± 17,86
CMED	22,36 ± 16,46	18,97 ± 14,60	20,65 ± 15,63
Leche no vendida (kg)	190 ± 66	161 ± 74	176 ± 71
Nº casos/vaca	1,5 ± 0,9	1,8 ± 1,3	1,6 ± 1,1
<b>Coste por vaca (€/vaca)</b>	<b>97,85 ± 63,70</b>	<b>92,53 ± 76,13</b>	<b>95,36 ± 69,80</b>
CRET	71,96 ± 42,66	68,43 ± 51,40	70,33 ± 46,91
CMED	34,45 ± 28,29	33,48 ± 34,94	34,00 ± 31,57
Leche no vendida (kg)	288 ± 171	274 ± 206	281 ± 188
<b>Incidencia mamitis (%)</b>	<b>33,81</b>	<b>23,66</b>	<b>29,91</b>
<b>COSTE MAMITIS/INGRESOS (%)</b>	<b>6,75 ± 6,44</b>	<b>6,29 ± 8,66</b>	<b>5,26 ± 7,06</b>

En cuanto a las cojeras, cada caso generó unas pérdidas medias cercanas a los 50 €, sumando un total de 58,86 € por vaca y año. A pesar de que los costes por caso son inferiores en el País Vasco, las vacas presentaron más casos que en Gerona y, en consecuencia, el coste por vaca y año fue casi 3,5 € superior. Berry y Amer (2005) contabilizaron unas pérdidas por cojeras superiores (111,11 €/caso) en Irlanda pero teniendo en cuenta el tratamiento, el veterinario, la mano de obra extra y la retirada de leche. El rango obtenido por Kossaibati *et al.* (1999) va de los 40,30 €/vaca y año en los mejores rebaños a los 82,09 €/vaca y año en los peores. En concordancia con trabajos previos, la incidencia media de mamitis en la población analizada fue de 29,91% y la de las

cojeras, 16,61% (considerando todas las vacas que presentaron alguno de los cuatro tipos de tratamiento: arreglo, zapato, venda o medicación) y 13,55% (para las vacas tratadas con medicamentos).

Tabla 3. Coste por caso, coste por vaca y año, kilos de leche no vendida e incidencia de cojeras por zona (CRET: coste por leche no comercializada; CMED: coste por medicamentos).

<b>COJERAS</b>	<b>Gerona</b>	<b>País Vasco</b>	<b>Media</b>
<b>Coste por caso (€/caso)</b>	<b>51,50 ± 24,82</b>	<b>48,08 ± 11,39</b>	<b>49,91 ± 19,75</b>
<b>CRET</b>	27,52 ± 16,84	25,08 ± 11,52	26,38 ± 14,62
<b>CMED</b>	23,86 ± 10,19	23,16 ± 5,06	23,51 ± 8,01
<b>Leche no vendida (kg)</b>	111 ± 67	100 ± 46	106 ± 58
<b>Nº casos/vaca</b>	1,2 ± 0,5	1,4 ± 1,8	1,3 ± 0,6
<b>Coste por vaca (€/vaca)</b>	<b>57,37 ± 37,93</b>	<b>60,85 ± 40,60</b>	<b>58,96 ± 39,12</b>
<b>CRET</b>	32,68 ± 23,35	36,36 ± 26,63	34,22 ± 24,76
<b>CMED</b>	28,85 ± 16,87	33,87 ± 17,77	31,15 ± 17,43
<b>Leche no vendida (kg)</b>	131 ± 93	145 ± 107	137 ± 99
<b>Incidencia cojeras (%)</b>			
<b>Total</b>	<b>19,21</b>	<b>12,45</b>	<b>16,61</b>
<b>Con medicación</b>	<b>15,60</b>	<b>10,29</b>	<b>13,55</b>
<b>COSTE COJERAS/INGRESOS (%)</b>	<b>6,84 ± 8,63</b>	<b>2,81 ± 1,82</b>	<b>6,56 ± 7,40</b>

En un rebaño medio de 100 vacas, solamente el coste anual por el tratamiento médico de mastitis y cojeras ascendería a 2.861 €/año y 678 €/año, respectivamente, a lo que habría que añadir los costes derivados de la disminución de producción y de la calidad de la misma, los de veterinario, los de la mano de obra extra y los de desecho. Los resultados de este trabajo reflejan la importancia económica de las mastitis y cojeras en las explotaciones lecheras y la necesidad de estimar los parámetros genéticos y la variabilidad de estos caracteres para incluirlos en un programa de selección.

### AGRADECIMIENTOS

Los autores quieren agradecer a los laboratorios y distribuidores veterinarios de los productos utilizados en este estudio, así como a EFRIFE y AFRIGI, su colaboración. Este trabajo ha sido financiado por el proyecto CDTI P040250392.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Berry, D.P., Amer, P.R. 2005. Derivation of a health sub-index for the economic breeding index in Ireland. Technical Report to The Irish Cattle Breeding Federation.
- Ettema, J.F., Østergaard, S. 2006. Economic decision making on prevention and control of clinical lameness in Danish dairy herds. *Livest. Sci.* 102: 92-106.
- Green, L.E., Hedges, V.J., Schukken, Y.H., Blowey, R.W., Packington, A.J. 2002. The impact of clinical lameness on the milk yield of dairy cows. *J. Dairy Sci.* 85: 2250-2256.
- Heringstad, B., Klemetsdal, G., Ruane, J. 2000. Selection for mastitis resistance in dairy cattle: a review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livest. Prod. Sci.* 64: 95-106.
- Kossabati, M.A., Esslemont, R.J., Watson, C. 1999. Understanding and tackling lameness in dairy herds. A Stockman's Guide. Booklet published by The University of Reading and National Milk Records PLC. UK.
- Pérez-Cabal, M.A., Fernández-Perea, M.T., Alenda, R. 2004. Costes de mastitis en vacuno de leche. *ITEA 100A* (3): 244-248.
- Sattler, J.D. 2002. The importance of locomotion. *MidWest DairyBusiness*, November: 32-34.
- Shim, E.H., Shanks, R.D., Morin, D.E. 2004. Milk loss and treatment costs associated with two treatment protocols for clinical mastitis in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 87: 2702-2708.
- Warnick, L.D., Janssen, D., Guard, G.L., Gröhn, Y.T. 2001. The effect of lameness on milk production in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 84: 1988-1997.
- Wolfová, M., Štípková, M., Wolf, J. 2006. Incidence and economics of clinical mastitis in five Holstein herds in the Czech Republic. *Prev. Vet. Med.* 77: 48-64.

## ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS DE LA MORTALIDAD INDIVIDUAL DEL LECHÓN AL PARTO

Ibáñez- Escriche, N., Varona, L., Quintanilla, R., Casellas, J., Noguera, J.L.  
Genètica i Millora Animal, IRTA-Lleida, 25198 Lleida  
Noelia.ibanez@irta.es

### INTRODUCCIÓN

El tamaño de camada es un carácter económicamente importante en especies prolíficas como el cerdo (Tess *et al.*, 1983). Aunque es un carácter de heredabilidad baja, se ha observado respuesta a la selección (Bidanel *et al.*, 1994; Johnson *et al.*, 1999; Noguera *et al.*, 2002). Sin embargo, la selección por tamaño de camada produce un incremento en la mortalidad de los lechones al parto (Johnson *et al.*, 1999). La mortalidad de los lechones al parto ha sido estudiada como carácter continuo o umbral, siendo generalmente considerada como un carácter propio de la cerda (Roehre and Kalm, 2000; Gradinson *et al.*, 2002; Arango *et al.*, 2005). En escasas ocasiones, la mortalidad al parto ha sido modelizada como un carácter propio del lechón, teniéndose en cuenta los efectos maternos (Mesa *et al.*, 2006). El objetivo principal de este trabajo es estimar los componentes de varianza para mortalidad individual del lechón al parto (o supervivencia al parto) en una línea de la raza *Large White* utilizando un modelo umbral con efectos maternos.

### MATERIAL Y MÉTODOS

#### Animales

Los datos de los animales provienen de un núcleo de selección adherido al banco de datos de referencia del porcino español (BDporc). Pertenecen a una línea de raza *Large White*, seleccionada por tamaño de camada. Para el análisis estadístico se utilizaron 60.170 datos, correspondientes a los lechones nacidos durante el período 1999-2006.

#### Carácter

El carácter analizado es la mortalidad del lechón al parto, siendo este dato tomado durante las 12 primeras horas después del parto. La mortalidad del lechón al parto se consideró como un carácter binario del lechón, y se ha codificado como 1 si el lechón estaba vivo y 0 si el lechón estaba muerto, durante esas 12 primeras horas

#### Análisis estadístico

La densidad de probabilidad de los datos, dados los parámetros de localización y dispersión asociados a la variable subyacente y los umbrales, viene dada por la siguiente expresión

$$p(\mathbf{y}|\mathbf{T}) = \prod_{i=1}^n [1(T_i < 0)I(y_i = 0) + 1(T_i > 0)I(y_i = 1)]$$

donde  $y_i$  ( $i=1,2,\dots,n$ ) es la  $i$ -ésima observación fenotípica (0, 1),  $T_i$  es la subyacente.

El análisis se realizó usando métodos bayesianos, y se asumió el siguiente modelo para la variable subyacente  $\mathbf{T}$ :

$$\mathbf{T} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}_d\mathbf{a}_d + \mathbf{Z}_m\mathbf{a}_m + \mathbf{W}_c\mathbf{p}_c + \mathbf{e}$$

donde  $\mathbf{b}$  es el vector de efectos sistemáticos, orden de parto (5 niveles) y año-estación (31 niveles),  $\mathbf{a}_d$  y  $\mathbf{a}_m$  son los vectores de efectos genéticos aditivos directos (61.130 niveles) y maternos (1.082 niveles), respectivamente. El vector  $\mathbf{p}_c$  es el efecto permanente camada (4.553 niveles), y  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}_d$ ,  $\mathbf{Z}_m$ ,  $\mathbf{W}_c$ , son las matrices de incidencias conocidas relacionadas con los efectos sistemáticos y aleatorios.

La distribución *a priori* asumida para  $\mathbf{a}_d$  y  $\mathbf{a}_m$  fue:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{a}_d \\ \mathbf{a}_m \end{pmatrix} | \mathbf{G} \sim N \left( \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}, \mathbf{G} \otimes \mathbf{A} \right) \quad \mathbf{G} = \begin{bmatrix} \sigma_{ad}^2 & \sigma_{ad,m} \\ \sigma_{ad,m} & \sigma_{am}^2 \end{bmatrix}$$

Donde  $\mathbf{A}$  es la matriz de relaciones genéticas aditivas,  $\mathbf{G}$  es la matriz de varianzas covarianzas genéticas. La distribución *a priori* asumida para  $p_c$  fue:  $(p_c | \sigma_{p_c}^2) \sim N(0, \mathbf{I}_c \sigma_{p_c}^2)$ .

Las distribuciones *a priori* para  $\mathbf{b}$ ,  $\mathbf{G}$  y  $\sigma_{p_c}^2$  fueron distribuciones uniformes acotadas y la varianza residual se fijó en 1.

Las distribuciones marginales posteriores de los parámetros desconocidos se estimaron usando *Gibbs sampling* con aumento de datos para la variable subyacente. Después de varios análisis exploratorios se utilizó una cadena 100.000 iteraciones, con un periodo de “quemado” de 3.000 iteraciones. Se tomó una muestra cada 10 iteraciones, para evitar la alta correlación entre muestras consecutivas. La convergencia se comprobó para cada cadena separadamente usando el criterio de Geweke (Geweke, 1992).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los parámetros de las distribuciones marginales posteriores estimadas de las varianzas, la correlación genética y las heredabilidades se presentan en las Tablas 1 y 2. Las distribuciones marginales posteriores tuvieron un error de Monte Carlo pequeño y el test de Geweke no detectó falta de convergencia (no mostrado en las Tablas). Como se puede observar en las Tablas 1 y 2, las medias posteriores de la varianza genética aditiva directa, aditiva materna y ambiental materna fueron bajas, presentando la varianza genética aditiva directa una media posterior sensiblemente menor (0.02). El intervalo mínimo de máxima densidad posterior (HPD) al 95% para la correlación entre directos y maternos incluyó el cero y su media posterior fue positiva y baja. Esta correlación no concuerda con la obtenida por Mesa et al. (2006) (-1.00 (0.16)), donde la base de datos analizada contenía 2.236 animales. Las heredabilidades para mortalidad fueron bajas y cercanas a cero. Estas heredabilidades son mas bajas que las proporcionada por Mesa et al. (2006) (0.16 (0.12), 0.14 (0.08)), no obstante es difícil comparar ambos resultados dado el error de la estima proporcionada por Mesa et al. (2006).

Los resultados de este trabajo muestran que la variación individual para la mortalidad al parto es muy baja, lo que dificulta la posibilidad de seleccionar este carácter para reducir la mortalidad al parto. Sin embargo, estos resultados podrían estar sesgados debido al efecto de la selección por tamaño de camada, por lo que sería conveniente incluir un modelo recursivo con tamaño de camada (Gianola y Sorensen, 2004). Además, sería interesante ampliar este estudio para el carácter mortalidad hasta el destete, teniendo en cuenta el efecto adopción (Arango et al., 2006). Otra posible extensión sería el análisis de la mortalidad utilizando modelos de competencia (Muir, 2005).

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Arango, J., Misztal, I., Tsuruta, S., Culbertson, M., Herring, W. 2005. Threshold-linear estimation of genetic parameters for farrowing mortality, litter size, and test performance of Large White sows. *Journal of Animal Science*. 83:499-506.
- Arango, J., Misztal, I., Tsuruta, S., Culbertson, M., Holl, J. W. 2006. Genetic study of individual preweaning and birth weight in Large White piglets using threshold-linear models. *Livestock Science*. 101:208-218
- Bidanel, J.P, Gruand, J., Legault, C. 1994. An overview of twenty years of selection for litter size in pigs using “hyperprolific” schemes. Pages 512-515 in proceedings 5<sup>th</sup> World Congress. on Genetic. Applied Livestock. Production, Armidale, Australia.
- Geweke J. 1992. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments (with discussion). Pages 169-193 in *Bayesian Statistics 4*, J.M. Bernardo, J. O. Berger, A. P. Dawid, and A. F. M. Smith, ed. Oxford University Press, Oxford, GB.
- Gianola, D., Sorensen D. 2004. *Quantitative Genetic Models for Describing Simultaneous and*



Recursive Relationships Between Phenotypes. *Genetics*, Vol. 167, 1407-1424. • Gradinson, K., Lund, M.S., Rydhmer, L., Strandberg, E. 2002. Genetic parameters for the piglet mortality trait crushing, stillbirth and total mortality, and their relation to birth weight. *Acta Agriculturae Scandinavica Section A. Animal Science*. 52:167-173. • Johnson, R.K., Nielsen, M.K., Casey, D.S. 1999. Responses in ovulation rate, embryonal survival, and litter traits in swine to 14 generations of selection to increase litter size. *Journal of Animal Science*. 77:541-557. • Knol, E.F., Ducro, B.J., van Arendonk, J.A.M., van der Lende, T. 2002. Direct, maternal and nurse sow genetic effects on farrowing-, pre-weaning- and total piglet survival. *Livestock Production Science*. 73:153-164. • Mesa, H., Safranski, T.J., Cammack, K.M, Weaber, R.L., Lamberson, W.R. 2006. Genetic and phenotypic relationships of farrowing and weaning survival to birth and placental weights in pigs. *Journal of Animal Science*. 84:32-40. • Muir, W. M. 2005. Incorporation of Competitive Effects in Forest Tree or Animal Breeding Programs. *Genetics*. 170: 1247-1259. • Noguera, J.L., Varona, L., Babot, D., Estany, J. 2002. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: II. Response to selection for litter size and correlated response to production traits *Journal of Animal Science*. 80: 2548-2555. • Roehe, R., Kalm, E. 2000. Estimation of genetic and environmental risk factors association with pre-weaning mortality in piglets using generalized linear mixed models. *Animal Science*. 70, 227-240. • Tess, M.W., Bennett, G.L., Dickerson, G.E. 1983. Simulation of genetic changes in life cycle efficiency of pork production: II. Effects of components of efficiency. *Journal of Animal Science*. 56:354-368.

Tabla 1. Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las varianzas y la correlación genética de la mortalidad del lechón al parto.

	$\sigma_{ad}^2$	$\sigma_{am}^2$	$\sigma_{pm}^2$	$r_{dm}$
Media (dep)	0.02 (0.01)	0.06(0.01)	0.15 (0.01)	0.15 (0.13)
IMD95%	0.01, 0.04	0.05, 0.08	0.13, 0.17	-0.11, 0.38
MCse	0.000099	0.000024	0.000062	0.000015

dep: desviación estándar posterior, IMD: Intervalo de máxima densidad al 95%., MCse: error estándar de Monte Carlo.  $r_{dm}$ : correlación genética entre los efectos genéticos directos y maternos.

Tabla 2. Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las heredabilidades y la proporción de la varianza ambiental materna.

	$h_d^2$	$h_m^2$	$p_m^2$
Media (dep)	0.02 (0.02)	0.05 (0.01)	0.12 (0.01)
IMD95%	0.01, 0.04	0.04, 0.08	0.11, 0.13
MCse	0.000034	0.000073	0.000065

dep: desviación estándar posterior, IMD: Intervalo de máxima densidad al 95%., MCse: error estándar de Monte Carlo.  $h_d^2, h_m^2$ : heredabilidad genética directa y materna, respectivamente,  $p_m^2$ : proporción de la varianza fenotípica dada por el ambiente materno.

## **ANÁLISIS GENÉTICO CONJUNTO DE LA LONGEVIDAD FUNCIONAL EN TIEMPOS DISCRETOS Y LA PRODUCCIÓN LECHERA. DESARROLLO METODOLÓGICO.**

O. González-Recio y R. Alenda

Departamento de Producción Animal. ETSI Agrónomos. Universidad Politécnica de Madrid. Ciudad Universitaria s/n. 28040 Madrid.

oscar.grecio@upm.es

### **INTRODUCCIÓN**

La importancia de la selección por longevidad ha aumentado considerablemente en los últimos años en la mayoría de las especies domésticas de interés ganadero [1, 3, 10]. Hasta el momento, el análisis de supervivencia ha sido la herramienta que mayor aceptación ha tenido a la hora de evaluar la longevidad. Este método presenta numerosas ventajas frente a los métodos tradicionales, ya que permite un tratamiento adecuado de datos censurados, posibilita incluir efectos dependientes del tiempo, y no requiere que los caracteres analizados presenten distribuciones normales.

Este creciente interés de la supervivencia en las especies domésticas ha generado la necesidad de estimar las correlaciones genéticas con otros caracteres de interés productivo, como la producción en vacuno de leche. Recientemente, varios autores han propuesto diferentes métodos para el análisis conjunto de un carácter de supervivencia y otro gaussiano. Tarrés et al. [11] justificaron por simulación una aproximación en dos pasos a través de unos pseudo-valores de la longevidad, que son equivalentes a los datos ajustados por todos los efectos no genéticos en los modelos lineales [5]. Un procedimiento más exacto fue propuesto por Nguti et al. [9] en el que se describe un análisis conjunto de un carácter de supervivencia y otro descrito a través de un modelo lineal longitudinal. Damgaard y Korsgaard [4] propusieron aplicar un análisis bayesiano conjunto de la supervivencia con un carácter gaussiano utilizando métodos MCMC (Markov chain Monte Carlo). Sin embargo, su implementación no es sencilla y el tiempo de computación es aún prohibitivo.

Los caracteres de supervivencia pueden medirse en tiempos discretos (p.e. número de lactaciones en ovino o vacuno de leche, número de partos en porcino o vacuno de carne, etc) y analizarse con metodologías de análisis de supervivencia adaptadas, como el modelo umbral secuencial [1, 6]. Este método describe los procesos fisiológicos y de decisión que ocurren de forma secuencial y permite incorporar efectos dependientes del tiempo y datos censurados. Además se ajusta perfectamente a la mayoría de las especies domésticas donde el desecho suele hacerse al final de cada ciclo productivo, aunque esto no es una condición necesaria para el modelo.

El objetivo de este trabajo fue implementar el método umbral secuencial en un análisis bivariado de la supervivencia en tiempos discretos con un carácter gaussiano, aplicado al número de lactaciones y producción lechera en la población Holstein del País Vasco y Navarra, sin recurrir a una segunda aproximación.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

Para la realización de este estudio se utilizaron datos de supervivencia y producción correspondientes a 96.642 lactaciones de 41.170 vacas procedentes de las comunidades autónomas del País Vasco y Navarra.

Se observó la supervivencia durante las 5 primeras lactaciones junto con sus respectivas producciones estandarizadas a 305 días (KGL305). El método aplicado se basa en que la lactación  $l$  se alcanza únicamente tras haber observado  $l - 1$  lactaciones previas. La supervivencia en cada lactación (SUPV) se midió como una variable dicotómica indicando si la vaca fue desechada (0) o sobrevivió a la siguiente lactación (1). Dicha supervivencia se relacionó con sus respectivas KGL305. El conjunto de datos observados queda de\_nido por  $\mathbf{y}$ , donde  $\mathbf{y}_i = (y_{i1}, y_{i2})$  son las observaciones para SUPV ( $y_{i1}$ ) y KGL305 ( $y_{i2}$ ) correspondientes al

animal  $i$ . Según el modelo umbral secuencial [1], la probabilidad de sobrevivir hasta la lactación  $l$ , condicionada a que se haya alcanzado la  $l$ -ésima lactación viene dada por:

$$\Pr(y_{il} = l | y_{il} \geq l-1, \boldsymbol{\gamma}, \mathbf{X}'_i \boldsymbol{\theta}_{il}) = \Phi[\gamma_i - \mathbf{X}'_i \boldsymbol{\theta}_{il}],$$

donde  $\boldsymbol{\gamma}$  es el vector de 'cutpoints' y  $\mathbf{X}'_i \boldsymbol{\theta}_{il}$  representa los efectos incluidos en el modelo para SUPV. Este modelo puede formularse en términos de una variable subyacente que indica la probabilidad de sobrevivir a la siguiente lactación que permite una implementación y programación sencilla [2]. De esta manera, a cada observación para SUPV ( $y_{i1} = L$ ) le corresponden  $L$  variables subyacentes  $\{\omega_{il}\}$ , observando:

$$y_i = \begin{cases} 1 & \text{if } \omega_{i1} \leq \gamma_1 \\ 2 & \text{if } \omega_{i1} > \gamma_1, \omega_{i2} \leq \gamma_2 \\ 3 & \text{if } \omega_{i1} > \gamma_1, \omega_{i2} > \gamma_2, \omega_{i3} \leq \gamma_3 \\ 4 & \text{if } \omega_{i1} > \gamma_1, \omega_{i2} > \gamma_2, \omega_{i3} > \gamma_3, \omega_{i4} \leq \gamma_4 \\ 5 & \text{if } \omega_{i1} > \gamma_1, \omega_{i2} > \gamma_2, \omega_{i3} > \gamma_3, \omega_{i4} > \gamma_4, \omega_{i5} \leq \gamma_5 \end{cases}$$

Para cada observación  $\mathbf{y}_i = (y_{i1}, y_{i2})$  definimos  $\mathbf{W}$ , siendo  $w_i = (\omega_{il}, y_{2il})$  la pareja de datos para el animal  $i$  en su lactación  $l$ , que indican la probabilidad de sobrevivir a la siguiente lactación ( $\omega_{il}$ ) y la producción de leche estandarizada a 305 días en la presente lactación ( $y_{2il}$ ).

El modelo propuesto sería  $\mathbf{W} | \boldsymbol{\gamma}, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{p}, \mathbf{a}, \mathbf{R} \sim \mathcal{N}(\boldsymbol{\gamma} + \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_p\mathbf{p} + \mathbf{Z}_a\mathbf{a}, \mathbf{R} \otimes \mathbf{I})$ , siendo  $\boldsymbol{\beta}$  los efectos sistemáticos de número de lactación (para KGL305), nivel de producción (para SUPV), mes de parto, año-estación de parto y rebaño,  $\mathbf{p}$  el efecto permanente del animal para KGL305 con varianza  $\sigma_p^2$  y  $\mathbf{a}$  el efecto aditivo genético con distribución  $\mathbf{a} | \mathbf{G} \sim \mathcal{N}(\mathbf{0}, \mathbf{G} \otimes \mathbf{A})$ . La matriz de

covarianzas residuales viene dada por  $\mathbf{R} = \begin{bmatrix} 1 & \sigma_{e12} \\ \sigma_{e21} & \sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$ . Para  $\boldsymbol{\theta} = (\boldsymbol{\gamma}, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{p}, \mathbf{a}, \sigma_p^2, \mathbf{G}, \mathbf{R})$ , la

distribución posterior quedaría descrita por:

$$p(\boldsymbol{\theta}, \mathbf{W} | \mathbf{y}, \boldsymbol{\delta}) \propto p(\mathbf{y}, \boldsymbol{\delta}, \mathbf{W} | \boldsymbol{\theta}) p(\mathbf{p} | \sigma_p^2) p(\sigma_p^2) p(\mathbf{a} | \mathbf{G}) p(\mathbf{G}) p(\mathbf{e} | \mathbf{R}) p(\mathbf{R}),$$

donde

$$p(\mathbf{y}, \boldsymbol{\delta}, \mathbf{W} | \boldsymbol{\theta}) \propto \prod_{i=1}^N |\mathbf{R}|^{-\frac{1}{2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} (\mathbf{W}_i - \mathbf{E}(\mathbf{W}_i))' \mathbf{R}^{-1} (\mathbf{W}_i - \mathbf{E}(\mathbf{W}_i)) \right\}.$$

Las distribuciones posteriores de los parámetros de interés se estimaron usando un algoritmo Gibbs/Metropolis. El análisis consistió en una única cadena de 100.000 iteraciones, descartando las 10.000 primeras como periodo de quemado.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las medias posteriores de la heredabilidad para SUPV y KGL305 fueron 0,11 y 0,27 con una desviación posterior estándar de 0,01 para ambas estimas (Tabla 1). La media posterior para la correlación genética fue de -0,53, con un intervalo de confianza al 95% entre -0,62 y -0,46. Este valor indica que las vacas de mayor producción tienen una vida productiva más corta, posiblemente porque presentan mayores problemas metabólicos, de fertilidad y menor resistencia a enfermedades que provocan un mayor desecho involuntario.

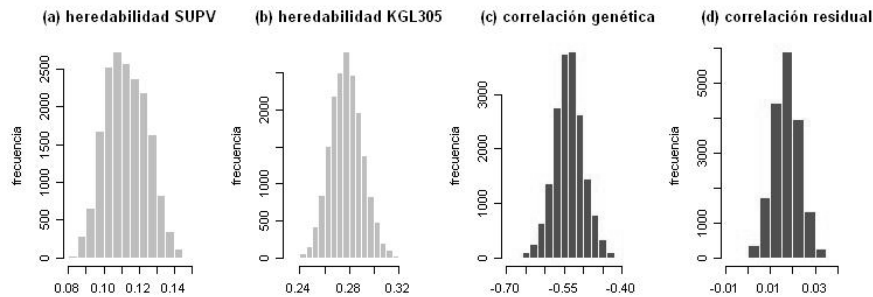
Es necesario recordar que se ha evaluado la longevidad funcional, eliminando el efecto del desecho voluntario del ganadero debido a niveles bajos de producción. Estos resultados son acordes a los encontrados por otros autores [3, 8]. Los histogramas de las distribuciones

posteriores para las heredabilidades y la correlación genética presentaron un aspecto gaussiano (Figura 1). Este método parece tener un comportamiento adecuado, sin problemas de estimación, a la vista de las cadenas obtenidas (resultados no mostrados), aunque podría validarse esta hipótesis con un estudio de simulación. La aplicación del modelo umbral secuencial a la supervivencia medida en tiempos discretos permite realizar un análisis conjunto con otro carácter gaussiano, sin necesidad de segundas aproximaciones. Este método posibilita la estimación de componentes genéticas con otros caracteres de interés productivo, que puedan servir como predictores tempranos de la longevidad en las especies de interés.

Tabla 1: Medias posteriores, desviación estándar (d.e.) y error de Monte-Carlo para las heredabilidades de la supervivencia (SUPV), la producción (kg) de leche estandarizada a 305-días (KGL305), y sus correlaciones genética ( $\rho_g$ ) y residual ( $\rho_e$ ).

	SUPV	KGL305	$\rho_g$	$\rho_e$
Media	0,11	0,27	-0,53	-0,02
d.e.	0,01	0,01	0,04	0,001
Error de Monte Carlo	0,001	0,001	0,004	0,001

Figura 1: Histogramas de las distribuciones posteriores para las heredabilidades de la supervivencia (SUPV) y la producción de leche a 305-días (KGL305), y de sus respectivas correlaciones genéticas y residuales.



## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] Albert, J.H. y S. Chib. 1997. *Biometrics* 57: 829-836.
- [2] Chang, Y.M., O. González-Recio, K.A. Weigel, D. Gianola. *Genet. Sel. Evol.* (enviado).
- [3] Caraviello, D.Z., K.A. Weigel, D. Gianola. 2004. *J. Dairy Sci.* 87: 3518-3525.
- [4] Damgaard, L.H. y I.R. Korsgaard. 2006. *Genet. Sel. Evol.* 38: 45-64.
- [5] Ducrocq, V. D. Boichard, A. Barbat, H. Larroque. 2001. *Proc. 51st EAAP Meeting*, 2 (abstr.).
- [6] González-Recio, O., Y.M. Chang, D. Gianola, K.A. Weigel. 2005. *J. Dairy Sci.* 88: 3655-3662.
- [7] Guo, S.F., D. Gianola, R. Rekaya and T. Short. 2001. *Livest. Prod. Sci.* 72: 243-252.
- [8] Kadamideen, H.N., R. Thompson, M.P. Coffey, M.A. Kossabati. 2003. *Livest. Prod. Sci.* 81: 183-195.
- [9] Nguti, R., T. Burzykowski, J. Rowlands, D. Renard, P. Janssen. 2005. *Genet. Sel. Evol.* 37: 175-197.
- [10] Sánchez, J.P, M. Baselga, R. Peiro, M.A. Silvestre. 2004. *Livest. Prod. Sci.* 90: 227-234.
- [11] Tarrés, J., J. Piedrafita, V. Ducrocq. 2006. *Genet. Sel. Evol.* 38: 65-83.

## **MODELOS RECURSIVOS PARA EL ANÁLISIS SIMULTÁNEO DE CARACTERES PRODUCTIVOS Y DE SUPERVIVENCIA**

Martínez Ávila, J.C.<sup>1</sup>, García Cortés, L.A.<sup>1,2</sup>

1. Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria (INIA). Departamento de Mejora Genética Animal. Ctra de la Coruña km 7.5 MADRID 28040. jcarlos@inia.es
2. Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos (UPM). Departamento de Producción Animal Avda. Complutense s/n MADRID 28040

### **INTRODUCCIÓN**

La importancia de los caracteres de supervivencia, tales como la longevidad, se basa fundamentalmente en la relación inversa entre los costes y el tiempo de vida del animal.

Una evaluación genética conjunta es preferible cuando varios caracteres relacionados genéticamente están incluidos en los objetivos de selección. También es útil para evitar el sesgo debido a la selección de los otros caracteres Damgaard y Korsgaard, (2006) y para mejorar la precisión de los valores mejorantes. Esto es especialmente relevante en caracteres con baja heredabilidad y poco informativos como suelen ser los caracteres de supervivencia (Tarrés *et al.*, 2006). El análisis de supervivencia normalmente utiliza una alta proporción de datos censurados que proporcionan vaga información.

Analizar simultáneamente caracteres de supervivencia y lineales no es trivial dado el problema de definir la distribución conjunta. No está muy claro como la distribución de valor extremo que siguen los residuos de supervivencia pueden ser covariados con los residuos gaussianos de los caracteres lineales. Por ejemplo, Tarrés *et al.* (2006) siguiendo el método de los pseudoregistros, dividen la parte residual del carácter lineal en dos partes, una de ellas correlacionada con la distribución de valor extremo. Por otro lado, Damgaard y Korsgaard (2006) incluyen a un residuo gaussiano dentro de la distribución de Weibull pero obviando cualquier correlación residual con la distribución de valor extremo.

Una forma de expresar la relación entre dos caracteres es la propuesta recientemente por Gianola y Sorensen (2004), usando modelos recursivos donde una de las fuentes de variación viene dada por la inclusión del fenotipo de un carácter en la descripción del otro. Pero este tipo de modelos recursivos necesitan restricciones en los parámetros a estimar para asegurar la identificabilidad, tal y como describen Varona y Sorensen (en prensa).

Los modelos multivariantes que incluyen caracteres de supervivencia y producción no son equivalentes cuando se asume recursividad, como en el caso bivariado con caracteres gaussianos. Considerando el carácter productivo como dependiente del fenotipo del carácter de supervivencia, este mantendrá su distribución gaussiana.

El objetivo del presente estudio es presentar un nuevo acercamiento al problema de la evaluación genética simultánea. Se usan modelos recursivos para analizar el caso bivariado producción-supervivencia. Se lleva a cabo un estudio de simulación para comprobar la bondad del método propuesto.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

La verosimilitud en el modelo bivariado habitual  $f(y, t | \theta)$  puede ser dividida en dos partes.

$$p(\theta|y, t) \propto f(y|t, \theta) f(t|\theta) p(\theta),$$

Con  $\theta$  el vector de las variables a estimar y  $t$  e  $y$ , son los fenotipos de supervivencia y producción respectivamente.

Sin pérdida de generalidad se asume que  $t$  sigue una distribución de Weibull tal que:

$$t|\theta \sim Weibull(\rho, \lambda)$$

donde  $\rho$  y  $\lambda$  son el parámetro de forma y el parámetro de escala respectivamente. El parámetro de escala es explicado por medio de efectos ambientales y genéticos.

$$\lambda = \mathbf{Xb}_\lambda + \mathbf{Zu}_\lambda,$$

El carácter productivo es descrito condicionalmente como:

$$y|t, \theta \sim N(\phi(t) + \mathbf{Xb}_y + \mathbf{Zu}_y + e, I\sigma_e^2),$$

donde la única diferencia con el modelo mixto es  $\phi(t)$ , que es una función recursiva tal que  $\phi(t) = \beta_1 t + \beta_2 t^2$ , permitiendo así una mayor flexibilidad entre el carácter productivo y de supervivencia.

Se simuló una población de 30.000 animales con 10 generaciones no solapadas y 3.000 animales por generación. Siete casos fueron analizados donde la única diferencia fue la correlación genética entre el carácter productivo y de supervivencia, y cuyos valores fueron, 0.9, 0.5, 0.3, 0, -0.3, -0.5 y -0.9. De acuerdo con Ducroq (2005) el parámetro de forma se tomó como  $\rho = 2$ .

Los valores verdaderos de las varianzas genéticas del carácter productivo  $g_{yy}$  y del carácter de supervivencia  $g_{tt}$  fueron 10 y 3, respectivamente.

Se implementó un muestro de Gibbs para hacer inferencias en los parámetros de interés, se usó también un adaptative rejection sampling y las cadenas obtenidas después del burn-in fueron analizadas con el programa BOA (Smith, 2005).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los siete casos propuestos para mostrar la influencia de la covarianza genética en el modelo propuesto están recogidos en el cuadro 1. La varianza genética aditiva  $g_{yy}$  muestra el mismo comportamiento a lo largo de los nueve escenarios propuestos y las estimas son muy similares, el valor estimado se encuentra dentro del intervalo de alta densidad posterior. Las medias posteriores de  $g_{tt}$  tienden al valor verdadero dentro de los intervalos de alta densidad posterior, pero su precisión está claramente influida por la correlación genética. Esta precisión es mayor en los casos de mayor correlación genética debido a la información proveniente del carácter productivo

Cuadro 1: Media posterior(PM), desviación estandar posterior(PSD) e intervalo de alta densidad posterior(HPD), para los componentes de (co)varianza en los siete casos

CASO*	$g_{yy} Y, t$			$g_{tt} y, t$			$g_{yt} Y, t$		
	PM	PSD	HPD[95%]	PM	PSD	HPD[95%]	PM	PSD	HPD[95%]
0,9(4,92)	9,73	0,22	(9,26, 10,21)	2,58	0,36	(2,04, 3,45)	4,72	0,26	(4,20, 5,22)
0,5(2,73)	9,75	0,25	(9,25, 10,24)	2,55	0,62	(1,43, 3,60)	2,73	0,34	(2,03, 3,36)
0,3(1,64)	9,74	0,24	(9,25, 10,24)	2,75	0,61	(1,55, 3,93)	1,65	0,37	(0,89, 2,35)
0(0)	9,73	0,25	(9,21, 10,21)	2,84	0,61	(2,03, 3,99)	-0,07	0,31	(-0,63, 0,62)
-0,3(-1,64)	9,72	0,25	(9,23, 10,22)	2,93	0,66	(1,62, 3,99)	-1,74	0,37	(-2,47, -1,00)
-0,5(-2,73)	9,71	0,25	(9,20, 10,19)	2,93	0,50	(1,97, 3,85)	-2,78	0,35	(-3,47, -2,09)
-0,9(-4,92)	9,68	0,23	(9,22, 10,20)	2,76	0,31	(2,25, 3,59)	-4,96	0,27	(-5,55, -4,39)

\* correlación genética aditiva verdadera y su correspondiente covarianza entre paréntesis

El cuadro 2 muestra la precisión de las distribuciones marginales posteriores de 30.000 valores genéticos aditivos para el carácter de supervivencia. Esta claro que los casos donde la correlación genética es mayor, la precisión en los criterios de selección para supervivencia aumenta. El caso con covarianza genética nula es equivalente a un análisis univariante y tomándolo como referencia se aprecia como con la inclusión del carácter productivo mejora la precisión de las estimas.

Cuadro 2: Precisión en el componente genético aditivo de supervivencia: Varianza marginal(MV) promediada sobre la población total, varianza entre estimadores(VBP) y coeficiente de correlación de Pearson con los verdaderos valores aditivos

Caso	MV	VBP	Correlación
0,9	1,305	1,453	0,718
0,5	1,945	0,546	0,438
0,3	2,349	0,286	0,323
0,0*	2,703	0,167	0,241
-0,3	2,709	0,336	0,329
-0,5	2,255	0,619	0,443
-0,9	1,386	1,622	0,719

\* Equivalente a un análisis unicaracter de supervivencia

El modelo recursivo presentado, lo es en una vía, pero pudiera serlo en dos vías. En general los modelos recursivos pueden ser usados para describir situaciones donde una o mas distribuciones no gaussianas están implicadas.

Independientemente de las similitudes con otras propuestas al mismo problema, el objetivo de este trabajo no fue mejorar la eficiencia de dichos métodos. Creemos que el presente trabajo es una respuesta elegante y flexible al problema de la evaluación genética simultánea de caracteres de supervivencia y producción.

Los códigos escritos en Fortran, que además de los presentado aquí, incluyen datos censurados de supervivencia y estimación de  $\rho$  están disponibles solicitándolas a los autores

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Damgaard, L.H., Korsgaard, I.R. 2006. A bivariate quantitative genetic model for a linear gaussian traits and a survival trait. Gen. Sel. Evol, 38,45-64.
- Ducrocq, V. 2005. An improved model for the French genetic evaluation of dairy bulls on length of productive life of their daughters. Anim Sci, 80,249-246
- Gianola, D., Sorensen, D. 2004. Quantitative genetic models for describing simultaneous and recursive relationships between phenotypes. Genetics,167,1407-1424.
- Tarres, J., Piedrafita, J., Ducrocq, V. 2006. Validation of an approximate approach to compute genetic correlations between longevity and linear traits. Genet. Sel. Evol, 38,65-83.
- Smith, B.J. 2005. Bayesian output analysis program(BOA) user's manual, version 1.1 University of Iowa. Iowa City.
- Varona, L., Sorensen, D., Analysis of litter size and average litter weight in pigs using a recursive model. Genetics . En prensa.

## EVALUACIÓN DEL GEN *FABP2* COMO GEN CANDIDATO PARA LA COMPOSICIÓN DE ÁCIDOS GRASOS EN PORCINO

Estellé, J. <sup>1</sup>, Mercadé, A. <sup>1</sup>, Pérez-Enciso, M. <sup>1,2</sup>, Pena, R.N. <sup>3</sup>, Silió, L. <sup>4</sup>, Sánchez, A. <sup>1</sup>, Folch, J.M. <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193, Bellaterra. <sup>2</sup> Institut Català de Recerca i Estudis Avançats, C/ Lluís Companys 23, 08010, Barcelona. <sup>3</sup> Genètica i Millora Animal, IRTA-Lleida, Av Alcalde Rovira Roure 191, 25198 Lleida. <sup>4</sup> Dpto. Mejora Genética Animal SGIT-INIA, Ctra. De la Coruña Km. 7, 28040, Madrid.

E-mail: [Jordi.Estelle@uab.es](mailto:Jordi.Estelle@uab.es)

### INTRODUCCIÓN

La composición de los ácidos grasos es un factor muy importante para la calidad de la carne y de la grasa en porcino, ya que afecta a factores cruciales como son la ternura o el sabor de la carne. En el 2003, Clop *et al.* realizaron un barrido genómico de QTL para la composición de los ácidos grasos mediante un cruce F2 de cerdo Ibérico por Landrace (cruce IBBMAP) e identificaron QTL significativos en los cromosomas 4, 6, 8 10 y 12. El QTL del cromosoma 8 resultó significativo para el porcentaje de ácidos palmítico (C16:0) y palmitoleico (C16:1[n-9]) y la longitud media de la cadena (ACL) y tenía además un efecto sugestivo para el porcentaje de ácido oleico (C18:1[n-9]).

El gen *Fatty acid binding protein 2, intestinal (FABP2)* se expresa mayoritariamente en el intestino delgado, donde participa en la absorción y transporte de los ácidos grasos de la dieta (Hauerland y Spener, 2004). De acuerdo con Jiang *et al.* (2002), este gen se localizaría dentro del intervalo de confianza del QTL del cromosoma 8 porcino, siendo por tanto un gen posicional y funcionalmente interesante para este QTL.

Los objetivos de este trabajo son evaluar el gen *FABP2* porcino como gen candidato para el QTL de ácidos grasos del cromosoma 8 y realizar un mapeo más fino de la localización del QTL mediante la inclusión de dos nuevos marcadores microsatélite en el genotipado de este cromosoma del cruce IBBMAP.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Tanto la generación del material IBBMAP como los caracteres de composición lipídica analizados están descritos en Pérez-Enciso *et al.* (2000) y Clop *et al.* (2003). En resumen, la población se formó a partir de tres machos Ibérico (línea Guadyerbas) y 31 hembras Landrace que generaron 79 individuos F1 y 369 animales F2. La composición de los ácidos grasos se midió en muestras de grasa dorsal mediante cromatografía de gases. Además, se calculó la longitud media de la cadena (ACL; descrito en Pamplona *et al.*, 1998).

Partiendo de la secuencia de un EST porcino (GenBank AJ241149) de secuencia homónima al gen *FABP2* humano, se diseñaron oligonucleótidos en los exones del gen *FABP2* para amplificar y secuenciar el gen en DNA genómico. Se fueron realizando diseños de oligonucleótidos y secuenciación de los amplicones obtenidos hasta conseguir la secuencia completa del gen *FABP2* (Tabla 1). Para la identificación de polimorfismos, se re-secuenció el gen *FABP2* porcino en los tres machos Ibérico y ocho de las hembras Landrace parentales del cruce IBBMAP.

El genotipado de la mutación *FABP2:g.197T>C* se realizó mediante pyrosecuenciación en un equipo PSQ HS 96 (Pyrosequencing AB, Uppsala, Suecia). Además, se añadieron los genotipos para los microsatélites *S0069* y *S0144* al trabajo de Clop *et al.* (2003) para estimar mejor la posición de los QTL descritos anteriormente en este cromosoma. Los análisis de QTL y de asociación se realizaron mediante los siguientes modelos:

$$\begin{aligned} y_i &= \text{sexo}_i + \text{lote}_i + \beta c_i + P a_i a_{\text{QTL}} + u_i + e_i, & [1] \\ y_i &= \text{sexo}_i + \text{lote}_i + \beta c_i + \lambda_i g + u_i + e_i, & [2] \\ y_i &= \text{sexo}_i + \text{lote}_i + \beta c_i + P a_i a_{\text{QTL}} + \lambda_i g + u_i + e_i, & [3] \end{aligned}$$

donde  $y_i$  representa la medida fenotípica del individuo  $i$ ésimo,  $\beta$  el coeficiente de covariación de  $c_i$  (peso vivo),  $P a_i$  es la probabilidad de ser homocigoto para alelos de origen Ibérico



menos la probabilidad de ser homocigoto para alelos de origen Landrace,  $a_{QTL}$  es el efecto aditivo del QTL,  $u_i$  el efecto genético infinitesimal y  $e_i$  el residuo. En los modelos [2] y [3]  $\lambda_i$  es una variable indicadora con valores 1 o -1 en función del alelo del polimorfismo *FABP2:g.197T>C* recibido y  $g$  es el efecto de cada alelo. No se incluyeron efectos de dominancia en el modelo porque no resultaron significativos. Los análisis de QTL se realizaron en cada cM y los  $P$ -valores nominales se calcularon mediante la aproximación de la  $\chi^2$  para el cociente de verosimilitudes. Todos los análisis estadísticos se realizaron con el programa QxPAK (Pérez-Enciso y Miształ, 2004).

Tabla 1. Oligonucleótidos utilizados en este trabajo para la secuenciación y el genotipado del gen *FABP2* porcino.

Nombre	Secuencia	Uso <sup>a</sup>
FABP2F1	5'-CTGAATCAGCTGGAGACTATGGC-3'	1,2
OLIGO-dT-V <sup>b</sup>	5'-(T) <sub>25</sub> V-3'	2
FABP2INSE	5'-TTCCTCATGTATGGTTCTTTTC-3'	2
FABP2R1	5'-TTCAGTCCGTCTGCGAGG-3'	1,2
FABP2F2	5'-AGAGGAAACTTGCAGCTCAATGAC-3'	1,2
FABP2IN2R	5'-CATGGAAAAGCTAAAAGAGC-3'	2
FABP2IN2F	5'-GCATGATGGTTACCAGCAC-3'	2
FABP2R2	5'-CCCCGATAATTTCTCGGACAG-3'	1,2
FABP2F3	5'-TGTTGGAAAATTTCAACGAGTG-3'	1,2
FABP2R3	5'-TTCCATCTAATTTGTGTTCTGGG-3'	1,2
FABP2PROF3	5'-TGCTTCTCATGTTTTAATTCAGTTGAAT-3'	1,2
FABP2INTR1	5'-TTAGAAGGTGTTAGAGAGAGAAATGTCTG-3'	1,2
FABP2-PFW	5'-GTGGCGGTAAGGATCAAGAAT-3'	3
FABP2-PRV-B	5'-biotin-TTCAGAGAACAGCATGCAAGAGT-3'	3
FABP2-Pyro	5'-ATGGGGGACAGTTCA-3'	4

<sup>a</sup> 1: Reacción de PCR; 2: reacción de secuenciación; 3: PCR para genotipar el polimorfismo *FABP2:g.197T>C*; 4: Reacción de pyrosecuenciación del polimorfismo *FABP2:g.197T>C*; <sup>b</sup> No se usó para re-secuenciar los individuos IBSMAP en la búsqueda de polimorfismos.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La secuencia del gen *FABP2* obtenida, de 3,7 Kb de longitud, concuerda con la secuencia depositada anteriormente en GenBank (DQ126268) pero existen numerosas diferencias nucleotídicas (ninguna se encuentra en los exones; resultados no mostrados). En contraste, sólo se encontraron tres polimorfismos en el intrón 1 al re-secuenciar los tres machos Ibéricos y ocho hembras Landrace de la población IBSMAP: *FABP2:g.197T>C*, *FABP2:g.1283A>T* y *FABP2:g.1419G>A*. Se escogió el polimorfismo *FABP2:g.197T>C*, localizado en el extremo 5' del intrón 1, para genotiparlo en la población IBSMAP y realizar el estudio de asociación con los caracteres de composición de ácidos grasos.

El mapa de ligamiento obtenido para el cromosoma 8 mediante el programa CRIMAP 2.4 fue (en cM): *SW2410* (0.0) – *SW905* (21.6) – *SWR1101* (42.9) – *S0017* (67.1) – *S0069* (79.8) – *S0225* (86.7) – *FABP2:g.197T>C* (90.7) – *S0144* (95.2) – *SW61* (111.5). La posición del gen *FABP2* se sitúa dentro del intervalo de confianza del QTL descrito por Clop *et al.* (2003). Los resultados de ajustar el modelo (1) al SSC8 se muestran en la Figura 1. La posición más verosímil para el QTL es 96 cM, que afecta principalmente al porcentaje de ácido palmitoleico (C16:1[n-9]). Se detectaron también QTL significativos afectando al ácido palmítico (C16:0) y ACL (Tabla 2). Además, se observaron QTL menos significativos para el porcentaje de los ácidos oleico (C18:1[n-9]), vaccénico (C18:1[n-7]) y eicosadienoico (C20:2[n-6]). Al añadir nuevos marcadores (*FABP2:g.197T>C*, *S0069* y *S0144*), se refinó la posición del QTL para C16:1 al intervalo *S0144* – *SW61*; según estos resultados, el gen *FABP2* quedaría de este intervalo. Se observó un perfil bimodal de los valores de significación de los QTL (Figura 1) que podría indicar la presencia de dos QTL; sin embargo, al testar un segundo QTL para C16:1 éste no resultó significativo (resultados no mostrados). La asociación del polimorfismo *FABP2:g.197T>C* con los caracteres estudiados se testó con

el modelo [2]. Tal y como se muestra en la Tabla 2, los *P*-valores fueron más altos que el efecto de los QTL (Modelo [1]), aunque en algunos casos se acercan a la significación (p.e. ACL). En los cruces de tipo F2 se crea un gran desequilibrio de ligamiento que puede sesgar las estimaciones del efecto de un gen candidato, ya que se puede confundir el efecto de un QTL cercano con el del gen candidato. Se usó un test de asociación asistido por marcadores (Zhao *et al.*, 2003), en el que se incluye el efecto de un QTL en el modelo al testar el efecto del gen candidato, para analizar el gen *FABP2* (Modelo [3]). Los resultados obtenidos mostraron que el efecto del QTL seguía siendo significativo al corregirlo por el polimorfismo del *FABP2*, mientras que el polimorfismo no lo era al incluir el QTL en el modelo (Tabla 2).

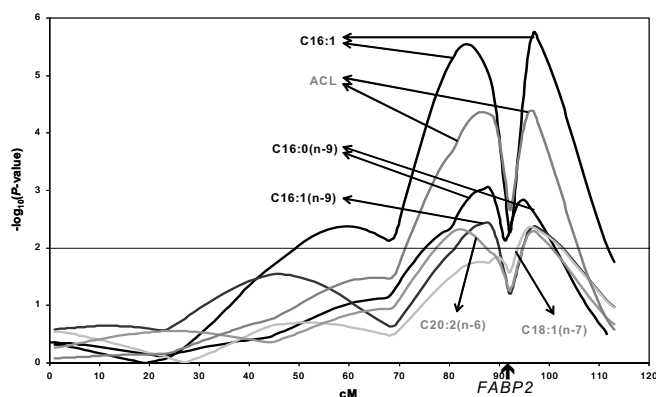


Figura 1. Perfiles del  $-\log_{10}(P\text{-valor nominal})$  de los QTL identificados en el cromosoma 8 de la población F2 IBSMAP mediante el modelo [1]. La línea horizontal en el valor 2 corresponde a un valor de significación de 0,01.

Si bien no se puede descartar que una mutación en regiones reguladoras de la expresión del gen *FABP2* pueda estar involucrada en el QTL, el estudio de asociación indica que el polimorfismo analizado no parece ser el causal. No obstante, el refinamiento de la posición del QTL deberá facilitar la identificación de nuevos genes candidatos, interesantes desde el punto de vista posicional y funcional, y avanzar en la identificación del factor causal de este importante QTL.

Tabla 2. Resultados obtenidos al testar los efectos del QTL y la mutación *FABP2*:g.197T>C con los modelos [1], [2] y [3] de este trabajo.

Carácter	QTL [1]			Asociación <i>FABP2</i> [2]		QTL + Asociación [3] <sup>d</sup>			
	Pos. <sup>a</sup>	<i>P</i> -valor	Efecto (SE) <sup>b</sup>	<i>P</i> -valor	Efecto (SE) <sup>c</sup>	Pos. <sup>e</sup>	QTL+ <i>FABP2</i>	QTL	<i>FABP2</i>
C16:0	88	$9 \times 10^{-4}$	0.311 (0.092)	0.02	0.199 (0.084)	87	$3 \times 10^{-3}$	0.01	0.02
C16:1(n-9)	96	$2 \times 10^{-6}$	0.125 (0.026)	0.08	0.044 (0.025)	96	$2 \times 10^{-6}$	$2 \times 10^{-6}$	0.08
C18:1 (n-9)	86	$4 \times 10^{-3}$	-0.335 (0.114)	0.27	-0.115 (0.105)	96	0.01	$8 \times 10^{-3}$	0.29
C18:1 (n-7)	95	$4 \times 10^{-3}$	0.064 (0.022)	0.14	0.031 (0.021)	95	0.01	$8 \times 10^{-3}$	0.12
C20:2 (n-6)	81	$5 \times 10^{-3}$	-0.038 (0.013)	0.04	-0.027 (0.012)	96	$6 \times 10^{-3}$	0.02	0.03
ACL	95	$4 \times 10^{-5}$	-1.133 (0.271)	0.01	-0.640 (0.247)	96	$8 \times 10^{-5}$	$4 \times 10^{-4}$	0.01

<sup>a</sup> Posiciones de los QTL (en cM); <sup>b</sup> Efecto Ibérico – Landrace; <sup>c</sup> Efecto T – C del polimorfismo *FABP2*:g.197T>C; <sup>d</sup> El modelo incluyó el QTL y el efecto *FABP2*:g.412T>C (cada uno de los efectos se testó omitiéndolo del modelo nulo); <sup>e</sup> Posiciones del QTL estimadas al testar el efecto del QTL corregido por el efecto del polimorfismo *FABP2*:g.197T>C.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Clop *et al.* 2003. *Mammalian Genome* 14:650-656.
- Jiang *et al.* 2002. *Genome* 45:147-156.
- Hauerland y Spener. 2004. *Progress in Lipid Research* 43:328-349.
- Pamplona *et al.* 1998. *Journal of Lipid Research* 39:1989-1994.
- Pérez-Enciso *et al.* 2000. *Journal of Animal Science* 78:2525-2531.
- Pérez-Enciso y Misztal. 2004. *Bioinformatics* 20: 2792-2798.
- Zhao *et al.* 2003. *Mammalian Genome* 14:472-482.

Trabajo financiado por la acción especial INIA CPE03-010-C3 y el proyecto AGF99-0284-CO2-02 del MEC. J. Estellé disfruta una beca FPU del MEC.

## **ESTUDIO DEL GEN DEL RECEPTOR DE PARTÍCULAS LDL PORCINO Y SU ASOCIACIÓN CON NIVELES DE LIPOPROTEÍNAS PLASMÁTICAS**

PENA, R.N.<sup>1</sup>, CANOVAS, A.<sup>1</sup>, NOGUERA, J.L.<sup>1</sup>, DÍAZ, I.<sup>2</sup>, VARONA, L.<sup>1</sup>, QUINTANILLA, R.<sup>1</sup>  
 IRTA,<sup>1</sup> Genètica i Millora Animal. IRTA-Lleida. Rovira Roure, 191, 25198 Lleida; <sup>2</sup>Tecnologia dels Aliments. IRTA-Monells. 17121, Monells, 17121 Monells (Spain),

[romi.pena@irta.es](mailto:romi.pena@irta.es)

### **INTRODUCCIÓN**

La cantidad de colesterol de un organismo se regula por el equilibrio entre el colesterol absorbido a través de la dieta y la excreción del colesterol sobrante en forma de sales biliares (Kruit *et al.*, 2006). Desde el intestino, el colesterol absorbido en la dieta se transporta al resto de los tejidos en quilomicrones. En el hígado, los quilomicrones sobrantes son combinados con la apolipoproteína Apo-B100, dando lugar a lipoproteínas de baja densidad (LDL). Estas partículas LDL son particularmente ricas en ésteres de colesterol y son las principales responsables del transporte de este lípido a los órganos diana. Los receptores de las partículas LDL (LDLR) reconocen y unen las apolipoproteínas Apo-B100. La unión del ligando con su receptor desencadena la entrada del complejo, que es estabilizado mediante la fusión con vesículas ricas en clatrina. Una vez liberados el colesterol y otros lípidos transportados por las partículas LDL, los receptores son reciclados y reconducidos a la membrana citoplasmática.

El gen del LDLR ha estado previamente secuenciado y caracterizado en porcino. Una variante recesiva ha sido asociada a hipercolesterolemia espontánea (Grunwald *et al.*, 1999). Con el objetivo de caracterizar genes relacionados con el transporte del colesterol en porcino hemos identificado nuevas variantes alélicas para este gen y estudiado el efecto de los genotipos de este gen sobre los niveles plasmáticos de colesterol, lipoproteínas y triglicéridos.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

#### **Material animal**

Los animales utilizados en este estudio provienen del cruce de cinco machos Duroc (*Batallé Selección*) con 400 hembras de la misma raza, seleccionando un hijo de cada cerda. Así se obtuvo una población de 385 cerdos castrados distribuidos en cinco familias de medios hermanos. Estos animales fueron controlados en el Centro de Control Porcino (CCP) de IRTA-Monells desde la fase de transición hasta el final del engorde.

#### **Datos fenotípicos**

Se extrajeron dos muestras de sangre de cada animal: una en los días posteriores a su entrada en el CCP (45 días) y otra el día antes del sacrificio (190 días, aproximadamente). Para ambas muestras se midieron las concentraciones plasmáticas de colesterol total (CT), colesterol-LDL (LDL), colesterol-HDL (HDL) y triglicéridos (TG).

#### **Amplificación de las regiones codificantes**

Se diseñaron juegos de *primers* para amplificar la región codificante del gen LDLR a partir de muestras de ARN de hígado porcino. Se llevó a cabo una reacción de retrotranscripción a partir de 0.5-1µg de ARN total, con 1mM de dNTP, 1xTampón de reacción, 1µM de primer Oligo(dT) y 50U de enzima MuMLV (*NEB*) durante 1h a 37°C. Las reacciones de amplificación se realizaron en un termociclador PTC100 (*MJ Research*) en un volumen de 25 µl con tampón x1, 200mM dNTP, 2.0mM MgCl<sub>2</sub>, 400nM de cada primer, 1U de *Taq* polimerasa (*ECOGEN SL*) y 0.5µl de cDNA. El perfil de temperaturas utilizado incluía un primer paso de desnaturalización a 95°Cx5', seguido de 35 ciclos de 95x20", 58°Cx20" y 72°Cx30", terminando con una extensión final de 72°Cx5'.

#### **Identificación de polimorfismos y genotipado**

La secuenciación se llevó cabo directamente sobre el producto amplificado mediante el *BigDye Sequencing Kit v3.1 (Applied Biosystems)*. Las secuencias obtenidas fueron alineadas mediante el programa ClustalW para facilitar la identificación de polimorfismos.

**LDLR\_C1653T:** para su genotipado se diseñó un protocolo de PCR-RFLP utilizando el enzima *Hin1I* que permitía diferenciar los alelos T de los C.

**LDLR\_C1661T:** este polimorfismo fue genotipado mediante un protocolo de discriminación alélica por PCR cuantitativa a tiempo real. Se diseñaron primers y sondas TaqMan específicas para cada alelo, permitiendo la identificación de los animales TT, CC y CT.

### Análisis estadístico

Con el fin de asegurar la normalidad de los datos en todos los casos, se trabajó sobre la transformación logarítmica de las concentraciones plasmáticas de lípidos. Estos datos se modelizaron considerando los efectos de sustitución de los polimorfismos analizados tanto vía macho (en cada familia de hermanos paternos) y vía hembra (a nivel poblacional). Así el modelo de análisis, que se analizó mediante inferencia bayesiana, fue el siguiente:

$$y = Xb + T_S \lambda_S + T_D \lambda_D + e$$

donde **y** es el vector de observaciones fenotípicas; **b** es el vector de efectos sistemáticos, incluyendo el efecto familia, la granja de origen, el lote de engorde y la covariable edad (para HDL1, LDL1 y TG) o peso vivo (para TC2, HDL2, LDL2); **X** es la matriz de incidencia de los efectos sistemáticos;  $\lambda_S$  es el vector de efectos de sustitución vía macho;  $\lambda_D$  es el efecto de sustitución vía hembra; **T<sub>S</sub>** y **T<sub>D</sub>** son las matrices de incidencia aleatorias que relacionan los efectos de sustitución con los fenotipos, y **e** es el vector de efectos residuales.

Se asumió la normalidad de los datos, y distribuciones *a priori* uniformes y acotadas para **b**,  $\lambda_S$ ,  $\lambda_D$  y  $\sigma_e^2$ . La distribución *a priori* de **T<sub>S</sub>** y **T<sub>D</sub>** fueron densidades discretas definidas a partir de la información de los SNPs, de la frecuencia génica poblacional (**p**),  $f(T_S, T_D | G, p)$ , donde **G** es la matriz de genotipos para el SNP. La distribución *a priori* de **p** se asumió uniforme entre 0 y 1.

A partir de la verosimilitud y las distribuciones *a priori* se desarrolló la distribución posterior conjunta de los parámetros desconocidos del modelo, y posteriormente se desarrollaron las distribuciones condicionales posteriores para la implementación del muestreo de *Gibbs* (Gelfand y Smith, 1990). Las distribuciones posteriores marginales se obtuvieron a partir de 20000 iteraciones *Gibbs*, después de descartar las 1.000 primeras.

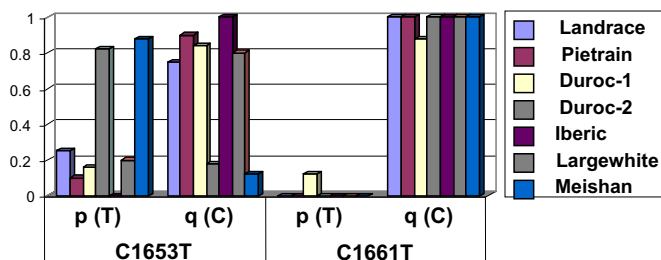
## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Identificación de polimorfismos

El alineamiento de las secuencias obtenidas permitió la identificación de tres nuevos polimorfismos tipo SNP situados en los exones 10 (LDLR\_C1086T) y 13 (LDLR\_C1653T y LDLR\_C1661T). Los dos primeros polimorfismos son silenciosos, mientras que el tercero implica un cambio de residuo de serina a leucina que afecta el dominio extracelular del receptor LDL. En cambio el polimorfismo identificado previamente por Grunwald *et al.* (1999) no fue detectado en ninguna de las muestras secuenciadas.

#### FRECUENCIAS GÉNICAS EN RAZAS PORCINAS

Figura 1. Distribución de las frecuencias génicas para los nuevos alelos del gen LDLR porcino. Duroc-1: población duroc utilizada en el estudio de asociación; Duroc-2: población duroc no relacionada con la anterior.



Se analizó el efecto de sustitución de los alelos ( $\lambda$ ) para los dos polimorfismos genotipados mediante el modelo expuesto en Material y Métodos. Los estadísticos relativos a las distribuciones posteriores obtenidas para los efectos de sustitución de los SNPs C1653T y C1661T se muestran en la Tabla 1. En general, las asociaciones encontradas fueron bastante consistentes entre edades pero no se mantuvieron en todas las familias.

Así, el alelo **C** del polimorfismo sinónimo **C1653T** afectó negativamente los niveles de CT y HDL en ambas edades de la familia del macho 90 y a nivel poblacional. Además, en las muestras tomadas a 45d, se observó un efecto sobre las concentraciones plasmáticas de LDL y TG. En cuanto a la mutación no sinónima **C1661T**, el efecto más claro para el alelo **C** se mantuvo sobre la ratio HDL/LDL y los niveles de colesterol total en la familia del macho 35 y vía hembras.

Queda pendiente estudiar el efecto conjunto de estos polimorfismos mediante un análisis por haplotipos.

Tabla 1. Efecto de sustitución del alelo C ( $\lambda$ ) para los nuevos polimorfismos del gen LDLR porcino en machos (S) y vía hembras (D). **Mean**, Media del efecto de sustitución; **HDI\_95%**, intervalo de densidad máxima al 95%; **D<sub>max</sub> ≠ 0**, probabilidad que la media sea distinta de 0; **I<sub>max</sub>95%** y **I<sub>min</sub>95%** valor máximo y mínimo de distribución del 95% de las probabilidades.

	carácter	$\lambda$	Mean	HDI 95%	D <sub>max</sub> ≠ 0	I <sub>max</sub> 95%	I <sub>min</sub> 95%
<b>C1653T</b>	CT1	S90	-0.0742	-0.17, 0.02	0.94	-0.15	0.01
	CT1	D	-0.0553	-0.14, 0.02	0.92	-0.12	0.01
	HDL1	S90	-0.0786	-0.17, 0.02	0.95	-0.06	0.00
	HDL1	D	-0.0608	-0.14, 0.02	0.94	-0.13	0.01
	LDL1	S90	-0.1272	-0.24, -0.01	0.98	-0.23	-0.03
	LDL1	D	-0.0922	-0.19, 0.00	0.97	-0.17	-0.03
	TG1	S90	0.1306	-0.01, 0.28	0.96	0.01	0.25
	TG1	D	0.1133	0.00, 0.22	0.97	0.02	0.21
	CT2	S90	-0.0784	-0.16, 0.01	0.97	-0.15	-0.01
	CT2	D	-0.0498	-0.12, 0.02	0.93	-0.10	0.01
	HDL2	S90	-0.0733	-0.17, 0.02	0.94	-0.15	0.01
	LDL2	S90	-0.1239	-0.25, 0.00	0.97	-0.23	0.02
	LDL2	D	-0.0996	-0.20, 0.00	0.98	-0.18	-0.02
	HDL2/LDL2	D	0.0903	-0.03, 0.19	0.95	0.00	0.18
<b>C1661T</b>	CT1	S35	0.0685	-0.03, 0.17	0.90	-0.02	0.16
	CT1	D	0.0735	-0.02, 0.17	0.94	-0.01	0.15
	HDL1	S35	-0.1148	-0.22, 0.00	0.98	-0.21	-0.02
	LDL1	D	0.0892	-0.03, 0.20	0.93	-0.01	0.19
	HDL1/LDL1	S41	-0.1360	-0.35, 0.06	0.91	-0.31	0.03
	HDL1/LDL1	S35	-0.0842	-0.20, 0.03	0.92	-0.18	0.01
	CT2	D	0.0487	-0.03, 0.13	0.90	-0.01	0.11
	LDL2	S35	0.1147	-0.02, 0.25	0.95	0.00	0.23
	LDL2	D	0.0961	-0.03, 0.21	0.95	0.00	0.20
	HDL2/LDL2	S35	-0.1144	-0.25, 0.04	0.94	-0.24	0.01
	HDL2/LDL2	D	-0.1003	-0.22, 0.03	0.94	-0.21	0.01

## AGRADECIMIENTOS

Proyecto financiado por el Ministerio de Educación y Ciencia MEC AGL2002-04271-C03-03. RN Pena fue beneficiaria de una ayuda de contratación INIA. Agradecemos al Grupo Batallé su colaboración en la generación del material animal.

## REFERENCIAS

- Kruit JK, Groen AK, van Berkel TJ, Kuipers F. World J Gastroenterol. 2006;12(40):6429-39.
- Garuti R, Jones C, Li WP, Michaely P, Herz J, Gerard RD, Cohen JC, Hobbs HH. J Biol Chem. 2005;280(49):40996-1004.
- Gelfand y Smith. 1990. J. Am. Stat. Assoc. 85: 398-409.
- Grunwald KA, Schueler K, Uelmen PJ, Lipton BA, Kaiser M, Buhman K, Attie AD. J Lipid Res. 1999;40(3):475-85.

## IDENTIFICACIÓN DE GENOTIPOS DE LOS LOCI H-FABP, MC4R Y LEPR EN GANADO PORCINO MEDIANTE PRIMER EXTENSION

Padilla, J. A.<sup>a</sup>, Portilla, J. <sup>a</sup>, Parejo, J. C.<sup>a</sup>, Corral, J.M. <sup>b</sup>, Mateos, S.<sup>a</sup>, Salazar, J. <sup>a</sup>, Izquierdo, M.<sup>b</sup>, Rabasco, A. <sup>a</sup>, Martínez-Trancón, M. <sup>a</sup>, Sansinforiano, M.E. <sup>a</sup>

<sup>a</sup>Dpto Producción Animal y Ciencia de los Alimentos. Facultad de Veterinaria. Universidad de Extremadura. Campus Universitario s/n. 10071. Cáceres. <sup>b</sup>Centro de Investigación La Orden-Valdesequera. Junta de Extremadura. Apdo. 22. 06080. Badajoz. [jpaddilla@unex.es](mailto:jpaddilla@unex.es).

### INTRODUCCIÓN

La industria porcina está adoptando nuevas estrategias para la selección de los animales con objeto de obtener productos de mayor calidad que satisfagan la demanda de los consumidores. Una de las aproximaciones para determinar las bases genéticas de los caracteres de producción y calidad es la detección de mutaciones en genes candidatos y su asociación con caracteres económicos. La identificación de los animales portadores de los mejores genotipos puede incrementar la precisión de la selección y, por tanto, la respuesta obtenida en los Programas de Mejora.

Se han identificado varios genes candidatos relacionados con la cantidad y calidad de carne de porcino. El gen H-FABP codifica una proteína relacionada con el transporte intracelular de ácidos grasos en el músculo esquelético y en la regulación del metabolismo lipídico. Gerbens *et al.* (1999) en Duroc, encontraron una asociación significativa entre tres loci polimórficos A, D y H y el contenido en grasa intramuscular, grasa dorsal y peso corporal. Las sustituciones nucleotídicas C1489T y C1811G de la secuencia del gen H-FABP (intrón 2) (Genbank Y16180) permiten diferenciar entre los alelos A/a y D/d, respectivamente. La sustitución T1324C de la región 5'UTR del gen H-FABP (Genbank X98558), permite diferenciar los alelos H/h.

El receptor 4 de la melanocortina (MC4R) es una de las moléculas relacionadas con la regulación del comportamiento alimentario y el peso corporal. El gen que codifica esta proteína se considera, por tanto, candidato para caracteres de engrasamiento y crecimiento. En este gen, Kim *et al.* (2000) detectaron una sustitución nucleotídica G/A no sinónima (Asp298Asn) (GAU → AAU) localizada en la posición 1426 de la secuencia génica (Genbank AB021664), que ha mostrado una asociación significativa con el espesor del tocino dorsal, el crecimiento y el consumo de alimentos.

Los genes de la leptina (LEP) y su receptor (LEPR) influyen en la regulación del peso corporal regulando el control de la ingesta y la actividad metabólica celular. Se han identificado dos lugares polimórficos en la secuencia del exón 4 del gen LEPR (Genbank AF092422): T221C y una sustitución dinucleotídica T232A y C233T. La sustitución T221C causa un cambio ATG → ACG, de Met → Thr en la secuencia del polipéptido codificado. La sustitución dinucleotídica: T232A y C233T puede crear cuatro codones: TCA (serina); ATA (isoleucina); TTA (leucina); ACA (Threonina). La sustitución T221C no es reconocible por ninguna de las enzimas de restricción disponibles. En la sustitución TC → AT solamente el primer nucleótido (T232A) es reconocible por restricción con Tsp509I (AATT). Esta mutación parece estar asociada con la topografía de la grasa (Mackowski *et al.*, 2005).

En este trabajo describimos un método fiable, basado en la técnica de minisequenciación o "Primer Extensión", para el genotipado simultáneo de los 7 SNPs, anteriormente indicados, que permite diferenciar los polimorfismos T221C y C233T del gen LEPR no reconocibles por restricción y evita los errores de genotipado debidos a digestión parcial de los productos de PCR o a la presencia de heteroduplex en los productos de PCR que les hacen refractarios a la restricción (Suda *et al.*, 2003).

### MATERIAL Y MÉTODOS

Para la verificación del método de identificación de los genotipos se han analizado un total de 295 animales de diversas razas porcinas y de su pariente silvestre el jabalí (Tabla 3). El ADN genómico de cada animal fue extraído utilizando el kit *Perfect gDNA Blood Mini* (Eppendorf AG) a partir de sangre completa en el caso de las razas porcinas y de un lisado hepático en el caso de los jabalíes.

El análisis de los polimorfismos de una sola base (SNP) se ha realizado con la técnica de minisequenciación o 'primer extension' (Syvanen, 1999; Sauer *et al.*, 2000). A partir de las secuencias de los genes FABP3 (Genbank Y16180 y X98558), MC4R (Genbank AB021664) y LEPR (Genbank AF092422) se han diseñado 4 parejas de cebadores (Tabla 1), para obtener los amplicones que contienen los SNPs. Las amplificaciones se realizaron en volúmenes de 25  $\mu$ L, conteniendo 100 ng de ADN genómico, 1,5 mM de MgCl<sub>2</sub>, 0,2 mM dNTPs, 0,4  $\mu$ M de cada cebador, 1 x Buffer de la Taq y 0,5 U de Taq polimerasa (Biotools). Los amplicones se han purificado por incubación con fosfatasa alcalina y exonucleasa I, con el fin de eliminar el exceso de cebadores y dNTPs de la reacción.

La reacción de "primer extensión" se realizó con primers diseñados en las regiones inmediatamente adyacentes a cada uno de los SNP de interés (Tabla 2). Las reacciones de extensión se llevaron a cabo utilizando el kit ABI PRISM<sup>®</sup> SNaPshot Multiplex<sup>™</sup> (Applied Biosystems). Los productos resultantes se purificaron con fosfatasa alcalina y se separaron electroforéticamente con un secuenciador automático ABI Prism 3130. La identificación de los genotipos se realizó mediante el software GeneMapper ver. 3.7.

Locus	Secuencia 5'→3'	Nº de ciclos	Tm °C	Tamaño en pb	Referencia
FABP3AD	F: ATTGCCTTCGGTGTGTTTGAG	5	63	816	Gerbens <i>et al.</i> , 1997
	R: TCAGGAATGGGAGTTATTGG	25	60		
FABP3H	F: CAGCCCAAGAGTGAGTTTCC	30	63	185	Este trabajo
	R: AGGACCAGTCCCTTTCT				
MC4R	F: TTGATTGGGGTCTTTGTGGT	30	60	194	Este trabajo
	R: TTGAAGTTTTCTCAGTTCTTG				
LEPR	F: CTCTTGCCTGCTGGAATCTC	30	60	183	Este trabajo
	R: CCTTCCCTGCAATGTTGTCT				

Tabla 1. Cebadores de PCR utilizados para la obtención de los amplicones.

Todos los cebadores (de PCR y de Extensión) se han diseñado mediante el programa Primer3 v0.3.0 (<http://frodo.wi.mit.edu>) de Rozen y Skaletsky (2000).

Cebador	Secuencia 5'→3'	Nº pb	SNP
FABP3A	GGGACATCTACCCTCTCTCAGGA 3'	23	C1489T
FABP3D	(dAT) <sub>5</sub> -CGCCAACAGTTCTATGGGATG	31	C1811G
FABP3H	(dAT) <sub>8</sub> -CCAGCGGCTTCTTCTCAGAT	37	T1324C
MC4R *	(dAT) <sub>11</sub> A-CGGAGTGCATAAAATCAGGGGAT	45	G1426A
LEPRH1	(dAT) <sub>14</sub> A-GACATGATGAGGCAGTTGTTGAAA	53	T221C
LEPRH2	(dAT) <sub>18</sub> -GGCAGTTGTTGAAACGGAACCTTAAT	61	T232A
LEPRH3*	(dTA) <sub>16</sub> T-TTTTAGAAGATAAGTTTGATAAGTAGGTACCACTT	69	C233T:

Tabla 2. Secuencias de cebadores para los 7 SNPs, con diferentes colas dAT para la separación de fragmentos. \* Cebadores diseñados complementarios a la cadena directa.

Las interacciones entre cebadores (formación de horquillas, homodímeros o heterodímeros) fueron analizadas mediante el programa OligoAnalyzer 3.0 de Integrated DNA Technologies (<http://www.idtdna.com/analyzer/Applications/OligoAnalyzer>).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El método de "primer extensión" ha resultado ser rápido y fiable en la determinación del genotipo de los animales analizados. En una sola reacción se discriminan 7 SNPs relacionados con la cantidad y calidad de la carne en porcino y puede servir para identificar y seleccionar los animales portadores de los genotipos más deseables, sin necesidad de ver su fenotipo. En la figura 1 podemos observar un electroferograma con todas las posiciones variables posibles, obtenido a partir de varios individuos heterocigotos para alguno de los SNPs analizados. Podemos ver que existen 7 regiones perfectamente diferenciadas en cuanto al tamaño de los productos de electroforesis.

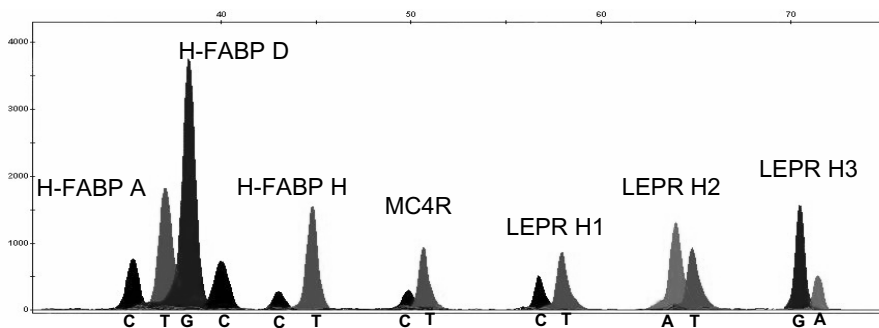


Figura 1. Electroferograma que muestra un genotipo sintético heptaheterocigoto

La tabla 3 muestra las frecuencias alélicas encontradas en las diferentes razas analizadas

Locus	Alelos	SNP	Ibérico n = 179	Duroc n = 63	LWLD n = 24	Jabalí n = 29
H-FABP A	A	C	0.764	0.331	0.896	0.714
	a	T	0.236	0.669	0.104	0.286
H-FABP D	D	C	0.688	0.339	0.521	0.034
	d	G	0.312	0.661	0.479	0.966
H-FABP H	H	T	0.989	0.905	0.875	1.000
	h	C	0.011	0.095	0.125	0.000
MC4R	R	G	0.908	0.500	0.438	1.000
	r	A	0.092	0.500	0.562	0.000
LEPR H1	H1	T	1.000	1.000	0.375	0.293
	h1	C	0.000	0.000	0.625	0.707
LEPR H2	H2	T	1.000	1.000	0.979	1.000
	h2	A	0.000	0.000	0.021	0.000
LEPR H3	H3	C	1.000	1.000	0.979	1.000
	h3	T	0.000	0.000	0.021	0.000

Tabla 3. Frecuencias alélicas encontradas en las razas analizadas.  
LWLD: Large White x Landrace.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Gerbens, F., van Erp, A.J.M., Harders, F.L., Verburg, F.J., Meuwissen, T.H.E., Veerkamp, J.H., te Pas, M.F.W. 1999. Effect on genetics variants of the Heart fatty acid-binding protein gene on intramuscular fat and performance traits in pig. *J. Anim. Sci.* 77:846– 852.
- Kim, K.S., Larsen, N., Short, T., Plastow, G., Rothschild, M.F. 2000. A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. *Mammalian Genome.* 11: 131-135.
- Mackowski, M., Szymoniak, K., Szydłowski, M., Kamyczek, M., Eckert, R., Rozycki, M., Switonski, M. 2005. Missense mutations in exon 4 of the porcine LEPR gene encoding extracellular domain and their association with fatness traits. *Anim. Genet.* 36:135-137.
- Rozen, S., Skaletsky, H.J. 2000. Primer3 on the WWW for general users and for biologist programmers. In: Krawetz, S., Misener, S. (eds) *Bioinformatics Methods and Protocols: Methods in Molecular Biology.* Humana Press, Totowa, N.J., pp 365-386.
- Sauer, S., Lechner, D., Berlin, K., Lehrach, H., Escary, J.L., Fox, N., Gut, I.G. 2000. A novel procedure for efficient genotyping of single nucleotide polymorphisms. *Nucleic Acid Res.*, 28: E13.
- Suda, T., Katoh, M., Hiratsuka, M., Fujiwara, M., Irizawa, Y., Oshimura, M. 2003. Use of real time RT-PCR for the detection of allelic expresion o fan imprinted gene. *Int. J. Mol. Med.*, 12: 243-246.
- Syvanen, A.C. 1999. From gels to chips: "minisequencing" primer extension analysis of point mutations and single nucleotide polymorphisms. *Hum. Mutat.*, 13: 1-10.

Este trabajo es parte del Proyecto PDT05B017. Junta de Extremadura. FEDER.



**QTL PARA DURACIÓN DE LA GESTACIÓN EN CERDAS F<sub>2</sub> IBÉRICO × MEISHAN<sup>1</sup>**Casellas, J.<sup>2</sup>, Varona, L.<sup>3</sup>, Muñoz, G.<sup>4</sup>, Ramírez, O.<sup>2</sup>, Barragán, C.<sup>4</sup>, Tomás, A.<sup>2</sup>, Martínez, M.<sup>3</sup>, Ovilo, C.<sup>4</sup>, Sánchez, A.<sup>2</sup>, Noguera, J.L.<sup>3</sup>, Rodríguez, M.C.<sup>4</sup><sup>2</sup>Departament de Ciència Animal i dels Aliments.

Universitat Autònoma de Barcelona. 08193 Bellaterra (Barcelona).

<sup>3</sup>Genètica i Millora Animal. IRTA-Lleida. 25198 Lleida,<sup>4</sup>Departamento de Mejora Genética Animal. SGIT-INIA. 28040 Madrid.

joaquim.casellas@uab.es

**INTRODUCCIÓN**

La duración de la gestación (**DG**), medida como el intervalo temporal entre la inseminación fecundante y el posterior parto de la cerda, influye significativamente sobre la vitalidad de los lechones al parto y la incidencia de nacidos muertos (Zaleski y Hacker, 1993; Leenhouwers *et al.*, 1999), además de estar genéticamente correlacionada con la supervivencia predestete de los lechones (Knol *et al.*, 2002). Estos resultados, unidos a las heredabilidades obtenidas en estudios recientes ( $h^2=0,3-0,5$ ; Hanenberg *et al.*, 2001; Cassady *et al.*, 2002), sugieren que la selección genética sobre la DG puede representar una opción viable para incrementar la eficiencia de las cerdas en los sistemas productivos actuales. No obstante, desconocemos en gran medida la arquitectura genética de este carácter reproductivo porcino así como las regiones del genoma que regulan su expresión fenotípica. El objetivo de este trabajo fue realizar un análisis del genoma porcino con el objetivo de detectar *Quantitative Trait Loci* (**QTL**) relacionados con la DG.

**MATERIAL Y MÉTODOS****Origen de los datos**

Se analizaron un total de 855 datos de DG procedentes de 249 cerdas F<sub>2</sub> Ibérico × Meishan registrados en la granja *Nova Genètica* (Solsona, Lleida) entre octubre de 2002 y enero de 2005. Esas cerdas se obtuvieron a partir de 8 verracos y 97 cerdas F<sub>1</sub> que, a su vez, descendían de 3 verracos Ibéricos de la variedad Guadyerbos (SIA El Dehesón del Encinar, Toledo) y 18 cerdas Meishan (*Domaine du Magneraud*, INRA, Francia). Las cerdas siguieron un manejo reproductivo estándar y se trasladaron a la sala de maternidad (24 °C) 10 días antes de la fecha prevista de parto.

Se tomaron muestras de tejidos (sangre o cola) de todos los individuos de las generaciones F<sub>0</sub>, F<sub>1</sub> y F<sub>2</sub>, y se genotiparon para 109 *loci* microsatélites y 6 SNP distribuidos a lo largo de los 18 cromosomas autosómicos. Esto proporcionó un intervalo medio entre marcadores de 17,4 cM.

**Modelo de análisis**

Para el análisis de QTL, se tomó como punto de partida el factor de Bayes descrito por Varona *et al.* (2001), comparándose los modelos:

$$\text{Modelo 1} \quad \mathbf{y} = \mathbf{X}_1\mathbf{b} + \mathbf{X}_2\mathbf{q} + \mathbf{Z}_1\mathbf{p} + \mathbf{Z}_2\mathbf{a} + \mathbf{e}$$

$$\text{Modelo 2} \quad \mathbf{y} = \mathbf{X}_1\mathbf{b} + \mathbf{Z}_1\mathbf{p} + \mathbf{Z}_2\mathbf{a} + \mathbf{e}$$

donde **y** es el vector de registros fenotípicos, **X**<sub>1</sub>, **X**<sub>2</sub>, **Z**<sub>1</sub> y **Z**<sub>2</sub> son las matrices de incidencias de los efectos sistemáticos (**b**), del QTL ( $\mathbf{q}' = [\alpha \ \delta]$ ;  $\alpha$ , aditivo;  $\delta$ , dominante), ambientales permanentes (**p**) y genéticos aditivos (**a**), respectivamente, y **e** es el vector de residuos. Las distribuciones *a priori* para la verosimilitud bayesiana, **p** y **a** se asumen normales multivariantes:

$$\text{Modelo 1} \quad p(\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{q}, \mathbf{p}, \mathbf{a}, \sigma_e^2) \sim N(\mathbf{X}_1\mathbf{b} + \mathbf{X}_2\mathbf{q} + \mathbf{Z}_1\mathbf{p} + \mathbf{Z}_2\mathbf{a}, \mathbf{I}\sigma_e^2)$$

$$\text{Modelo 2} \quad p(\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{p}, \mathbf{a}, \sigma_e^2) \sim N(\mathbf{X}_1\mathbf{b} + \mathbf{Z}_1\mathbf{p} + \mathbf{Z}_2\mathbf{a}, \mathbf{I}\sigma_e^2)$$

<sup>1</sup> Estudio financiado por el proyecto AGL2004-08368-C03/GAN.

$$p(\mathbf{p}|\sigma_p^2) \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_p^2)$$

$$p(\mathbf{a}|\mathbf{A}, \sigma_a^2) \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{A}\sigma_a^2)$$

siendo  $\sigma_e^2$  la varianza residual,  $\mathbf{I}$  una matriz identidad,  $\sigma_p^2$  la varianza de ambiente permanente,  $\sigma_a^2$  la varianza genética y  $\mathbf{A}$  la matriz de parentescos. Para los efectos del QTL se asumen distribuciones *a priori* planas entre dos límites definidos:

$$p(\alpha) = 1/2k_\alpha \quad \text{si } \alpha \in [-k_\alpha, k_\alpha] \quad k_\alpha = \sigma_T / \sqrt{0,5}$$

$$p(\delta) = 1/2k_\delta \quad \text{si } \delta \in [-k_\delta, k_\delta] \quad k_\delta = 2\sigma_T$$

y para los restantes parámetros del modelo se asignan *a priori* uniformes. Se testó la presencia de QTL sobre cada cM de los cromosomas autosómicos mediante el factor de Bayes del Modelo 1 respecto el Modelo 2 ( $FB_{1,2}$ ) según la fórmula:

$$FB_{1,2} = \frac{p_1(\mathbf{q} = 0)}{p_1(\mathbf{q} = 0|\mathbf{y})}$$

donde un  $FB_{1,2} > 1$  favorecería al modelo con QTL y un  $FB_{1,2} < 1$  favorecería al modelo sin QTL. Para cada posición del genoma se lanzó una única cadena de 25.000 iteraciones, descartándose las primeras 5.000 (Raftery y Lewis, 1992).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El valor promedio para la DG en nuestro cruce experimental fue de 112,16 ( $\pm 0,08$ ) días, un valor claramente inferior a los 114 días típicamente observados en las poblaciones comerciales (Cassady *et al.*, 2002), y quizá relacionado con el efecto de heterosis inherente en una población  $F_2$ . Las estimaciones modales para los componentes de varianza fueron 0,67 (varianza genética), 1,16 (varianza ambiental permanente) y 3,45 (varianza residual). Estos resultados sugieren un *background* genético moderado ( $h^2 = 0,13$ ), comparable al descrito por Nguyen *et al.* (2006) y claramente inferior a los valores obtenidos por Hanenberg *et al.* (2001) y Cassady *et al.* (2002).

Se detectaron QTL para DG en los cromosomas 6, 8 y 11 (Tabla 1), aunque únicamente el QTL correspondiente al cromosoma 8 alcanzó un factor de Bayes superior a 30. Paralelamente, la inclusión del efecto de dominancia en el análisis no mejoró los factores de Bayes obtenidos (Tabla 2), incluyendo el cero en el intervalo de máxima probabilidad posterior al 95 % en todos los casos (Tabla 1). En el caso del cromosoma 6, el QTL se localizó en el cM 0, justamente en la posición del gen del receptor 1 de la melanocortina (MC1R). Este *locus* está estrechamente relacionado con el color de la capa en cerdos y nunca se ha relacionado con caracteres reproductivos en porcino. En este sentido, resulta imposible determinar si el MC1R es el gen causal de la variabilidad observada en la DG o esta se debe a desequilibrio de ligamiento con otro *locus* localizado fuera de la región analizada.

En el caso del cromosoma 8, el QTL se localizó en el cM 111, cerca del marcador SW61, aunque el factor de Bayes fue mayor que 1 entre los cM 98 y 118. Cabe destacar que el gen BMPR1B, el homólogo porcino del gen *Booroola* ovino, se localiza en el límite del intervalo descrito (cM 118). Se han detectado QTL sugestivos para tamaño de camada y supervivencia prenatal cercanos al marcador SW61 (King *et al.*, 2003), ambos caracteres estrechamente relacionados con la duración de la gestación. Finalmente, se detectó un QTL en el cM 73 del cromosoma 11, localizado entre los marcadores S0071 y SW703. Esta localización coincide con la del QTL putativo descrito por Cassady *et al.* (2001) para el número de lechones nacidos vivos.

Tabla 1. *Quantitative trait loci* para duración de la gestación.

Cromosoma	Posición (cM)	Factor Bayes	Efectos del QTL			
			Aditivo ( $\alpha$ )		Dominante ( $\delta$ )	
			Moda	HPD95	Moda	HPD95
<b>Modelo <math>\alpha^1</math></b>						
6	0	1,87	0,503	0,212 a 0,827		
8	111	31,03	-0,596	-0,899 a -0,294		
11	74	1,65	-0,638	-1,036 a -0,264		
<b>Modelo <math>\alpha+\delta^2</math></b>						
6	0	0,02	0,451	0,153 a 0,922		-0,002 -0,542 a 0,551
8	108	0,17	-0,623	-0,946 a -0,289		-0,022 -0,502 a 0,435
11	74	0,06	-0,669	-1,082 a -0,285		0,414 -0,375 a 1,148

<sup>1</sup>Modelo con el efecto aditivo del QTL (sin efecto de dominancia).

<sup>2</sup>Modelo con el efecto aditivo y de dominancia del QTL.

Tabla 2. Factores de Bayes entre QTL aditivos y QTL aditivos y dominantes.

Cromosoma	FB (aditivo vs. aditivo+dominante)	FB (aditivo+dominante vs. aditivo)
6	93,50	0,01
8	182,53	0,01
11	27,50	0,04

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Cassady, J. P., Jonson, R. K., Pomp, D., Rohrer, G. A., Van Vleck, L. D., Spiegel, E. K., Gilson, K. M. 2001. *J. Anim. Sci.*, 79, 623-633.
- Cassady, J. P., Young, L. D., Leymaster, K. A. 2002. *J. Anim. Sci.*, 80, 2303-2315.
- Hanenberg, E. H. A. T., Knol, E. F., Merks, J. W. M. 2001. *Livest. Prod. Sci.*, 69, 179-186.
- King, A. H., Jiang, Z., Gibson, J. P., Haley, C. S., Archibald, A. L. 2003. *Reprod.*, 68, 2172-2179.
- Knol, E. F., Leenhouwers, J. I., van der Lende T. 2002. *Livest. Prod. Sci.*, 78, 47-55.
- Leenhouwers, J. I., van der Lende, T., Knol, E. F. 1999. *Livest. Prod. Sci.*, 57, 243-253.
- Nguyen, N. H., McPhee, C. P., Wade, C. M. 2006. *Anim. Sci.*, 82, 7-12.
- Raftery, A. E., Lewis, S. M. 1992. Páginas 763-774 en *Bayesian Statistics IV* (Bernardo, J. M., Berger, J. O., Dawid, A. P., Smith, A. F. M.), Oxford University Press, NY.
- Varona, L., García-Cortés, L. A., Pérez-Enciso, M. 2001. *Genet. Sel. Evol.*, 33, 133-152.
- Zaleski, H. M., Hacker, R. R. 1993. *J. Anim. Sci.*, 71, 298-305

## RESULTADOS PRELIMINARES SOBRE LA VARIABILIDAD DE LAS RESERVAS CORPORALES EN CERDAS REPRODUCTORAS CHINO-EUROPEAS

Alfonso, L.<sup>1</sup>, Arzo, A.<sup>1</sup>, Viguera, J.<sup>2</sup>, Flamarique, F.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Dep. Prod. Agraria, Univ. Páb. Navarra, 31006 Pamplona, leo.alfonso@unavarra.es

<sup>2</sup> Imasde Agropecuaria, S.L., 28224 Madrid, jviguera@e-imasde.com

<sup>3</sup> GENE+ Ibérica S.L, 31192 Tajonar, f.flamarique@grupoan.com

### INTRODUCCIÓN

Las reservas corporales, y su movilización durante el ciclo reproductivo, están relevantemente relacionadas con la eficiencia de las cerdas reproductoras, tanto en términos relativos a la propia cerda (fertilidad, prolificidad y longevidad productiva), como a sus camadas (supervivencia y ganancia de peso de los lechones). Por ello es habitual trabajar con valores de referencia, empíricamente establecidos, sobre la condición corporal óptima de las cerdas según su estado fisiológico, edad y tipo genético, modificando el manejo alimentario (cantidad, frecuencia, presentación, composición,...) y la relación edad-desarrollo corporal a la primera cubrición (p.ej. Dourmad *et al.*, 2001). Los programas de mejora no han venido considerando la condición corporal de las cerdas de forma directa pero se ha empezado a discutir el interés de tenerla en cuenta (p.ej. Grandinson *et al.*, 2005). A partir de los datos de un proyecto sobre manejo alimentario en cerdas hiperprolíficas chino-europeas, en este trabajo se analiza la variabilidad de distintas medidas de las reservas corporales, considerando su evolución a lo largo de todo el ciclo reproductivo, y estudiando la importancia de su determinismo genético.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizan datos de peso y estado de engrasamiento, obtenidos mediante ecografía, procedentes de un proyecto aún no finalizado orientado a la mejora de la productividad de cerdas de una línea hiperprolífica chino-europea (*Taizumu* y *Youli*) mediante distintas estrategias de manejo alimentario. El tipo genético *Taizumu* se creó hace más de diez años mediante selección de los descendientes del cruce de cerdas Meishan y Jiaying con verracos de una línea de Large White hiperprolífico. Las cerdas *Youli* se obtienen mediante cruce de cerdas *Taizumu* con machos de una línea Landrace hiperprolífico, para producir cerdas híbridas para granjas de producción por cruzamiento con machos Large White hiperprolíficos.

En el momento de realizar este trabajo se disponía de los datos de 1783 controles de engrasamiento y peso realizados en una explotación ubicada en Navarra, en seis estados fisiológicos (cubrición, 1/4, 1/2 y 3/4 de gestación, parto y destete) de 402 ciclos reproductivos (no siempre finalizados) de 221 cerdas de tipo genético *Taizumu* (n=86) y *Youli* (n=135). El control de engrasamiento se realizó capturando dos ecografías en el punto P2 (a derecha e izquierda de la línea media, a la altura de la última costilla mediante ecógrafo Medison Sonovet 2000 con sonda lineal de 2.5-5.0MHz y 17cm) y obteniendo posteriormente por análisis de imagen (software ImageJ, <http://rsb.info.nih.gov/ij/>) el espesor de grasa dorsal total y de cada una de las tres capas distinguibles en esos tipos genéticos (media de ambas ecografías). Se consideran por tanto los siguientes caracteres relacionados con las reservas corporales: peso vivo, espesores de grasa total, capa externa, media e interna. Todas las cerdas controladas disponían de genealogía conocida procediendo de un total de 38 padres y 133 madres.

Tras un primer análisis realizado para establecer qué factores fijos tener en cuenta para cada carácter, se estimó la varianza asociada a los padres de las cerdas controladas mediante un modelo que incluía como factores fijos el tipo genético (2 clases), la banda de manejo (7 clases; no significativo para peso vivo), el ordinal de parto (4 clases: 1º, 2º, 3º, ≥4º) y la edad (covariable jerarquizada al ordinal de parto) (estos dos últimos no significativos para engrasamiento), y como aleatorios la cerda y su padre. El análisis se realizó independientemente para cada carácter y estado fisiológico (procedimiento Varcomp, SPSS Inc.)

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados muestran la existencia de una importante variabilidad fenotípica, tanto en peso vivo como en espesor de grasa, a lo largo de todo el ciclo reproductivo (Figura 1). Una parte relevante de esa variabilidad parece ser de tipo genético dada la variabilidad observada entre padres. Se observa que la variabilidad es mayor para el estado de engrasamiento que para el peso vivo, lo que coincidiría con lo indicado por los escasos valores de heredabilidad conocidos, 0.5 para grasa y 0.2 para peso en el momento del parto (Grandison *et al.*, 2005). En la interpretación de estos resultados hay que tener en cuenta que corresponden a las cerdas chino-europeas analizadas bajo las condiciones de manejo y alimentación de la única explotación considerada, habiéndose observado pesos y engrasamientos relevantemente menores en otras explotaciones (Sourdioux, com. pers.).

Al analizar por separado las distintas capas que forman el tejido adiposo subcutáneo se observan importantes diferencias entre ellas. Se observa que la capa externa presenta una variabilidad muy baja, tanto fenotípica como entre padres, pese a que su valor medio supone una proporción importante de todo el espesor de grasa. Los valores medios de las capas media e interna son superiores y semejantes entre sí. Trabajando con cerdas nulíparas de la misma línea, ya se ha observado con anterioridad que la movilización de reservas se produce básicamente en las capas media e interna, explicando cada una de ellas, por ejemplo entre el parto y el destete, aproximadamente un 40% de la movilización. No obstante, la variabilidad de ambas capas difiere, siendo claramente superior la de la capa media. Es posible que la capa media juegue un papel más importante en la movilización de reservas, dado que su variabilidad se relaciona claramente con la variación del tamaño de sus adipocitos, a diferencia de lo que sucede en las otras capas, especialmente en la externa (Mendizabal *et al.*, 2007). Por otra parte, en cerdos en crecimiento de otros tipos genéticos también se ha visto que la capa media es la que presenta mayor variabilidad (Alfonso *et al.*, 2005), pese a que no parecen existir importantes diferencias en los valores de heredabilidad (Newcom *et al.*, 2005).

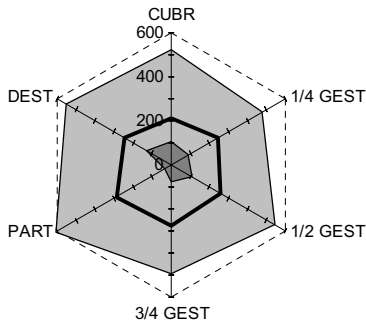
A modo de resumen, en primer lugar se puede decir que existe un margen probable de actuación genética sobre las reservas corporales de las cerdas reproductoras de la línea chino-europea analizada, y en segundo lugar que en esas cerdas se puede tener una mejor descripción del balance energético del ciclo reproductivo, si se considera cada capa por separado; las posibilidades de actuación genética parecen ser escasas, sobre la capa externa pero importantes sobre las capas media e interna, especialmente sobre la media. Estos resultados se deberán confirmar no obstante mediante una completa estimación de parámetros genéticos si se dispone de suficiente información al finalizar el proyecto.

### Agradecimientos:

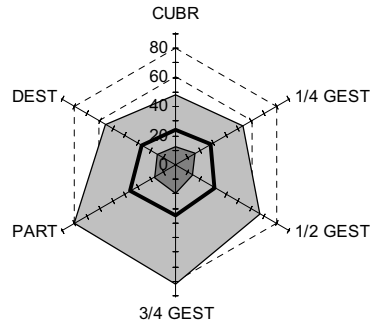
El ensayo fue financiado por el Centro para el Desarrollo Tecnológico e Industrial –CDTI– (proyecto nº 05-0453), por el Ministerio de Industria, Turismo y Comercio (Proyecto PROFIT nº FIT-060000-2006-12) y por el Gobierno de Navarra (Proyecto nº IIP08628.R11).

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

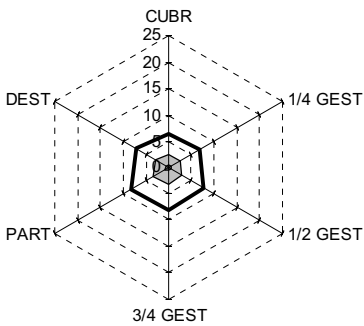
- Alfonso, L., Mourot, J., Insausti, K., Mendizabal, J.A., Arana, A. 2005. Anim. Res. 54: 33-42.
- Dourmad, J.Y., Etienne, M., Noblet, J. 2001. INRA Prod. Anim., 14, 41-50.
- Grandinson, K., Rydhmer, L., Strandberg, E., Solanes, F.X. 2005. Anim. Sci. 80: 33-40.
- Mendizabal, J.A., Abadía, S., Abaurrea, E., Alfonso, L., 2007. XII Jor. Prod. Anim. Zaragoza.
- Newcom, D.W., Baas, T.J., Schwab, C.R., Stalder, K.J. 2005. J. Anim. Sci. 83: 316-323.



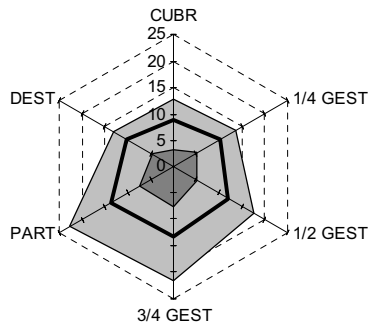
<b>Peso vivo (kg)</b>	$\sigma^2_s$	$\sigma^2_p$	$\mu$
CUBR	108.2	526.4	212.2
1/4 GEST	91.0	475.9	242.4
1/2 GEST	106.9	538.8	261.5
3/4 GEST	74.5	491.8	278.8
PART	35.7	608.3	287.6
DEST	131.9	545.2	240.1



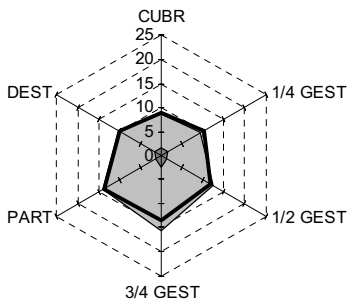
<b>Espesor total grasa (mm)</b>	$\sigma^2_s$	$\sigma^2_p$	$\mu$
CUBR	12.4	47.2	24.1
1/4 GEST	15.3	53.2	27.2
1/2 GEST	12.9	66.2	31.4
3/4 GEST	19.4	81.0	34.6
PART	16.5	79.4	35.6
DEST	14.5	54.3	27.0



<b>Espesor capa externa (mm)</b>	$\sigma^2_s$	$\sigma^2_p$	$\mu$
CUBR	0.5	2.4	6.4
1/4 GEST	0.5	2.5	6.9
1/2 GEST	0.4	2.8	7.5
3/4 GEST	0.5	3.3	8.0
PART	0.6	3.5	8.2
DEST	0.6	2.8	7.0



<b>Espesor capa media (mm)</b>	$\sigma^2_s$	$\sigma^2_p$	$\mu$
CUBR	3.3	12.7	8.8
1/4 GEST	5.2	13.8	10.2
1/2 GEST	5.2	17.6	11.9
3/4 GEST	7.5	21.6	13.2
PART	7.4	22.5	13.7
DEST	4.7	13.0	10.0



<b>Espesor capa interna (mm)</b>	$\sigma^2_s$	$\sigma^2_p$	$\mu$
CUBR	1.6	8.5	8.9
1/4 GEST	1.6	9.5	10.2
1/2 GEST	1.3	12.5	11.9
3/4 GEST	2.3	15.5	13.3
PART	1.4	14.0	13.7
DEST	1.7	10.2	9.9

Figura 1. Varianza fenotípica ( $\sigma^2_p$ ) □, varianza entre padres ( $\sigma^2_s$ ) ■ y media del carácter ( $\mu$ ) —; estimaciones para peso vivo, espesor de grasa total y espesores de las capas externa, media e interna, en distintos momentos del ciclo reproductivo (CUBR: cubrición; 1/4 GEST: cuarta semana de gestación; 1/2 GEST: octava semana de gestación; 3/4 GEST: decimosegunda semana de gestación; PART: parto; DEST: destete).

**METODOLOGÍA PARA EL ESTUDIO *IN VITRO* DE FACTORES QUE AFECTAN A LA EXPRESIÓN DE GENES MARCADORES DE LA ADIPOGÉNESIS: MUESTRAS INDIVIDUALES vs. MEZCLA DE INDIVIDUOS**

Arana, A., Soret, B., Martínez, P., Egozcue, J., Alfonso, L.  
Dep. Prod. Agraria, Univ. Púb. Navarra, 31006 Pamplona, aarana@unavarra.es

**INTRODUCCIÓN**

Es bien conocida la existencia de importantes diferencias entre especies en cuanto al desarrollo y metabolismo del tejido adiposo. Por ello, a pesar de que la adipogénesis y su regulación se han estudiado de forma extensiva en humanos y en algunos animales de granja como en la especie porcina, es de interés investigar las características y factores que influyen en el desarrollo de este tejido en otras especies como los animales rumiantes. Así, en este trabajo utilizamos el ovino como modelo para estudiar a nivel molecular el efecto de ácido retinoico (RA) sobre la diferenciación de preadipocitos. El RA se ha descrito como inhibidor de este proceso en otros modelos experimentales (Xue *et al.*, 1996; Kawada *et al.*, 2000, Brandebourg, 2005) aunque su efecto en el tejido adiposo de rumiantes no está bien descrito. La aproximación experimental que utilizamos para poder llevar a cabo ese estudio es el cultivo primario de adipocitos y el análisis de la expresión génica mediante la técnica que combina la retrotranscripción a partir de RNA y la reacción en cadena de la polimerasa (RT-PCR) a tiempo real, método que está confirmado como muy sensible, eficiente, rápido y reproducible.

Sin embargo, los trabajos de expresión de RT-PCR en tiempo real muestran una importante variabilidad asociada al muestreo de las células utilizadas. Esa variabilidad, unida a la dificultad de trabajar con experimentos de gran tamaño, dificulta contrastar hipótesis experimentales sobre factores que diferencialmente afecten a la expresión génica. Un ejemplo es el estudio del efecto del ácido retinoico sobre la inhibición de la expresión de los genes implicados en la diferenciación de los preadipocitos en ovino (Martínez *et al.*, 2006). Al igual que se ha trabajado haciendo mezclas de muestras obtenidas en distintas zonas de un mismo tumor para diferenciar tipos de cáncer superando la heterogeneidad existente entre muestras (Blackhall *et al.*, 2004), partimos de la hipótesis de que la heterogeneidad existente entre animales puede superarse trabajando con una mezcla de células precursoras procedentes de diferentes animales. Por ello, se plantea como objetivo de este trabajo comparar los resultados obtenidos al cultivar células de distintos corderos por separado *versus* cultivos de células mezcladas de distintos corderos, considerando un mismo tamaño experimental.

**MATERIAL Y MÉTODOS**

Se han utilizado células procedentes del depósito omental de tres corderos. Una vez tomadas las muestras tras el sacrificio de los animales, se procedió a la digestión del tejido adiposo con collagenasa para obtener las células de la fracción estromovascular. Dichas células se mantuvieron en una estufa de cultivo (5% CO<sub>2</sub> en aire, 37°C) con medio de cultivo que permite su proliferación (M199 con 20% New born calf serum) y tras alcanzar la fase de confluencia se indujo su diferenciación en preadipocitos cambiando el medio de cultivo por DMEN-F12 con insulina 1.6 µg/ml, triiodotironina 2nM, dexametasona 10nM, rosiglitazona 10<sup>-7</sup>M y all trans retinoic acid 10<sup>-6</sup>M. Se tomaron extractos para análisis de expresión génica el día que se inicia la diferenciación y los días 2, 5 y 7. Se cultivaron de forma simultánea las células procedentes de cada uno de los tres animales así como tres réplicas de una mezcla de células de los tres corderos (pooles), de forma que de cada experimento se dispuso de 48 datos de expresión: 3 unidades experimentales, 4 días, 2 tratamientos y 2 repeticiones.

Los genes de elección para estudiar el efecto del RA sobre la diferenciación de los preadipocitos fueron: *CCAAT Enhancer Binding Protein α* (*C/EBPα*, factor de transcripción clave para el inicio de la adipogénesis), *Lipoprotein lipasa* (*LPL*) y *Acetyl CoA carboxylasa* (*ACACA*), enzimas clave del metabolismo lipídico. El gen utilizado como control endógeno fue la ciclofilina. Los valores de expresión de cada gen se obtuvieron promediando los valores de las dos muestras repetidas para cada unidad experimental. Posteriormente se normalizaron, siguiendo el método 2<sup>-ΔΔCT</sup> (Livak y Schmittgen, 2001), respecto a los valores

de ciclofilina y relativos al día 0 de cultivo. El modelo utilizado para analizar por separado los datos de los dos ensayos (datos individuales y datos mezclados) fue el siguiente:  $y_{ijk} = \mu + trat_i + día_j + ani - pool_k + e_{ijk}$  siendo  $y_{ijk}$  el valor  $2^{-\Delta\Delta Ct}$  del animal o pool  $k$  ( $k=1,2,3$ ; considerado aleatorio), sometido al tratamiento  $i$  ( $i=1,2$ , para los tratamientos control y retinol; considerado fijo) y analizado el día  $j$  ( $j=1,2,3$ , para los días 2, 5 y 7 de cultivo; considerado fijo). Con ese modelo, se obtuvo la significación del factor *trat*, así como la diferencia entre sus dos niveles (Retinol menos Control). Dado que en trabajos previos con más cantidad de datos se ha observado cierta falta de normalidad, básicamente asociada a la falta de asimetría, también se analizaron los datos (i) transformados a la escala logarítmica ( $\log_{10}$ ) utilizando el mismo modelo, y (ii) en la escala original pero mediante pruebas no paramétricas (prueba Wilcoxon-Mann-Whitney).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados recogidos en la Figura 1 muestran la elevada variabilidad que existe en la expresión medida en distintos animales para los tres genes. También se observa que la variabilidad es menor cuando se usan mezclas y que la heterogeneidad en el perfil de la expresión es menor, luego parece que se cumple la hipótesis de partida. La comparación de la evolución del nivel de expresión génica de los marcadores estudiados en el curso de la diferenciación entre tratamientos (Retinol vs Control) indica, tanto para los resultados obtenidos con los corderos individuales como para la mezcla, que el retinol tiene un papel inhibitorio de la expresión de los tres genes, de la misma forma que se ha observado en otras especies (Brandebourg y Hu, 2005). No obstante, la heterogeneidad de los resultados entre animales (que no entre pooles) dificulta llegar a esta conclusión.

Si nos atenemos a los resultados del análisis estadístico de los datos (Tabla 1), podemos ver como la elevada variabilidad existente entre la expresión en distintos animales impide obtener estimaciones significativas del efecto del retinol en el experimento que trata individualmente a los animales. Sin embargo, ese efecto sí se puede considerar estadísticamente significativo trabajando con mezcla de animales. Las estimaciones del efecto son semejantes pero el error estándar es relevantemente inferior en el experimento pool. Estos resultados se confirman al trabajar con datos transformados y pruebas no paramétricas, como puede observarse en la Tabla 2.

En definitiva, trabajar con mezcla de animales puede ser una alternativa para aumentar la potencia estadística de un experimento de tamaño establecido. En este trabajo, con tal solo un pequeño experimento, se ve como es posible revelar el papel inhibitorio del RA sobre el factor de transcripción C/EBP $\alpha$  y los genes de las enzimas ACC, LPL. Pese a todo, hay que tener en cuenta que la unidad de inferencia cambia y cuando se trabaja con mezclas se pierde la información referente a las peculiaridades de cada animal que en determinados estudios puede ser de interés, como podría ser el caso en el que se considere información fenotípica y/o familiar.

**Agradecimientos:** Trabajo financiado por MCYT (AGL2003-02806)

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Blackhall F.H., Pintilie M., Wigle D.A., Jurisica I., Liu N., Radulovich N., Johnston M.R., Keshavjee S., Tsao M.S., 2004. *Neoplasia* 6(6):761-7.
- Brandebourg T.D., Hu C.Y., 2005. *J. Anim. Sci.* 83:98–107.
- Kawada T., Kamei Y., Fujita A., Hida Y., Takahashi N., Sugimoto E., Fushiki T., 2000. *Biofactors* 13:103–109.
- Livak K.J., Schmittgen T.D., 2001. *Methods* 25:402-408.
- Martínez P., Arana A., Encío I., Alfoso L., Soret B., 2006. Joint Annual Meeting ASAS-ADSA, USA.
- Xue J.C., Schwarz E.J., Chawla A., Lazar M.A., 1996. *Mol.Cell.Biol.* 16: 1567–1575.



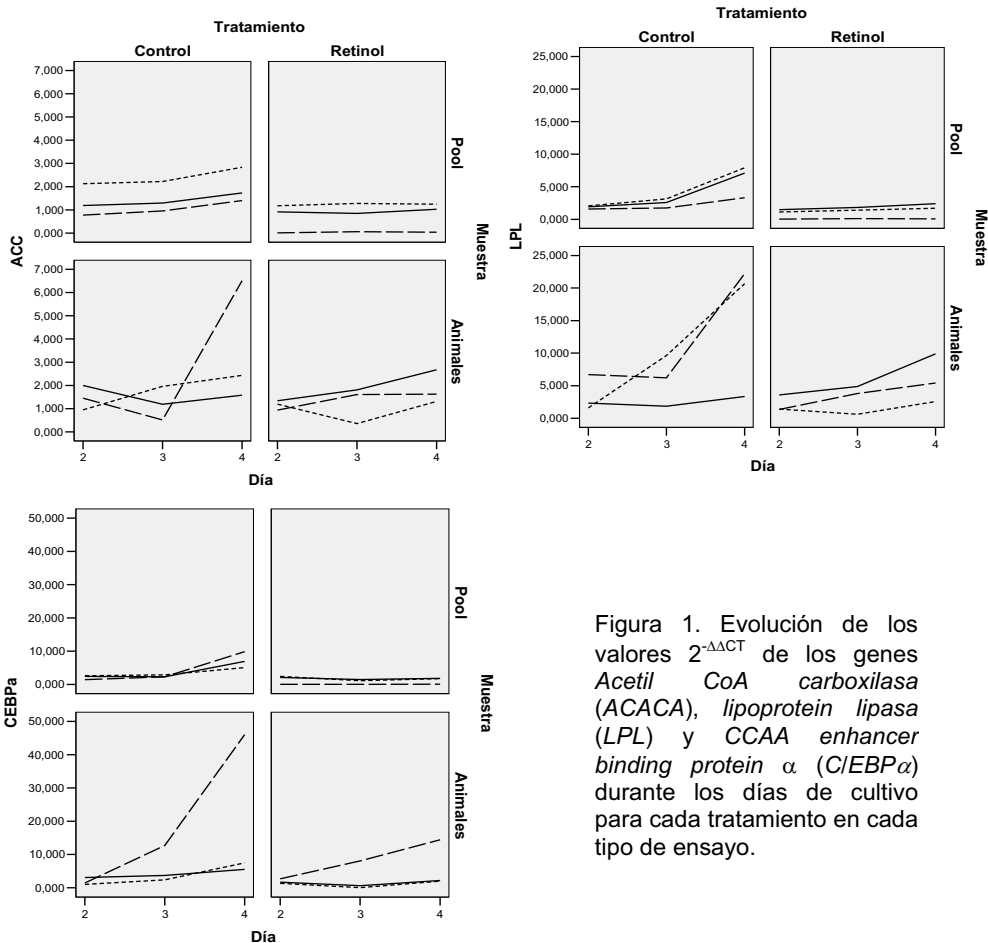


Figura 1. Evolución de los valores  $2^{-\Delta\Delta CT}$  de los genes *Acetil CoA carboxilasa (ACACA)*, *lipoprotein lipasa (LPL)* y *CCAA enhancer binding protein  $\alpha$  (C/EBP $\alpha$ )* durante los días de cultivo para cada tratamiento en cada tipo de ensayo.

Tabla 1. Resultado del análisis de los datos  $2^{-\Delta\Delta CT}$  en escala original para los genes *Acetil CoA carboxilasa (ACACA)*, *lipoprotein lipasa (LPL)* y *CCAA enhancer binding protein  $\alpha$  (C/EBP $\alpha$ )*.

Gen	Efecto del retinol ( $\pm$ s.e.) <sup>1</sup>		Significación	
	Animal	Pool	Animal	Pool
ACACA	-0.64 ( $\pm$ 0.59)	-0.88 ( $\pm$ 0.11)	0.298	0.000
LPL	-4.56 ( $\pm$ 2.46)	-2.35 ( $\pm$ 0.60)	0.089	0.002
C/EBP $\alpha$	-5.59 ( $\pm$ 3.99)	-2.78 ( $\pm$ 0.90)	0.186	0.009

(<sup>1</sup>) Valor del tratamiento con retinol menos el tratamiento control

Tabla 2. Significación del efecto del retinol analizando datos transformados [ $\log_{10}(2^{-\Delta\Delta CT})$ ] y pruebas no paramétricas (Wilcoxon-Mann-Whitney) para los genes *Acetil CoA carboxilasa (ACACA)*, *lipoprotein lipasa (LPL)* y *CCAA enhancer binding protein  $\alpha$  (C/EBP $\alpha$ )*.

Gen	Datos transformados		Prueba no paramétrica	
	Animal	Pool	Animal	Pool
ACACA	0.376	0.004	0.508	0.012
LPL	0.109	0.001	0.200	0.003
C/EBP $\alpha$	0.053	0.004	0.171	0.003

## ESTUDIO DEL DETERMINISMO GENÉTICO DE LA EFICIENCIA ALIMENTARIA INDIVIDUAL EN UNA POBLACIÓN DUROC

Ibáñez-Escriche, N.<sup>1</sup>, Soler, J.<sup>2</sup>, Varona, L.<sup>1</sup>, Reixach, J.<sup>3</sup>, Tibau, J.<sup>2</sup>, Quintanilla, R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Genética y Mejora Animal, IRTA-Lleida, 25198 Lleida.

<sup>2</sup>Control Porcí, IRTA, 17121 Monells.

<sup>3</sup>Selección Batallé S.A., 17421 Riudarenes.

[noelia.ibanez@irta.es](mailto:noelia.ibanez@irta.es)

### INTRODUCCIÓN

La mayor parte de los costes de producción porcina proceden de la alimentación, por lo que la optimización de la eficiencia en la utilización de los recursos alimentarios se dibuja como uno de los objetivos principales en la producción porcina. La eficiencia biológica en el aprovechamiento del alimento consumido por un animal respecto a su crecimiento se ha venido estimando habitualmente mediante el índice de conversión, siendo éste el cociente entre el alimento consumido y la ganancia de peso.

Rauw *et al.* (2000, 2002) han descrito un procedimiento que permite comparar líneas genéticas en términos de la eficiencia para destinar la energía y los nutrientes ingeridos a mantenimiento corporal, crecimiento y reservas para hacer frente a las situaciones de enfermedad o estrés. Recientemente, Piles y Varona (2006) han implementado en datos de conejo un método bayesiano basado en esta estrategia. El objetivo del presente trabajo consiste en estudiar la variabilidad y el determinismo genético de la utilización individual de los recursos alimentarios para mantenimiento y crecimiento en porcino, utilizando el procedimiento descrito por Piles y Varona (2006).

### MATERIAL Y MÉTODOS

#### Material animal

El material animal consistió en 370 machos castrados de una línea comercial Duroc, pertenecientes a 5 familias de medio-hermanos paternos y procedentes de 3 granjas distintas. Distribuidos en 4 lotes, los 370 lechones se enviaron al Centre de Control Porcí (CCP-IRTA) a una edad de 22 días de vida, y entraron en la fase de cebo sobre los 63 días de vida, distribuidos en 10 boxes por lote. Durante el periodo de engorde los animales fueron alimentados *ad libitum* con pienso comercial. Durante todo el periodo de cebo se controló periódicamente el peso y espesor de grasa de los animales (aproximadamente a 80, 100, 120, 140, 160, 180 días de edad y el día anterior al sacrificio) y se registró la ingesta diaria de pienso mediante el sistema de alimentación automático con control individualizado de la ingesta disponible en CCP.

A partir de los registros de ingesta diaria y los pesos individuales, se calculó la ingesta de cada animal en periodos de 15 días, así como el peso medio del animal en cada uno de estos periodos.

#### Análisis estadístico

El análisis se basó en el esquema jerárquico de Wakefield *et al.* (1994), y su extensión a modelos con componentes genéticos aditivos (Varona *et al.*, 1997). El modelo del "primer plano" de este análisis fue el siguiente:

$$y_{ij} = a_i + b_i \times P_{ij}^{0.75} + d_i \times G_{ij} + e_{ij}$$

donde:

$y_{ij}$  es la ingesta individual del animal  $i$  en el periodo  $j$ ;

$a_i$  es el término independiente para el animal  $i$ ;

$P_{ij}^{0.75}$  son el peso metabólico medio del individuo  $i$  en el periodo  $j$ , estimado a partir del peso vivo;

$G_{ij}$  es la ganancia de peso del individuo  $i$  en el periodo  $j$ ;

$b_i$  y  $d_i$  son los coeficientes individuales de regresión parcial de la ingesta sobre el peso metabólico y sobre la ganancia de peso respectivamente;

$e_{ij}$  es el efecto residual (ingesta residual).

El modelo asume normalidad de los datos, independencia de los residuos y homogeneidad de varianzas residuales a lo largo de todos los periodos.

En el “segundo plano” del análisis, los coeficientes individuales de regresión ( $\mathbf{b}$  y  $\mathbf{d}$ ) se asumen distribuidos según una normal bivalente, considerando para cada uno de los coeficientes de regresión: efectos sistemáticos ( $\beta_b$  y  $\beta_d$ ; granja de origen y lote de engorde), efectos genéticos aditivos ( $\mathbf{u}_b$  y  $\mathbf{u}_d$ ) con matriz de (co)varianzas  $\mathbf{G}$ , efecto aleatorio del box ( $\mathbf{p}_b$  y  $\mathbf{p}_d$ ) con matriz de (co)varianzas  $\mathbf{P}$ , y efectos residuales con matriz de (co)varianzas  $\mathbf{R}$  dentro de individuo. De este modo:

$$(\mathbf{b}, \mathbf{d} \mid \beta_b, \beta_d, \mathbf{u}_b, \mathbf{u}_d, \mathbf{p}_b, \mathbf{p}_d, \mathbf{G}, \mathbf{R}, \mathbf{P}) \sim N \left( \begin{array}{l} \mathbf{X}\beta_b + \mathbf{Z}\mathbf{u}_b + \mathbf{W}\mathbf{p}_b \\ \mathbf{X}\beta_d + \mathbf{Z}\mathbf{u}_d + \mathbf{W}\mathbf{p}_d \end{array}, \mathbf{R} \otimes \mathbf{I} \right)$$

$$\left( \begin{array}{l} \mathbf{u}_b \\ \mathbf{u}_d \end{array} \mid \mathbf{G} \right) \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G} \otimes \mathbf{A}) ; \quad \left( \begin{array}{l} \mathbf{p}_b \\ \mathbf{p}_d \end{array} \mid \mathbf{P} \right) \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{P} \otimes \mathbf{I})$$

Asimismo, los residuos del “primer plano” del modelo se asumen independientes de los residuos del “segundo plano” del modelo. Los efectos sistemáticos, y los componentes de (co)varianza del modelo se asumieron a priori uniformes y acotados (Press,1989). Las distribuciones marginales posteriores cada uno de los parámetros se estimaron mediante muestreo de Gibbs (Casella y George, 1992).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el presente trabajo, se han considerado los coeficientes de regresión parcial de la ingesta sobre el peso metabólico y sobre el crecimiento como parámetros indicadores de la eficiencia individual de los animales en la utilización de los recursos alimentarios. La Tabla 1 muestra los estadísticos resumen de las distribuciones posteriores de las varianzas y los parámetros genéticos aditivos de ambos coeficientes de regresión.

Según los estimadores posteriores obtenidos para las  $h^2$  (proporción de la variancia fenotípica del regresor explicada por los valores genéticos) mostrados en la Tabla 1, ambos coeficientes de regresión tomarían valores medios-elevados (0.43 y 0.37). Si bien las distribuciones posteriores de estos parámetros mostraron desviaciones estándar posteriores elevadas (0.18 y 0.16 respectivamente) debido al limitado número de datos, el intervalo mínimo de máxima densidad posterior (HPD) al 95% para ambos ratios ( $h^2_b$  y  $h^2_d$ ) no incluye el cero. Estos resultados indicarían que la eficiencia individual en el uso de los recursos alimentarios para el mantenimiento del peso corporal y para el crecimiento son caracteres con un importante determinismo genético, y susceptibles por tanto de ser seleccionados para la obtención de animales más eficientes en términos de mantenimiento y crecimiento.

Por otro lado, la Tabla 1 también muestra una media posterior de 0.811 para la correlación genética entre ambos coeficientes ( $r_{Abd}$ ), con un intervalo posterior mínimo de máxima densidad entre 0.25 y 1.0. Esto indicaría que los animales genéticamente más eficientes en la utilización del alimento para el mantenimiento lo son también para el crecimiento, y constituiría un elemento favorable a la hora de aplicar un esquema de selección para eficiencia alimentaria.

De este modo, el modelo descrito permitiría evaluar genéticamente a los animales por su eficiencia biológica en el aprovechamiento del alimento consumido por un animal respecto a su peso metabólico y a su crecimiento. Una posible extensión del modelo sería la

introducción de regresores relacionados con otros aspectos metabólicos como el engrasamiento y la deposición de proteína. Por otro lado la ingesta residual también se perfila como un carácter de elevado interés por su papel como predictor de la capacidad de respuesta individual ante situaciones de enfermedad o estrés. En este sentido, también la inclusión de valores genéticos para la ingesta residual, tal y como describen Rauw *et al.* (2000, 2002), se plantea como una interesante extensión de este modelo.

Tabla 1. Estadísticos de las distribuciones marginales posteriores de los componentes de varianza genéticos aditivos ( $\sigma^2_{A(b)}$ ,  $\sigma_{A(bd)}$ ,  $\sigma^2_{A(d)}$ ), las proporciones de la varianza aditiva ( $h^2_b$  y  $h^2_d$ ) y la correlación genética para los coeficientes de regresión parcial de la ingesta sobre peso metabólico y crecimiento (b y d).

	Media	Desviación Típica	Intervalo mínimo de máxima densidad -95%	Error de Monte Carlo
$\sigma^2_{A(b)}$	0.016	0.009	0.000, 0.035	0.000048
$\sigma_{A(bd)}$	0.015	0.007	0.001, 0.030	0.000091
$\sigma^2_{A(d)}$	0.024	0.014	0.000, 0.061	0.000011
$h^2_b$	0.431	0.180	0.073, 0.794	0.000421
$h^2_d$	0.370	0.156	0.068, 0.694	0.000122
$r_{Abd}$	0.811	0.266	0.250, 1.000	0.000665

### AGRADECIMIENTOS

Este estudio ha sido financiado por el proyecto AGL2002-04271-C03-03 (MEC). Los autores agradecen a *Selección Batallé S.A.* su colaboración en la obtención del material animal, y a M. Piles y J.L. Noguera sus comentarios.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Casella, G., y E.I. George. 1992. Explaining the Gibbs sampler American. Statistician. 46:167-174. Piles, M., y Varona, L. 2006 Pages 512-515 in proceedings 8<sup>th</sup> World Congress. on Genetic. Applied Livestock. Production, Belo Horizonte, Brasil. • Press, W.H. Numerical Recipes in Pascal: The Art of Scientific Computing. Editado por Cambridge University Press.
- Rauw, W.M., Luiting, P., Verstegen, M.W.A., Vangen, O., Knap, P.W., 2000. Differences in food resource allocation in a long-term selection experiment for litter size in mice. II. Developmental trends in body weight against food intake. Animal Science 71: 39-47. • Rauw, W.M., Knap, P.W., Verstegen, M.W.A., Luiting, P., 2002. Food resource allocation patterns in lactating females in a long-term selection experiment for litter size in mice. Genetic Selection. Evolution 34: 83-104. • Varona, L., Moreno, C., García-Cortés, L. A., Altarriba, J. Multiple trait analysis of underlying biological variables of production functions. Lives. Prod. Sci. 47:201-209 • Wakefield, J. C., A. F. M. Smith, A. Racine-Poon, and A. E. Gelfand. 1994. Bayesian analysis of linear and non-linear population models by using the Gibbs sampler. Appl. Statist. 43:2201-2221.

## EVALUACIÓN DE LA HIBRIDACIÓN Y CARACTERÍSTICAS GENÉTICAS EN PERDICES DE LA COMUNIDAD AUTÓNOMA DE ARAGÓN

García, C.B., Monteagudo, L.V., Tejedor, M.T., Angulo, B., Gruas, C., Gómez, M.J., Marín, F., Arruga, M.V.

Laboratorio de Citogenética y Genética Molecular. Facultad de Veterinaria. Universidad de Zaragoza. Miguel Servet, 177. 50013. Zaragoza

E-mail de contacto: mvarruga@unizar.es

### INTRODUCCIÓN

La perdiz roja (*Alectoris rufa*) es una especie muy apreciada por los cazadores y forma parte de numerosos ecosistemas naturales en nuestro país, aunque se distribuye también por Portugal y algunos puntos del Sur de Francia e Inglaterra y el Norte de Italia. El deterioro progresivo de su hábitat así como la presión ejercida por sus predadores naturales y por el hombre, entre otros factores, han sido los responsables de que, desde hace ya varios años, la perdiz roja se encuentre en una situación de descenso de sus poblaciones silvestres. Para solucionar este problema se comenzaron a criar perdices en cautividad, lo que ocasionó un grave problema para esta especie cuando algunos criadores decidieron cruzar los ejemplares de perdiz roja de sus granjas con los de otra especie, perdiz chukar (*A. chukar*) principalmente, que tienen unos mayores índices productivos y se adaptan mejor a este sistema de crianza. Los híbridos resultantes, tras varias generaciones de retrocruzamientos con perdiz roja, poseen un aspecto externo indistinguible del de una perdiz roja pura, aunque una vez soltado en el campo puede contaminar las poblaciones naturales con genes no propios de la especie en pureza y al cazador no le resulta tan desafiante su caza.

Para la detección del estado de hibridación de perdices aparentemente rojas se ha hecho necesario el desarrollo de pruebas genéticas, mediante el análisis directo del DNA de cada ejemplar. Dada la escasa información genética de la especie de que se disponía (Randi, 1996, Randi y Lucchini, 1998) se han realizado diferentes estudios con diversas metodologías (Arruga *et al.* 1996, 1998, García y Arruga 2003, 2005a, Saz *et al.* 1998) hasta desarrollar un método eficaz y fiable para la identificación de individuos híbridos de perdiz roja con perdiz chukar. Este método patentado incluye distintas metodologías genéticas de análisis como RAPD (Williams *et al.* 1990) y la caracterización de SNPs, como se ha realizado en otras especies aviares (Primmer *et al.* 2002, Shi *et al.* 2001, Smith *et al.* 2000). Dada la alta similitud de los genomas del pollo y la perdiz (García y Arruga 2002, Kasai *et al.* 2003), algunos marcadores son derivados de la información de partida de genes de pollo.

La Comunidad Autónoma de Aragón, desde el Gobierno de Aragón, es la pionera en la realización de un estudio del estado de hibridación de las granjas de perdiz roja aragonesas, así como en perdices cazadas en el territorio de su competencia. Esta Comunidad Autónoma es una gran productora de perdices, que se venden para cotos y repoblaciones en todo el territorio nacional. Aunque la legislación (Ley 4/89, de 27 de Marzo, de Conservación de los espacios naturales y de la flora y fauna silvestre) obliga a realizar las sueltas o repoblaciones con ejemplares puros de las especies, hasta que no se iniciaron los estudios en este Laboratorio no se disponía de una metodología capaz de detectar la hibridación, en este caso de perdiz roja con perdiz chukar. Con el método desarrollado, al analizar los ejemplares reproductores de las granjas se pueden eliminar de la producción los que resulten híbridos, asegurando que sus descendientes no lo sean. Del mismo modo el análisis de ejemplares silvestres nos da una idea del estado en el que se encuentra la especie en su medio natural, alertando de su deterioro si se detecta hibridación.

### MATERIAL Y MÉTODOS

En este trabajo se han analizado 1698 perdices procedentes de 5 granjas y 30 perdices del medio natural. En los casos de las perdices criadas en cautividad se han tomado muestras de sangre en tarjetas FTA<sup>®</sup> (Gutierrez-Corchero, 2002) y en el caso de las perdices silvestres se han tomado plumas. A partir de las tarjetas y plumas se ha extraído el DNA usando procedimientos estándar.

Para el estudio de todas ellas se han empleado diferentes metodologías genéticas siendo la base la técnica de PCR. En cada caso se han empleado diferentes condiciones de PCR, para los marcadores RAPDs la temperatura de hibridación es baja (García y Arruga 2005b, 2006a) y para la caracterización de SNPs la temperatura es diferente para cada gen en cuestión (García y Arruga 2006b).

Los productos de PCR de RAPD se visualizan en geles de agarosa al 1% de concentración y teñidos con bromuro de etidio, detectando las bandas diagnósticas que nos indican la hibridación.

Para la caracterización de SNPs se emplea la digestión con enzimas de restricción específicas para cada gen (RFLP) (Kiko *et al.* 1979, Reilly y Thomas 1980) y en caso de no haber enzimas de restricción que sean capaces de diferenciar perdiz roja de perdiz chukar o híbridos de ambas especies, se emplea la metodología RT-PCR o PCR a tiempo real mediante un termociclador a tiempo real usando sondas Taqman<sup>®</sup> marcadas con fluorocromos diferentes para los alelos de las distintas especies (Johnson *et al.* 2004, Llambí *et al.* 2006).

Igualmente y en una de las granjas analizadas, 45 individuos, tomados al azar, se han analizado para 7 marcadores microsatélites, todos ellos de localización autosómica y de herencia codominante (MCW135, MCW295, MCW225, MCW276, MCW280, LEI31, ADL0142).

El programa GENETIX se ha utilizado para la estimación de diversos parámetros de genética de poblaciones: heterocigosidad observada ( $H_o$ ), heterocigosidad esperada ( $H_E$ ) y  $F_{IS}$  con su intervalo de confianza al 95% de seguridad.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los porcentajes de hibridación obtenidos se indican en la tabla 1.

Procedencia	Porcentaje de hibridación
Granja 1	45,99 %
Granja 2	65,67 %
Granja 3	43,62 %
Granja 4	22,12 %
Granja 5	32,71 %*
Coto 1	23,33 %

Tabla 1. Porcentajes de hibridación resultantes de los análisis de detección de híbridos de perdiz roja con perdiz chukar.

Como se observa en la Tabla 1, se ha detectado hibridación en las cinco granjas de perdices analizadas. En cada una se ha obtenido un porcentaje diferente que oscila entre 22,12% y 65,67%, siendo éste un rango muy amplio. Por lo tanto no se puede extrapolar la información encontrada en una granja al resto. Para conseguir obtener las granjas libres de hibridación es necesario analizar todos los animales reproductores de la granja y eliminar los individuos híbridos para obtener todos los descendientes libres de hibridación. También es necesario analizar la reposición en los siguientes años para evitar la introducción de ejemplares híbridos de nuevo en los ciclos productivos.

En cuanto a las perdices silvestres analizadas igualmente se ha encontrado hibridación. Este resultado obtenido recalca la importancia que tienen los estudios en esta especie para evitar la contaminación del patrimonio genético de la perdiz roja pura. Controlando la ausencia de hibridación en las granjas cinegéticas y realizando chequeos en los lotes de sueltas y repoblaciones se puede contribuir a disminuir el impacto de la hibridación en los espacios naturales, además de cumplir la legislación vigente.

La tabla 2 muestra la variabilidad genética de la explotación analizada para cada marcador y globalmente, considerando todos los marcadores conjuntamente. La población muestra una buena variabilidad genética, con un valor de  $H_{(E)}$  cercano al 50%. No se detecta la existencia de consanguinidad significativa en la población, dado que el valor de  $F_{IS}$

estimado conjuntamente a partir de todos los marcadores analizados no es significativamente distinto de 0.

Locus	k	N	H <sub>O</sub>	H <sub>E</sub>	F <sub>IS</sub> (95%IC)	PIC
MCW135	4	36	0,722	0,676	- 0,070 <sup>NS</sup> (-0,300 - 0,130)	0,602
MCW295	6	45	0,511	0,494	- 0,034 <sup>NS</sup> (-0,162 - 0,082)	0,468
MCW225	4	44	0,182	0,172	- 0,055 <sup>NS</sup> (-0,112 - -0,015)	0,165
MCW276	3	45	0,311	0,278	- 0,121 <sup>NS</sup> (-0,196 - 0,062)	0,257
MCW280	5	39	0,590	0,539	- 0,096 <sup>NS</sup> (-0,281 - 0,083)	0,484
LEI31	3	45	0,489	0,514	0,049 <sup>NS</sup> (-0,252 - 0,331)	0,390
ADL0142	6	44	0,705	0,697	- 0,011 <sup>NS</sup> (-0,184 - 0,139)	0,641
GLOBAL	-	45	0,501	0,481	- 0,042 <sup>NS</sup> (-0,125 - 0,017)	-

Tabla 2. Variabilidad genética de la explotación analizada. k: número de alelos detectados; N: efectivo analizado; H<sub>O</sub>: frecuencia observada de heterocigotos; H<sub>E</sub>: frecuencia esperada de heterocigotos; F<sub>IS</sub> (95% IC): estimación de la consanguinidad, con su intervalo de confianza al 95% de seguridad; NS: no significativo (p>0,05); PIC: contenido informativo del polimorfismo.

La Comunidad Autónoma de Aragón ha sido la primera en realizar este tipo de estudios, analizando tanto las granjas que crían en cautividad perdiz roja como ejemplares cazados en el campo, convirtiéndose de esta manera en modelo a seguir por el resto de Comunidades Autónomas dada la importancia de la especie.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Arruga, M. V.; Tejedor, M. T.; Villarroel, M. R.; Heriz, A.; Ferreira, E.; Abenia, F. J. 1996. *Cytogenetics and Cell Genetics*, 74: 228.
- Arruga, M.V.; Tejedor, M.T.; Saz, J.; Monteagudo, L.V.; Villarroel, M. 1998. *Expoaviga*, 98: 9-14.
- García, C. B.; Arruga, M. V. 2006a. *Wildlife Biology in Practice*, Vol 2, No 1: 13-16.
- García, C. B.; Arruga, M. V. 2006b. *Animal Research*, 55: 335-342.
- García, C. B.; Arruga, M. V. M. V. 2005a. *ITEA*, Extra Vol. 26, Tomo I: 69-71.
- García, C. B.; Arruga, M. V. 2005b. *Avian and Poultry Biology Reviews*, 16(2): 81-86.
- García, C. B.; Arruga, M. V. 2003. *ITEA*, Vol. 24, Tomo II: 543-545.
- García, C. B.; Arruga, M. V. 2002. *Chromosome Research*, 10(Supp.1): 41.
- Gutiérrez-Corchero, F.; Arruga, M. V.; Sanz, L.; García, C. B.; Hernández, M. A.; Campos, F. 2002. *Molecular Ecology Notes*, 2 (1): 75.
- Johnson, V. J.; Yucesoy, B.; Luster, M. I. 2004. *Cytokine*, 27: 135-141.
- Kasai, F.; García, C. B.; Arruga, M. V.; Ferguson-Smith, M. 2003. *Cytogenetic and Genome Research*, 102: 326-330.
- Kiko, H.; Niggermann, E.; Ruger, W. 1979. *Molecular and General Genetics*, 172(3): 3003-3012.
- Llambí, S.; García, C. B.; Arruga, M. V. 2006. *Albéitar*, 93: 32-34.
- Primmer, C. R.; Borge, T.; Lindell, J.; Saetre, G. P. 2002. *Molecular Ecology*, 11: 603-612.
- Randi, E.; Lucchini V. J. 1998. *Molecular Evolution*; 47: 449-462.
- Randi, E. 1996. *Molecular phylogenetics and Evolution*, 6(2): 214-227.
- Reilly, J. G.; Thomas C. A. Jr. 1980. *Plasmid*, 3(2): 109-115.
- Saz, J.; Arruga, M. V.; Tejedor, M. T.; Villarroel, M.; Savva, D. 1998. *Hungarian Journal of Animal Production*, 48(1): 86-89.
- Shi, L.; Drummond, P.; De Kloet, S.; Pimentel-Smith, G.E.; Smith, E.J. 2001. *Genetica*, 110: 227-230.
- Smith, E.; Shi, L.; Drummond, P.; Rodriguez, L.; Hamilton, R.; Powell, E.; Nahashon, S.; Ramlal, S.; Smith, G.; Foster, J. 2000. *Animal Genetics*, 31: 62-67.
- Williams, J. G. K.; Kubelik, A. R.; Livak, K. J.; Rafalski, J. A.; Tingey, S. V. 1990. *Nucleic Acids Research*, 18: 6531-6535.

## CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE UNA POBLACIÓN AUTÓCTONA: LA GALLINA DE CHULLILLA

Grimal<sup>1</sup>, A., Viudes de Castro<sup>1</sup>, M.P., Vicente<sup>2</sup>, J.S., Gómez<sup>1</sup>, E.A.

<sup>1</sup>Centro de Tecnología Animal (CITA), Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias.  
Polígono La Esperanza, 100. 12400 Segorbe. Castellón.

<sup>2</sup>Instituto de Ciencia y Tecnología Animal (ICTA). Universidad Politécnica de Valencia.  
Cno. Vera s/n. 46071 Valencia.

e-mail: [agrimal@ivia.es](mailto:agrimal@ivia.es)

### INTRODUCCIÓN

En la Comunidad Valenciana se está llevando a cabo un programa de caracterización y conservación de una población de gallinas originaria de la localidad valenciana de Chullilla en la comarca de Los Serranos, encontrándose parte de la población en las instalaciones del CITA-IVIA en Segorbe (Grimal y Gómez, 2006). Una de las tareas planteadas fue su caracterización genética mediante marcadores microsatélites con el fin de poder comparar la población con otras poblaciones europeas estudiadas en el proyecto AVIANDIV (Hillel *et al.*, 2003) estableciendo las distancias genéticas, así como servir de base para poder realizar pruebas de paternidad. En este trabajo se presentan los resultados preliminares del genotipado para la caracterización genética de la población partiendo de los 30 microsatélites recomendados por la FAO (2004), calculando algunos parámetros de variabilidad y posibilidad de realización de filiaciones. Esta tarea se llevó a cabo en colaboración con el Instituto de Ciencia y Tecnología Animal de la Universidad Politécnica de Valencia.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizó el grupo de animales existente en las instalaciones del Centro de Tecnología Animal de Segorbe, que constituye el 75% de la población real existente. Se tomaron muestras de sangre mediante punción en la vena ulnar con tubos *Vacutainer*<sup>TM</sup> estériles con EDTA<sub>K3</sub> como anticoagulante. Para la extracción de ADN, se siguió un protocolo clásico a partir de 40 µl de sangre entera, brevemente: dos pasos de hemólisis, incubación toda la noche con proteinasa K y NaCl, precipitación con Isopropanol, resuspensión en Propanol, eliminación del Propanol y resuspensión en TE, obteniéndose 500 µl de disolución con una concentración media de 199,1 µg/ml. Se disponía de la batería de 30 microsatélites recomendados por la FAO (2004) y se estructuraron en 7 multiplex [Multiplex 1 (ADL0268, ADL0278, MCW0216, MCW0248 y LEI0094), Multiplex 2 (MCW0295, MCW0081, MCW0069, MCW0034 y MCW0222), Multiplex 3 (MCW0111, MCW0037, MCW0016, MCW0234 y LEI0166), Multiplex 4 (ADL0112, MCW0014 y MCW0183), Multiplex 5 (MCW0123, MCW0165, MCW0020 y MCW0104), Multiplex 6 (MCW0078, MCW0067, MCW0330 y MCW0098), Multiplex 7 (MCW0206 y MCW0103)], además de dos microsatélites sin información (MCW0284 y LEI0192).

La amplificación de los marcadores se realizó mediante PCR, utilizando 50 ng de ADN genómico en la mezcla de reacción. Siguiendo las recomendaciones de la FAO (2004), se emplearon dos productos comerciales de Quiagen<sup>®</sup> que contenían tanto la Taq polimerasa como los dNTPs y el MgCl<sub>2</sub>, (la Master Mix para todas las multiplex, excepto la 7, en la que se empleó la Hot Star Master Mix). Las condiciones de la amplificación fueron las siguientes: un primer paso de 2 minutos a 94°C seguido de 35 ciclos de amplificación (1 minuto a 94°C, 1 minuto a 60°C, a excepción de la multiplex 4 donde se realizaba a 58°C, y 1 minuto a 72°C) seguido de un único ciclo de 10 minutos a 72°C. La secuenciación de los productos de PCR se realizó con un secuenciador *CEQ*<sup>TM</sup> 8000 Beckman Coluter por electroforesis capilar con marcaje fluorescente. Se utilizó el programa *CERVUS* 3.0 para el análisis de los resultados (Kalinowski *et al.*, 2006).

Para poder comparar resultados de secuenciación, disponemos de muestras de ADN de individuos usados como testigos en el proyecto AVIANDIV (cedidas por M. Tixier-Boichard), así como muestras de ADN de Castellana Negras (donadas por el INIA).



El objetivo principal del presente estudio es la caracterización genética preliminar para poder realizar comparaciones en un análisis filogenético entre nuestra población y las poblaciones estudiadas en el proyecto AVIANDIV.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De los 30 microsatélites propuestos, se presentan los resultados de 17 (13 de los cuales aparecen incluidos en el proyecto AVIANDIV (Hillel *et al.*, 2003)). En la Tabla 1 se resumen los resultados obtenidos con el programa CERVUS 3.0, ordenando los microsatélites según su contenido informativo (PIC). El número medio de alelos por locus fue 2,94, lo que la situaría por debajo de la media (3,52) de las 52 poblaciones estudiadas en el proyecto AVIANDIV, en el que dicha cantidad oscilaba entre 1,3 para la línea consanguínea-C y 5,2 para el *Gallus gallus spadiceus*, habiendo obtenido las dos poblaciones españolas estudiadas valores de 3,9 alelos por locus en la Villafranquina Roja y 3,3 en la Castellana Negra.

La heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) dio un valor medio de 0,43, ligeramente inferior a la media obtenida en el proyecto AVIANDIV (0,47), así como al de la Villafranquina Roja (0,48) o la Castellana Negra (0,44); si bien, un 25% de las poblaciones estudiadas dieron valores inferiores. El valor de  $H_e$  se mostró muy variable entre loci abarcando desde 0,74 hasta 0 para un microsatélite con sólo 1 alelo (MCW0014). Un hecho semejante ocurre en las dos poblaciones españolas con los microsatélites MCW0248 y MCW0098, siendo este último el microsatélite menos polimórfico en el proyecto AVIANDIV, aunque presentaba polimorfismos en el 69% de las poblaciones. En este análisis, el marcador más informativo fue el MCW0034, al igual que en el citado proyecto en que presentó polimorfismos en el 98% de las poblaciones incluidas. El contenido informativo del polimorfismo (PIC), una medida de la información que proporciona un locus relacionada con  $H_e$ , dio un valor medio de 0,38, variando desde 0,69 a 0, valores ligeramente inferiores a los obtenidos por Wimmers *et al.* (2000) con poblaciones asiáticas, africanas y sudamericanas.

La probabilidad de exclusión  $PE_1$ , o probabilidad de excluir de la paternidad a un individuo no emparentado, dio un valor conjunto de 0,903 para todo el panel de microsatélites estudiado. La probabilidad de excluir a los dos parentales no emparentados  $PE_{pp}$  dio un valor mucho más excluyente (0,9997). Valores de heterocigosidad esperada menores de 0,5 no son, en general, muy útiles en análisis de paternidad a gran escala, por lo que, si bien toda información disponible puede ser útil, sólo 7 de los 17 microsatélites mostraron un valor mayor. Por ello, el panel microsatélites estudiado se muestra eficaz para el estudio de parentesco en esta población, ya que en la actualidad disponemos de polladas de medios hermanos, con dos grupos de madres con un macho cada uno, por lo que se trataría de testar 2 machos y dos grupos de madres.

Es necesario continuar analizando la información del resto de microsatélites para establecer un panel de microsatélites más preciso. Por ello, se continua trabajando con microsatélites que no han amplificado correctamente, modificando las condiciones de la PCR, para poder obtener la mayor cantidad de información posible. Todo ello nos permitirá que, a la hora de introducir como reproductores a individuos nacidos en nuestro centro, podamos asegurar su filiación, calcular el coeficiente de parentesco molecular entre individuos, así como establecer relaciones filogenéticas con otras poblaciones como las estudiadas en el proyecto AVIANDIV.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo se ha realizado gracias a la financiación de la Beca para Proyectos de Investigación de la Conselleria de Agricultura, Pesca y Alimentación de la Generalitat Valenciana obtenida por A. Grimal y a la financiación por parte del INIA con el proyecto de investigación RZ2004-00040 del Subprograma de Conservación de Recursos Genéticos y fondos FEDER

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- FAO. 2004. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. • Grimal, A., Gómez, E.A. 2006. Descripción y caracterización de una población de la Comunidad Valenciana: Gallina de Chulilla. V Congreso Ibérico sobre Recursos Genéticos Animales. • Hillel, J., Groenen, M.A.M., Tixier-Boichar, M., Korol, A.B., David, L., Kirzhner, V.M., Burke, T., Barre-Dirie, A., Crooijmans, P.M.A., Elo, K., Feldman, W., Freidlin, P.J., Mäki-Tanila, A., Oortwijn, M., Thomson, P., Vignal, A., Wimmers, K., Weigend, S. 2003. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genet. Sel. Evol.* 35 (2003) 533-557 • Kalinowski, S.T., Taper, M.L., Marshall, T.C. 2006. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*, *in press*. • Wimmers, K., Ponsuksili, S., Hardge, T., Valle-Zarate, A., Mathur, P.K., Horst, P. 2000. Genetic distinctness of African, Asian and South America local chickens. *Animal Genetics*. 31, 159-165.

Tabla 1. Número de alelos (k), número de individuos muestreados (N), heterocigosidad observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ), contenido informativo de polimorfismo (PIC), probabilidad de exclusión de la paternidad de un individuo no emparentado cuando se desconoce el otro parental ( $PE_i$ ) o de un par de padres no emparentados ( $PE_{pp}$ )

Locus	k	N	$H_o$	$H_e$	PIC	$PE_i$	$PE_{pp}$	Alelos
MCW0034	4	64	0,797	0,742	0,687	0,313	0,661	222, 226, 233, 235
LEI0094	4	68	0,838	0,729	0,673	0,299	0,644	261, 263, 265, 279
MCW0016	4	65	0,554	0,690	0,620	0,249	0,569	140, 142, 146, 148
MCW0037	4	65	0,646	0,656	0,583	0,224	0,536	153, 155, 156, 157
MCW0111	3	65	0,738	0,660	0,580	0,214	0,509	98, 100, 102
MCW0067	3	67	0,731	0,599	0,528	0,177	0,474	171, 173, 177
MCW0330	4	67	0,672	0,561	0,509	0,165	0,493	257, 269, 276, 288
MCW0098	2	67	0,642	0,467	0,356	0,108	0,270	255, 257
MCW0165	3	67	0,388	0,366	0,322	0,066	0,290	112, 114, 116
MCW0078	3	67	0,403	0,344	0,300	0,058	0,265	135, 139, 143
MCW0216	2	66	0,121	0,354	0,290	0,062	0,230	143, 145
MCW0123	3	67	0,313	0,319	0,287	0,050	0,265	88, 90, 92
MCW0183	2	70	0,257	0,035	0,257	0,046	0,209	294, 296
MCW0295	4	65	0,215	0,249	0,231	0,031	0,221	87, 90, 95, 99
MCW0069	2	66	0,106	0,128	0,119	0,008	0,108	156, 162
MCW0248	2	67	0,015	0,072	0,069	0,003	0,066	216, 218
MCW0014	1	70	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	180
<b>Resumen</b>	<b>2,94</b>	<b>86,55%</b>		<b>0,426</b>	<b>0,377</b>	<b>0,9029</b>	<b>0,9997</b>	

## ANÁLISIS ESTADÍSTICO DE LA ASIMETRÍA FLUCTUANTE. UN EJEMPLO EN AVES DE PUESTA

Prieto, M.T., Campo, J.L., Dávila, S.G., Gil, M.G.

Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación Agraria y Alimentaria, Apartado 8111, 28080 Madrid

### INTRODUCCIÓN

La asimetría fluctuante es más utilizada cada día como indicador del estrés, especialmente cuando el análisis se basa en el valor combinado de varios caracteres bilaterales (Leung *et al.*, 2000). Se caracteriza por una distribución normal (o leptocúrtica) de las diferencias entre el lado derecho e izquierdo con un valor medio de cero (Swaddle *et al.*, 1994), y puede ser difícil de detectar porque estas diferencias son casi siempre pequeñas (entre 1% y 5% del valor del carácter; Gangestad y Thornhill, 1999). Adicionalmente, hay varios factores que complican el análisis: diferentes tipos de asimetría bilateral, error de medida, dependencia del valor del carácter, y predisposición genética a la asimetría. En contraste con la asimetría fluctuante, la asimetría direccional y la antisimetría no han sido asociadas generalmente con el estrés y se caracterizan por una distribución normal con un valor medio distinto a cero, y por una distribución no normal con un valor medio igual a cero, respectivamente. Igual que la asimetría fluctuante, los errores de medida se distribuyen normalmente con un valor medio de cero, y hay que obtener estimas de asimetría insesgadas con respecto a dichos errores. La dependencia con el valor del carácter se elimina dividiendo la asimetría por el valor medio del carácter cuando la dependencia es lineal (isometría), aunque puede ser inadecuado cuando hay anisometría (Leung, 1998). Aunque la asimetría fluctuante suele tener un bajo componente heredable, los otros dos tipos de asimetría pueden tener un componente genético importante. El objetivo de este estudio fue presentar el estado actual del conocimiento sobre el análisis estadístico de la asimetría fluctuante, e ilustrarlo con un ejemplo en gallinas de puesta.

### MATERIAL Y MÉTODOS

La asimetría relativa de un carácter se define por el valor absoluto de la diferencia entre el lado derecho e izquierdo de un carácter bilateral  $|D-I|$ . Este valor suele ser más apropiado que la varianza de la diferencia entre el lado derecho e izquierdo  $[\text{var}(D-I)]$  y otros índices alternativos (Palmer, 1994):  $|D-I|^{0.5}$ ,  $\log|D-I|$ ,  $(D^2+I^2)-0,5(D+I)^2$ ,  $\log(D/I)$ ,  $|\ln(D/I)|$ ,  $\text{var}(D/I)1-r^2_{D,I}$ . Aunque  $|D-I|$  tiene una distribución medio-normal,  $|D-I|^{0.5}$  y  $\log|D-I|$  producen una distribución normal. Cuando hay leptocurtosis, el índice alternativo  $\log(D/I)$  es más apropiado (Graham *et al.*, 2003). Los dos indicadores más usados de asimetría están relacionados entre sí (Windig y Nylin, 2000), ya que el valor medio de  $|D-I|$  es  $0,8 [\text{var}(D-I)]^{0.5}$ .

El análisis estadístico de la asimetría fluctuante consta de tres pasos (Palmer, 1994): 1) presencia de asimetría direccional o antisimetría, 2) separación del error de medida, y 3) independencia del valor del carácter. Primeramente, la presencia de los otros dos tipos de asimetría se analiza por medio de la distribución de los valores  $(D-I)$ : Shapiro-Wilk con menos de 60 datos o Kolmogorov-Smirnov para más de 60 datos; la asimetría direccional es normal con media cero (prueba  $t$ ) y la antisimetría suele ser bimodal con tendencia a ser platicúrtica. En segundo lugar, el error de medida se valora por medio de medidas repetidas del lado derecho e izquierdo. El análisis más frecuente es un ANOVA factorial con el lado (fijo) y el animal (aleatorio) como efectos principales (Leamy, 1984); una variación significativa entre lados indica asimetría direccional, mientras que una interacción significativa indica asimetría fluctuante (en ausencia de antisimetría). Alternativamente, puede usarse estimación REML de un modelo mixto (van Dongen *et al.*, 1999):  $Y = Xb + Zu + e$ . En el modelo se asigna un valor de 1 al lado derecho y un valor de -1 al lado izquierdo; la parte fija del modelo está formada por la ordenada en el origen (estima del valor medio del carácter) y el lado (estima de la asimetría direccional); la parte aleatoria del modelo está formada por la ordenada en el origen (estima de la variación

en el valor del carácter) y el lado (estima de la asimetría fluctuante); el error es el error de medida. Para analizar la significación de la asimetría fluctuante y la asimetría direccional se utiliza la prueba de máxima verosimilitud restringida:  $-2 \ln(\text{REML}_{\text{modelo reducido}}/\text{REML}_{\text{modelo completo}})$ , que tiene una distribución  $\chi^2$  con  $q_1 - q_2$  grados de libertad (siendo  $q_1$  y  $q_2$  el número de parámetros en cada modelo); el efecto aleatorio del lado (asimetría fluctuante) no se incluye en el modelo reducido. Finalmente, la correlación entre la asimetría fluctuante y el valor del carácter sirve para determinar si son independientes; si la relación es positiva, la asimetría absoluta se divide por la media del carácter, definiendo la asimetría relativa como  $[2|D-I|/(D+I)]$ . Dado que la asimetría relativa no suele tener distribución normal se usa arc-sen raíz cuadrada.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se resumen los valores de las diferencias entre lados para cinco caracteres bilaterales en una muestra de 715 gallinas de puesta. La longitud de pata y el área de orejilla presentaban asimetría direccional significativa, siendo el lado derecho consistentemente más grande que el izquierdo. La longitud de pluma y el área de barbilla tenían asimetría positiva significativa, mientras que la longitud de ala, la longitud de pluma y el área de barbilla eran leptocúrticas. Una indicación adicional de leptocurtosis es el valor alto del coeficiente de variación de  $|D-I|$  (van Dongen, 1998), mayor que 0,93 en el ejemplo. Por tanto, no había evidencia de antisimetría (ausencia de platicurtosis) para ningún carácter. La ausencia de una correlación genética negativa entre lados (en el ejemplo variaba entre 0,97 y 1,00), es también una indicación de ausencia de antisimetría, ya que una correlación genética negativa es causa necesaria y casi suficiente de antisimetría (van Valen, 1962).

Tabla 1. Diferencias (D-I) entre el lado derecho (D) y el izquierdo (I) para cinco caracteres en gallinas, valores significativos de  $t$ , asimetría ( $g_1$ ) y curtosis ( $g_2$ ), y valor medio del carácter  $(D+I)/2$

Carácter	D-I	$t$	$g_1$	$g_2$	$(D+I)/2$
Longitud pata (mm)	0,75 ± 0,06	11,73***			103,76 ± 0,09
Longitud ala (mm)	-0,09 ± 0,09			63,08***	91,85 ± 0,08
Longitud pluma (mm)	-0,41 ± 0,27		4,10***	3,47***	163,37 ± 0,12
Área orejilla (cm <sup>2</sup> )	0,11 ± 0,02	5,39***			4,28 ± 0,04
Área barbilla (cm <sup>2</sup> )	0,02 ± 0,09		1,09***	19,84***	17,57 ± 0,10

En la Tabla 2 se indican los cuadrados medios del ANOVA factorial correspondiente a una muestra de 20 aves medidos tres veces en tres diferentes sesiones. Las estimas de los cuadrados medios son respectivamente:

$$s_m^2 + 3s_{\text{noDA}}^2 + 60s_{\text{DA}}^2$$

$$s_m^2 + 3s_{\text{noDA}}^2 + 3s_n^2$$

$$s_m^2 + 3s_{\text{noDA}}^2$$

$$s_m^2$$

La estima de la asimetría no direccional, incluye la antisimetría y la mitad de la asimetría fluctuante. Multiplicando por dos la  $s_{\text{noDA}}^2$  (restando el cuadrado medio del error del cuadrado medio de la interacción y dividiendo por tres) produce una estima de  $\text{var}(D-I)$ , que sería 0,57; 0,31; 10,24; 1,1 y 8,8 para longitud de pata, longitud de ala, longitud de pluma, área de orejilla y área de barbilla, respectivamente; la estima de  $|D-I|$  (multiplicando la raíz cuadrada de la

anterior por 0,8) sería 0,60; 0,44; 2,56; 0,83 y 2,37. El cuadrado medio de longitud de pata, longitud de ala, longitud de pluma, área de orejilla y área de barbilla representaba el 84,75; 86,69; 38,07; 8,6 y 26,6% del cuadrado medio de la interacción. Adicionalmente, la interacción era altamente significativa para longitud de pluma, área de barbilla y área de orejilla. Por lo tanto, la asimetría fluctuante no se confundía con el error de medida, y la asimetría no direccional identificada en el análisis era fluctuante. El error de medida representaba 1,47; 1,72; 3,83; 3,79 4,56% de la variación total, respectivamente. El cuadrado medio entre lados no era significativo para longitud de pata, longitud de ala, longitud de pluma y área de orejilla, indicando ausencia de asimetría direccional; el área de barbilla presentaba asimetría direccional.

Tabla 2. Cuadrados medios del ANOVA factorial indicando el efecto de la asimetría y el error de medida

Fuentes variación	Longitud pata	Longitud ala	Longitud pluma	Área orejilla	Área barbilla
Lados (1)	0,48	7,52	69,17	0,36	119,33*
Aves (19)	955,84***	526,30***	717,43***	11,98***	300,28***
Interacción (19)	5,63	3,52	24,82**	1,80***	17,98***
Error (80)	4,77	3,05	9,45	0,15	4,78

El coeficiente de correlación entre el valor de la asimetría absoluta y el valor del carácter era positivo y significativo para el área de orejilla (0,32\*\*\*) y el área de barbilla (0,17\*\*\*), por lo que se debería usar la asimetría relativa en ambos caracteres. Los coeficientes de variación de cada carácter fueron 4, 4, 6, 27 y 32%, respectivamente, y el uso de la asimetría relativa para el área de orejilla y el área de barbilla es innecesario, al ser el coeficiente de variación elevado para ambos caracteres (Leung, 1998). La transformación de la asimetría relativa para conseguir una distribución normal puede obviarse al ser el tamaño de muestra alto (Gangestad y Thornhill, 1998).

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Gangestad S.W. y R.Thornhill. 1998. Anim. Behav. 55, 497-501.
- Gangestad S.W. y R.Thornhill. 1999. J. Evol. Biol. 12, 402-416.
- Graham J.H., K.Shimizu, J.M. Emlen, D. Freeman y J. Merkel. 2003. Biol. J. Lin. Soc. 80, 57-65.
- Leamy L. 1984. Am. Nat. 123, 579-593.
- Leung B. 1998. Proc. R. Soc. Lond. Biol. Sci. 265, 1623-1629.
- Leung B., M.R. Forbes y D. Houle. 2000. Am. Nat. 155, 101-115.
- Palmer A.R., 1994: *Developmental Instability: Its Origins and Evolutionary Implications*. Kluwer.
- Swaddle J.P., M.S. Witter y I.C. Cuthill, 1994: Anim. Behav. 48, 986-989.
- van Dongen S., 1998: Ann. Zool. Fenn. 35, 79-85.
- van Dongen S., G. Molenberghs y E. Matthysen, 1999: J. Evol. Biol. 12, 94-102.
- van Valen L., 1962: Evolution 16, 125.
- Windig y Nylin. 2000. J. Evol. Biol. 13, 29.

## MODELOS PARA LA VALORACIÓN GENÉTICA DE LA DISCIPLINA DE CONCURSO COMPLETO DE EQUITACIÓN A PARTIR DEL CONTROL DE RENDIMIENTOS EN LAS PRUEBAS DE SELECCIÓN DE CABALLOS JÓVENES.

González M. A.<sup>1</sup>, Cervantes I.<sup>2</sup>, Gómez M. D.<sup>2</sup>, Bartolomé E.<sup>2</sup>, Serradilla J. M.<sup>1</sup>, Valera M.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Dpto de Producción Animal. Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales. Ctra. N IV km 396. 14071 Córdoba.

<sup>2</sup>Dpto de Genética. Universidad de Córdoba.

<sup>3</sup>Dpto de Ciencias Agroforestales. EUITA. Universidad de Sevilla. Ctra. Utrera, km. 1. 41013 Sevilla. mvalera@us.es

### INTRODUCCIÓN

Una de las principales fuentes de información funcional para la valoración genética precoz de los animales para las distintas disciplinas ecuestres son las Pruebas de Selección de Caballos Jóvenes (PSCJ), reguladas por el MAPyA, que se están celebrando en nuestro país desde el año 2004.

Las PSCJ son muy importantes en la selección de los équidos debido a las altas correlaciones genéticas que se han encontrado entre las variables analizadas en animales jóvenes y los resultados obtenidos posteriormente en las competiciones, lo cual implica una buena predicción del rendimiento en el animal adulto (Wallin *et al.*, 2003).

El concurso completo de equitación (CCE), conocido internacionalmente como "Eventing", es una disciplina ecuestre que combina distintas pruebas (doma, salto y cross), exigiendo al animal un elevado grado de diversas aptitudes. Las principales razas de caballos participantes en España en CCE son, el Caballo de Deporte Español (CDE), el caballo de raza Anglo-árabe (A-á) y el Pura Raza árabe (PRá)

El objetivo de este estudio ha sido establecer los modelos genéticos idóneos para la estimación de los valores de mejora y obtener estimas de heredabilidad de los caracteres de la disciplina de CCE.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Para la realización de este estudio, se ha contado con un total de 633 registros de participación, pertenecientes a los 156 animales (96 CDE-61,53%, 27 A-á-17,3%, 18 PRá-11,53% y 15 animales pertenecientes a otras razas-9,61%) que han participado en las 22 PSCJ de CCE celebradas durante 2004 y 2005.

Cada PSCJ de CCE consta de 4 ejercicios siendo precisa la valoración genética parcial y global de la prueba:

- Ejercicio complementario (E.C): Se juzgan las cualidades del movimiento durante el recorrido de cross y la adecuación de la morfología del animal a las pruebas de CCE. El carácter evaluado genéticamente ha sido la puntuación por juez.
- Ejercicio de Salto: Se realiza un recorrido de salto de obstáculos en pista, donde se penalizan los derribos y el excederse del tiempo permitido. El carácter utilizado ha sido la penalización ponderada.
- Ejercicio de Cross: Se realiza un recorrido de fondo con 10 obstáculos, penalizándose el exceso de tiempo. El carácter evaluado ha sido la penalización ponderada.
- Ejercicio de Doma: Se realiza un reprise de doma donde se evalúa la correcta ejecución de los movimientos del individuo. Se utilizó la puntuación por juez para la valoración genética.

El nivel de dificultad de las pruebas depende de la edad del animal (4, 5 y 6 años).

Se ha realizado un análisis de la varianza (ANOVA) de aquellos factores que se recogen durante la celebración de las pruebas y que podrían influir en el rendimiento de los animales con el objetivo de identificar cuáles de ellos resultan significativos e incluirlos en el modelo de valoración como factores de corrección. (Tabla 1). A partir de los resultados de este análisis se procedió a ejecutar distintos modelos de valoración genética en los que se

combinaban como factores fijos y aleatorios los que previamente habían resultado significativos para cada una de las 4 pruebas de que consta el CCE.

La estimación de los parámetros genéticos ha sido realizada mediante metodología REML (con un modelo animal), usando el software VCE v.5.0. Los valores genéticos se calcularon usando el paquete informático PEST. Para lo cual se ha reconstruido el pedigrí de los animales participantes hasta la 4ª generación obteniendo una matriz de parentesco con un total 1307 animales.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Prácticamente todos los factores (Tabla 1) relacionados con las condiciones climatológicas, estado de la pista, entrenamiento y estrés afectan significativamente a los caballos participante en este tipo de pruebas, que se caracterizan por ser caballos jóvenes (Ott, 2005). También ha resultado significativo el factor juez en las pruebas de ejercicio complementario y doma, lo que pone de manifiesto la subjetividad que conllevan este tipo de pruebas (Gómez *et al.*, 2006a).

La heredabilidad obtenida para cada una de las pruebas que integran la disciplina de CCE se muestran en la Tabla 2. Se ha obtenido una heredabilidad más alta en ejercicio complementario debido a que los caracteres de morfología se transmiten mejor a la descendencia al estar menos influida por los factores ambientales. El valor obtenido (0,21) esta dentro del rango de heredabilidades obtenidos por otros autores en puntuaciones de morfología (Molina *et al.*, 1999, Valera *et al.*, 2006).

Las pruebas de salto y cross han presentado un valor de heredabilidad muy similar, siendo ligeramente inferior para el cross debido, probablemente, a que estas pruebas se realizan en "campo abierto" y consecuentemente son más susceptibles a los cambios atmosféricos. También las heredabilidades de salto (0,12) y cross (0,10) son similares a las obtenidas por otros autores para esta disciplinas (Langlois, 1980, Aldridge, 2000, Ricard, 2001 y Gómez *et al.*, 2006b)

En la prueba de doma la heredabilidad obtenida ha sido similar a la de Ricard *et al.*, 2000 (0,19) realizada en pruebas de "eventing". Sin embargo la heredabilidad es menor comparándola con resultados para la disciplina ecuestre de doma (Ricard, 2000, Valera *et al.*, 2006). Esto puede ser debido a la complejidad de la disciplina de CCE, ya que al combinar diferentes pruebas los animales están sometidos a un mayor componente ambiental y de estrés por el hecho de realizar diferentes tipos de pruebas en un periodo corto de tiempo.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aldridge L I, Kelleher D L, Reilly M, Brophy P O, 2000. Estimation of the genetic corelation between performances at different levels of show jumping competitions in Ireland. *J. Anim. Breed. Genet.* 117: 65-72.
- Gómez M D, Cervantes I, Gessa J A, Horcada A, Molina A, Valera M, 2006a. Factores Extrínsecos que Condicionan las Evaluaciones de los Jueces en los Concursos Morfofuncionales de Caballos de Pura Raza Española. *Itea Produccion Vegetal.* Vol. 102. Núm. 2. 2006. Pag. 203-214.
- Gómez M D, Cervantes I, Bartolomé E, Molina A, Valera M, 2006b Genetic Evaluation of show jumping performance in young Spanish Sport Horse Breed. *EAAP, Antalya.*
- Langlois B, 1980. Estimation de la vaelur génétique des chevaux de sport d'après les sommes gagnées dans les compétitions équestres francaise. *Ann. Génét. Sélect.*
- Molina A, Valera M, Dos Santos R, Rodero A, 1999. Genetic parameters of morphofunctional traits in Andalusian horse. *Livest. Prod. Sci.* 60: 295-303
- Ott E A, 2005. Influence of temperature stress on the energy and protein metabolism and requirements of the working horse. *Livest. Prod. Sci.* 92: 123-130
- Ricard A, Bruns E, Cunningham E P, 2000. Genetics of performance traits In Bowling A.T., Ruvinsky A. (Eds), *The Genetics of the Horse*, CABI publishing, Oxon, 2000, pp. 411-438
- Ricard A, Chanu I, 2001. Genetic parameters of eventing horse competition in France. *Genetic Selection Evolution.* Vol. 33 pp.175-190
- Valera M, Gómez M D, Cervantes I, Molina A,

2006. Genetic Evaluation of Dressage performance in Spanish Purebred horses. EAAP, Antalya • Wallin L, Strandberg S, Philipsson J, 2003. Genetic correlations between field test results of Swedish Warmblood Riding Horses as 4-year-olds and lifetime performance results in dressage and show jumping. Livest. Prod. Sci. 82 (1), 67-71

Tabla 1. Análisis de la Varianza para los factores analizados en la disciplina de CCE.

	E.C.	SALTO	CROSS	DOMA
Raza	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Edad	*	*	*	*
Sexo	*	n.s.	n.s.	n.s.
Centro Hípico	*	**	**	n.s.
Área Geográfica	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Tipo Pista	n.s.	n.s.	n.s.	**
Estación	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Ambiente	n.s.	*	*	n.s.
Temperatura	*	**	**	n.s.
Condición Pista	*	**	**	n.s.
Duración del entrenamiento	n.s.	*	*	n.s.
Intensidad del entrenamiento	**	**	***	n.s.
Nº de competiciones anteriores	*	**	**	n.s.
Transporte	n.s.	*	*	*
Duración del viaje	*	**	***	***
Descanso antes de la prueba	*	n.s.	**	**
Jinete	*	*	*	*
Juez	*	-	-	*
Jinete-Animal	*	*	*	**
Juez-Animal	***	-	-	n.s.
Orden de salida	n.s.	*	n.s.	n.s.

n.s.: no significativo

Tabla 2. Heredabilidad para cada uno de los caracteres evaluados en las pruebas del CCE.

	$h^2$	S.E
Puntuación por juez en el E.C.	0,21	0,08
Penalización ponderada en Salto	0,12	0,04
Penalización ponderada en Cross	0,10	0,03
Puntuación por juez en Doma	0,13	0,05



## EFFECTO DEL COCCIDIOSTÁTICO DECOQUINATO EN LA REORGANIZACIÓN DE CROMOSOMAS MEIÓTICOS DE *Eimeria tenella*.

Luis V. Monteagudo<sup>a</sup>, Emilio Del Cacho<sup>b</sup>, Margarita Gallego<sup>b</sup>, Marc Pagès<sup>c</sup>, Caridad Sánchez Acedo<sup>b</sup>

<sup>a</sup>: Departamento de Anatomía, Embriología y Genética. Facultad de Veterinaria de la Universidad de Zaragoza. C/Miguel Servet 177. 50013-ZARAGOZA.

<sup>b</sup>: Departamento de Patología Animal. Facultad de Veterinaria de la Universidad de Zaragoza. C/Miguel Servet 177. 50013-ZARAGOZA.

<sup>c</sup>: Laboratorios HIPRA. Avenida La Selva s/n. 17170-AMER (Gerona)

Correos electrónicos de los autores, por orden de aparición: monteagu@unizar.es, edelcach@unizar.es, mgallego@unizar.es, mpb@hipra.com, csarmfm@unizar.es

### INTRODUCCIÓN

A pesar del amplio conocimiento existente sobre la acción de las quinolonas de uso antibiótico (Sierra et al., 2005), se sabe muy poco de la forma de actuación de las empleadas como coccidiostáticos. Su efecto como inhibidores del transporte de electrones en las mitocondrias de los coccidios, así como la inhibición de la esporulación se han postulado como los posibles mecanismos de su efecto coccidiostático (Arakawa 1991, Fry y Williams, 1984, Williams 2005). Uno de los procesos que ocurren durante la esporulación es la meiosis (Canning y Anward, 1968).

En la actualidad, el uso del aditivo Deccox®, perteneciente al grupo de los coccidiostáticos y otras sustancias medicamentosas en la alimentación animal, está autorizado en la Unión Europea por el reglamento N° 1289/2004 de la Comisión de 14 de Julio de 2004 (DOCE del 15 de Julio de 2004). Su principio activo es el decoquinato, de la familia de las quinolonas.

En el presente trabajo se estudió el efecto del decoquinato sobre los cromosomas meióticos de *Eimeria tenella*. La dotación cromosómica de esta especie y sus cromosomas meióticos han sido previamente estudiados (Del Cacho et al., 2001 y 2005).

### MATERIAL Y MÉTODOS

Material Animal: Un total de 160 pollitos de un día, más otros 60 pollos de tres semanas de edad fueron mantenidos en condiciones laborales estándar libres de parásitos con comida y bebida *ad libitum*. Todos los procedimientos experimentales fueron revisados y aprobados por la Comisión Ética Asesora de Experimentación Animal de la Universidad de Zaragoza.

Parásito: se utilizó una cepa de *E. tenella* procedente de la empresa Merck, Sharp and Dohme. Los ooquistes se propagaron, aislaron y esporularon utilizando procedimientos estandarizados (Raether et al., 1995).

Diseño experimental: Los pollitos de un día se dividieron aleatoriamente en 4 lotes de 40 ejemplares. El primer lote recibió alimentación sin decoquinato, mientras que los lotes número 2, 3 y 4 recibieron, respectivamente, alimentación conteniendo concentraciones (p/p) de decoquinato 0,001%, 0,003% y 0,009%. Los pollos fueron infectados mediante la inoculación por vía oral oral al buche de 15.000 ooquistes esporulados a las 3 semanas de edad. Siete días después, se aislaron ooquistes del ciego de los animales y se permitió su esporulación según las condiciones propuestas por Raether et al. (1995).

Estudio de los complejos sinaptonémicos. Los complejos sinaptonémicos se visualizaron mediante microscopía electrónica de transmisión en muestras de 10<sup>4</sup> ooquistes obtenidos de las aves de cada grupo según lo descrito por Del Cacho et al. (2001 y 2005).

Tasas de esporulación. Las tasas de esporulación se determinaron por recuento de 400 ooquistes a 400 aumentos a las 96 horas de comienzo del protocolo de esporulación.

Infectividad de los ooquistes: Se utilizaron tres lotes de 20 pollos de tres semanas de edad. El primero recibió 10.000 ooquistes esporulados procedentes de los pollos no medicados. El mismo número recibieron los lotes segundo y tercero, pero procedentes

de los ejemplares tratados con decoquinato a concentraciones 0,001% y 0,003%. Del lote tratado con decoquinato a concentración 0,009% no se pudieron obtener suficientes ooquistes para abordar un protocolo de infección.

Análisis estadístico. Se aplicó el Test de Duncan de rangos múltiples, con nivel de significación  $p < 0.05$ .

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se apreciaron diferencias significativas en el número de ooquistes recogidos por individuo, en función de la concentración de decoquinato con la que fue tratado cada lote, siendo mayor en los ejemplares no medicados y reduciéndose al incrementarse la dosis del coccidiostático, como era de esperar.

La observación de los cromosomas meióticos en los ooquistes recogidos del lote no medicado no ofreció ninguna reorganización cromosómica (fig 1.). Por el contrario, aparecieron figuras de trivalentes (fig.2) y cuadrivalentes (fig 3), propias de fenómenos de translocación cromosómica, en los ooquistes recogidos en los lotes tratados con decoquinato. Pese a las dificultades propias de la identificación de cromosomas mediante microscopía electrónica, la morfología y tamaño de los observados en estas figuras apunta a los cromosomas 5 y 12 como los implicados en las reorganizaciones. La tabla I recoge el número de observaciones de trivalentes y tetravalentes efectuadas en cada uno de los lotes. Es de destacar que la proporción de figuras de reorganización cromosómica se incrementa al aumentar el porcentaje de decoquinato en el alimento.

Los efectos mutagénicos que las quinolonas de uso antibiótico producen en bacterias han sido estudiados en profundidad mediante la aplicación de tests basados en diferentes cepas bacterianas (Sierra et al., 2005). Sin embargo, se desconocen los posibles efectos mutagénicos del grupo de quinolonas de uso coccidiostático. El presente trabajo aporta pruebas de la posible aparición en *Eimeria* de gametos de dotación genética desequilibrada como consecuencia de translocaciones cromosómicas asociadas a la utilización de decoquinato en las dosis habitualmente empleadas en la profilaxis coccidiostática. Las translocaciones pueden dar lugar a la larga a gametos estériles, lo que podría explicar, al menos en parte, el efecto de estos medicamentos alterando el proceso de esporulación (Arakawa et al., 1991). Debe tenerse en cuenta que la proporción de trivalentes y tetravalentes observados probablemente subestime la proporción real de reorganizaciones cromosómicas existentes en las células. No obstante, las otras teorías acerca del modo de acción de las quinolonas sobre el parásito no pueden descartarse.

Hasta la fecha, uno de los mecanismos más conocidos de la acción de las quinolonas de uso antibiótico es la inhibición de las topoisomerasas II bacterianas, responsables de la reparación de las roturas del DNA acaecidas durante su replicación. Recientemente se ha descrito el papel de las topoisomerasas II en el emparejamiento meiótico de las cromátidas (Iwabata et al., 2005). La presencia de alteraciones cromosómicas en las meiosis de *Eimeria* asociada a la administración de una quinolona, aún diferente de las de uso antibiótico, podría deberse a alteraciones hasta ahora desconocidas de las funciones de las topoisomerasas eucarióticas, que sería necesario estudiar en profundidad.

## REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS.

- Arakawa A, Tanaka Y, E. Baba E, Fukuta T. (1991), Effects of clopidol on sporulation and infectivity of *Eimeria tenella* oocysts, *Vet. Parasitol.* 38, pp. 55–60.
- Canning EU, Anward M. (1968) Studies on meiotic division in coccidial and malarial parasites, *J. Protozool.* 15, pp. 290–298.
- del Cacho E, Gallego M, Monteagudo L, López-Bernad F, Quílez J, Sánchez-Acedo C. (2001). A method for the sequential study of Eimerian chromosomes by light and electron microscopy, *Vet. Parasitol.* 94, pp. 221–226.

del Cacho E, Pages M, Gallego M, Monteagudo L, Sánchez-Acedo C. (2005) Synaptonemal complex karyotype of *Eimeria tenella*. *Int. J. Parasitol.* 25, pp. 1445–1451.

Fry M, Williams RB. (1984), Effects of decoquinato and clopidol on electron transport in mitochondria of *Eimeria tenella* (Apicomplexa: coccidian), *Biochem. Pharmacol.* 33 (1984), pp. 229–240.

Iwabata K, Koshiyama A, Yamaguchi T, Sugawara H, Hamada FN, Namekawa SH, Ishii S, Ishizaki T, Chiku H, Nara T, Sakaguchi K. (2005) DNA topoisomerase II interacts with Lim15/Dmc1 in meiosis. *Nucleic Acids Res.*, 33: 5809–5818.

Raether W, Hofmann J, Uphoff M, (1995) Biotechnology. In: J. Eckert, R. Brown, M.W. Shirley and P. Coudert, Editors, *Guidelines on Techniques in Coccidiosis Research*, European Commission, Brussels, pp. 79–84.

Sierra JM, Cabeza JG, Ruiz Chaler M, Montero T, Hernandez J, Mensa J, Llagostera M, Vila J. (2005). The selection of resistance to and the mutagenicity of different fluoroquinolones in *Staphylococcus aureus* and *Streptococcus pneumoniae*. *Clin Microbiol. Infect* 11, pp.750-758.

Williams RB. (1995). The mode of action of anticoccidial quinolones (6-decyloxy-4-hydroxyquinolina-3-carboxylates) in chickens. *International Journal for Parasitology*, 27, pp.101-111.

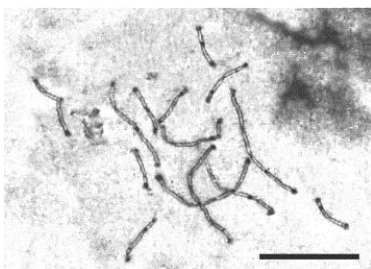


Figura 1. Dotación normal de *E. tenella*

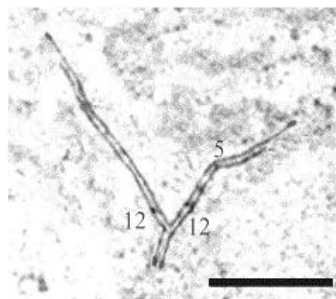


Figura 2. Trivalente formado por dos cromosomas 12 y un cromosoma 5

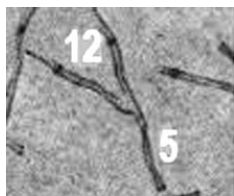


Figura 3. Se muestra un cuadrivalente resultado de sinapsis entre los cromosomas 5 y 12.

**Tabla I:** trivalentes y tetravalentes observados en ejemplares alimentados con pienso conteniendo diferentes proporciones (p/p) de decoquinato.

Origen de los ooquistes	meiosis	trivalentes	tetravalentes
lote no medicado	200	0	0 (0%)
lote 0,001% decoquinato	200	7 (3,5%)	1 (0,5%)
lote 0,003% decoquinato	200	24 (12%)	3 (1,5%)
lote 0,009% decoquinato	200	37 (18,5%)	5 (2,5%)

## ESTUDIO DE EXPRESIÓN GÉNICA EN EL MÚSCULO PORCINO ASOCIADO A PARÁMETROS DE COLESTEROL Y ENGRASAMIENTO.

Cánovas, A.<sup>1</sup>, Casellas, J.<sup>1</sup>, Varona, L.<sup>1</sup>, Díaz, I.<sup>2</sup>, Quintanilla, R.<sup>1</sup>, Pena, RN.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Genètica i Millora Animal. IRTA–Lleida. Rovira Roure,191, 25198. Lleida.

<sup>2</sup>Tecnologia dels Aliments. IRTA–Monells. 17121, Monells.

[angela.canovas@irta.es](mailto:angela.canovas@irta.es)

### INTRODUCCIÓN

En los últimos años, se han detectado múltiples QTL para caracteres de calidad de carne en porcino (Ovilo *et al.*, 2000; Perez-Enciso *et al.*, 2000). No obstante, la identificación de la mutación causal de los QTL detectados es complicada debido al gran número de genes presentes en cada región cromosómica y al desequilibrio de ligamiento generado en las poblaciones experimentales (Varona *et al.*, 2005).

El objetivo del presente trabajo es detectar e identificar genes involucrados en el metabolismo de los lípidos en porcino, mediante el análisis de expresión génica por *microarrays* de oligómeros porcinos en muestras de músculo procedente de animales con niveles extremos para una combinación lineal de parámetros de colesterol y engrasamiento. Esta aproximación nos permitirá definir un mapa de genes para niveles de colesterol y engrasamiento en porcino, incrementando así el conocimiento de la base genética de los caracteres relacionados con la calidad de carne y la composición de lípidos.

### MATERIAL Y MÉTODOS

#### Diseño experimental

El material animal utilizado en el presente estudio procede de una línea comercial Duroc con alto contenido de grasa intramuscular, utilizada en la producción de jamón curado de calidad. Con animales de esta línea se generó una población experimental de 370 machos distribuidos en cinco familias de medios hermanos paternos. Estos animales fueron castrados y controlados durante el periodo de cebo en el Centro de Control Porcino del IRTA. Para los 370 individuos se midieron los niveles de lípidos plasmáticos a dos edades, se registraron diversos caracteres relacionados con el grado de engrasamiento y la calidad de la carne al sacrificio (sobre los 120 kg de peso vivo y 190 días de edad), y posteriormente se analizó el contenido y composición de grasa intramuscular de los músculos *Gluteus medius* y *Longissimus dorsi* en el Centro de Tecnología de la Carne (IRTA-Monells).

En función de diversos análisis de componentes principales, se seleccionó un índice para clasificar a los animales en grupos extremos, tomando como criterio la maximización de las diferencias entre grupos para una serie de caracteres relacionados con el metabolismo lipídico, tales como la concentración plasmática de colesterol, lipoproteínas y triglicéridos, el porcentaje de grasa intramuscular, y su composición en ácidos grasos. Finalmente, se procesaron un total de 70 muestras de *Gluteus medius* correspondientes a los animales más extremos para parámetros de colesterol y engrasamiento, tal y como se muestra en la Tabla 1.

Tabla1. Animales analizados en el experimento de hibridación en microarrays

Línea	Nº animales
ALTA	35
BAJA	35
TOTAL	70

#### Extracción de ARN y control de calidad

La extracción, aislamiento y purificación del ARN total de los animales seleccionados se realizó con el kit RiboPure™ (*Ambion*). Debido al bajo rendimiento de extracción de este tipo de tejido fue necesario realizar dos extracciones para cada muestra para así alcanzar las concentraciones requeridas en el protocolo de marcaje e hibridación.

La integridad y pureza del ARN extraído fue analizada mediante electroforesis en un equipo *Bioanalyzer* (Agilent; Figura 1). Los valores RIN (*RNA Integrity Number*) obtenidos estaban comprendidos entre 6,7 y 8,9, indicando la buena calidad de las muestras (Schroeder *et al.*, 2006).

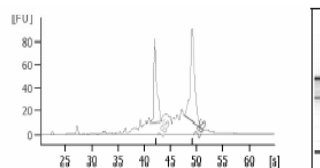


Figura 1. Electroferograma calidad ARN

### Microarrays y control de calidad

Para el análisis en *microarrays* se utilizó el *GeneChip Porcine Genome Arrays*® (Affymetrix) que contiene 21.105 sondas de 25 bases diseñadas a partir de secuencias porcinas. Se realizó una hibridación individual (no competitiva) para cada muestra. Una vez escaneados los arrays, se obtuvieron las intensidades para cada una de las sondas.

Antes de procesar los datos, se realizó un control de calidad de los arrays con la función “qc” del paquete *Simpleaffy* de Bioconductor (R). Esta función obtiene el factor de escalado, los ratios de sondas 3’ y 5’, el porcentaje de genes detectados, la estimación de la integridad del ADNc y la intensidad del *background* para cada array. De los 70 arrays procesados, sólo dos de ellos fueron eliminados por no haber alcanzado el valor óptimo en alguno de los parámetros controlados (Wilson y Miller, 2005).

### Análisis estadístico

Previamente al análisis estadístico se procedió a la corrección del *background* y la normalización de los datos. Con este fin se testaron dos algoritmos de preprocesado, MAS5.0 y RMA, dando mejor resultado el último de ellos en cuanto a normalización global de los datos

Una vez normalizados los datos mediante RMA, abordamos el estudio de la expresión diferencial entre las líneas de ALTO y BAJO nivel de engrasamiento mediante dos métodos distintos;

**MÉTODO- 1)** Un *test* de t entre los niveles de expresión en las líneas de ALTO y BAJO nivel de engrasamiento, realizado mediante el paquete *RMA\_Express* y *Analysis Array Tools* (<http://stat-www.berkeley.edu/users/bolstad/RMAExpress/RMAExpress.html>).

**MÉTODO- 2)** Un análisis bayesiano mediante un modelo mixto de varianza residual heterogénea:

$$Y_{ijkl} = A_i + G_j + T_k(G_j) + e_{ijkl}$$

En este modelo se estableció como efecto fijo el *array* (**A**) y como efectos aleatorios el gen (**G**) y el tratamiento (**T**: línea ALTA o BAJA), jerarquizado a gen, siendo **e** el vector de residuos. El análisis bayesiano del modelo se realizó mediante muestreo de Gibbs (Gelfand y Smith, 1990). Asumiendo *a priori*s normales para la verosimilitud, **G** y **T** (efectos aleatorios), y *a priori*s planas para **A** y los componentes de varianza. Se realizaron un total de 100.000 iteraciones, descartando las 10.000 primeras iteraciones (*burn-in*).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Tabla 2 muestra los resultados obtenidos comparando los niveles de expresión en *Gluteus medius* entre animales con niveles **ALTOS** vs niveles **BAJOS** de colesterol y engrasamiento.

Tabla 2. Genes cuyo nivel de expresión difirió significativamente entre los animales de la línea ALTA y la línea BAJA, según los dos análisis realizados.

<b>Análisis</b>	<b>Nº genes con <math>p</math>-value &lt; <math>10^{-7}/10^{-9}</math></b>	<b>Nº genes con ratio &gt;1,5</b>
<b>Test de t</b>	1007 ( $p$ -value < $10^{-7}$ )	140
<b>Modelo mixto de varianza residual heterogénea</b>	500 ( $p$ -value < $10^{-9}$ )	158

El test de t realizado utilizando el *RMA\_Express/Array Tools* detectó más de 1000 genes cuya expresión diferencial tenía una significación inferior a  $10^{-7}$ . De estos genes, 140 mostraban una expresión relativa 1,5 veces superior en la línea ALTA vs la línea BAJA.

En cuanto al análisis bayesiano considerando un modelo mixto, se obtuvieron 500 genes con un nivel de significación inferior a  $10^{-9}$ . De estos, 158 mostraban una ratio entre clases mayor a 1,5 (Tabla 2).

Como se puede observar en la Tabla 2, los resultados obtenidos con los dos métodos fueron consistentes. Es más, comparando la lista de genes obtenidos, 152 de los 158 genes detectados con ratios superiores a 1,5 en el análisis 2 están presentes entre los genes con un nivel de significación inferior a  $10^{-7}$  obtenidos en el análisis 1, difiriendo únicamente en 6 genes.

De la gran mayoría de estos 152 genes se conoce su homónimo humano, lo que hace posible predecir su función biológica. Así, los genes altamente significativos y con diferencias de expresión mayores a 1,5 están relacionados con una variedad de funciones tales como: el metabolismo de los lípidos, factores de transcripción y el procesamiento de ARNm. Actualmente desconocemos la función en sólo 7 de estos 152 genes (4.5%).

El número tan elevado de genes expresados diferencialmente en nuestro experimento podría ser debido a la gran potencia estadística alcanzada al trabajar con un número elevado de réplicas biológicas, que pueden ser interpretadas como medidas independientes del mismo registro (Hwa Yard y Speed, 2002) (en este caso expresión génica en músculo). Wolfinger y colaboradores (2001) atribuyen la obtención de un número más elevado de genes expresados diferencialmente al modelo mixto de varianza residual heterogénea. Asimismo, el tipo de caracteres analizados, susceptibles de ser afectados por numerosas vías metabólicas, también podría contribuir a la obtención de un elevado número de genes diferencialmente expresados.

Por último mencionar que, a la luz de estos resultados y teniendo en cuenta la función que pueda potencialmente afectar al engrasamiento muscular, se ha realizado una selección de posibles genes para validar los resultados del experimento de microarrays mediante PCR cuantitativa.

#### **AGRADECIMIENTOS**

Este proyecto ha sido financiado por el Ministerio de Educación y Ciencia (GEN2003-20658-C05-05). RN PENA recibió una ayuda de contratación INIA.

#### **REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

- Óvilo, C., Pérez-Enciso, M., Barragán, C., Clop, A., Rodríguez, MC., Oliver, MA., Toro, MA., Noguera, JL. 2000. *Mamm. Genome* 11:344-346.
- Pérez-Enciso, M., Clop, A., Noguera, JL., Óvilo, C., Coll, A., Folch, JM<sup>o</sup>, Babot, D., Estany, J., Oliver, MA., Diaz, I., Sánchez, A. 2000. *Jour. Anim. Sci.* 78:2525-2531.
- Varona, L., Gómez-Raya, L., Rauw, WM, Noguera, JL. 2005. *Journal of animal breeding and genetics.* 122:30-36.
- Gelfand, AE. y Smith, AFM. 1990. *J. Am. Stat. Assoc.* 85: 398-409.
- Schroeder, A., Mueller, O., Stocker, S., Salowsky, R., Leiber, M., Gassmann, M., Lightfoot, S., Menzel, W., Granzow, M., Ragg, T. 2006. *BMC Mol Biol.* 31;7:3.
- Tsai, S., Cassidy, JP., Freking, BA., Nonneman, DJ., Rohrer, GA., Piedrahita, JA., 2006. *Animal Genetics*, 37, 422-431.
- Wilson, CL., Miller, CJ. 2005. *Bioinformatics*; 21(18):3683-5.
- Wolfinger R.D., Gibson G., Wolfinger E.D., Bennett L., Hamadeh H., Bushel R., Afshari C., Paules R.S. 2001. *J. Comput. Biol.* 8:625-637.
- Hwa Yard and Speed. 2002. *Nature Reviews* 3:579-588.

## ¿EXISTE SIMETRÍA EN EL NIVEL DE EXPRESIÓN DEL TRANSCRIPTOMA?

Casellas, J.<sup>1</sup>, Varona, L.  
 Genètica i Millora Animal. IRTA-Lleida. 25198 Lleida.  
 joaquim.casellas@irta.es

### INTRODUCCIÓN

Los recientes avances tecnológicos en el campo de la expresión génica proporcionan un marco de trabajo idóneo para determinar la base genética de los caracteres fenotípicos. No obstante, técnicas como los *microarrays* de cDNA, generan bases de datos enormes con un nivel de replicación mínima, lo cual requiere del desarrollo de métodos estadísticos apropiados para abordarlas. Los modelos mixtos han sido recientemente adaptados al análisis de *microarrays* (Wolfiger *et al.*, 2001), y con ellos la asunción de una distribución Gaussiana (simétrica) para los distintos efectos aleatorios del modelo se aplica sistemáticamente, sin cuestionarse su idoneidad en cada caso. Resulta difícil aceptar que los niveles de expresión génica de los diferentes transcritos de un tejido determinado puedan representar una distribución simétrica. En el mismo sentido, la simetría en la expresión diferencial de dos tejidos o estados metabólicos distintos no es más que una asunción simplista dentro de un amplio rango de posibilidades. En este sentido, el objetivo de este trabajo es el de modelar diferentes fuentes de asimetría en los modelos mixtos para análisis de *microarrays*.

### MATERIAL Y MÉTODOS

#### Modelo de análisis

Tomando como punto de partida los datos generados a partir de *microarrays* de hibridación no competitiva, podemos asumir que un modelo básico de análisis sería:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{a} + \mathbf{Z}_1\mathbf{g} + \mathbf{Z}_2\mathbf{d} + \mathbf{e}$$

donde  $\mathbf{y}$  es el vector de registros de expresión génica,  $\mathbf{X}$  es la matriz de incidencias para el efecto de cada *array* ( $\mathbf{a}$ ),  $\mathbf{Z}_1$  es la matriz de incidencias para el efecto de los distintos genes ( $\mathbf{g}$ ),  $\mathbf{Z}_2$  es la matriz de incidencias para los efectos de expresión diferencial jerarquizados a gen ( $\mathbf{d}$ ), y  $\mathbf{e}$  es el vector de residuos. Siendo  $p$  el número de arrays,  $q$  el número de transcritos analizados, y asumiendo que los datos en  $\mathbf{y}$  están ordenados por gen dentro de *array*, podemos definir la verosimilitud Bayesiana como:

$$p(\mathbf{y}|\mathbf{a}, \mathbf{g}, \mathbf{d}, \mathbf{R}) \sim N(\mathbf{X}\mathbf{a} + \mathbf{Z}_1\mathbf{g} + \mathbf{Z}_2\mathbf{d}, \mathbf{I} \otimes \mathbf{R})$$

siendo  $\mathbf{I}$  una matriz identidad de dimensiones  $p \times p$ , y  $\mathbf{R}$  una matriz  $q \times q$  con ceros fuera de la diagonal y las varianzas residuales para cada gen en los elementos diagonales (modelo de varianzas residuales heterogéneas). Podemos asumir distribuciones *a priori* uniformes para  $\mathbf{a}$  y  $\mathbf{R}$ , mientras que  $\mathbf{g}$  y  $\mathbf{d}$  representan dos fuentes potenciales de asimetría distribuidas según:

$$p(\delta | \sigma_\delta^2, \lambda_\delta) \propto \prod_{i=1}^q \int_0^\infty \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_\delta^2}} \exp\left\{-\frac{(\delta_i - \lambda_\delta x_{\delta,i})^2}{2\sigma_\delta^2}\right\} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{x_{\delta,i}^2}{2}\right\} dx \quad \delta = \{\mathbf{g}, \mathbf{d}\}$$

donde  $\lambda_\delta$  es el parámetro de asimetría con distribución *a priori* plana, y  $x_{\delta,i}$  es un parámetro auxiliar procedente de una distribución normal estándar truncada en 0 ( $0 \leq x_{\delta,i} < \infty$ ; Sahu *et al.*, 2003). La inferencia sobre los distintos parámetros del modelo se efectuará a partir de muestreos iterativos de Gibbs estándares (Wang *et al.*, 1994), con la salvedad de  $x_{\delta,i}$  que será un valor positivo procedente de una distribución normal truncada en 0.

<sup>1</sup> Trabajo realizado en el marco del programa “Juan de la Cierva” del Ministerio de Educación y Ciencia.

## Ejemplo

El modelo descrito anteriormente se ha aplicado sobre datos de expresión génica en fibroblastos de *Homo sapiens* (Hombre,  $n = 18$ ), *Gorilla gorilla* (Gorila,  $n = 11$ ) y *Pan paniscus* (Chimpancé,  $n = 10$ ), obtenidos mediante *microarrays* no competitivos (*Human Genome U95 Set*, Affymetrix). La obtención de este material experimental, procesado, y resultados del análisis mediante metodología estadística estándar pueden consultarse en Karaman *et al.* (2003). Los datos completos de expresión génica para cada *array* son de dominio público y pueden obtenerse en *Gene Expresión Ómnibus*<sup>2</sup> (referencia GDS340). Después de descartar los *loci* con nivel nulo de expresión, el análisis se efectuó sobre el logaritmo neperiano de la expresión de 3.700 transcritos. Se realizaron tres análisis paralelos para determinar la expresión diferencial entre *Homo sapiens* y *Gorilla gorilla*, *Homo sapiens* y *Pan paniscus*, y *Gorilla gorilla* y *Pan paniscus* así como el grado de asimetría en la distribución de efectos aleatorios del modelo. Para cada análisis se lanzó una única cadena de 500.000 elementos, descartando los primeros 50.000 como *burn-in* (Raftery y Lewis, 1992).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La implementación de efectos aleatorios con distribuciones asimétricas en el análisis de *microarrays* implica un avance metodológico substancial a la hora de modelar los registros de expresión génica. Aunque la asunción típica de distribuciones normales simétricas para ese tipo de efectos se fundamenta en el compromiso entre plausibilidad biológica y simplicidad computacional, la inclusión de asimetría y el posterior análisis de los parámetros adicionales, resulta trivial, tal como se describe en el apartado de Material y Métodos.

El parámetro  $\lambda$  caracteriza el grado de asimetría de la distribución, convergiendo a una distribución normal de media cero cuando  $\lambda = 0$ . Aunque la asimetría caracterizada por  $\lambda$  depende también de la varianza del efecto (Sahu *et al.*, 2003), un valor de  $\lambda$  positivo incrementa la probabilidad a la derecha del valor modal, mientras que una  $\lambda$  negativa tiene el efecto inverso. Los análisis efectuados revelaron un grado substancial de asimetría positiva en la expresión génica global (Tabla 1, Figura 1a), muy semejante en los tres análisis, resultado que confirma nuestra hipótesis de partida en cuanto a la asimetría de la expresión del transcriptoma.

Tabla 1. Estimación del parámetro de asimetría para la expresión génica basal ( $\lambda_g$ ) y la expresión diferencial ( $\lambda_t$ ) en los distintos análisis.

	$\lambda_g$		$\lambda_t$	
	Moda	HPD95	Moda	HPD95
<i>Homo sapiens</i> vs. <i>Gorilla gorilla</i>	1,65	1,61 a 1,70	0,47	0,44 a 0,50
<i>Homo sapiens</i> vs. <i>Pan paniscus</i>	1,65	1,60 a 1,70	0,44	0,42 a 0,47
<i>Gorilla gorilla</i> vs. <i>Pan paniscus</i>	1,64	1,58 a 1,68	-0,33	-0,37 a -0,28

HPD95: Región de máxima probabilidad posterior al 95 %.

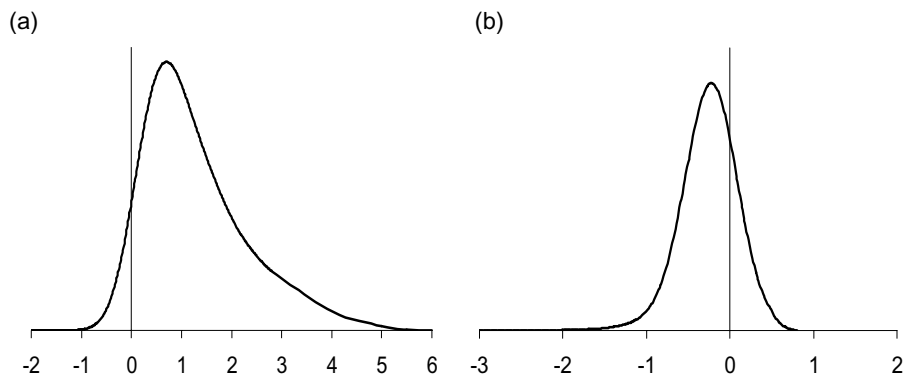
La distribución de la expresión diferencial en los distintos tejidos también fue asimétrica, aunque de manera mucho más moderada (Figura 1b). No obstante, resulta importante destacar que este ejemplo se centró en el mismo tejido aunque de especies distintas, lo cual origina una variabilidad moderada de la expresión génica diferencial (Figura 1b). En este sentido sería esperable obtener desviaciones más importantes de la simetría en comparaciones entre tejidos más diferenciados, como sería el ejemplo clásico del análisis entre células sanas y células cancerígenas. Aunque el análisis conjunto de miles de genes aumenta la probabilidad de obtener una expresión diferencial equilibrada entre las dos

<sup>2</sup> <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>



especies analizadas, las desviaciones observadas sugieren que la sobre-expresión de algunos genes en una especie no se ve necesariamente compensada por la sobre-expresión del mismo número de genes en la otra, al menos no con las mismas magnitudes de expresión génica. Resulta curioso destacar que dada la asimetría de la distribución, existe más expresión génica diferencial a nivel de fibroblastos en *Gorilla gorilla* o *Pan paniscus* que en *Homo sapiens*, y en caso de comparar ambas especies de primates africanos, la distribución se desvía a favor del gorila.

Figura 1. Distribución de las estimas obtenidas (media posterior) para los efectos aleatorios de gen (a) y tratamiento dentro de gen (b) en el análisis *Gorilla gorilla* vs. *Pan paniscus*.



## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Karaman, M. W., Houck, M. L., Chemnick, L. G., Nagpal, S., Chawannakul, D., Sudano, D., Pike, B. L., Ho, V. V., Ryder, O. A., Hacia, J. G. 2001. Comparative analysis of gene-expression patterns in human and African great ape cultured fibroblasts. *Genome Res.*, 13, 1619-1630.
- Raftery, A. E., Lewis, S. M. 1992. How many iterations in the Gibbs sampler? Páginas 763-774 en *Bayesian Statistics IV* (Bernardo, J. M., Berger, J. O., Dawid, A. P., Smith, A. F. M.), Oxford University Press, NY.
- Sahu, S. K., Dey, D. K., Branco, M. D. 2003. A new class of multivariate skew distributions with applications to Bayesian regression models. *Canadian J. Stat.*, 31, 129-150.
- Wang, C. S., Rutledge, J. J., Gianola, D. 1994. Bayesian analysis of mixed linear models via Gibbs sampling with an application to litter size in Iberian pigs. *Genet. Sel. Evol*, 26, 91-115.
- Wolfinger, R. D., Gibson, G., Wolfinger, E. D., Bennett, L., Hamadeh, H., Bushel, R., Afshari, C., Paules, R. S. 2001. Assessing gene significance from cDNA microarray expression data via mixed models. *J. Comput. Biol.*, 8, 625-637.

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

Tor, M.<sup>1</sup>, Bosch, L.<sup>2</sup>, Reixach, J.<sup>3</sup>, Estany, J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departament de Producció Animal. Universitat de Lleida. Rovira Roure, 191. 25198 Lleida. mtor@prodan.udl.es

<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.

### 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

Se eligieron 11 ♀♀ al azar de un lote compuesto de unas 200 reproductoras Duroc para ser inseminadas con mezcla de semen de un ♂ Duroc y un ♂ Pietrain. Se obtuvieron 7 camadas con lechones de los dos tipos genéticos. A los 7 días de edad los machos fueron castrados (♂♂) y durante el periodo de engorde se alimentaron *ad libitum* con un pienso comercial. Se sacrificaron a los 187 días de vida realizándose, a lo largo de todo el periodo de crecimiento, 10 controles de peso, 10 medidas de espesor de tocino dorsal y de la profundidad del *m. longissimus dorsi* mediante PigLog®, 1 ecografía del *m. longissimus dorsi*, 7 extracciones de sangre, 2 biopsias del *m. longissimus dorsi* y dos perfiles bioquímicos en sangre en dos momentos simétricos ( $\pm 10$  días) con respecto al destete. Sobre la canal se determinó el contenido y composición de la grasa intramuscular de los *m. longissimus dorsi* y *m. gluteaeus medius*. Se obtuvieron registros completos de 10 ♂♂ Du; 7 ♂♂ DuxPi; 5 ♀♀ Du; 6 ♀♀ DuxPi, que constituyen la base del presente trabajo.

#### Técnicas de análisis

El hemograma y la fórmula leucocitaria se realizó por conteo 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.

\* 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 tripiridiltriagina (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 el 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		♀♀	♂♂	
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> <sup>1</sup>	12.31	10.15	ns	10.33	12.13	ns
% GIM <i>m. longissimus</i> <sup>1</sup>	11.06	7.33	***	8.57	9.82	ns
% SFA <i>m. longissimus</i>	43.47	42.09	ns	41.17	44.40	*
% MUFA <i>m. longissimus</i>	40.44	38.22	ns	39.28	39.37	ns
% PUFA <i>m. longissimus</i>	16.07	19.68	**	19.54	16.21	*

<sup>1</sup> Expresado sobre materia seca. \*\*\*  $p < 0.0001$ ; \*\*  $p < 0.01$ ; \*  $p < 0.05$

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	
<b>CONCENTRACIONES EN SANGRE</b>			
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	***
<b>DOSIFICACIÓN LIPOPROTEINAS</b>			
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

\*\*\* 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., Rodríguez, 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.

## ESTUDIO DE PERFILES PROTEÓMICOS DE PLASMA SANGUÍNEO ASOCIADOS AL CONTENIDO DE GRASA INTRAMUSCULAR EN LA ESPECIE PORCINA\*

Tor, M.<sup>1</sup>, Gabarró, M.<sup>1</sup>, Bosch, L.<sup>2</sup>, Villalba, D.<sup>1</sup>, Reixach, J.<sup>3</sup>, Estany, J.<sup>1</sup>

1. Departament de Producció Animal. Universitat de Lleida. Rovira Roure, 191. 25198 Lleida. mtor@prodan.udl.es
2. Departament d'Enginyeria Química, Agrària i Tecnologia Agroalimentària. Universitat de Girona. 17071. Girona.
3. Selecció Batallé S.A. 17421. Riudarenes.

### INTRODUCCIÓN

La proteómica, entendida como el análisis sistemático y a amplia escala de las proteínas expresadas por un genoma, puede ayudar a profundizar en las bases de la fisiología y en la localización de marcadores útiles en mejora genética animal. Seguramente el enfoque proteómico más frecuente consiste en la digestión previa de la mezcla proteica compleja, seguida de separación cromatográfica y de la secuenciación de los péptidos diferenciadores mediante espectrometría de masas en tándem. Cuando las diferencias entre muestras son claras, a nivel de presencia/ausencia de un péptido, la elección de los péptidos a secuenciar sencilla, puesto que el interés se centra en aquellos que se expresan únicamente en uno de los tratamientos. Cuando las diferencias son de nivel de expresión, es necesaria la cuantificación previa de los perfiles, para detectar cuales son las señales proteicas de interés (Listgarten *et al.*, 2007). En la actualidad existen diversas estrategias en ese sentido (Wiener *et al.* 2004) y en los dos últimos años han surgido diversas aplicaciones informáticas para el tratamiento tridimensional de este tipo de perfiles. En este trabajo se presentan resultados preliminares de un estudio de perfiles proteómicos de plasma sanguíneo, realizados en dos tipos genéticos porcinos divergentes para el contenido de grasa intramuscular (GIM). El objetivo es optimizar los parámetros de trabajo para la realización, cuantificación y alineamiento de los perfiles proteómicos y evaluar su repetibilidad.

### MATERIAL Y MÉTODOS

#### Perfiles proteómicos

Se ha obtenido plasma sanguíneo de cerdos de dos tipos genéticos (Du y DuxPi) obtenidos según el protocolo descrito en Tor *et al.* (2007). El primer pool se constituyó con muestras equirepresentadas de plasma de 6 cerdos Du y el segundo pool con 6 muestras de cerdos DuxPi, cada uno de ellos medio hermano de uno del primer pool. De cada pool se realizaron dos digestiones distintas (E y B pool Du; H y I pool DuxPi). La depleción previa de la albúmina e inmunoglobulinas de la muestra se realizó mediante el sistema ProteoPrep® (ref.: PROTBA, Sigma, St. Louis, MO, USA). La cuantificación del contenido proteico del suero depletado se realizó mediante un método basado en sal de tretrazolío (ref.: 77371, Fluka, Buchs, Switzerland). La digestión de las muestras se realizó mediante una solución ácida de tripsina (Trypsin proteomics grade, product code T6567, Sigma, St. Louis, MO, USA), a una relación enzima sustrato de 1:50. La mezcla de pépticos resultante se liofilizó y guardó congelada a -80°C hasta el momento de su análisis. Previamente a la inyección de la muestra en el sistema HPLC/MS se reconstituyó la muestra y se filtró mediante filtro Vivaspin 500 (50 kDa) a 12.000 x g durante 30 minutos a 20 °C. La separación cromatográfica se realizó mediante un sistema 2D-HPLC. Para ello se utilizaron dos columnas conectadas en serie. La primera de intercambio iónico fuerte (SCX; PolySULFOETHYL A, 200x2.1mm; 5µm; 300Å; Columbia, USA) y la segunda de fase inversa (RP; Symmetry300 C4; 2,1x150mm; 5µm; 300Å; Milford, USA). La elución de la columna

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

SCX se realizó en 10 etapas de 30 minutos de duración (de 0 a 500 mM CH<sub>3</sub>COONH<sub>4</sub>). A cada etapa de la primera columna le corresponde un ciclo de elución de la columna RP mediante un gradiente agua-ACN (95/5 a 0/100 %) durante 30 minutos.

### Herramientas bioinformáticas

La comparación cualitativa bidimensional de los perfiles se ha realizado mediante el programa Msight 1.0 (Swiss Institute of Bioinformatics, Geneva, Suiza. <http://expasy.org/Msight/> ). Para el alineamiento y cuantificación de los perfiles se han utilizado los paquetes MZMine 0.60. (VTT Technical Research Centre of Finland y Computational Systems Biology Research, Turku. <http://mzmine.sourceforge.net/> ) y msInspect 1.0.1 (Fred Hutchinson Cancer Research Center, Seattle, USA. <http://proteomics.fhcrc.org/> ).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Figura 1 se presenta un perfil proteómico de plasma sanguíneo según la metodología descrita anteriormente. Se obtienen 10 secciones distintas correspondientes a cada una de las fases del sistema 2D-HPLC. En el eje de abscisas se presenta la relación  $m/z$  y en el de ordenadas el tiempo de retención en la columna RP. Se observa cierta heterogeneidad entre secciones, tanto en la distribución de los péptidos como en el ruido de fondo, lo cual dificulta el procesamiento de los mismos.



Figura 1. Estructura bidimensional de un perfil proteómico y detalle tridimensional. Cada una de las 10 secciones del perfil corresponde a una fracción de la columna SCX eluida en la columna RP.

En la Figura 2 se presenta la distribución de los perfiles correspondientes a las digestiones E (DU) y H(DuxPi), alineados y cuantificados con aplicaciones bioinformáticas distintas: MzMine y msInspect. Se esperaría *a priori* que las dos aplicaciones llegaran al mismo resultado, pero tal como se observa en la figura aparecen diferencias notables, tanto en la distribución de los picos como en sus intensidades. Ambos programas utilizan algoritmos distintos para la cuantificación y alineamiento. Estos requieren de una optimización empírica de diversos parámetros, que puede condicionar los resultados finales. En la Figura 3, utilizando ya únicamente la aplicación MzMine, se presenta la distribución de las cuatro digestiones agrupadas dos a dos. Cabe destacar que, cuando se comparan perfiles dentro de pool (casos EB y HI), el número de pares alineados (620 y 318 respectivamente) es muy superior a cuando se alinean perfiles de pools distintos (53 pares aproximadamente). Además la correlación entre las abundancias de los picos alineados es también superior, del

orden de 0,7 vs. 0,4. La variabilidad observada dentro de pool es debida al método analítico y atribuible en gran parte al proceso de digestión enzimática de la muestra.

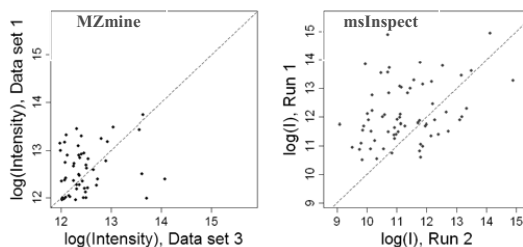


Figura 2. Scatterplots de una digestión del pool DU(E) y una digestión del pool DuxPi (H). Datos de la sección 3 cuantificados y alineados mediante MZmine y msInspect.

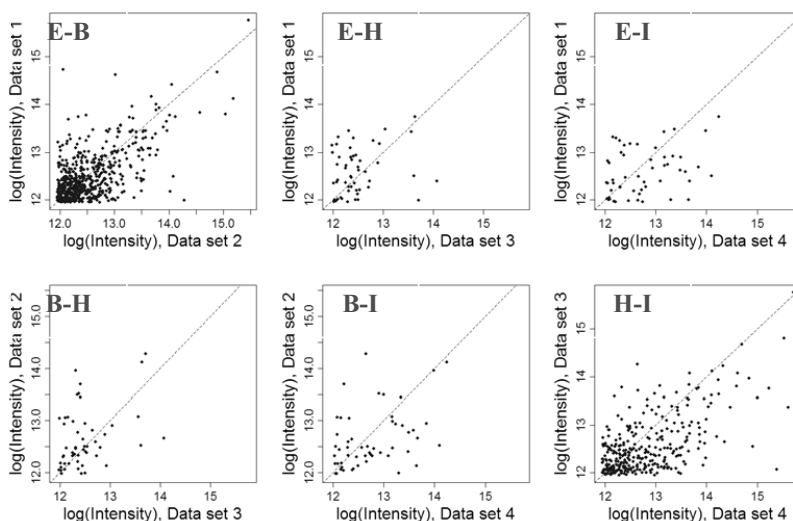


Figura 3. Scatterplots de 2 digestiones del pool DU (E, B) y dos digestiones del pool DuxPi (H, I). Datos de la sección 3 y cuantificados y alineados por MZmine.

Tanto la metodología de preparación de la muestra como el método de cuantificación y alineamiento afectan a la repetibilidad de los perfiles obtenidos. La gran complejidad del proteoma hace muy difícil que los perfiles proteómicos obtenidos sean completos y estos dependen, en gran medida, de la metodología empleada en su realización, alineamiento y cuantificación. Es por tanto fundamental tenerla en cuenta en la interpretación de resultados.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Listgarten, J., Neal, R., Roweis, S.T., Wong, P., Emili, A. 2007. *Bioinformatics* 15: e198 - e204.
- Tor, M., Bosch, L., Reixach, J., Estany, J., 2007. Diferencias en el perfil fisiológico y contenido de grasa intramuscular en un diseño experimental de medios hermanos maternos Duroc y Duroc x Pietrain. XII Jornadas sobre Producción Animal.
- Wiener, M.C., Sachs J.R., Deyanova, E.G., Yates, N.A. 2004. *Analytical Chemistry* 76 (20): 6085-6096.

## ASOCIACIÓN ENTRE EL GEN DE LA ACETIL-CoA CARBOXILASA Y EL PERFIL DE ÁCIDOS GRASOS EN UN CRUCE ENTRE CERDOS IBÉRICOS Y LANDRACE

Alves, E. <sup>1</sup>, Barragán, C. <sup>1</sup>, Fernández, A.I. <sup>1</sup>, Fernández, A. <sup>1</sup>, Estellé, J. <sup>2</sup>, Quintanilla R. <sup>3</sup>, Rodríguez, C. <sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dpto. Mejora Genética Animal, INIA, 28040 Madrid. <sup>2</sup>Dpto. Ciencia Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, UAB, 08193, Bellaterra. <sup>3</sup>Dpto. Genética y Mejora Animal, IRTA, Lleida

E-mail: [esalves@inia.es](mailto:esalves@inia.es)

### INTRODUCCIÓN

El enzima acetil-CoA carboxilasa  $\alpha$  (ACC- $\alpha$ ) desempeña un papel fundamental en el metabolismo de los ácidos grasos, catalizando la formación de malonil-CoA a partir de acetil-CoA que, a su vez, actúa bien como intermediario en la síntesis *de novo* de los ácidos grasos de cadena larga, bien como sustrato de los enzimas de elongación acil-CoA. El gen ACACA, responsable de la síntesis de este enzima, se localiza en el cromosoma 12 porcino (Calvo *et al.*, 2000), en una región en la que se ha detectado un QTL significativo para la composición en ácidos grasos (Muñoz, 2005). El objetivo de este trabajo ha sido la identificación de polimorfismos presentes en dicho gen y el estudio de su asociación con caracteres de composición de ácidos grasos en los animales F2 del cruce Ibérico x Landrace.

### MATERIAL Y MÉTODOS

**Secuenciación del gen ACACA:** La extracción del RNA total se hizo a partir de muestras de hígado de dos cerdos Ibéricos (línea Guadyerbas) y ocho Landrace, utilizando Tri Reagent (Sigma Aldrich Chemie, Germany), y posteriormente se llevó a cabo la retrotranscripción con hexámeros aleatorios y Superscript™ II Reverse Transcriptase (Invitrogen Life Technologies). A partir del alineamiento de las secuencias del gen ACACA disponibles para humano, ratón y bovino, se diseñaron 16 parejas de cebadores (Tabla 1) para amplificar fragmentos solapados que abarcan la región codificante del gen en su casi totalidad (6945 pb). Las reacciones se realizaron en volúmenes de 25  $\mu$ l, con tampón de PCR 1X, concentración de MgCl<sub>2</sub> específica de cada pareja de oligonucleótidos (Tabla 1), 200  $\mu$ M de dNTPs, 0,5  $\mu$ M de cada cebador, 0,5 U de Tth (Biotools) y 2  $\mu$ l de cDNA. El perfil térmico utilizado fue 94° - 5 min, seguido de 40 ciclos de 94° - 30 seg, temperatura de hibridación, específica de cada pareja de cebadores (Tabla 1) - 30 seg, 72° - 45 seg y una extensión final a 72° - 10 min. Los productos de PCR fueron purificados y secuenciados en un secuenciador automático (ABI 3730) empleando el kit Big Dye Terminador v3.1 (Applied Biosystems).

**Genotipado de SNPs:** El polimorfismo C/T detectado en la posición 5634 (codón 1878) del exón 46 de este gen (referido a la secuencia humana ENSG00000132142) se genotipó mediante un protocolo PCR-RFLP *Msp* I. Para ello se diseñó una pareja de cebadores ACAex46F 5'-GTGTACACCTCCAATAACCAG-3' y ACAex46R 5'-GTAAGACAGCCAGTGCAGGACAGT-3' que permite la amplificación de un fragmento de 120 pb. El patrón de restricción del alelo C corresponde a una sola banda de 120 bases mientras el del alelo T presenta dos bandas de 73 y 47 bases, respectivamente. Se genotiparon 33 animales F0, 70 F1 y 418 F2 del cruce experimental Ibérico X Landrace (Clop *et al.*, 2003) con registros para la composición en ácidos grasos.

**Análisis estadístico:** Para la construcción del mapa de ligamiento se ha incorporado el genotipo del SNP c.5634C>T como marcador a la información previa (Fernández *et al.*, 2006) y se ha utilizado la opción "build" del programa informático CRI-MAP versión 2.4 (Lander y Green, 1987).

Para los análisis de detección de QTLs y de asociación asistida por marcadores se utilizaron respectivamente los siguientes modelos estadísticos:

$$y_i = \text{sexo}_i + \text{lote}_i + \beta \text{cov}_i + a c_{ai} + d c_{di} + u_i + e_i \quad (1)$$

$$y_i = \text{sexo}_i + \text{lote}_i + \beta \text{cov}_i + a c_{ai} + d c_{di} + g \lambda_i + u_i + e_i \quad (2)$$



donde  $y_i$  es el porcentaje de un ácido graso en la grasa dorsal del animal  $i$ ,  $cov_i$  es la medida de profundidad de grasa dorsal entre la 3ª y 4ª costillas utilizada como covariable y  $\beta$  el coeficiente de regresión correspondiente,  $a$  y  $d$  son los efectos aditivo y dominante del QTL mientras que  $c_{ai} = Pr(QQ) - Pr(qq)$  y  $c_{di} = Pr(Qq)$ , siendo  $Pr(QQ)$ ,  $Pr(Qq)$  y  $Pr(qq)$  las probabilidades de ser homocigoto para el alelo de origen Ibérico, heterocigoto o homocigoto para el alelo Landrace, respectivamente. En el modelo 2,  $g$  es el efecto de sustitución del polimorfismo analizado del gen *ACACA*, siendo  $\lambda_i$  el número de copias del alelo C. La significación estadística nominal de los efectos se calculó comparando los correspondientes modelos completo y reducido mediante la aproximación  $\chi^2$  al cociente de verosimilitudes (LRT). Los análisis estadísticos se realizaron utilizando el programa QxPak (Pérez Enciso y Misztal, 2004). Para los resultados de detección de QTL se calcularon los umbrales de significación cromosómicos al 0.1, 1 y 5% (Nezer *et al.*, 2002).

Tabla 1. Cebadores utilizados para la amplificación del cDNA y secuenciación.

Cebadores	Secuencia (5' →3?)	Tª Hibridación	MgCl <sub>2</sub> (mM)	Tamaño
ACA1F	TTCATAATAGTTCTGTGTCT	51	1,5	514
ACA1R	CATTTGCATAGTTGTTGTTT			
ACA2F	CAGTGAAATGCATGCGGTCTATCC	56	1,5	505
ACA2R	AGCCCATCATCCACATCTTTCACA			
ACA3F	CCCAGGAGCTATATGAAAAAGGTT	55	2,0	539
ACA3R	CTGTGCTGCGGGGAGATTGAC			
ACA4F2	CAGGATGGCAGCTTCTACTTTC	53	1,5	584
ACA4R2	GCCCGTACTTTTTCTGCTAT			
ACA5F	GTTTGGTCACTGCTTTTCTTG	52	2,0	472
ACA5R	TCCACCGTCACTCAGCCGATGTA			
ACA6F	GTCCCCGAACTCCTACG	50	2,5	572
ACA6R	TCACCCTGCTGCTAAAGAA			
ACA7F	GCCACGGATCCAGAGCACA	56	2,5	470
ACA7R	GCCGCAGCAGGTCCATCA			
ACA8F	TGTCAGTTTTCCAGCCAGCAGATT	55	1,5	622
ACA8R	TGTGATAGAAGAAGTTTGGTAGGA			
ACA9F	TTCGCCATAACCAAGTAGAGT	53	2,0	543
ACA9R	CATAAAGAGACGTGTGACCT			
AC10BF	GGATGGGCGGAATGGTCTCTT	59	2,0	652
AC10BR	AGCCGTTCCCCTTCATTCTGTAG			
ACA11F	TGTTGCTGCAATCATCAGAC	55	2,0	743
ACA11R	CCGGACTTTTTAAGGGACATTTT			
ACA21F	GGAGACAAACAGGGACCATTACAT	56	2,0	536
ACA21R	TCTACCCAGGCCACGTGAAACATA			
ACA22F	ACCCAGGAGGATGTGCTATTTCT	58	2,5	568
ACA22R	GGTGACCCCGTTGTTGTGC			
ACA23F	CATTGGGATTGGGGCTTACCT	60	2,5	569
ACA23R	CCTGCTGGATTATCTTGGCTTCA			
ACA24F	CCCGTGGGAGTAGTTGCCGTAA	62	2,0	721
ACA24R	GCCGCCTCAGCCGCCAGTA			
ACA25F	AGTTCCTCCTCCCCATCTACCAT	57	2,5	524
ACA25R	CTACGTTGAGGGCGAGTCCAT			

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El alineamiento de las secuencias de la región codificante permitió la detección de 15 SNPs en los exones 42, 45, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 54 y 55, todos ellos sinónimos. En el SNP genotipado (c.5634C>T), el alelo c.5634C está fijado en los parentales Ibéricos, mientras que su frecuencia en la línea Landrace es 0.43 y 0.69 en los animales F2. El mapa de ligamiento del cromosoma 12 mostró un tamaño de 111,7 cM y el gen *ACACA* se localizó en la posición 75.6 cM (*FASN*-2.1-S0143-29.5-*GH*-2.7-SW1307-16.3-SW874-7.7-*GIP*-10.8-

SWR1802-ACACA-20.0-S0106-16.2-SWR1021). Los análisis de detección de QTLs confirmaron la presencia en este cromosoma de tres QTLs: QTL1) alrededor de la posición 10 cM afectando al porcentaje de ácido mirístico (C14:0), QTL2) entre 20 y 30 cM afectando al porcentaje de los ácidos palmítico (C16:0), linolénico (C18:3 n-3) y gadoleico (C20:1 n-9) y QTL3) en la posición 76 cM, entre los marcadores SW874 y SWR1802, altamente significativo para el ácido palmitoleico (C16:1 n-9) y muy significativo para los ácidos esteárico (C18:0) y vaccénico (C18:1 n-7). En este caso el alelo Ibérico incrementaría el contenido de los dos ácidos grasos monoinsaturados, reduciendo el porcentaje de esteárico. La localización del pico máximo del QTL3 coincide con la posición establecida para el gen ACACA (Tabla 2).

Tabla 2. Análisis de los efectos del QTL3 y del polimorfismo ACACA:c.5634C>T sobre diversos ácidos grasos, utilizando los modelos 1 y 2.

Carácter	Mod.	cM	LRT <sup>†</sup>	QTL		LRT	SNP	
				a (SE)	d (SE)		P	g <sub>ACA</sub> (SE)
C16:1(n-9)	1	73	19.82	0.10 (0.03)	-0.13 (0.04)			
	2	71	10.40	0.06 (0.04)	-0.12 (0.04)	13.26	0.27x10 <sup>-3</sup>	0.12 (0.03)
C18:0	1	76	11.89	-0.35 (0.10)	-			
	2	75	2.91	-0.25 (0.15)	-	8.88	0.29x10 <sup>-2</sup>	-0.31 (0.10)
C18:1(n-7)	1	76	12.81	0.09 (0.03)	-			
	2	0	4.37	0.05 (0.02)	-	11.60	0.66x10 <sup>-3</sup>	0.09 (0.03)

<sup>†</sup> Umbrales de significación cromosómicos al 0.1, 1 y 5%: 18.95, 14.33 y 11.07 (2 g.l.) y 15.63, 11.30 y 8.31 (1 g.l.)

El empleo del test de asociación asistido por marcadores (modelo 2), que incluye los efectos del QTL y del gen candidato, con el objetivo de reducir la proporción de falsos positivos debidos al posible desequilibrio de ligamiento entre ambos (Zhao *et al.*, 2003). Los resultados se muestran en la tabla 2. Se observan efectos significativos del polimorfismo sobre los ácidos palmitoleico, esteárico y vaccénico, mientras que no se detectan los efectos significativos del QTL3 que previamente habían sido localizados con el modelo 1. Estos resultados apoyan la implicación del gen ACACA en la variabilidad de caracteres de composición en ácidos grasos: el alelo c.5634C aumenta el porcentaje de los ácidos palmitoleico y vaccénico, disminuyendo el del ácido esteárico. Sin embargo tanto la sustitución analizada como las restantes mutaciones detectadas resultaron sinónimas, por lo que no podemos proponer ningún QTN. Como tareas inmediatas, se ha iniciado la búsqueda de polimorfismos en las regiones 5'UTR, 3'UTR y promotoras. Por otro lado no puede descartarse la posibilidad de que la mutación causal se localice en una región intrónica o en algún otro gen en desequilibrio de ligamiento.

## AGRADECIMIENTOS

Trabajo financiado por INIA (CPE03-010-C03). Amanda Fernández tiene una beca predoctoral INIA. Jordi Estellé tiene una beca FPU del MEC.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Calvo *et al.* 2000. *Cytogenet Cell Genet* 90, 238-239.
- Clop *et al.* 2003. *Mamm Genome* 14, 650-656.
- Fernández *et al.* 2006. XIII Reunión Nacional de Mejora Genética Animal, Gijón.
- Lander y Green. 1987. *Proc Natl Acad Sci USA* 84, 2363-2367.
- Muñoz. 2005 Tesis doctoral, UCM, Madrid.
- Nezer *et al.* 2002. *Genet Sel Evol* 34, 371-387.
- Pérez-Enciso y Misztal. 2004. *Bioinformatics* 20, 2792-2798.
- Zhao *et al.* 2003. *Mamm Genome* 14, 472-482.

## POLIMORFISMO Y ANÁLISIS DE ASOCIACIÓN DEL GEN DE LA ACETIL-CoA CARBOXILASA $\alpha$ (ACACA) PORCINA

Gallardo D.<sup>1</sup>, Quintanilla R.<sup>2</sup>, Ramírez O.<sup>1</sup>, Prat-Cuffi J.M.<sup>3</sup>, Amills M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ciencia Animal y de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Autónoma de Barcelona, 08193 Bellaterra. <sup>2</sup>Genètica i Millora Animal, IRTA-Lleida, 25198 Lleida. <sup>3</sup>Laboratori d'Anàlisis Clíniques, Hospital de Palamós, Palamós.

E-mail: David.Gallardo@uab.es

### INTRODUCCIÓN

La acetil-CoA carboxilasa  $\alpha$  (ACACA) es un enzima que cataliza el primer paso de la biosíntesis de ácidos grasos de cadena larga, constituyéndose en uno de los principales enzimas reguladores del proceso de formación de malonil-CoA. El malonil-CoA es utilizado como sustrato de la sintasa de ácidos grasos, enzima que cataliza la formación de los ácidos grasos de cadena larga (Mao *et al.*, 2003). El enzima ACACA se expresa de forma ubicua, observándose elevados niveles en tejidos lipogénicos como por ejemplo el hígado, el tejido adiposo y la glándula mamaria en lactación. La expresión de la ACACA está regulada por factores relacionados con la edad (Scott *et al.*, 1981), la dieta (Gerfault *et al.*, 2000, Kouba *et al.*, 1998) y los niveles hormonales (Liu *et al.*, 1994), entre otros.

El gen ACACA porcino fue localizado en el cromosoma 12 por Calvo *et al.* (2000), aunque todavía no se ha publicado su secuencia ni se ha descrito la existencia de polimorfismos. La caracterización estructural del gen ACACA porcino constituirá un primer paso para comprender mejor la base molecular de los distintos factores que regulan su expresión, así como para determinar si existen mutaciones que afecten a la variabilidad de algún carácter de importancia económica en esta especie doméstica.

### MATERIAL Y MÉTODOS

**Material animal y datos fenotípicos.** El material animal utilizado pertenece a una línea comercial Duroc, a partir de la cual se generó una población experimental de 368 machos castrados, distribuidos en 5 familias de medio hermanos paternos. Para todos los individuos se midieron los niveles de lípidos plasmáticos a dos edades, 45 días y el día anterior al sacrificio (en torno a 190 días). Se analizaron de forma simultánea las concentraciones plasmáticas de colesterol total (CT) y de triglicéridos (TG) con un autoanalizador Technicon (Technicon Instruments, Tarrytown, NY). La concentración de las lipoproteínas de alta densidad (HDL) se determinó mediante la precipitación selectiva de lipoproteínas que contienen apo B. Los niveles de lipoproteínas de baja densidad (LDL) se calcularon de acuerdo con la ecuación de Friedwald *et al.* (1972).

**Extracción de DNA y secuenciación del gen ACACA.** Se ha realizado la extracción de DNA de los 368 individuos G<sub>1</sub> y los 5 machos parentales de una población comercial Duroc mediante el protocolo descrito por Ramírez *et al.* (2003). Con la finalidad de secuenciar la región codificante del gen ACACA se amplificaron y secuenciaron 8 fragmentos solapados que abarcan aproximadamente 7,4 kb de la misma. Concretamente, se secuenció la región codificante del gen ACACA en 10 cerdos Duroc con niveles de colesterol altos (98-105 mg/dL, N = 5) y bajos (60-66 mg/dL). Además, también se analizó un individuo de cada una de las siguientes razas: Large White, Landrace, Meishan x Ibérico, Piértrain e Ibérico. Los oligonucleótidos se diseñaron empleando como molde el alineamiento de las secuencias ortólogas del gen ACACA en humano y ratón (ver Tabla 1). Se ha utilizado el programa Multalin para ensamblar las secuencias de los distintos fragmentos amplificados y construir una secuencia consenso.

**Genotipaje de polimorfismos en las generaciones parental y G<sub>1</sub>.** La información generada a partir del análisis de las secuencias ACACA porcinas se ha utilizado para detectar SNP que estuviesen segregando en la población Duroc objeto de estudio. Se han puesto a punto distintas técnicas para genotipar los 368 individuos más los 5 machos parentales para un total de 13 SNP. Se ha utilizado la técnica de Primer Extension Analysis

para genotipar los SNP T542C, G1633A, C1878T, C1915T, G2023A, A2075G, C2213A, G2227T, G7060A y A7140T, mientras que para genotipar los SNP G1702T, T1703G y T1732C se ha utilizado la técnica de pirosecuenciación que posibilita el genotipado simultáneo de varios SNP localizados en un mismo exón y a corta distancia el uno del otro. Los protocolos de genotipaje se hallan descritos en Gallardo (2005).

**Análisis de asociación con los niveles de lípidos plasmáticos.** A partir de los genotipados disponibles para los animales de la población LIPGEN, se realizó un primer análisis de asociación de los polimorfismos del gen ACACA con las concentraciones de lípidos plasmáticos. Los modelos utilizados para el análisis fueron los siguientes:

$$y_{ijkl} = \mu + familia_i + granja_j + lote_k + \beta cov_{ijkl} + g_l + e_{ijkl} \quad (1)$$

$$y_{ijkl} = \mu + familia_i + granja_j + lote_k + \beta cov_{ijkl} + g_l(familia_i) + e_{ijkl} \quad (2)$$

donde:

$y_{ijk}$  es el fenotipo analizado, en nuestro caso las concentraciones plasmáticas de CT, HDL, LDL y TG, a 45 y a 190 días de edad;

$familia_i$  es la familia de medio hermanos paternos a la que pertenece el individuo;

$granja_j$  y  $lote_k$  son los efectos fijos granja de origen y lote de engorde. La granja de origen sólo se consideró para las medidas plasmáticas a 45 d de edad;

$cov_{ijkl}$  es una covariable (edad para las medidas de HDL y LDL a 45 días y TG, y peso al sacrificio para las medidas CT, HDL y LDL a 190 d).

$g_l$  es el efecto del genotipo para el polimorfismo analizado del gen ACACA.

Estos análisis se realizaron a dos niveles: (1) en el conjunto de la población y (2) dentro de familias de medio hermanos paternos para evaluar el posible desequilibrio de ligamiento dentro de familia. En todos los casos se estimaron y analizaron las diferencias entre las LSmeans de los distintos genotipos.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

**Secuenciación de la región codificante del gen ACACA.** Se ha obtenido una secuencia de aproximadamente 7,4 kb del cDNA ACACA, de los cuales 7.041 pb corresponden a la región codificante. La comparación de la secuencia del cDNA ACACA en los 15 individuos secuenciados ha permitido identificar 23 SNP sinónimos, de los cuales 13 están segregando en nuestra población Duroc. Veinte de los SNP son exónicos mientras que los tres restantes se hallan localizados en la región 3'UTR. Actualmente, se ha finalizado el genotipaje de los polimorfismos T542C, G1633A y T1732C en la población Duroc, mientras que el de los SNP C1878T, C1915T, G2023A, A2075G, C2213A, G2227T, G7060A y A7140T aun está en curso. Los SNP G1702T y T1703G no se han genotipado por no ser informativos en la generación parental.

**Estudio de asociación entre los polimorfismos del gen ACACA y caracteres relacionados con el metabolismo lipídico.** El análisis de asociación de los SNP 542, 1633 y 1732 ha demostrado la existencia de 3 haplotipos mayoritarios segregando en nuestra población: T<sub>542</sub>-G<sub>1633</sub>-T<sub>1732</sub>, T<sub>542</sub>-A<sub>1633</sub>-C<sub>1732</sub> y C<sub>542</sub>-G<sub>1633</sub>-T<sub>1732</sub>. El análisis realizado para estimar el efecto de los genotipos de los SNP 542, 1633 y 1732 sobre los caracteres CT, HDL, LDL y TG ha evidenciado la ausencia de efectos significativos a los 45 días de edad, en que los factores de origen ambiental tienen un efecto mucho más relevante sobre la variación de estos caracteres. En cambio, a los 190 días se obtuvieron diferencias significativas para CT y HDL asociadas al genotipo para los polimorfismos 1633 y 1732 en el conjunto de la población, resultados que fueron prácticamente idénticos para ambos SNP al existir un desequilibrio de ligamiento prácticamente total entre ellos. La Tabla 2 muestra las LSmeans para los distintos genotipos del SNP 1633. Estos resultados no siempre se mantuvieron en los análisis dentro de familia de medio-hermanos con el macho parental heterocigoto (resultados no mostrados en las correspondientes tablas), posiblemente debido a la limitada potencia de los análisis.

La ACACA es un enzima limitante en la síntesis de lípidos, por lo que resulta más que esperable encontrar asociaciones con caracteres relacionados con el metabolismo lipídico. Nuestros resultados parecen sugerir, aunque no de modo concluyente, que la variabilidad genética del gen ACACA se halla asociada a la variación fenotípica de las

concentraciones plasmáticas de CT y HDL. Sin embargo el hecho de que todos los SNP analizados sean sinónimos indicaría que la mutación causal se halla en desequilibrio de ligamiento con los mismos. Dicha mutación podría estar situada en alguna de las regiones del gen ACACA que aun no han sido secuenciadas (p.e. regiones promotoras, zonas intrónicas, regiones 5' o 3' UTR, etc.), o incluso en algún otro locus próximo. En este sentido prevemos que los futuros análisis considerando los haplotipos para varios polimorfismos del gen ACACA y otros marcadores próximos permitan arrojar más luz sobre estas cuestiones.

### AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado mediante la concesión del proyecto *Arquitectura genética de los componentes lipídicos de la carne porcina relacionados con la calidad y la salud humana* (AGL2002-04271-C03-03). Agradecemos a Selección Batallé su inestimable contribución al proyecto mediante la generación del material animal.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Calvo, J.H. *et al.* 2000. Cytogenet Cell Genet. 90:238-9.
- Friedwald, W.T. *et al.* 1972. Clin Chem. 18:499-508.
- Gallardo, D. 2005. Tesina de Máster. Universidad Autónoma de Barcelona.
- Gerfault, V. *et al.* 2000. Reprod Nutr Dev. 40:103-12.
- Kouba, M. *et al.* 1998. Reprod Nutr Dev. 38:31-7.
- Liu, C.Y. *et al.* 1994. Domest Anim Endocrinol. 11:125-32.
- Mao, J. *et al.* 2003. Proc Natl Acad. Sci. USA. 100:7515-7520.
- Ramírez, O. *et al.* 2003. ITEA 24:447-449.
- Scott, R.A. *et al.* 1981. J Anim Sci. 52:505-11.

Tabla 1: Oligonucleótidos usados para la amplificación y secuenciación de la región codificante del gen ACACA.

Primer	Exón/Tamaño	Secuencia (5'→3')
ACC-0-FW	2 a 3	GGATATCTGCTCAGACAATAAGAATTATAAG
ACC-0-RV	(285-pb)	TCATGTGTAAGGCCAAGCCA
ACC-1-FW	3 a 13	CTGGAGCTGAACCAGCACTC
ACC-1-RV	(1370-pb)	CCCATGGCAATCTGGAGCTG
ACC-2-FW	11 a 24	TGCTACTCCAGCAGTATTTGAACA
ACC-2-RV	(1779-pb)	ATCACCACAGCCTTCATGTG
ACC-3-FW	22 a 38	GTTTCCCAGCCAGCAGATTG
ACC-3-RV	(1604-pb)	AGTCAGTCCGGACATTTGTATTG
ACC-4-FW	37 a 46	GTGGGCACAGAAGTGACAGA
ACC-4-RV	(1398-pb)	GTTGTGCATGATCTGGATGC
ACC-5-FW	45 a 54	ACTGGGACAGAGAACCATCCA
ACC-5-RV	(1393-pb)	TCTTCTTGACCAGTCCCTCCA
ACC-6-FW	52 a 55	GGTTATTAACGACATCCCTGGATTGGAA
ACC-6-RV	(329-pb)	CCTGGACCAAGCTGCCGAT
ACC-7-FW	55 a 3'UTR	CTTGGTCCAGGCCAA
ACC-7-RV	(417-pb)	TGTACCTTTCATTGCCTTC

Tabla 2: LSmeans (error estándar) de las concentraciones plasmáticas de colesterol total (CT), lipoproteínas de alta (HDL) y baja (LDL) densidad, y triglicéridos (TG) a 190 días de edad para los distintos genotipos del SNP 1633 del gen ACACA.

	CT	HDL	LDL	TG
<b>GG</b> N=136	128,43 <sup>A</sup> (2,50)	53,03 <sup>A</sup> (0,97)	64,72 (1,95)	52,33 (2,31)
<b>AA</b> N=34	116,33 <sup>B</sup> (4,75)	47,44 <sup>B</sup> (1,85)	60,03 (3,72)	45,13 (4,38)
<b>GA</b> N=126	126,19 <sup>A</sup> (2,37)	50,83 <sup>A</sup> (0,93)	65,27 (1,86)	50,58 (2,20)

(\*) superíndices distintos indican diferencias significativas  $P < 0.05$ .

## EFFECTOS DE LA SUSTITUCIÓN *IGF2:g.3072G>A* SOBRE CARACTERES PRODUCTIVOS Y DE CALIDAD DE CARNE EN CERDOS PESADOS

Fernández, A.I., Ovilo, C., Fernández, A., Rodríguez, C., Silió, L.  
Departamento de Mejora Genética Animal, INIA, 28040 Madrid  
E-mail: [avila@inia.es](mailto:avila@inia.es)

### INTRODUCCION

El gen *IGF2* (*insulin-like growth factor*) desempeña un importante papel en la proliferación y diferenciación de fibras musculares en mamíferos. La sustitución *IGF2:g.3072G>A*, localizada en el intrón 3 del gen porcino, anula la interacción con un represor nuclear de modo que los animales que heredan de su padre la mutación A presentan una mayor expresión del gen en el tejido muscular (Van Laere *et al.*, 2003). Esta mutación explica un QTL de expresión paterna localizado en el cromosoma 2, y se han confirmado sus efectos sobre crecimiento muscular y depósito de grasa en diversos cruces experimentales y poblaciones porcinas (Jungerius *et al.*, 2004; Heuven y Bovenhuis, 2005; Estellé *et al.*, 2005). Aunque se ha recomendado la selección de machos finalizadores homocigotos AA para la mejora de la composición de la canal, la información publicada sobre los efectos de la mutación en otros caracteres de importancia económica es escasa y poco conclusiva (Liu *et al.*, 2006; Buys *et al.*, 2006). El objetivo de este trabajo ha sido la verificación en cerdos pesados de los efectos de esta mutación sobre caracteres productivos y su modo de herencia, así como la evaluación de los posibles efectos indeseables sobre caracteres de calidad de carne y grasa, que son críticos en la producción destinada a la industria transformadora.

### MATERIAL Y METODOS

**Animales y registros:** Los animales analizados en este estudio son cerdos castrados procedentes de cruces Landrace x Sintética Chino Europea realizados por la empresa Gene+ Ibérica, de los que se dispone de registros de crecimiento, medidas de engrasamiento en vivo y canal, peso de las principales piezas y parámetros de calidad de carne y grasa (Ovilo *et al.*, 2005).

**Genotipado:** El genotipado de la mutación *IGF2:g.3072G>A* se realizó en un equipo PSQ HS 96 (Pyrosequencing AB, Uppsala, Suecia) de acuerdo con el protocolo descrito por Van Laere *et al.* (2003). Este protocolo se aplicó a 307 animales con registros, además de 63 de los 78 parentales, infiriéndose el genotipo de los 15 restantes a partir del de sus hijos. Los animales AG nacidos de padre y madre AG fueron excluidos de los análisis de asociación, al no ser posible establecer en ellos el origen paterno o materno del alelo A.

**Modelos estadísticos:** En el análisis del efecto de la mutación con expresión paterna (*IGF2<sub>PAT</sub>*) se utilizó el siguiente modelo animal  $y_i = \text{lote}_i + \beta \text{cov}_i + IGF2_{PAT} \lambda_i + u_i + e_i$  donde  $y_i$  es el registro fenotípico del animal  $i$ ;  $\text{cov}_i$  es una covariable (edad para los datos de crecimiento y peso de la canal para los de calidad de canal, carne o grasa) y  $\beta$  el coeficiente de regresión correspondiente;  $\lambda_i$  es una variable auxiliar que toma valores 1/2 cuando el alelo recibido del padre es el A y -1/2 cuando lo es el G;  $u_i$  es el efecto genético infinitesimal y  $e_i$  el residuo. La significación estadística del efecto *IGF2<sub>PAT</sub>* se calculó comparando los correspondientes modelos completo y reducido mediante el cociente de verosimilitudes (LRT). El posible efecto de la mutación asumiendo el sellado del alelo paterno y expresión del materno (*IGF2<sub>MAT</sub>*) se analizó mediante un modelo análogo, en el que los valores de  $\lambda_i$  representan el alelo recibido de la madre. Para la realización de los cálculos estadísticos se utilizó el programa QxPak (Pérez-Enciso y Misztal, 2004).

### RESULTADOS Y DISCUSION

El peso medio al sacrificio de los animales analizados fue de 126.88 kg. No se observaron efectos significativos del alelo *IGF2* paterno sobre el crecimiento de estos cerdos. En la

Tabla 1 se presentan los resultados relativos a caracteres de composición corporal: espesor de grasa (EG) medido en vivo por ultrasonido y medido sobre la canal en el punto P2 y en el *Gluteus medius* (GM) además de los pesos de lomo, paletas y jamones. Estos resultados confirman el efecto negativo del alelo paterno A sobre las medidas de grasa dorsal y su efecto positivo sobre el peso de las piezas nobles, equivalente a  $0.38 \pm 0.13$  kg ( $P < 0.005$ ) para la suma conjunta de paletas y jamones. Sin embargo, la magnitud de este efecto favorable sobre el peso de estas piezas es sensiblemente inferior a la estimada en trabajos previos (Estellé *et al.*, 2005), pese a que las canales de los animales del presente trabajo tiene un mayor peso: 98 kg frente a los 72 y 75 kg de media en las dos poblaciones analizadas en el citado trabajo. Por último, no se observa en nuestros resultados un efecto significativo sobre el peso del lomo.

En el análisis del mismo conjunto de datos asumiendo expresión materna, es decir considerando el origen materno del alelo A ( $IGF2_{MAT}$ ), no se observa efecto significativo alguno sobre los caracteres citados. Por ejemplo, el efecto  $IGF2_{MAT}$  estimado sobre la suma conjunta de paletas y jamones es de  $0.13 \text{ kg} \pm 0.08 \text{ kg}$  ( $P < 0.120$ ). Estos resultados no significativos son los esperados si no existe expresión del alelo A materno.

Tabla 1. Efectos del alelo paterno heredado del gen *IGF2* sobre diversos caracteres de composición corporal

	<i>n</i>	Media	SD	$IGF2_{PAT} \pm SE$	<i>P</i>
EG a 102 kg, mm	275	20.86	3.31	$-1.08 \pm 0.58$	0.062
EG canal en P2, mm	277	28.94	6.81	$-0.43 \pm 1.52$	0.773
EG canal en GM, mm	277	26.30	6.14	$-2.59 \pm 1.28$	0.042
Peso Lomo, kg	223	2.60	0.38	$0.05 \pm 0.07$	0.488
Peso Paletas, kg	277	7.14	0.72	$0.19 \pm 0.07$	0.003
Peso Jamones, kg	277	11.45	1.16	$0.18 \pm 0.09$	0.052

En la Tabla 2 se presentan los resultados equivalentes para caracteres de calidad de carne registrados en *Longissimus dorsi*: pH 45 min, parámetros de color Minolta registrados ( $L^*$ ,  $a^*$ ,  $b^*$ ) y calculados a partir de los anteriores ( $H^o$  y  $C^*$ ) y porcentaje de grasa intramuscular así como de calidad de grasa: porcentaje en grasa subcutánea de los ácidos grasos palmítico (C16:0), esteárico (C18:0), oleico (C18:1) y linoleico (C18:2). En el primer grupo, no se aprecia efecto significativo del alelo paterno A sobre el % de grasa intramuscular, pero sí un efecto negativo sobre el pH a los 45 min y otro muy destacado sobre el conjunto de parámetros relacionados con la percepción visual del color de la carne (luminosidad, tono, intensidad). Este resultado contradice aparentemente las diferencias observadas para estas medidas del color entre los genotipos del gen *IGF2* en cerdos canadienses (Liu *et al.*, 2006). La comparación entre ambos estudios no es plenamente factible, dado que los autores de este trabajo, que combina información de animales de razas Landrace, Yorkshire y Duroc, no han podido determinar el origen parental de los alelos. Por último, no se aprecian efectos significativos sobre el contenido de los principales ácidos grasos en la grasa subcutánea. Hay indicios de un posible efecto positivo del alelo paterno A sobre el contenido en C18:2 que, de confirmarse en una muestra de animales más amplia, sería un efecto asociado al efecto principal sobre el crecimiento muscular, ya que la relación entre composición corporal magra y contenido en linoleico de la grasa está claramente establecida en cerdos.

Tabla 2. Efectos del alelo paterno heredado del gen *IGF2* sobre caracteres de calidad de carne y grasa

	<i>n</i>	<i>Media</i>	<i>SD</i>	<i>IGF2<sub>PAT</sub> ± SE</i>	<i>P</i>
<i>Longissimus dorsi</i>					
<i>pH</i> 45 min	265	6.22	0.35	-0.16 ± 0.06	0.013
Minolta CIE <i>L</i> *	160	46.07	3.20	-4.30 ± 2.08	0.041
Minolta CIE <i>a</i> *	163	5.91	1.44	-1.11 ± 0.51	0.034
Minolta CIE <i>b</i> *	163	11.23	1.35	-1.97 ± 0.64	0.002
Valor Hue <i>H</i> <sup>o</sup>	163	62.49	5.21	-5.93 ± 3.01	0.052
Valor Chroma <i>C</i> *	163	12.74	1.61	-2.24 ± 0.73	0.003
Grasa Intramuscular, %	274	2.42	0.93	0.31 ± 0.21	0.154
<i>Grasa subcutánea</i>					
C16:0, %	268	23.61	1.05	-0.10 ± 0.24	0.692
C18:0, %	268	12.89	1.11	-0.16 ± 0.25	0.512
C18:1, %	268	47.17	1.39	-0.14 ± 0.29	0.613
C18:2, %	268	9.66	0.89	0.32 ± 0.20	0.088

La menor magnitud de los efectos sobre la conformación de las canales y los posibles efectos no deseables sobre algunos caracteres de calidad hacen pensar que el empleo de la mutación *IGF2:g.3072G>A* en la selección de machos terminales AA para cruces orientados a la producción de cerdos pesados para la industria requiere una reconsideración más precisa.

#### AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen la colaboración entusiasta de Marcos Nieto y Fernando Flamarique. El trabajo se realizó en el marco del proyecto FIT-0100000-2001-5

#### REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Buys, N., Van den Abeele, G. *et al.* 2006. Effect of the *IGF2*-intron3-G3072A mutation on prolificacy in sows. *8<sup>th</sup> WCGALP*, 13-18 Agosto, Belo Horizonte, Brasil.
- Estellé, J., Mercadé, A. *et al.* 2005. Effect of the porcine *IGF2*-intron3-G3072A substitution in an outbred Large White population and in an Iberian x Landrace cross. *J. Anim. Sci.* 83, 2723-2728.
- Heuven, H.C.M. y Bovenhuis, H. 2005. Effect of *IGF2* on growth characteristics of F2 Meishan x White crossbreds. Paper G6.10. *56<sup>th</sup> Annual Meeting EAAP*, 5-8 Junio, Uppsala, Suecia.
- Jungerius, B.A.S., Van Laere, M. *et al.* 2004. The *IGF2*-intron3-G3072A substitution explains a major imprinted QTL effect on backfat thickness in a Meishan x European White pig intercross. *Genet. Res.* 83, 1-6.
- Liu, Y., Sullivan, B. *et al.* 2006. Effect of *IGF2* gene on carcass and meat quality in Canadian swine. *8<sup>th</sup> WCGALP*, 13-18 Agosto, Belo Horizonte, Brasil.
- Ovilo, C., Fernández, A. *et al.* 2005. Association of *MC4R* variants with growth, fatness, carcass composition and meat and fat quality traits in heavy pigs. *Meat Sci.* 73, 42-47.
- Pérez-Enciso, M. y Misztal, I. 2004. QxPak: A versatile mixed model application for genetical genomics and QTL analyses. *Bioinformatics* 20, 2792-2798.
- Van Laere, A.S., Nguyen, M. *et al.* 2003. A regulatory mutation in *IGF2* causes a major QTL effect on muscle growth in the pig. *Nature* 425, 832-836.



## CONCORDANCIA POSICIONAL DE QTL RELACIONADOS CON EL METABOLISMO DEL COLESTEROL Y TRIGLICÉRIDOS EN HUMANO Y PORCINO

Gallardo, D.<sup>1§</sup>, Pena, R.<sup>2§</sup>, Amills, M.<sup>1</sup>, Varona, L.<sup>2</sup>, Ramírez, O.<sup>1</sup>, Díaz, I.<sup>3</sup>, Prat-Cuffi, J.M.<sup>4</sup>, Reixach, J.<sup>5</sup>, Noguera, J.L.<sup>2</sup>, Quintanilla, R.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra. <sup>2</sup>Genètica i Millora Animal, IRTA-Lleida, 25198 Lleida, <sup>3</sup>Tecnologia dels Aliments, IRTA-Monells, 17121 Monells. <sup>4</sup>Laboratori d'Anàlisis Clíniques, Hospital de Palamós, Palamós, <sup>5</sup>Selección Batallé S.A., 17421 Riudarenes.

E-mail: [Marcel.Amills@uab.es](mailto:Marcel.Amills@uab.es)

§David Gallardo y Romi Pena han contribuido de forma equivalente a la realización de este trabajo.

### INTRODUCCIÓN

En porcino se ha descrito la existencia de hipercolesterolemia familiar, una enfermedad caracterizada por una reducción en los niveles de lipoproteínas de alta densidad (HDL) y un aumento concomitante de los niveles de colesterol (CT) plasmáticos (Hasler-Rapacz *et al.* 1995). Los individuos afectados desarrollan lesiones ateroscleróticas muy similares a las descritas en humano, lo cual sugiere la existencia de una patogenia común (Hasler-Rapacz *et al.* 1995). Desafortunadamente, se conoce muy poco sobre la arquitectura genética de los caracteres vinculados al metabolismo del colesterol en porcino. En 1998, Hasler-Rapacz y colaboradores realizaron un experimento de barrido genómico con la finalidad de identificar el locus responsable de la hipercolesterolemia familiar en porcino. Los resultados obtenidos permitieron determinar que una mutación no-sinónima en el receptor de las lipoproteínas de baja densidad (LDL) es la responsable de la aparición de esta enfermedad, aunque en dicho estudio no se proporcionó información sobre la identidad de otros loci con efectos sobre los niveles plasmáticos de CT, HDL y LDL. Asimismo, Malek *et al.* (2001) identificaron un QTL en el cromosoma 18 con efectos significativos (a nivel cromosómico) sobre el contenido de colesterol muscular.

En humano y en ratón se ha detectado la existencia de una notable concordancia posicional de QTL relacionados con el metabolismo de triglicéridos (TG), CT, HDL y LDL (Wang y Paigen 2005). Dicha concordancia oscila entre el 80% y 100% para los QTL de TG y LDL, respectivamente (Wang y Paigen 2005). Ello sugiere que en estas dos especies de mamíferos, que divergieron hace más de 65-110 MYR, los polimorfismos responsables de la variación de estos caracteres se hallan localizados en los mismos loci. En el presente trabajo se aborda el estudio comparativo posicional de QTL relacionados con el metabolismo de CT, TG y lipoproteínas en porcino, humano y ratón.

### MATERIAL Y MÉTODOS

#### Material animal y registros fenotípicos

El material animal está constituido por una población comercial Duroc formada por 5 machos parentales y 368 descendientes distribuidos, por tanto, en 5 familias de medio hermanos paternos. Las concentraciones plasmáticas de CT y TG se midieron a los 45 d y 190 d mediante un equipo Technicon Chem I (Technicon Instruments, Tarrytown, NY), mientras que la concentración de HDL se determinó mediante la precipitación selectiva de lipoproteínas apoB. El contenido de LDL se calculó mediante la ecuación de Friedwald *et al.* (1972).

#### Realización de un barrido genómico

Se genotiparon 110 microsatélites, con una distribución uniforme en el genoma, en los 368 individuos G<sub>1</sub> y los 5 machos parentales. El DNA genómico se extrajo mediante la técnica descrita por Vidal *et al.* (2005). Las reacciones de amplificación se llevaron a cabo indistintamente en un aparato 877 Integrated Thermal Cycler 877 (Applied Biosystems) o

bien en un aparato de PCR Perkin Elmer 9700 Thermal Cycler (Applied Biosystems). Los productos de amplificación se analizaron mediante electroforesis capilar en un aparato ABI Prism 3730 (Applied Biosystems), empleando para ello el software Gene Mapper (Applied Biosystems).

### **Análisis estadísticos**

Tras analizar la distribución de los datos, se tomó la transformación logarítmica de todos los fenotipos analizados (CT, HDL, LDL y TG) para asegurar la normalidad de los datos en todos los casos. Los análisis de QTL se realizaron dentro de cada una de las cinco familias de hermanos paternos, mediante la aproximación descrita por Knott *et al.* (1996) para el análisis de familias de medio hermanos. El modelo común de análisis en todos los casos fue:

$$y_{ijk} = \mu + \text{granja}_i + \text{lote}_j + \beta \text{cov}_{ijk} + \alpha p_{ijk} + e_{ijk}$$

donde  $y_{ijk}$  es el fenotipo analizado (en nuestro caso el logaritmo de las concentraciones plasmáticas de CT, HDL, LDL y TG, a 45 y a 190 días de edad);  $\text{granja}_i$  y  $\text{lote}_j$  son los efectos fijos granja de origen y lote (la granja sólo se consideró para las medidas plasmáticas a 45 d);  $\text{cov}_{ijk}$  es una covariable (edad para las medidas de HDL y LDL a 45 d y TG, y peso al sacrificio para las medidas CT, HDL y LDL a 190 d);  $p_{ij}$  es la probabilidad de que un individuo haya heredado uno de los alelos del padre común, calculada mediante la aproximación descrita en Knott *et al.* (1996);  $\alpha$  es el coeficiente de regresión de los fenotipos sobre la probabilidad de haber recibido uno de los alelos del padre común.

La mayor parte de los análisis se llevaron a cabo utilizando el software *QTL express* (Seaton *et al.*, 2002), disponible en <http://qtl.cap.ed.ac.uk/>. Para evaluar la presencia del QTL se contrastó el modelo de análisis con un modelo sin QTL mediante un test de F. Los umbrales de significación de la F a nivel cromosómico se obtuvieron mediante permutación de los datos (Churchill and Doerge, 1994), y a nivel genómico realizando una corrección de Bonferroni considerando un análisis independiente por cada 30 cM aproximadamente.

### **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

Se han identificado 33 QTL significativos a nivel cromosómico para los caracteres LDL45 (SSC1 y SSC13), LDL190 (SSC3, SSC6 y SSC12), HDL45 (SSC4, SSC7, SSC9, SSC13 y SSC14), HDL190 (SSC1, SSC9, SSC13 y SSC16), CT45 (SSC1, SSC3, SSC4, SSC7 y SSC8), CT190 (SSC3, SSC9 y SSC14), TG45 (SSC6, SSC9, SSC12 y SSC13) y TG190 (SSC4, SSC10, SSC13).

Los cuatro QTL de mayor significación se indican en la Tabla 1, donde se observa que tres de ellos alcanzaron los umbrales de significación genómica, e incluso el QTL para TG190 en SSC 4 fue significativo al 99% a nivel genómico. La posición de estos QTL coincide con la de otros descritos para caracteres de engrasamiento. Por ejemplo, la posición del QTL para LDL a 45 d (LDL45) coincide con la de un QTL para espesor del tocino dorsal en la décima costilla (Malek *et al.* 2001), mientras que el de TG a 190 d (TG190) en SSC4 se sitúa fuera del intervalo de confianza del QTL Fat1 y sin embargo coincide con la posición de un QTL para espesor del tocino dorsal descrito por Cepica *et al.* (2003). De manera similar, el QTL de TG a 45 d (TG45) está localizado en una región de SSC6 en la que se ha descrito un gran número de QTL relacionados con el engrasamiento (Pig QTL Database), mientras que el QTL de CT190 está localizado en una región en la que se han descrito QTL relacionados con la composición de ácidos grasos (Nii *et al.* 2006). En nuestra población, no hemos detectado el QTL relacionado con la hipercolesterolemia familiar porcina en SSC2 (Hasler-Rapacz *et al.* 1998), ni el QTL para contenido muscular de colesterol descrito por Malek *et al.* (2001).

Se ha analizado la correspondencia posicional en cuanto a la localización de QTL para CT, TG, HDL y LDL en porcino, humano y ratón. Previamente, Wang y Paigen compararon la posición de QTL para estos caracteres en humano y ratón y describieron la existencia de una estrecha concordancia posicional, lo cual parece sugerir que la variación fenotípica de estos caracteres está influida por el polimorfismo de un conjunto común de genes. En este sentido, la comparación con el porcino resulta de gran interés ya que dicha especie pertenece a un superorden distinto (Laurasiatheria) que divergió del superorden

Euarchontoglires, al cual pertenecen la especie humana y el ratón, hace aproximadamente 85-95 MYR. En la Tabla 1 se muestran las correspondencias para los QTL más significativos. Por ejemplo, la posición del QTL TG190 en SSC4 (28 cM) coincide con una región para la cual se han descrito QTL para HDL y TG en humano y en ratón (Wang y Paigen 2005). El QTL TG45 de SSC6 también comparte una localización cromosómica similar con regiones del genoma humano y murino en las que se ha descrito la existencia de QTL para TG y LDL. Debe notarse, sin embargo, que resultará imprescindible refinar la posición de estos QTL porcinos para verificar de forma precisa las correspondencias cromosómicas descritas y que, por lo tanto, los resultados aportados son una primera evidencia en este sentido.

Tabla 1. Quantitative trait loci para caracteres vinculados al metabolismo del colesterol, triglicéridos y lipoproteínas (se indica la concordancia con otros QTL identificados en humano)

Carácter	Cromosoma	Posición	F <sup>1</sup>	LR	Posición ortóloga humano	QTL humano <sup>2</sup>
LDL45	SSC1	38 cM	12,03	10,91	6q23-24	LDL
TG190	SSC4	28 cM	15,31	13,86	8q23-24	HDL, TG
TG45	SSC6	73 cM	11,43	9,71	19q12-13	TG, LDL2
CT190	SSC9	109 cM	12,34	10,32	1q23-25	HDL2

<sup>1</sup> Los umbrales de significación a nivel genómico fueron de 11.782 y 14.95 al 95% y 99% de confianza respectivamente.

<sup>2</sup> QTL descritos en Wang y Paigen (2005)

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado mediante la concesión del proyecto *Arquitectura genética de los componentes lipídicos de la carne porcina relacionados con la calidad y la salud humana* (AGL2002-04271-C03). Agradecemos a Selección Batallé su inestimable contribución al proyecto mediante la generación del material animal.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Cepica *et al.* 2003. J. Anim. Breed. Genet. 120: 28-37
- Churchill y Doerge. 1994. Genetics 138: 963-971
- Friedwald *et al.* 1972. Clin. Chem. 18:499-508
- Hasler-Rapacz *et al.* 1995. Arterioscler. Thromb. Vasc. Biol. 15: 583-592
- Hasler-Rapacz *et al.* 1998. Am. J. Med. Genet. 76: 379-386
- Knott *et al.* 1996. Theor. Appl. Genet. 93: 7180
- Malek *et al.* 2001. Mamm. Genome 12: 637-645
- Seaton *et al.* 2002. Bioinformatics 18: 339-340
- Vidal *et al.* 2005. J. Anim. Sci. 83: 293-300
- Wang y Paigen. 2005. Curr. Opin. Lipidol. 16: 127-137.

## ELECCIÓN Y MAPEO DE GENES CANDIDATO SUBYACENTES A DOS QTL PARA TAMAÑO DE CAMADA DETECTADOS EN EL CROMOSOMA 12 PORCINO

Fernández, A.<sup>1</sup>, Fernández, A.I.<sup>1</sup>, Rodríguez, C.<sup>1</sup>, Tomas, A.<sup>2</sup>

Estellé, J.<sup>2</sup>, Noguera, J.L.<sup>3</sup>, Óvilo, C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dpto. Mejora Genética Animal, SGI-T-INIA, 28040 Madrid; <sup>2</sup>Dpto. Ciència Animal i dels Aliments, UAB. Bellaterra; <sup>3</sup>Genética y Mejora Animal, IRTA-Lleida, 25198 Lleida  
E-mail: amanda@inia.es

### INTRODUCCIÓN

En producción animal, caracteres relacionados con la fisiología reproductiva, tales como prolificidad y fertilidad tienen una elevada importancia económica. A través de programas de selección y mejora genética cuantitativa se ha logrado una moderada ganancia genética respecto a este tipo de caracteres. Sin embargo, un mejor conocimiento de su arquitectura genética puede brindar nuevas y complementarias herramientas utilizables a través de selección asistida por genes o por marcadores (Dekkers, 2004).

En la especie porcina, el carácter prolificidad es complejo, de baja heredabilidad y con una fuerte heterosis (Rothschild y Bidanel, 1998). Hay pocos trabajos de detección de QTL para este carácter en esta especie, y los que existen no presentan resultados consistentes (Spötter y Distl, 2006). Sin embargo, Noguera *et al.* (2007) al realizar el barrido genómico de un cruce F<sub>2</sub> entre dos razas muy divergentes para este carácter (Ibérico y Meishan) han puesto de manifiesto que la arquitectura genética de la reproducción en cerdos es un complejo sistema de interacciones génicas, detectando QTL aditivos altamente significativos a nivel genómico ( $P < 0.01$ ) para el número de lechones nacidos vivos y totales en los cromosomas SSC17 y SSC13, además de QTL epistáticos para estos caracteres en los cromosomas 1, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 12, 13, 14, 15 y 18.

El objetivo del presente trabajo fue realizar una selección y posterior análisis de genes candidato subyacentes a los QTL epistáticos para el tamaño de camada, localizados en los intervalos 8-19cM (QTL1) y 74-96 cM (QTL2) del cromosoma SSC12, en el material biológico del citado cruce experimental.

### MATERIAL Y MÉTODOS

La selección de genes candidato se realizó en base a tres criterios. El primero fue la posición del gen candidato en la especie porcina dentro de los intervalos de confianza de los QTL1 o QTL2 del SSC12. Para ello se usó el mapeo comparativo humano - cerdo ([www.cabnr.unr.edu/beattie/research/second\\_generation.htm](http://www.cabnr.unr.edu/beattie/research/second_generation.htm)). El segundo criterio fue la funcionalidad del gen, utilizando la información de las bases de datos de humano y ratón, OMIM ([www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=OMIM](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=OMIM)) y Mammalian Phenotype Ontology ([www.informatics.jax.org/](http://www.informatics.jax.org/)), respectivamente. El tercero fue la existencia de interacciones génicas o proteínicas descritas; para lo que se hizo uso de la información contenida en la base de datos String ([www.string.embl.de](http://www.string.embl.de)).

Para llevar a cabo el mapeo físico de los genes candidato propuestos se realizó una búsqueda de secuencias porcinas en los archivos "Traza" ([www.ncbi.nlm.nih.gov/Traces](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Traces)), partiendo de las secuencias referencia en las especies humana y ratón. A partir de las secuencias porcinas, se diseñaron parejas de oligonucleótidos (Nos2aRh, Slc9a3r1Rh, AKAP1Rh, CRHR1Rh e IGF1BP1Rh, Tabla 1) que permitieron la amplificación específica en el panel ImpRH del INRA-Toulouse (Milan *et al.*, 2000). Las reacciones de amplificación se realizaron en volúmenes finales de 15 µl conteniendo 0.2 mM dNTPs, 2mM MgCl, 0.5 µM de cada oligo, 1X Buffer de PCR, 1 U Taq polimerasa (TTh, Biotools) y 40 ng de ADN de cada uno de los 118 clones del panel. Las condiciones de amplificación fueron de 94°C durante 5 min, seguido de 30 ciclos con 94°C durante 30s, T<sub>A</sub> (mostrado en la tabla1) durante 30s y 72°C durante 30s, y una extensión final a 72°C durante 5 min.

Tabla1. Secuencia de las parejas de oligonucleótidos, T<sub>A</sub> y tamaño de los fragmentos (pb)

Nombre	Forward 5'→3'	Reverse 5'→3'	T <sub>A</sub>	Tamaño
Nos2aRh	ggcggcggggcgagtgtat	ggcctggcattgtggatttagt	59	197
Slc9a3r1Rh	acaccccagcttatcccctcctt	tcgagatgttgctgagtcct	57	306
AKAP1Rh	gcaatcacacctcccgcctcagtcc	agatgacgtggggtgtgggaaaagtc	57	186
CRHR1Rh	gaagtgggggagaaagctggagaa	gtggcgggtggggatgggagag	62	310
IGF2BP1Rh	ctagagcccgggttgggggatgg	ggcgcctgggaggcgga	64	420

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Dentro de los intervalos de confianza de los QTL detectados hemos propuesto una colección de cinco potenciales genes candidato, funcionales y posicionales estimados a través del mapeo comparativo humano-cerdo:

### - Genes candidato para QTL1 (8-19 cM):

- Gen *Slc9a3r1*, localizado en el cromosoma humano 17 (17q25-1). La proteína codificada por este gen es un intercambiador sodio / hidrógeno. Mutaciones en este gen se han asociado con una disminución del tamaño de camada en ratón (Shenolikar *et al.*, 2002).

### - Genes candidato para QTL2 (74-96 cM):

- Gen *AKAP1*, localizado en el cromosoma 17 humano (17q21-23). La proteína codificada por este gen, kinasa de anclaje tipo 1, se supone implicada en la ruta de transducción de señales dependientes de AMPc y encargada de dirigir ARN a compartimentos celulares específicos. Estudios realizados en ratón determinan asociación de determinadas variantes del gen con una reducción en el tamaño de camada (Newhall *et al.*, 2006).

- Gen *CRHR1*, localizado en el cromosoma 17 humano (17q12-q22). Este gen codifica para una proteína receptora de la hormona relacionada con la corticotropina, potente mediador endocrino durante la gestación (Klimaviciute *et al.*, 2006).

- Gen *IGF2BP1*, localizado en el cromosoma 17 humano (17q21-32). Este gen codifica para una proteína de unión al factor de crecimiento IGF2, regulando la traducción de este mismo factor. Se han detectado diferencias de expresión de su transcrito durante la implantación fetal y el desarrollo del blastocisto (Moreira *et al.*, 2006).

- Gen *Nos2a*, localizado en el cromosoma 17 humano (17q11.2-12). Este gen codifica para la sintasa 2 de óxido nítrico. El óxido nítrico participa de la señalización molecular de múltiples procesos celulares que ocurren durante la gestación. Además, diversos estudios realizados en ratón y rata han relacionado variantes de este gen *Nos2a* con una reducción en el tamaño de camada (Burnett *et al.*, 2002).

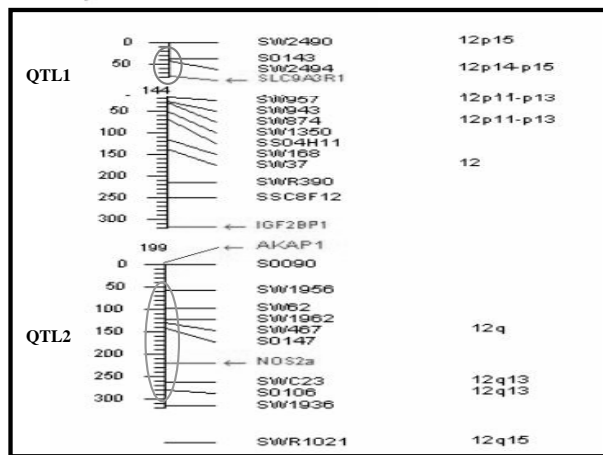
Ya que estos genes no estaban descritos en la especie porcina y por tanto, tampoco se conocía la localización exacta de los mismos, exclusivamente una estima de su posición por mapeo comparativo con la especie humana, se procedió a realizar el mapeo físico de los mismos utilizando un panel de células híbridas irradiadas con el objetivo de comprobar su coincidencia dentro de los intervalos de confianza de los QTL. Para realizar este mapeo se requiere un conocimiento mínimo de la secuencia porcina, por lo tanto se procedió a la caracterización de pequeños fragmentos de estos genes porcinos que permitiesen el diseño de oligonucleótidos específicos. Se consiguieron amplificar cinco fragmentos de 197 pb, 306 pb, 186 pb, 310 pb y 420 pb, correspondientes a cada uno de los cinco genes porcinos a mapear, *Nos2a*, *Slc9a3r1*, *AKAP1*, *CRHR1* e *IGF2BP1*, respectivamente.

El resultado del mapeo físico aparece representado en la Figura 1. Cuatro de los cinco genes fueron mapeados con éxito en el cromosoma 12 porcino, sin embargo el quinto de ellos, *CRHR1*, apareció localizado en el cromosoma 7, en la misma región donde parece estar localizado el gen *CRHR2*, gen que comparte una elevada similitud con el anterior (82%), especialmente en la zona donde se diseñó la pareja de oligonucleótidos, por lo que nuestra hipótesis es que el gen mapeado fue *CRHR2*.

Respecto a los cuatro genes mapeados con éxito en el cromosoma 12, dos de ellos *AKAP1* e *IGF2BP1* parecen estar localizados bastante alejados de los intervalos de confianza tanto

del QTL1 como del QTL2. Sin embargo, el gen *Slc9a3r1* aparece localizado dentro del intervalo del QTL1 (LOD:12.61 y Frac. Retención: 23%), intervalo aproximadamente delimitado por los marcadores *SW2494* y *SW874*. El mapeo del gen *Nos2a* también parece confirmar la posición del mismo dentro del intervalo del QTL2 (LOD: 9.84 y Frac. Retención: 29%), delimitado aproximadamente por los marcadores *SW 1956* y *SWR1021*. No consideramos necesario el intento de localizar de nuevo el gen *CRHR1* ya que, según la posición descrita en la especie humana, este gen en la especie porcina estaría en la misma región donde han quedado localizados los genes *IGF2BP1* y *AKAP1*, es decir alejados de los intervalos de los QTL.

Figura 1. Mapa físico del cromosoma porcino SSC12 (ImpRH)



Como resultado del mapeo físico, hemos reducido la colección de genes candidato propuesta, de cinco a dos, *Nos2a* y *Slc9a3r1*. Un estudio llevado a cabo por Glynne *et al.* (2002), muestra la existencia de interacción entre ambas proteínas codificadas por estos genes para la correcta localización celular y función de iNOS (sintasa de óxido nítrico inducible). Este resultado permite establecer ambos genes, *Nos2a* y *Slc9a3r1*, como firmes candidatos a ser responsables de los QTL epistáticos detectados en el cromosoma SSC12 para el carácter tamaño de camada en el cruce Ibérico x Meishan.

El trabajo que se está llevando a cabo en este momento implica la caracterización de ambos genes, ya que no están descritos en la especie porcina. Además, el análisis de su secuencia nucleotídica y comparación de la misma en el material del cruce Ibérico x Meishan, permitirá identificar polimorfismos informativos con el objetivo de localizar éstos dentro del mapa de ligamiento disponible para este material. Una vez confirmado la posición de ambos genes, se procederá a la búsqueda de la /s mutaciones candidatas a ser responsables de los QTL detectados.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Burnett, T.G. *et al.* 2002. *Reproduction* 124, 49-57.
- Dekkers, J.C.M. 2004. *J. Anim. Sci.* 82 (E. Suppl.) E313-E328.
- Glynne, P.A. *et al.* 2002. *J Biol Chem.* 277, 33132-33138.
- Klimaviciute, A. *et al.* 2006. *Rep Biol Endocrin.* 4, 29.
- Moreira, P.N. *et al.* 2006. *Zygote*14, 81-87.
- Newhall, K.J. *et al.* 2006. *Curr Biol.* 16, 321-327.
- Noguera, J.L. *et al.* 2007. *Enviado a Genome Res.*
- Rothschild, M.F. y Bidanel, J.P. 1998. *In: The Genetics of the Pig.* pp. 313-343.
- Shenolikar, S. *et al.* 2002. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 99, 11470-11475.
- Spötter, A. y Distl, O. 2006. *Vet. J.* 172, 234-247.

## ESTUDIOS DE EXPRESIÓN Y DE ASOCIACIÓN DEL EFECTO DEL GEN *PTHLH* SOBRE EL NÚMERO DE MAMAS EN UN CRUCE F<sub>2</sub> ENTRE CERDO IBÉRICO Y MEISHAN.<sup>1</sup>

Martínez, M.<sup>1</sup>, Noguera, J.L.<sup>1</sup>, Tomàs, A.<sup>2</sup>, Alves, E.<sup>3</sup>, Pena, R.N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Genètica i Millora Animal. IRTA. Lleida. Spain. <sup>2</sup>Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. UAB. Bellaterra. Spain. <sup>3</sup>Departamento de Mejora Genética Animal. SGIT-INIA. Madrid. Spain

[maria.martinez@irta.es](mailto:maria.martinez@irta.es)

### INTRODUCCIÓN

El factor de diferenciación PTHLH (*parathyroid hormone-like hormone*) ha sido descrito como un modulador local del desarrollo epitelial en el feto, influyendo en el desarrollo de huesos, dientes, glándulas mamarias y pezones. Cormier *et al.* (2003) observaron que la PTHLH se expresa en placenta y en una gran variedad de tejidos embrionarios, sin embargo, su función en tejidos adultos no está bien estudiada. Rodríguez *et al.* (2005) detectó, en el mismo cruce F<sub>2</sub> Ibérico x Meishan del presente trabajo, un QTL en el cromosoma 5 con efecto en el número de mamas, cromosoma en el que se encuentra el gen PTHLH. Además, se ha observado que una menor expresión del receptor de la PTHLH provoca una disminución del desarrollo mamario y de los pezones (Kobayashi *et al.*, 2005). Por lo tanto, el gen de la PTHLH podría ser un buen gen candidato para explicar la variabilidad en el número de mamas en porcino.

### MATERIAL Y MÉTODOS

#### Estudio de expresión

**Diseño experimental.** Los niveles de expresión se midieron en 18 tejidos, usando, cuando era posible, dos muestras de distintos animales para cada uno de los tejidos, lo que resulta un total de 33 muestras analizadas. Los animales procedían de diferentes orígenes (*Duroc*, *Meishan*, y F<sub>1</sub> y F<sub>2</sub> Ibérico x *Meishan*). Como muestra calibradora se utilizó un *pool* con todas las muestras utilizadas en el estudio.

**Amplificación y cuantificación.** En humana, se han descrito cuatro variantes de ARNm por procesamiento alternativo de exones. Estas cuatro variantes dan lugar a dos proteínas que difieren en su extremo C-terminal. Tan sólo una de las variantes, similar a la variante 4 humana, ha sido secuenciada en cerdo (Chomdej *et al.*, 2004). Usando información de las secuencias de cerdo, ratón y humana, se han diseñado dos juegos de cebadores y sondas TaqMan, uno para las variantes que presentan el exón 1 (variantes 1 y 2) y otro para las que presentan el exón 3 (variantes 3 y 4). Con la intención de usar el gen endógeno más adecuado para el estudio de expresión relativa, se realizó un estudio comparativo de cinco genes frecuentemente usados como control en este tipo de estudios, calculando la estabilidad del gen mediante el software *geNorm* (Vandesompele *et al.*, 2002; Zhang *et al.*, 2005). Estos genes fueron *Ubiquitin C* (UbC),  $\beta$ -2-Microglobulin (B2M); *Ribosomal protein L32* (RPL32); *Guanine nucleotide binding protein  $\beta$  2 like 1* (GNB2L1) e *Hypoxanthine phosphoribosyltransferase 1* (HPRT1). El gen finalmente escogido como gen endógeno fue el HPRT1, debido a su mayor estabilidad. Las secuencias de los cebadores y las sondas TaqMan tanto de las variantes de PTHLH como de la HPRT1 aparecen en la tabla 1. La amplificación y cuantificación se realizó por PCR cuantitativa en un *ABI 7500 Real Time PCR System*.

Tabla 1. Secuencias de cebadores y sondas TaqMan usadas en el estudio de expresión.

Nombre	Secuencia
qPTHLH_1+2_F	CAG GGT GTG TGG AAT CAA CTT TC
qPTHLH_1+2_F_FAM	FAM - ACC AGA GGA GGT CCC CAG AGC CA - TAMRA
qPTHLH_3+4_F	CAC AGT TGG AGT AAC TGG TTC CTA AA
qPTHLH_3+4_F_FAM	FAM - AGT CCC CAG AGC CAG AGG ATA CGA TGC - TAMRA
qPTHLH_R	CGA CGC TCC ACT GCT GAA
HPRT1_F	AAG ATG GTC AAG GTT GCA AGC T
HPRT1_R	ATT TCA AAT CCA ACA AAG TCT GGT CTA
HPRT1_JOE	JOE - TGG TGA AAA GGA CCC CTC GAA GTG TTG - TAMRA

<sup>1</sup> Estudio financiado por el proyecto AGL2004-08368-C03/GAN.

## Estudio de asociación

**Diseño experimental.** Para llevar a cabo este estudio se han utilizado tres generaciones de un cruce experimental F<sub>2</sub> entre cerdo *Ibérico* y *Meishan*. Estas dos razas se caracterizan por presentar valores extremos en los caracteres reproductivos, entre los que está el número de mamas.

Hasta el momento se han utilizado un total de 592 animales, de los cuales 20 pertenecen a la generación parental (3 machos *Ibéricos* y 17 hembras *Meishan*), 90 pertenecen a la F<sub>1</sub> y 569 a la F<sub>2</sub>. Sin embargo, para el estudio de asociación propiamente dicho se han utilizado únicamente las generaciones F<sub>1</sub> y F<sub>2</sub> del cruce, ya que no disponemos del número de mamas de los parentales.

**Genotipado.** Se diseñó un experimento de discriminación alélica para el polimorfismo identificado por Chomdej *et al.* (2004) en la región codificante del gen de la PTHLH. La reacción se llevó a cabo en un volumen final de 6 µl conteniendo 3 µl de TaqMan® Universal PCR Master Mix (2x), 0.6 µl de Primer Mix (10x) y 25 ng de ADN genómico. La amplificación se realizó en un ABI 7500 Real Time PCR System con un perfil térmico consistente en 50°C durante 2 minutos, seguido de 95°C durante 10 minutos y por último 50 ciclos de 92°C durante 15 segundos más 60°C durante 1 minuto y 30 segundos.

**Análisis estadístico.** El análisis se realizó mediante un modelo de efectos fijos con los efectos genotipo (3 niveles) y generación (2 niveles) con el procedimiento GLM del paquete estadístico SAS. El efecto sexo no fue incluido ya que en los análisis preliminares no se observaron diferencias significativas entre machos y hembras.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Estudio de expresión

Como puede observarse en la figura 1, el gen de la PTHLH porcina se expresa en todos los tejidos testados excepto en placenta, a pesar de que fue precisamente en placenta donde Cormier *et al.* (2003) observaron expresión. Además, en ciertos tejidos como el hígado sólo uno de los pares de variantes pudo ser identificado sugiriendo un fenómeno de expresión diferencial para esas variantes. La expresión es en general bastante variable entre tejidos y algunos de los tejidos muestran niveles muy distintos en diferentes animales. Sin embargo, resulta interesante comprobar que en otros tejidos como ovario y útero la expresión es elevada y constante. También está activo en tejidos epiteliales, como piel o glándula mamaria.

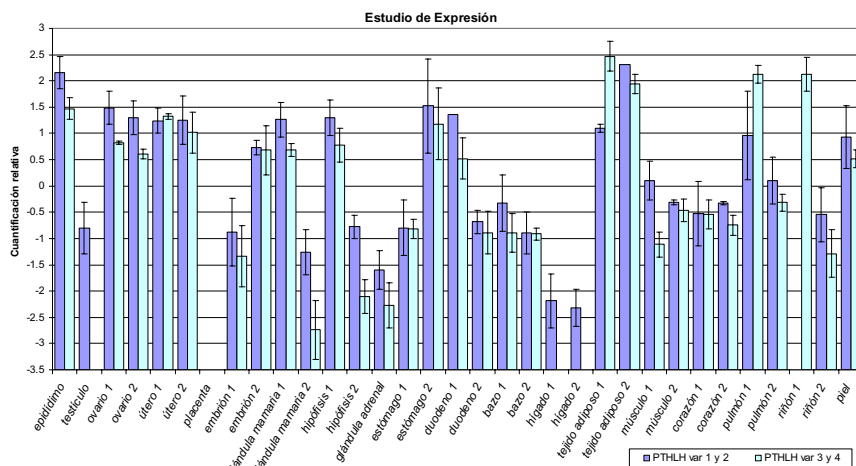


Figura 1. Niveles de expresión de cada uno de los tejidos del estudio para las dos variantes del gen PTHLH relativa a un *pool* de tejidos.



## Estudio de asociación

Al genotipar los parentales, observamos que los machos Ibéricos fundadores eran todos homocigotos para el alelo C, mientras que en las hembras *Meishan* había segregación, siendo el alelo C el más frecuente (figura 2).

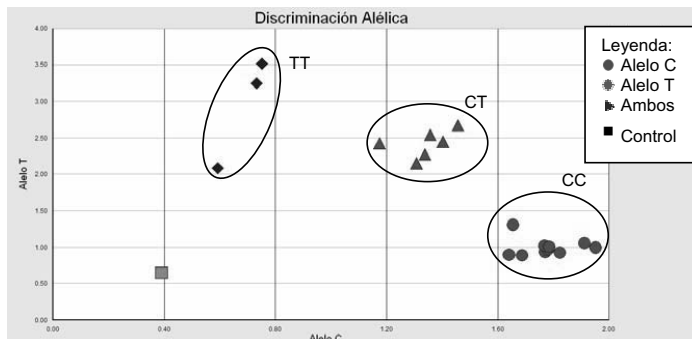


Figura 2. Genotipado de los parentales de la población experimental Ibérico x *Meishan*. Los tres machos ibéricos aparecen en el grupo de los homocigotos CC.

Como se muestra en la tabla 2, se detectan diferencias significativas entre los homocigotos para el alelo C y el resto de genotipos. Los homocigotos CC presentan 0,40 mamas menos que los heterocigotos ( $P=0,0004$ ) y 0,81 mamas menos que los homocigotos para el alelo T ( $P=0,025$ ).

Tabla 2. Tamaño muestral (n), medias (LSM) y error estándar (se) del número de mamas para cada uno de los genotipos observados.

Genotipo	n	LSM	se
CC	477	13,40 <sup>a</sup>	0,08
CT	170	13,80 <sup>b</sup>	0,10
TT	12	14,21 <sup>b</sup>	0,36

<sup>ab</sup>Valores con distinto superíndice difieren significativamente ( $P < 0,05$ )

Estamos trabajando en corroborar estos resultados con modelos estadísticos alternativos para comprobar si el gen PTHLH está relacionado con el QTL observado por Rodríguez *et al.* (2005) en esta misma población  $F_2$ .

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CHOMDEJ S.; PONSUKSILI S.; SCHELLANDER K.; WIMMERS K. 2004. *Animal Genetics*. 35:151-152.
- CORMIER S.; DELEZOIDE A.L.; SILVE C. 2003. *Gene Expression Patterns*. 3:59-63.
- KOBAYASHI T.; KRONENBERG H.M.; FOLEY J. 2005. *Developmental dynamics*. 233:794-803.
- RODRÍGUEZ C.; TOMÁS A.; ALVES E.; RAMÍREZ O.; ARQUÉ M.; MUÑOZ G.; BARRAGÁN C.; VARONA L.; SILIÓ L.; AMILLS M.; NOGUERA J.L. 2005. *Animal Genetics*. 36(6):490-6.
- VANDESOMPELE J.; DE PRETER K.; PATTYN F.; POPPE B.; VAN ROY N.; DE PAEPE A.; SPELEMAN F. 2002. *Genome Biology*. 3(7):34.1-34.11.
- ZHANG X.; DING L.; SANDFORD A.J. 2005. *Molecular Biology*. 6:4.

## VARIABILIDAD NUCLEOTÍDICA Y HAPLOTÍPICA DEL GEN *FABP5* PORCINO

Ojeda, A.<sup>1</sup>, Estellé, J.<sup>1</sup>, Folch, J.M.<sup>1</sup>, Pérez-Enciso, M.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193, Bellaterra.

<sup>2</sup> Institut Català de Recerca i Estudis Avançats, C/ Lluís Companys 23, 08010, Barcelona.  
E-mail: ana.ojeda@uab.es

### INTRODUCCIÓN

El gen *fatty acid binding protein 5 (FABP5)*, también conocido como *Epidermal-FABP (E-FABP)* se expresa en la piel, tejido adiposo, glándula mamaria, riñón, cerebro, intestino, hígado y lengua. Su principal función, igual que el resto de FABPs, es facilitar el transporte de ácidos grasos. Este gen se sitúa en el cromosoma 4 porcino, dentro del intervalo de confianza del QTL *FAT1* (Andersson *et al.*, 1994), y muy cercano al gen *FABP4*, a unas 194 kb en la especie humana (Estellé *et al.*, 2006). Este QTL afecta al depósito de grasa dorsal y al crecimiento.

En un trabajo previo, se estudió la variabilidad y distribución haplotípica del gen *FABP4* porcino obteniendo unos resultados inesperados (Ojeda *et al.*, 2006). El nivel de polimorfismo detectado se correspondía a una diversidad nucleotídica de  $\pi = 1,17\%$ , muy superior a la descrita anteriormente en animales domésticos y aproximadamente 10 veces la descrita en la especie humana. Asimismo, el árbol *neighbor-joining* (NJ) obtenido a partir de las secuencias no mostraba ninguna relación entre el haplotipo y el origen geográfico de los animales. Se observó que razas muy distantes compartían haplotipos y que algunos de los animales con mayor heterocigosidad pertenecían a líneas muy consanguíneas (Guadyerbas o *Tamworth*).

El objetivo del presente trabajo fue estudiar la variabilidad nucleotídica y la estructura haplotípica del gen *FABP5* y compararla con la del *FABP4* para verificar si siguen una distribución similar o si, por el contrario, el *FABP5* se comporta de forma diferente.

### MATERIAL Y MÉTODOS

#### Material animal

Se han secuenciado 14 cerdos de las razas: Vietnamita (VT104), Ibérico (IB114 de la estirpe Retinto e IB415 de la estirpe Guadyerbas), Duroc (DU272), LargeWhite (LW284), Tamworth (TW372, una raza inglesa en peligro de extinción), Landrace (LD400), Fengjing (FG528) y Minzhu (MZ530) del USDA y originarios de China, Meishan (MS620) proveniente del INRA y 3 jabalíes (WB281, WB488 y WB511) de España, Japón y Francia respectivamente. Como *outgroup* se ha utilizado un Babirusa (BB280, *Babyrusa babyrussa*) del zoo de Madrid.

#### Identificación de polimorfismos

A partir de la secuencia del gen *FABP5* porcino (*GenBank* DQ523618, Estellé *et al.*, 2006) se diseñaron cinco pares de cebadores para amplificar por PCR un fragmento de ~5,2 kb que incluye los cuatro exones, los tres intrones y parte del promotor.

Las condiciones de las PCR fueron 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 200 μM dNTPs, 500 nM de cada cebador, 50 ng ADN genómico y 0.6 U AmpliTaq Gold (Applied Biosystem) en un volumen final de 25 μl. El perfil térmico consistía en 95 °C durante 10 min, seguido de 35 ciclos de 94 °C 0,5 min, 62 °C 1 min y 72 °C 1,5 min, y una extensión final de 72 °C durante 15min.

Los fragmentos amplificados fueron purificados y posteriormente secuenciados mediante *BigDye Terminator v3.1 Ready Reaction Cycle Sequencing Kit* en un secuenciador ABI PRISM 3730 (*Applied Biosystems*). El análisis de las secuencias e identificación de polimorfismos se realizó mediante el programa *SeqScape v2.5 (Applied Biosystems)*.

### **Análisis estadístico y genético**

A partir de las secuencias se reconstruyeron las fases mediante el programa *Phase* v2.1.1 (Li and Stephens 2003) usando las opciones por defecto, excepto que el programa corrió 5 veces y la última interacción fue 10 veces más larga, tal y como sugieren los autores. El índice de diversidad nucleotídica ( $\pi$ ) fue estimado con DnaSP v4.10 (Rozas *et al.* 2003). Se realizó un árbol filogenético NJ mediante el modelo Kimura de dos parámetros usando Mega3 (Kumar *et al.*, 2004). La tasa de recombinación escalada ( $4 Ne r$ ) fue estimada usando técnicas de coalescencia con el programa *LDhat* (McVean *et al.*, 2002).

## **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

Se han detectado 36 posiciones polimórficas entre las distintas razas analizadas que incluyen seis *singletons*, dos indels y 28 SNPs (Figura 1. dcha.), lo que corresponde a un polimorfismo cada  $\sim 150$  pb. 8 se encontraron en el promotor, 1 en la región 5' UTR, 15 en intrón 1, 3 en intrón 2 y 9 en intrón 3. Ninguno de los polimorfismos se situó en la región codificante. El índice de diversidad nucleotídica ( $\pi$ ) fue 0.12%, diez veces inferior a la obtenida en el gen *FABP4* (Ojeda *et al.*, 2006) pero similar a la descrita en humanos y otras especies domésticas.

Se observó una distribución haplotípica en dos clusters principales (llamados A y B en la Fig. 1 izda., por conveniencia), en el clúster A se encuentran tanto cerdos asiáticos como europeos, en cambio en el clúster B, predominan los cerdos asiáticos, excepto el Duroc. En el *FABP4*, también encontramos dos clústers pero sin relación entre los haplotipos y la distribución geográfica de los animales. El caso del Ibérico *Guadyerbas* (IB415), una línea muy grasa, negra y altamente consanguínea, es particularmente interesante debido a que resultó ser muy heterocigoto para el *FABP4* y, en cambio, es totalmente homocigoto para el *FABP5*.

La distancia promedio obtenida con el modelo Kimura de 2p entre babirusa y cerdo fue  $0,022 \pm 0,002$ . Usando un tiempo de divergencia estimado de 12 – 26 millones de años (Thompson *et al.*, 1996), obtenemos una tasa de sustitución estimada de  $\lambda = 0,022 / 2 / (12-26) / 10^6 \sim 4 - 9 \cdot 10^{-10} / \text{pb} / \text{año}$ , aproximadamente, la mitad de la descrita en el gen *FABP4* (Ojeda *et al.*, 2006). La estima del parámetro  $\rho = 4Ne r$  obtenida para toda la región fue  $\rho = 5,1$  o  $1,1$  por kb, un 30% menos que la estima para el *FABP4* ( $\rho = 1,5$ ). Esta diferencia puede ser debida a la diferente tasa de recombinación y/o de censo efectivo entre ambos genes.

En resumen, podemos concluir que las historias evolutivas y los patrones de diversidad nucleotídica y haplotípica de los genes *FABP4* y *FABP5* son muy distintas, a pesar de su proximidad física en el genoma y de pertenecer a la misma familia génica.

## **AGRADECIMIENTOS**

Agradecemos a las diversas personas e instituciones que nos han cedido muestras para este estudio: INIA (L. Silió y M.C. Rodríguez Valdovinos), zoo de Madrid (E. Martínez y C. Talavera), STAF Institute Japan (N. Okumura), USDA (G. Rohrer), Diputación de Huelva (M. Cumbereras), Batallé (J. Reixach), INRA (JP Bidanel), Copaga e IRTA (JL Noguera), Deerpark pigs (R. Overend). Trabajo financiado por los proyectos AGL2004-00103 del MEC y acción especial del INIA (CPE03-010-C3). Ana Ojeda y Jordi Estellé disfrutaron de becas FPI y FPU, respectivamente, del MEC.

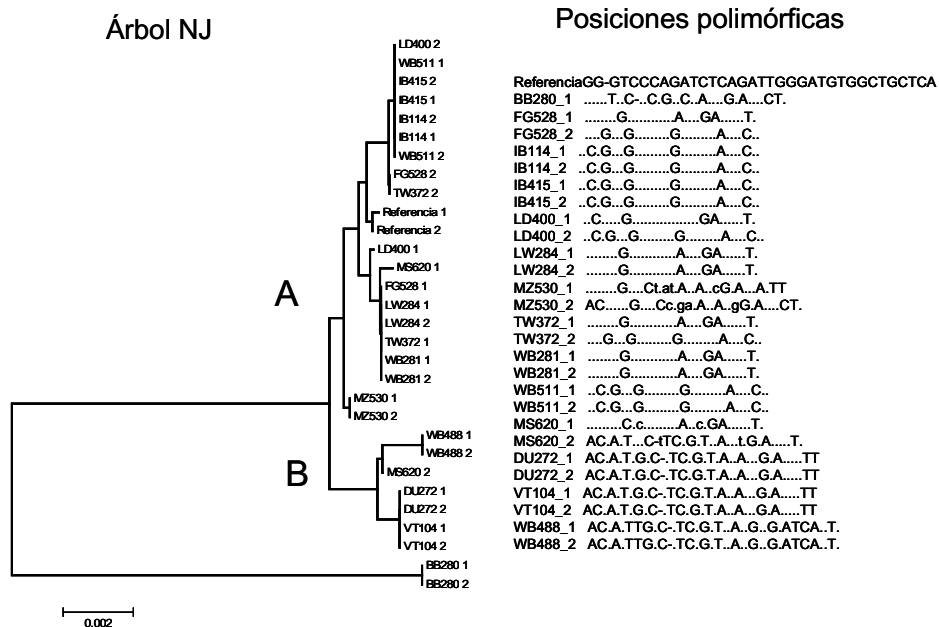


Figura 1. Izda.: árbol NJ, el último número (1 o 2) indica el haplotipo de cada animal. Dcha: lista de polimorfismos encontrados. Una letra minúscula quiere decir que la fase se determinó con una probabilidad menor de 0.7.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Andersson, L. *et al.* 1994. *Science* 263, 1771-1774.
- Barrett, J. C. *et al.* 2005. *Bioinformatics* 21, 263-5.
- Kumar, S. *et al.* 2004. *Brief Bioinform* 5, 150-63.
- Estellé, J. *et al.* 2006. *Anim Genet.* 37(6), 589-91.
- Li, N. *et al.* 2003. *Genetics* 165, 2213-33.
- McVean, G. *et al.* 2002. *Genetics* 160, 1231-41.
- Ojeda *et al.* 2006. *Genetics* 174(4), 2119-27.
- Rozas *et al.* 2003. *Bioinformatics* 19, 2496-2497.
- Thompsen, P. *et al.* 1996. *Cytogenet Cell Genet.* 73, 203-8.

## ASOCIACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS DEL EXÓN 7 DEL GEN DE LA $\beta$ -CASEÍNA (CSN2) CON LA PRODUCCIÓN Y COMPOSICIÓN DE LA LECHE EN OVINO MERINO

Corral, J.M.<sup>1</sup>, Izquierdo, M.<sup>1</sup>, Mateos, S.<sup>1</sup>, Parejo, J.C.<sup>2</sup>, Salazar, J.<sup>2</sup>, Rabasco, A.<sup>2</sup>, Martínez-Trancón, M.<sup>2</sup>, Sansinforiano, M.E.<sup>2</sup>, Hernández, F.I.<sup>1</sup>, Portilla, F.J.<sup>2</sup>, Padilla, J.A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Centro de Investigación La Orden-Valdesequera, Junta de Extremadura. Carretera Nacional V, Km 374, Guadajira 06071 (Badajoz). [juanmanuel.corral@juntaextremadura.net](mailto:juanmanuel.corral@juntaextremadura.net)

<sup>2</sup> Genética y Mejora Animal, Facultad de Veterinaria, Avda. de la Universidad s/n, 10071 (Cáceres). [jpadilla@unex.es](mailto:jpadilla@unex.es)

### INTRODUCCIÓN

El polimorfismo de las proteínas de la leche afecta a la composición y a la calidad del queso. En particular, según Amigo *et al.*, (2000), la  $\beta$ -caseína ( $\beta$ -CN) tiene un papel importante en la estabilidad de la micela, y en la disponibilidad y distribución del calcio en la leche. Estas diferencias genéticas han sido utilizadas como criterio de selección de caracteres de leche en ganado caprino por Bonifacio *et al.* (2001). Bastos *et al.* (2001) identificaron mediante PCR-SSCP (Single-Strand Conformational Polymorphism) dos patrones conformacionales en un fragmento amplificado del exón 7 del gen CSN2 (Genbank X79703), que correspondía con una sustitución nucleotídica A/G (Met  $\rightarrow$  Val) en la posición 12029 de la secuencia del gen (Ceriotti *et al.*, 2004) El objetivo de este trabajo fue determinar las variantes alélicas del exón 7 del gen de la  $\beta$ -caseína ovina (CSN2) en nueve líneas de la raza ovina Merina y su asociación con caracteres de producción y composición de la leche. La existencia de animales portadores de genotipos mejorantes para cantidad y calidad de leche incrementaría la respuesta a la selección y por tanto dinamizaría el Programa de Mejora de ovino Merino para actitud lechera.

### MATERIAL Y MÉTODOS

La identificación de los diferentes genotipos del exon 7 del gen CSN2 se realizó mediante PCR-SSCP. Los fragmentos amplificados mediante los cebadores descritos por Bastos *et al.*, (2001) se separaron electroforéticamente en geles de poliacrilamida al 15% durante 24 horas a voltaje (700 V) y temperatura constante (15°C) y visualizadas por tinción con plata (Figura 1). La verificación del método de genotipado se realizó por secuenciación doble de cada uno de los genotipos detectados, empleando secuenciación cíclica (BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit. Applied Biosystems). Una vez identificados los genotipos, se estudió la diversidad genética del locus CSN2 mediante el genotipado de 1112 animales de raza Merina procedentes de 9 líneas distintas (Tabla 2) según descripción en Corral *et al.* (2005a). Además, se evaluó la posible asociación de cada genotipo con los caracteres de producción y calidad de leche utilizando información de 1025 lactaciones procedentes de ovejas de la línea Perales criadas en la Finca Valdesequera (Junta de Extremadura) durante los años 1999-2006 según metodología descrita por Corral *et al.* (2005b). Los datos se analizaron con un modelo mixto definido como:

$$Y_{ijkl} = \mu + X_i + T_j + P_k + NP_l + Gen_m + Oveja_n + e_{ijklmn}$$

Donde  $Y_{ijkl}$  es el valor de cada uno de los caracteres de la producción de leche producción al primer control, producción real, producción tipificada a 120 días y cantidad de leche ordeñada, estas tres últimas calculadas con el método Fleischmann o de calidad de leche (porcentaje medio diario de proteína, grasa, lactosa, extracto seco magro y extracto seco total),  $\mu$  es la media para cada carácter,  $X_i$  es el efecto del intervalo parto-destete,  $T_j$  es el efecto del tipo de parto,  $P_k$  es el efecto de la paridera,  $NP_l$  es el efecto del número de parto,  $Gen_m$  es el efecto del genotipo,  $Oveja_n$  es el efecto aleatorio de la oveja y  $e_{ijklm}$  es el error residual que incluye los efectos del ambiente asociado con cada animal. Se utilizó el procedimiento mixed de SAS (1998).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Figura 1 se muestran los diferentes patrones electroforéticos (genotipos) encontrados. En la Tabla 1, presentamos el alineamiento de las secuencias obtenidas de

dos animales homocigotos (AA, GG) con las secuencias publicadas (GenBank X79703 y AY444504). Nuestros resultados coinciden con los obtenidos por Ceriotti *et al.*, (2004). Los genotipos AA y GG obtenidos por secuenciación directa, corresponden con los patrones electroforéticos 1 y 2. La frecuencia media de los alelos A y G fueron 0.7644 y 0.2356, respectivamente. Excepto la línea de Merino Negro, todas las líneas estaban en equilibrio Hardy-Weinberg (HWE) para este locus. Este resultado era de esperar dado que esta raza no ha sido seleccionada para caracteres de aptitud lechera. La frecuencia del alelo CSN2\*G (23.56%) es del mismo orden que la obtenida por Ceriotti *et al.*, (2004) en las razas Comisana y Sarda. Los estadísticos F (Wright, 1965), ( $F_{IS} = 0.015$ ;  $F_{IT} = 0.042$ ;  $F_{ST} = 0.027$ ) nos indican que para este gen CSN2 no existe divergencia genética entre las líneas. La heterocigosis observada y esperada fue de 0.349 y 0.360, respectivamente. El análisis de resultados indica que existe un efecto significativo entre los genotipos de las caseínas estudiadas y la cantidad de leche producida (Tabla 3), pero no resultó significativo para la composición de dicha leche, (Tabla 4). Los animales de genotipo GG presentan mayores producciones totales de leche al primer control ( $p=0.0323$ ), producción total real ( $p=0.0966$ ), producción total tipificada ( $p=0.0325$ ) y leche total ordeñada. Dada la escasa producción lechera de la oveja Merina y considerando que el genotipo GG produce considerablemente más cantidad de leche que el AA y que el efecto del genotipo AA no resulta significativamente mejor en relación a la calidad de dicha leche, se podría utilizar la información procedente del genotipo directamente en un programa de selección asistida por marcadores.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Amigo, L., Recio, I., Ramos, M. 2000. Genetic polymorphism of ovine milk proteins: its influence on technological properties of milk- a review. *International Dairy Journal*, 10, 135-149.
- Bastos, E., Cravador, A., Azevedo, J., Guedes-Pinto, H. 2001. Single strand conformation polymorphism (SSCP) detection in six genes in Portuguese indigenous sheep breed "Churra da Terra Quente". *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.* 5, 7-15.
- Bonifacio, C., Santos, I.C., Belo, C., Cravador. 2001. A. Single-strand conformation polymorphism (SSCP) analysis of  $\alpha$ s1-casein,  $\beta$ -casein and  $\kappa$ -casein genes in charnequeira portuguese indigenous goat breed.
- Ceriotti, G., Chessa, S., Bolla, P., Budelli, E., Bianchi, L., Duranti, E., Caroli, A. 2004. Single nucleotide polymorphisms in the ovine casein genes detected by polymerase chain reaction-single strand conformation polymorphism. *J. Dairy Sci.* 87 2606-13.
- Corral, J.M., Izquierdo, M., González, J., Parejo, J.C., Rabasco, A., Martínez, M., Sansinforiano, E. and Padilla, J.A. 2005a. Estudio de las variantes alélicas de la  $\beta$ -lactoglobulina en la raza Merina y su relación con la producción lechera. *ITEA Vol. Extra N° 26. Tomo I*, 30-32.
- Corral, J.M., Izquierdo, M., Roa, I., Parejo, J.C., Rabasco, A., Martínez-Trancón, M., Sansinforiano, M.E., Hernández, F.I., Padilla, J.A. 2005b. Análisis del locus microsatélite CSN3 en la raza Merina. Congreso Sociedad Española de Genética (SEG), Roquetas del Mar, Almería (Spain).
- SAS. 1998. User's Guide, Release 6.12. SAS Institute Inc. Cary, NC.
- Wright S. 1965 The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 19: 395-420

#### AGRADECIMIENTOS

Beca predoctoral I.N.I.A., Plan Regional de Investigación Proyecto PRI+DT+I (2PR03B027) y fondos FEDER, Junta de Extremadura (Consejería de Infraestructuras y Desarrollo Tecnológico), Asociación de criadores de ganado Merino.

Tabla 1. Alineamiento múltiple de secuencias mediante el programa CLUSTAL W v1.83.

ID	Secuencia 5' → 3'	Genotipo
OV27	TCCCCAGAAAGCAGTGCCCCAGAGAGATGTGCCCATCCAGGCCTTTCTGC	GG
OV28	TCCCCAGAAAGCAGTGCCCCAGAGAGATATGCCCATCCAGGCCTTTCTGC	AA
X79703	TCCCCAGAAAGCAGTGCCCCAGAGAGATATGCCCATCCAGGCCTTTCTGC	AA
AY444504	TCCCCAGAAAGCAGTGCCCCAGAGAGATGTGCCCATCCAGGCCTTTCTGC *****▲*****	GG

OV27 y OV28 son los animales secuenciados en este trabajo. Los nucleótidos idénticos están representados por \* y las sustituciones están escritas por el símbolo ▲

Figura 1. Patrones PCR-SSCP del gen  $\beta$ -caseína ovina (CSN2)

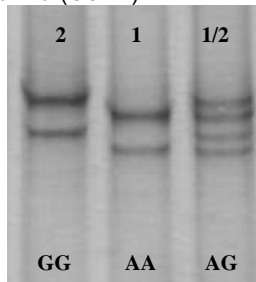


Tabla 2. Distribución de los animales por genotipo y frecuencias génicas del locus de CSN2 en las diferentes líneas de Merino analizadas

Líneas	Genotipo			Frecuencias génicas		HWE*	
	n	AA	AG	GG	A		G
Granda (L1)	55	28	26	1	0.7455	0.2545	0.1477
Hidalgo (L2)	60	42	14	4	0.8167	0.1833	0.0944
Jordan (L3)	56	42	11	3	0.8482	0.1518	0.0997
Lamex (L4)	58	38	16	4	0.7931	0.2069	0.2365
L.Montenegro (L5)	59	43	16	0	0.8644	0.1356	0.5809
M. Común (L6)	64	45	17	2	0.8359	0.1641	0.6669
Merino Negro (L7)	26	25	1	0	0.9808	0.0192	-
Perales (L8)	685	359	274	52	0.7241	0.2759	1.0000
Serena (L9)	49	34	13	2	0.8265	0.1735	0.6146
Total	1112	656	388	68	0.7644	0.2356	0,2734

(n = tamaño muestra). \*valores de p derivados del test  $\chi^2$

Tabla 3. Medias mínimo cuadráticas y error estándar de los caracteres de producción de leche al primer control (prodto1), producción total real (prodtot2), tipificada a 120 días (prodtota) y total ordeñada (prodtoord) para los diferentes genotipos de CSN2.

Genotipo	N	prodto1 (ml) LSM $\pm$ SE	prodtot2 (l) LSM $\pm$ SE	prodtota (l) LSM $\pm$ SE	prodtoord (l) LSM $\pm$ SE
AA	509	437.45 $\pm$ 13.56 <sup>a</sup>	33.70 $\pm$ 1.28 <sup>a</sup>	37.91 $\pm$ 1.27 <sup>a</sup>	10.09 $\pm$ 0.64 <sup>a</sup>
AG	416	473.39 $\pm$ 14.36 <sup>b</sup>	36.14 $\pm$ 1.36 <sup>ab</sup>	40.63 $\pm$ 1.35 <sup>ab</sup>	10.79 $\pm$ 0.68 <sup>ab</sup>
GG	100	500.07 $\pm$ 28.65 <sup>b</sup>	39.27 $\pm$ 2.76 <sup>b</sup>	44.90 $\pm$ 2.76 <sup>b</sup>	12.73 $\pm$ 1.37 <sup>b</sup>

Valores con diferentes superíndices en la misma columna difieren significativamente a, b ( $p < 0.05$ ).

Tabla 4. Medias mínimo cuadráticas y error estándar de los caracteres de calidad de leche para los diferentes genotipos de CSN2.

Genotipo	N	PGD	PPDI	PESMDI	PESTDI	PLACDI	
		LSM $\pm$ SE	LSM $\pm$ SE	LSM $\pm$ SE	LSM $\pm$ SE	N	LSM $\pm$ SE
AA	380	7.30 $\pm$ 0.08	6.45 $\pm$ 0.07	11.55 $\pm$ 0.05	18.70 $\pm$ 0.12	319	4.36 $\pm$ 0.03
AG	318	7.25 $\pm$ 0.09	6.39 $\pm$ 0.07	11.53 $\pm$ 0.05	18.59 $\pm$ 0.13	272	4.38 $\pm$ 0.03
GG	92	7.18 $\pm$ 0.16	6.39 $\pm$ 0.13	11.65 $\pm$ 0.10	18.78 $\pm$ 0.23	79	4.44 $\pm$ 0.05

PGDI = % de grasa diaria. PPDI = % de proteína diaria. PESMDI = % de extracto seco magro diario. PESTDI = % extracto seco total diario. PLACDI = % de lactosa diaria.

## ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO DEL GEN DE LA K-CASEÍNA (CSN3) CON LA PRODUCCIÓN Y COMPOSICIÓN DE LA LECHE EN OVINO MERINO

Corral, J.M.<sup>1</sup>, Izquierdo, M.<sup>1</sup>, Mateos, S.<sup>1</sup>, Parejo, J.C.<sup>2</sup>, Salazar, J.<sup>2</sup>, Rabasco, A.<sup>2</sup>, Martínez-Trancón, M.<sup>2</sup>, Sansinforiano, M.E.<sup>2</sup>, Hernández, F.I.<sup>1</sup>, González-Crespo, J.<sup>3</sup>, Jiménez-Hernando, M.A.<sup>4</sup>, Portilla, F.J.<sup>2</sup>, Padilla, J.A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Centro de Investigación La Orden-Valdesequera, Junta de Extremadura. Carretera Nacional V, Km 374, Guadajira 06071 (Badajoz). [juanmanuel.corral@juntaextremadura.net](mailto:juanmanuel.corral@juntaextremadura.net)

<sup>2</sup> Genética y Mejora Animal, Facultad de Veterinaria, Avda. de la Universidad s/n, 10071 (Cáceres). [jpadilla@unex.es](mailto:jpadilla@unex.es)

<sup>3</sup>INTAEX, Finca Santa Engracia, Carretera de San Vicente sn, 06071 Badajoz

<sup>4</sup>INIA, Carretera de la Coruña, Km 7,5. 28040 Madrid

### INTRODUCCIÓN

La kappa-caseína tiene un importante papel en el rendimiento quesero debido a su participación en la estabilización de la formación de micelas previniendo la precipitación de las caseínas de la leche. Velmala *et al.* (1995) identificaron asociaciones de caracteres de producción de leche (rendimiento de leche, porcentaje de grasa y proteína) con diferentes combinaciones de los alelos de la kappa-caseína. Debido a la alta homología que existe entre el bovino y el ovino, De Gortari *et al.* (1997) indicaron la posibilidad de utilizar el microsatélite polimórfico CSN3 de la especie bovina en ovejas. La selección de animales con un alelo específico del gen de la caseína para poder cambiar la composición de la leche ha sido propuesta por Ng-Kwai-Hang *et al.* (1990). Así, el objetivo de este trabajo ha sido determinar el polimorfismo del microsatélite CSN3 del gen de la Kappa caseína ovina (CSN3) en distintas líneas de Merino y evaluar la influencia de los diferentes genotipos de este locus sobre caracteres de producción y calidad de la leche de ovejas Merinas.

### MATERIAL Y MÉTODOS

El microsatélite CSN3 del gen de la kappa caseína se ha analizado mediante PCR y electroforesis capilar (ABI-Prism 310) utilizando el cebador marcado con el fluorocromo 6-FAM descrito por de Gortari *et al.* (1998) y Corral *et al.* (2005). En primer lugar, se han evaluado 974 individuos pertenecientes a distintas líneas de la raza Merina como son: Granda, Hidalgo, Jordan, Lamex, Merino común, Merino negro, Perales y Serena. En segundo lugar, se han analizado 1025 lactaciones que proceden de ovejas de la línea Perales criadas en la Finca Valdesequera (Junta de Extremadura) durante los años 1999-2006, evaluando la cantidad de leche total producida al primer control, la cantidad de leche total real, total tipificada a 120 días, leche total ordeñada y los factores que afectan a dicha producción. Además se ha analizado la composición de dicha leche, gramos diarios (mañana y tarde) de la grasa, proteína, lactosa, extracto seco magro y extracto seco total de 626 lactaciones mediante la técnica de infrarrojo cercano con un equipo MilkoScan de Fosselectric. Los porcentajes de calidad de la mañana o de la tarde, se obtuvieron multiplicando los porcentajes de calidad de la mañana o tarde por los kilogramos de leche de la mañana o de la tarde tipificada a 120 días mediante el método Fleischmann y dividido por la producción total tipificada a 120 días. Los efectos de cada genotipo sobre los caracteres de producción y calidad de leche se analizaron mediante el procedimiento mixed del paquete estadístico SAS, (1998). El modelo utilizado para cantidad y calidad de leche fue el siguiente:

$$Y_{ijkl} = \mu + X_i + T_j + P_k + NP_l + Gen_m + Oveja_n + e_{ijklmn}$$

Donde  $Y_{ijkl}$  es el valor de cada uno de los caracteres de la producción de leche (producción al primer control, producción real, producción tipificada a 120 días y cantidad de leche ordeñada, estas tres últimas calculadas con el método Fleischmann) o de calidad de leche (porcentaje medio diario de proteína, grasa, lactosa, extracto seco magro y extracto seco total),  $\mu$  es la media para cada carácter,  $X_i$  es el efecto del intervalo parto-destete  $T_j$  es el efecto del tipo de parto,  $P_k$  es el efecto de la paridera,  $NP_l$  es el efecto del número de parto,  $Gen_m$  es el efecto del genotipo,  $Oveja_n$  es el efecto aleatorio de la oveja y  $e_{ijklmn}$  es el error residual que incluye los efectos del ambiente asociado con cada animal.



## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En este locus (CSN3) se encontraron un total de 19 alelos con tamaños entre 208-252 pb en las distintas líneas de Merino (Figura 1). El alelo 222 fue el más frecuente (0,3183) en casi todas las líneas exceptuando las líneas: Jordan y Serena donde el alelo más frecuente fue 214; 0.3163 (Jordan) y 0.3409 (Serena); y Merino negro (alelo 236; 0,3542). Este número de alelos resultó mayor al observado en los estudios realizados en los cruces de otras razas Romanov x Rambouillet y Romanov x Suffolk por De Gortari *et al.* (1997), en las que encontró 7 alelos entre 345-371 pb. En los trabajos realizados por Bishop *et al.* (1994) en la especie bovina localizó alelos en dicho locus entre 216–226 pb. Todas las líneas de Merino estudiadas se encontraban en equilibrio Hardy-Weinberg (HWE), excepto las líneas Jordan, Lamex y Merino Negro. En la Tabla 1 se representan las muestras de animales de las distintas líneas y los índices de fijación de Wright. La línea de Merino negro presenta exceso de heterocigotos (Fis W&C) -0.164. Los efectos del modelo: intervalo parto-destete, paridera (año-estación), tipo de parto y número de parto resultaron significativos para producción de leche. En las Tablas 2 y 3, se representan las medias mínimas cuadráticas de producción y calidad de los diferentes genotipos. El efecto del genotipo fue significativo para la producción de leche al primer control ( $p=0.0267$ ), la producción real ( $p=0.0089$ ), producción tipificada a 120 días ( $p=0.0036$ ) y leche ordeñada ( $p=0.0118$ ). Las ovejas con el genotipo 222/246 presentaron las mayores producciones de leche al primer control, tipificada a 120 días y leche ordeñada. Respecto a la calidad, el genotipo resultó significativo para el porcentaje de extracto seco magro diario ( $p=0.0683$ ). El genotipo con los mayores porcentajes de extracto seco magro corresponde al genotipo 222/236. Los resultados de este trabajo indican la existencia de algunos polimorfismos asociados a una mayor producción de leche que otros, resultados que deberán ser corroborados por nuevos estudios y en un futuro estos genotipos de la Kappa caseína podrían emplearse como marcadores en un programa de selección asistida por marcadores (M.A.S.) para mejorar sobre todo la producción de leche. Respecto a la calidad los resultados resultan menos concluyentes.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bishop, M.D., Kappes, S.M., Keele, J.W., Stone, R.T., Sunden, S.L., Hawkins, G.A., Toldo, S.S., Fries, R., Grosz, M.D., Yoo, J. 1994. A genetic linkage map for cattle. *Genetics* 136 619-39.
- Corral, J.M., Izquierdo, M., Roa, I., Parejo, J.C., Rabasco, A., Martínez-Trancón, M., Sansinforiano, M.E., Hernández, F.I., Padilla, J.A. 2005. Análisis del locus microsatélite CSN3 en la raza Merina. Congreso Sociedad Española de Genética (SEG), Roquetas del Mar, Almería (Spain).
- De Gortari, M.J., Freking, B.A., Cuthbertson, R.P., Kappes, S.M., Keele, J.W., Stone, R.T., Leymaster, K.A., Dodds, K.G., Crawford, A.M. and Beattie, C.W. 1998. A second-generation linkage map of the sheep genome. *Mamm Genome*. 9, 204-9.
- SAS. 1998. User's Guide, Release 6.12. SAS Institute Inc. Cary, NC.
- Ng-Kwai-Hang, K. F., Monardes, H.G., Hayes, J.F. 1990. Association between genetic polymorphism of milk proteins and production traits during three lactations. *Journal of Dairy Science*. 73, 3414-20
- Velmala, R., Vilkkki, J., Elo, K. Maki-Tanila, A. 1995. Casein haplotypes and their association with milk production traits in the Finnish Ayrshire cattle. *Anim Genet*. 26, 419-25.

## AGRADECIMIENTOS

Beca predoctoral I.N.I.A., Plan Regional de Investigación Proyecto PRI+DT+I (2PR03B027) y fondos FEDER, Junta Extremadura (Consejería de Infraestructuras y Desarrollo Tecnológico), Asociación de criadores de ganado Merino

Figura 1. Representa distintos alelos determinados mediante el programa Genotyper v 2.0.

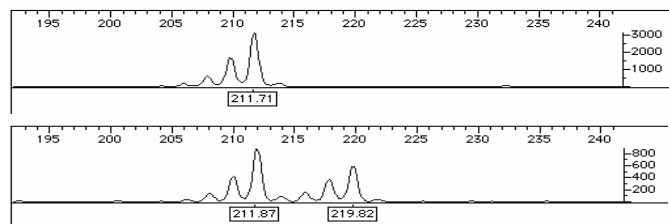


Tabla 1. Heterocigosidad del locus CSN3, Equilibrio Hardy-Weinberg (HWE) e índices de fijación de Wright en la raza Merina. \*valores de p derivados del test  $\chi^2$ , (n = tamaño muestra)

Línea Merino	N	Heterocigosidad observada	Heterocigosidad Esperada	HWE*	Fis W&C
Granda	51	0.7551	0.8053	0.9524	0.073
Hidalgo	55	0.8148	0.8436	0.7088	0.043
Jordan	49	0.5918	0.7780	0.0002	0.249
Lamex	56	0.6964	0.7589	0.0085	0.091
L.Montenegro	51	0.5294	0.7265	0.0149	0.280
Merino Común	75	0.6486	0.7781	0.1021	0.173
Merino Negro	24	0.8750	0.7387	0.0104	-0.164
Perales	569	0.6977	0.7662	0.0784	0.090
Serena	44	0.6818	0.7342	0.3897	0.083
Total	974	0.6928	0.7878	0.0000	0.121

Tabla 2. Medias mínimo cuadráticas y error estándar de los caracteres de producción de leche al primer control (prodto1), producción real (prodtot2), tipificada a 120 días (prodtota) y ordeñada (prodtoord) para los diferentes genotipos de CSN3.

Genotipos	N	prodto1 (ml) LSM $\pm$ SE	prodtot2 (l) LSM $\pm$ SE	prodtota (l) LSM $\pm$ SE	prodtoord (l) LSM $\pm$ SE
214/214	12	526.38 $\pm$ 86.98	42.37 $\pm$ 8.51	44.67 $\pm$ 8.45	14.94 $\pm$ 4.23
214/216	29	483.68 $\pm$ 51.58	36.16 $\pm$ 5.01	39.86 $\pm$ 4.96	10.13 $\pm$ 2.50
214/222	85	432.50 $\pm$ 29.39	32.70 $\pm$ 2.82	36.66 $\pm$ 2.79	9.50 $\pm$ 1.41
214/224	62	516.42 $\pm$ 36.54	41.63 $\pm$ 3.55	46.53 $\pm$ 3.52	14.05 $\pm$ 1.77
214/234	13	554.80 $\pm$ 85.94	51.34 $\pm$ 8.44	53.95 $\pm$ 8.39	21.32 $\pm$ 4.19
214/236	12	397.21 $\pm$ 72.72	26.75 $\pm$ 6.99	30.93 $\pm$ 6.91	6.48 $\pm$ 3.50
216/216	44	431.52 $\pm$ 41.46	33.86 $\pm$ 4.00	37.00 $\pm$ 3.96	10.95 $\pm$ 2.00
216/222	100	435.80 $\pm$ 27.60	33.40 $\pm$ 2.66	38.23 $\pm$ 2.64	9.82 $\pm$ 1.33
216/224	51	394.46 $\pm$ 35.58	29.22 $\pm$ 3.41	33.99 $\pm$ 3.38	8.04 $\pm$ 1.71
216/236	25	420.59 $\pm$ 51.17	31.00 $\pm$ 4.92	35.64 $\pm$ 4.87	8.80 $\pm$ 2.46
222/222	144	515.64 $\pm$ 23.74	41.24 $\pm$ 2.28	45.99 $\pm$ 2.26	13.79 $\pm$ 1.14
222/224	149	481.16 $\pm$ 23.50	37.51 $\pm$ 2.26	41.97 $\pm$ 2.24	11.39 $\pm$ 1.13
222/234	10	402.88 $\pm$ 81.38	27.17 $\pm$ 7.82	32.28 $\pm$ 7.75	5.30 $\pm$ 3.92
222/236	35	498.96 $\pm$ 42.96	39.33 $\pm$ 4.13	44.31 $\pm$ 4.09	12.47 $\pm$ 2.07
222/246	12	632.02 $\pm$ 75.27	51.03 $\pm$ 7.32	54.69 $\pm$ 7.26	16.74 $\pm$ 3.65
224/224	42	387.42 $\pm$ 37.68	28.59 $\pm$ 3.57	31.46 $\pm$ 3.53	8.33 $\pm$ 1.80
224/236	18	484.34 $\pm$ 59.87	36.44 $\pm$ 5.77	42.79 $\pm$ 5.72	9.77 $\pm$ 2.89

Tabla 3. Medias mínimo cuadráticas y error estándar de los caracteres de calidad de leche para los diferentes genotipos de CSN3. PGDI= % grasa, PPDI = % proteína, PESMDI= % extracto seco magro, PESTDI= % extracto seco total, PLACDI= % lactosa.

Genotipos	N	PGDI	PPDI	PESMDI	PESTDI	PLACDI	
		LSM $\pm$ SE	LSM $\pm$ SE	LSM $\pm$ SE	LSM $\pm$ SE	N	LSM $\pm$ SE
214/216	15	7.63 $\pm$ 0.31	6.61 $\pm$ 0.28	11.74 $\pm$ 0.20	19.18 $\pm$ 0.45	12	4.47 $\pm$ 0.11
214/222	68	7.19 $\pm$ 0.16	6.28 $\pm$ 0.14	11.49 $\pm$ 0.11	18.45 $\pm$ 0.24	56	4.39 $\pm$ 0.06
214/224	38	7.51 $\pm$ 0.22	6.62 $\pm$ 0.19	11.61 $\pm$ 0.15	19.03 $\pm$ 0.32	31	4.41 $\pm$ 0.08
214/236	12	7.17 $\pm$ 0.37	6.33 $\pm$ 0.32	11.75 $\pm$ 0.25	18.49 $\pm$ 0.55	9	4.18 $\pm$ 0.14
216/216	28	7.51 $\pm$ 0.25	6.73 $\pm$ 0.22	11.68 $\pm$ 0.16	19.02 $\pm$ 0.36	22	4.28 $\pm$ 0.09
216/222	76	7.41 $\pm$ 0.15	6.50 $\pm$ 0.13	11.58 $\pm$ 0.10	18.94 $\pm$ 0.23	65	4.37 $\pm$ 0.05
216/224	39	7.16 $\pm$ 0.20	6.21 $\pm$ 0.18	11.30 $\pm$ 0.14	18.45 $\pm$ 0.30	33	4.28 $\pm$ 0.07
216/236	24	7.29 $\pm$ 0.27	6.40 $\pm$ 0.23	11.65 $\pm$ 0.18	18.84 $\pm$ 0.39	18	4.34 $\pm$ 0.10
222/222	125	7.00 $\pm$ 0.13	6.30 $\pm$ 0.11	11.31 $\pm$ 0.09	18.22 $\pm$ 0.19	109	4.40 $\pm$ 0.04
222/224	114	7.07 $\pm$ 0.13	6.30 $\pm$ 0.12	11.46 $\pm$ 0.09	18.35 $\pm$ 0.20	101	4.41 $\pm$ 0.05
222/234	10	7.80 $\pm$ 0.42	6.71 $\pm$ 0.36	11.58 $\pm$ 0.28	19.41 $\pm$ 0.61	8	4.23 $\pm$ 0.14
222/236	24	7.12 $\pm$ 0.25	6.40 $\pm$ 0.22	11.94 $\pm$ 0.16	18.32 $\pm$ 0.36	19	4.49 $\pm$ 0.08
224/224	35	7.47 $\pm$ 0.22	6.58 $\pm$ 0.19	11.52 $\pm$ 0.14	18.73 $\pm$ 0.31	27	4.20 $\pm$ 0.07
224/236	18	7.32 $\pm$ 0.31	6.44 $\pm$ 0.27	11.74 $\pm$ 0.20	18.84 $\pm$ 0.45	14	4.43 $\pm$ 0.11

## CARACTERIZACIÓN ESTRUCTURAL DE GENES DEL COMPLEJO MAYOR DE HISTOCOMPATIBILIDAD CAPRINO DE CLASE I

Zidi, A., Sànchez, A., Amills, M.

Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra 08193. E-mail: Ali.Zidi@uab.es

### INTRODUCCIÓN

Las moléculas del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC) de clase I se encargan de presentar péptidos derivados tanto de proteínas endógenas como de patógenos intracelulares en la superficie de la membrana celular (Harty *et al.* 2000). Ello resulta fundamental en el proceso de reconocimiento antigénico y activación de los linfocitos T CD8<sup>+</sup> citotóxicos. El polimorfismo de los genes MHC de clase I se ha asociado al desarrollo de una mayor resistencia/susceptibilidad a diversas enfermedades infecciosas y parasitarias como por ejemplo la mastitis, la tricostrongilosis, la artritis-encefalitis caprina y la leucosis bovina (revisado en Amills *et al.* 1998).

La organización genómica del MHC de clase I en rumiantes es muy compleja. En ovino, se ha descrito la existencia de al menos cuatro genes de clase I mientras que en bovino dicho número podría elevarse a seis (Ellis *et al.* 2004, Miltiadou *et al.* 2005). Dichos genes presentan una elevada variabilidad genética, con 12 y 64 secuencias MHC de clase I ovinas y bovinas almacenadas en la Immuno Polymorphism Database (<http://www.ebi.ac.uk/cgi-bin/ipd>), respectivamente. En caprino aun no se ha procedido a caracterizar estructuralmente los genes MHC de clase I, habiéndose descrito únicamente la existencia de distintas variantes mediante la técnica de isoelectroenfoque (Joosten *et al.* 1993).

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizaron extracciones de RNA a partir de muestras de hígado utilizando el reactivo Trizol (Gibco BRL). La síntesis de cDNA se llevó a cabo mediante el kit ThermoScript (Invitrogen) de acuerdo a las instrucciones del fabricante y empleando como molde 1-2 µg de RNA. Se utilizaron los oligonucleótidos mhcl-5', 5'- ATG GGG CCG CGA ACC CTC CT-3' y mhcl-3' 5'-GAT GGA GAC GGC CCA GCC C-3' para amplificar aproximadamente 1,3 kb del cDNA MHC de clase I caprino. El perfil térmico fue de 94 °C-90 seg, 57 °C-2 min y 72 °C-4 min durante 31 ciclos. La composición de la reacción de PCR fue 1.5 mM MgCl<sub>2</sub> 100 µM dNTP, 0.5 µM de cada primer, y 1.25 U de Taq DNA polimerasa (Ecogen) en un volumen final de 50 µl. Asimismo, se amplificó un fragmento de aproximadamente 0.69 kb con los oligonucleótidos mhcl-5' y mhcl-3I, 5'-GGC CCA GCA CCT CAG GGT GAG-3'. Las condiciones de la reacción de PCR fueron iguales a las descritas anteriormente, aunque el número de ciclos fue de 36. Los productos amplificados de 1,3 y 0.69 kb fueron purificados mediante el QIAquick Gel Extraction kit (Qiagen). A continuación fueron clonados en el plásmido pCR 2.1-TOPO vector (Invitrogen) y secuenciados de acuerdo con los protocolos descritos por Amills *et al.* (2005). Las secuencias obtenidas fueron alineadas mediante el programa Multalin (Corpet, 1988).

El análisis filogenético de las secuencias se realizó mediante el programa MrBayes 3.1. Se consideró un modelo con seis tasas de sustitución distintas y se emplearon los *flat priors* definidos por defecto en el programa para describir las frecuencias nucleotídicas, la proporción de lugares invariantes y el parámetro  $\alpha$ . El árbol filogenético consenso se visualizó con el programa TreeView.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el presente trabajo, se ha caracterizado la secuencia codificante total de un gen MHC de clase I caprino (Cahi-MHCI). Dicha secuencia posee una identidad nucleotídica del 94%, y 92% con los genes ortólogos bovino (DQ121165.1) y ovino (AJ874673.2). Asimismo, se han caracterizado parcialmente otras dos secuencias MHC de clase I (clones 60251 y 71274). El análisis filogenético bayesiano de un fragmento de 572 pb correspondiente a dichas secuencias y a las caracterizadas en ovino se muestra en la Figura 1. Puede observarse, que la secuencia Cahi-MHCI agrupa con las secuencias ovinas F12 y D5 con una elevada probabilidad posterior (1,00). De forma similar, la secuencia caprina 60252 agrupa con la secuencia ovina D3 con una probabilidad posterior de 1,00. En un análisis previo, Miltiadou *et al.* (2005) demostraron que las secuencias ovinas D3, D5, F8 y F12 agrupan conjuntamente en un único clúster (valor de bootstrap 82, cluster I) y con toda probabilidad corresponden a un único locus de clase I que se transcribe a niveles elevados. De manera similar, podemos concluir que las secuencias Cahi-MHCI y 60252 probablemente correspondan a un mismo locus. El alineamiento de estas dos secuencias ha permitido detectar la existencia de 32 posiciones polimórficas. Finalmente, cabe destacar que la secuencia caprina MHC de clase I correspondiente al clon 71274 no agrupa con ninguna de las demás secuencias ovinas o caprinas, por lo cual cabe concluir que corresponde a un locus distinto.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Amills M, Ramiya V, Norimine J, Lewin HA. 1998. The major histocompatibility complex of ruminants. *Rev. Sci. Tech.* 17: 108-20.
- Amills M, Sulas C., Sánchez A., Bertoni G., Zanoni R., Obexer-Ruff G. 2005. Nucleotide sequence and polymorphism of the major histocompatibility complex class II *DQA1* (*Cahi-DQA1*) gene. *Mol. Immunol.* 42: 375-379.
- Ellis S. 2004. The cattle major histocompatibility complex: is it unique? *Vet. Immunol. Immunopathol.* 102: 1-8.
- Harty JT, Tvinnereim AR, White DW. 2000. CD8<sup>+</sup> T cell effector mechanisms in resistance to infection. *Annu. Rev. Immunol.* 18: 275-308.
- Joosten I, Ruff G, Sanders MF, Hensen EJ. 1993. Use of isoelectric focusing to define major histocompatibility complex class I polymorphism in goats. *Anim. Genet.* 24: 47-51.
- Miltiadou D, Ballingall KT, Ellis SA, Russell GC, McKeever DJ. 2005. Haplotype characterization of transcribed ovine major histocompatibility complex (MHC) class I genes. *Immunogenetics* 57: 499-509.

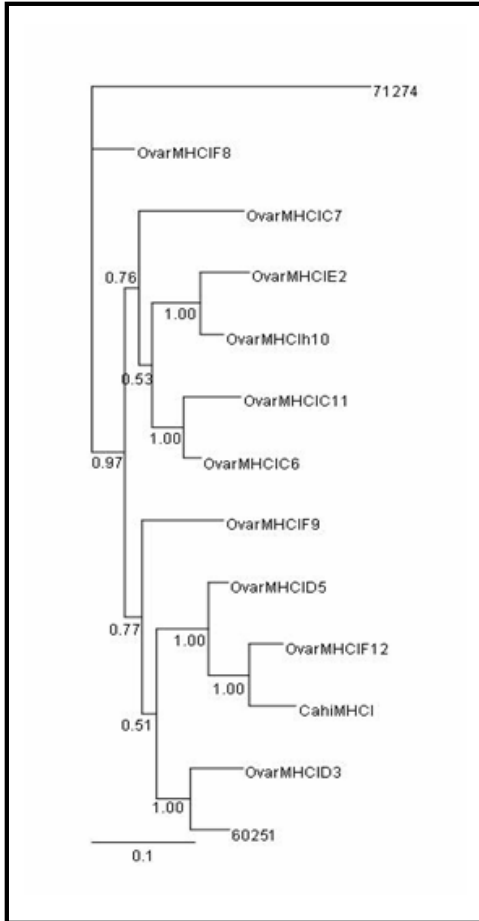


Figura 1. Arbol filogenético bayesiano de las secuencias MHC de clase I ovinas y caprinas

## GENES CANDIDATOS PARA EL DESARROLLO EMBRIONARIO EN CONEJOS: I. GEN DEL RECEPTOR DE LA PROGESTERONA

Peiró, R.<sup>1</sup>, Merchán, M.<sup>2</sup>, Santacreu, M.A.<sup>1</sup>, Argente, M.J.<sup>3</sup>, García, M.L.<sup>3</sup>, Agea, I.<sup>3</sup>, Muelas, R.<sup>3</sup>, Folch, J.M.<sup>2</sup>, Blasco, A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Unidad de Mejora Genética, Departamento de Ciencia Animal, UPV. ropeibar@dca.upv.es

<sup>2</sup> Unitat de Genètica i Millora Animal, Departament de Ciència Animal i dels Aliments, UAB

<sup>3</sup> División de Producción Animal, Departamento de Tecnología Agroalimentaria, UMH

### INTRODUCCIÓN

Se ha realizado un experimento de selección divergente por capacidad uterina (CU) durante 10 generaciones de selección en conejo. Las líneas difieren en tamaño de camada debido principalmente a la diferente supervivencia prenatal (Santacreu *et al.*, 2005). Estudios en las primeras etapas de la gestación mostraron que las diferencias en la supervivencia y en el desarrollo embrionario se producen antes de la implantación (Mocé *et al.*, 2004; Peiró *et al.*, 2007). Hay indicios de la presencia de un gen mayor relacionado con la CU y de un gen mayor relacionado con el número de embriones implantados (Argente *et al.*, 2003; Blasco *et al.*, 2005). Un gen candidato podría ser el gen del receptor de la progesterona. El receptor de progesterona (*PGR*) está involucrado en la liberación del óvulo maduro, en el proceso de implantación del embrión y en el mantenimiento de la gestación (Graham y Clarke, 1997). Merchán *et al.* (2005) encuentran un SNP en el promotor del gen *PGR* (SNP 2464, secuencia publicada en el Genbank (X06623)) asociado a las líneas seleccionadas para aumentar la CU (H) y disminuir la CU (L). El objetivo es estudiar el efecto del SNP 2464 del gen *PGR* en la supervivencia y desarrollo embrionario temprano en una población F2 resultado del cruce recíproco de las líneas H y L. Este trabajo es complementario a los presentados en estas jornadas por García *et al.* (2007) y Argente *et al.* (2007).

### MATERIAL Y MÉTODOS

**Animales:** Se han utilizado hembras de una población F2 procedente del cruce de 3 machos de la línea H y 12 hembras de la línea L y de 3 machos de la línea L y 5 hembras de la línea H. De estos cruces se obtuvieron un total de 10 machos y 70 hembras F1, que se cruzaron entre sí para obtener un total de 498 hembras F2. De estas, 172 hembras se sacrificaron a las 48 horas post-monta y 159 hembras se sacrificaron a las 72 horas post-monta.

**Genotipado del gen del receptor de progesterona (*PGR*):** El DNA genómico se extrajo a partir de muestras de sangre siguiendo el protocolo de ABI PRISM™ 6100 Nucleic Acid PrepStation (Applied Biosystems). El genotipado del SNP G/A<sub>2464</sub> se realizó por PCR-RFLP. Se amplificó un fragmento de la PCR de 558 pb y se digirió con la endonucleasa de restricción Eco31I (Fermentas). Los animales genotipados como G/G<sub>2464</sub> se designaron como GG, los G/A<sub>2464</sub> como GA y los A/A<sub>2464</sub> como AA.

**Caracteres:** Se registró la tasa de ovulación (TO), estimada como el número de cuerpos hemorrágicos presentes en los ovarios; el número de embriones normales (EN); el número de embriones anormales (EA: embriones con fragmentación citoplasmática o células desestructuradas) y el número de ovocitos (OO). Los EN se catalogaron como inicios de mórulas (IM), mórulas compactas (MC) o blastocistos (B). Se calculó la tasa de fecundación (TF) como  $(100 \cdot (EN+EA)/(EN+EA+OO))$ , así como el porcentaje de embriones en cada uno de los estados de desarrollo. La supervivencia embrionaria (SE) se estimó con los valores de EN corregidos por la covariable TO.

**Análisis estadísticos:** El análisis se realizó utilizando métodos bayesianos. Los datos de las variables SE, IM, MC y B a 48 y 72 horas de sacrificio se analizaron de forma separada. Para estas variables, los efectos sistemáticos considerados en el modelo fueron el efecto año-estación (3 niveles), el número de folículos hemorrágicos (3 niveles), los días transcurridos entre el último destete y el sacrificio (2 niveles), el operario (3 niveles) y el genotipo para el gen del *PGR* (3 niveles). Los datos de las variables TO y TF de 48 y 72 horas de sacrificio se analizaron conjuntamente y se consideraron los efectos anteriores y el efecto del momento de sacrificio (2 niveles). Para los caracteres de supervivencia y desarrollo embrionario a 72 h, se incluyó el efecto de presencia o ausencia de embriones en el útero (2 niveles) en el modelo. Para todos los efectos sistemáticos se utilizó un prior plano

acotado, y se asumió que las variables eran normales. Las distribuciones marginales posteriores de los parámetros desconocidos se estimaron usando muestreo de Gibbs. Se utilizó una cadena de 100,000 iteraciones con un periodo de quemado de 20,000 iteraciones y se guardó una muestra de cada 10 iteraciones. La convergencia de las cadenas se comprobó utilizando el criterio Z de Geweke.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La media bruta para la TO, TF y ER es similar a la obtenidas en las líneas parentales (Tabla 1), al igual que el grado de desarrollo de los embriones a las 72 h (Peiró *et al.*, 2007). El estado de desarrollo de los embriones a las 48 h es más avanzado que el observado en las líneas parentales (Peiró *et al.*, 2007).

En el presente trabajo sólo se presentan los resultados de los animales homocigotos. Así, del total de 172 hembras sacrificadas a las 48 h de gestación, 63 presentaban el genotipo GG, 55 el genotipo GA y 54 el genotipo AA. De las 159 hembras sacrificadas a las 72 h, 33 presentaban el genotipo GG, 96 el genotipo GA y 30 el genotipo AA.

En la Tabla 2 se muestran los parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre los genotipos homocigotos y los valores propuestos que se han considerado como relevantes. Las distribuciones son simétricas. En todas las variables el test de Geweke no detecta falta de convergencia y el error de Monte Carlo es pequeño. La probabilidad de que la TO para el genotipo GG (más frecuente en la línea H) sea superior a la del genotipo AA es del 87% pero la probabilidad de que esa diferencia sea relevante es pequeña ( $Pr=6\%$ ). Los genotipos GG y AA tampoco presentan diferencias relevantes para la TF ni para la SE a las 48 horas. Estos resultados están en concordancia con los resultados previos obtenidos en las líneas parentales (Mocé *et al.*, 2004; Peiró *et al.*, 2007). A las 72 h existe una diferencia para SE de 0.36 embriones recuperados a favor del genotipo GG, esta diferencia corresponde a un 40% de las diferencias encontradas entre las líneas parentales. La probabilidad de que el genotipo GG presente una supervivencia embrionaria mayor que el AA es del 80% y de que esta diferencia sea relevante es del 60%. El valor de relevancia propuesto, 0.25 embriones, representa un 25% de las diferencias entre las líneas H y L. Al evaluar el desarrollo embrionario a las 48 horas, las diferencias entre ambos genotipos no son relevantes ( $D = -0.40\%$ ). A las 72 horas de gestación, el genotipo GG sí presenta un mayor desarrollo embrionario que el genotipo AA. La probabilidad de que el genotipo GG presente un mayor porcentaje de B que AA es del 91%. Para el genotipo GG se observa un menor porcentaje de los estados embrionarios menos desarrollados ( $D = -2.15$  y  $-7.09$  para IM y MC, respectivamente) y un mayor porcentaje del estado embrionario más desarrollado ( $D=9.24$  para B). El valor de relevancia propuesto es del 4% que corresponde a la cuarta parte de las diferencias en el desarrollo embrionario entre las líneas H y L. La probabilidad de que la diferencia entre GG y AA sea relevante es del 76%. La mayor supervivencia y mayor desarrollo embrionario a las 72 horas de gestación podrían explicar las diferencias encontradas entre los genotipos a la implantación (0.62 embriones) y al nacimiento (0.76 gazapos) en esta población F2.

## CONCLUSIONES

El SNP 2464 encontrado en el promotor del gen *PGR* explica parte de las diferencias encontradas en supervivencia y desarrollo embrionario en las primeras etapas de la gestación entre las líneas H y L (Peiró *et al.*, 2007). El genotipo GG presenta una mayor supervivencia y desarrollo embrionario a las 72 h, de acuerdo con los resultados obtenidos para el tamaño de camada y número de embriones implantados en esta población F2 (Peiró *et al.*, 2006).

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado con los proyectos CICYT AGL2001-3068-C03 y AGL2005-07624-C03.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Argente, M.J., Blasco, A., Ortega, J.A., Haley, C.S., Visscher, P.M. 2003. *Genetics* 163:1061-1068.
- Blasco, A., Ortega, J.A., Climent, A., Santacreu, M.A. 2005. *J. Anim. Sci.* 83:2297-2302.
- Graham, J.D., Clarke, C.L. 1997. *Endocr. Rev.* 18:502-519.
- Merchán, M., Peiró, R., Estellé, J., Sastre, Y., Santacreu, M.A., Folch, J.M. 2005. *Reprod. Domest. Anim.* 40 (4) : 409 (Abstract)
- Mocé, M.L., Santacreu, M.A., Climent, A., Blasco, A. 2004. *J. Anim. Sci.* 82:68-73.
- Peiró, R., Merchán, M., Santacreu, M.A., Argente, M.J., Garcia, M.L., Agea, I., Folch J.M., Blasco, A. 2006. 8th WCGALP. Belo Horizonte (Brasil).
- Peiró, R., Santacreu, M. A., Climent, A., Blasco, A. 2007. *J. Anim. Sci.* In press.
- Santacreu, M.A., Mocé, M.L., Climent, A., Blasco, A. 2005. *J. Anim. Sci.* 83:2303-2307.

Tabla 1. Media bruta (M) y desviación estándar (d.e.) para la tasa de ovulación (TO), tasa de fecundación (TF), embriones recuperados (ER) y porcentaje de inicios de mórula (IM), mórulas compactas (MC) y blastocistos (B) a las 48 horas y a las 72 horas de gestación de la población F2.

			48 horas			72 horas			
	TO	TF%	ER	IM (%)	MC (%)	ER	IM (%)	MC (%)	B (%)
M	12.93	97.87	11.88	13.34	86.66	11.83	12.19	72.90	14.91
d.e.	2.53	5.61	2.35	27.57	27.57	2.66	26.49	32.23	25.67

Tabla 2. Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre el genotipo GG y AA del gen *PGR* para la tasa de ovulación (TO), la tasa de fecundación (TF), la supervivencia embrionaria (SE), y el porcentaje de inicio de mórulas (IM) y mórulas compactas (MC) a las 48 y 72 h de gestación.

	D	HPD <sub>95%</sub>	P(D>0) (%)	b	Pr (%)	P(D>b) (%)	MCse	Z
<b>TO</b>	0.42	-0.30 , 1.15	87	1	6	6	0.0036	-0.37
<b>TF (%)</b>	-0.38	-4.07 , 5.52	52	7	0	0	0.0161	-0.11
<b>48 horas gestación</b>								
<b>SE</b>	0.14	-0.55 , 0.82	65	0.25	32	25	0.0029	0.87
<b>IM (%)</b>	-0.40	-15.38 , 13.80	52	4	58	32	0.0638	-1.32
<b>72 horas gestación</b>								
<b>SE</b>	0.36	-0.53 , 1.18	80	0.25	67	60	0.0043	1.27
<b>IM (%)</b>	-2.15	-17.34 , 11.61	39	4	62	21	0.0831	-0.99
<b>MC (%)</b>	-7.09	-25.14 , 9.26	21	4	74	11	0.0988	-1.00
<b>B (%)</b>	9.24	-3.63 , 22.62	91	4	81	76	0.0897	0.46

D: media posterior de la diferencia entre los genotipos GG y AA; HPD<sub>95%</sub>: región de alta densidad posterior al 95%; P(D>0): probabilidad de que la diferencia sea mayor que cero; b: diferencia relevante; Pr: probabilidad de la relevancia (probabilidad de que D sea mayor que b en valor absoluto); P(D>b): probabilidad que D sea relevante a favor del genotipo GG; MCse: error estándar de Monte Carlo; Z: valor Z del test de Geweke.



## ESTIMACIÓN DE LA HEREDABILIDAD DE LA ASIMETRÍA FLUCTUANTE EN AVES DE PUESTA. EFECTOS DE LA EDAD Y EL SEXO

Campo, J.L., Dávila, S.G., Gil, M.G., Muñoz I.

Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación Agraria y Alimentaria, Apartado 8111, 28080 Madrid

### INTRODUCCIÓN

La asimetría fluctuante es el índice más recomendado de estabilidad durante el desarrollo (Palmer y Strobeck, 1992) y se considera un indicador del estrés genético o ambiental (Parsons *et al.*, 1992), utilizándose como medida del bienestar y de la aptitud biológica de un animal (Moller *et al.*, 1999; Tuytens *et al.*, 2003). Aunque la asimetría fluctuante tiene un componente heredable, éste suele ser pequeño y la heredabilidad encontrada en la literatura (estimada por parentesco entre hermanos o progenitor-descendencia) generalmente varía entre 0,0 y 0,1 en distintas especies de vertebrados: salmón (Bryden y Heath, 2000), golondrina (Cadee *et al.*, 2000), ratón (Leamy *et al.*, 1999), ciervo (Kruuk *et al.*, 2003) y hombre (Corruccini y Potter, 1981). Las estimas de heredabilidad para la asimetría fluctuante pueden infraestimar la heredabilidad para la estabilidad durante el desarrollo (Whitlock *et al.*, 1996), porque la heredabilidad de la asimetría es su repetibilidad multiplicada por la heredabilidad de la estabilidad durante el desarrollo. Los objetivos de este estudio fueron estimar la heredabilidad de la asimetría fluctuante por REML en aves de puesta, y evaluar los efectos de la edad y el sexo.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizó una raza sintética de gallinas (Castellana Codorniz), originada a partir del cruce  $F_2$  entre la Castellana Negra y la Prat Leonada (Campo *et al.*, 1991). En el Experimento 1 se usaron 1.073 aves (358 machos y 715 hembras), pertenecientes a dos generaciones consecutivas (236 y 837 aves, respectivamente) con genealogía completa, para estimar la heredabilidad de la asimetría fluctuante a las 36 semanas de edad. Para estudiar el efecto de la edad, se usaron 180 hembras en el Experimento 2 divididas en nueve grupos iguales de 20 aves, que fueron analizadas para la asimetría fluctuante a las 8, 12, 16, 20, 24, 28, 32, 36 y 40 semanas. Un total de 180 machos fue analizado similarmente.

Se midieron cinco caracteres bilaterales, tres morfológicos (longitud de pata, ala y segunda pluma primaria) y dos sexuales secundarios (área de orejilla y barbilla). Los valores del lado derecho (D) e izquierdo (I) se tomaron en la misma sesión. La asimetría fluctuante se definió por el valor absoluto de la diferencia entre lados  $[|D-I|]$  y la asimetría relativa dividiendo el valor absoluto por la media del carácter  $[2|D-I|/(D+I)]$ . Se siguió el protocolo experimental indicado por Palmer (1994: *Developmental Instability: Its Origins and Evolutionary Implications*) para identificar la asimetría como fluctuante. La asimetría relativa no tenía distribución normal y se hizo la transformación arc-sen raíz cuadrada.

En el Experimento 1, se utilizó un modelo mixto de Henderson, con el sexo y la generación como efectos fijos, y el método indirecto de Miształ y Gianola (1987). El algoritmo libre de derivadas de Graser *et al.* (1987) se utilizó para estimar los componentes de la varianza por REML. En el Experimento 2, se utilizó un ANOVA factorial edad-sexo y la prueba múltiple de Student-Newman-Keuls; cuando la interacción era significativa se estudiaba el efecto de la edad en cada sexo.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se resumen las heredabilidades para la asimetría absoluta, la relativa, la relativa transformada y para cada carácter (Experimento 1). La asimetría relativa de los caracteres sexuales secundarios (alrededor del 10% del valor del carácter) era mucho mayor que la de los caracteres morfológicos (menos del 2% del valor del carácter). La heredabilidad era cero, o muy baja y no significativa, para la asimetría absoluta y relativa de los cinco caracteres. La heredabilidad de la asimetría relativa media fue  $0,01 \pm 0,03$ . La heredabilidad de D-I (una medida de asimetría direccional) era parecida a la de  $|D-I|$ . Adicionalmente, se calculó la heredabilidad de dos valores transformados de la asimetría

absoluta,  $|D-I|^{0.5}$ ,  $\log|D-I|$ , y la de tres índices alternativos de asimetría fluctuante,  $(D^2+I^2)-0,5(D+I)^2$ ,  $|\ln D-\ln I|$ ,  $\log D-\log I$ . La heredabilidad era similar en todos los casos a las anteriores.

La heredabilidad de cada carácter era generalmente mayor que la de la asimetría. La longitud de pata era altamente heredable, mientras que la heredabilidad de la longitud de ala era intermedia, y la de la longitud de pluma no difería de cero significativamente; tanto el área de orejilla como de barbilla eran poco heredables pero su heredabilidad era significativa. Las heredabilidades de cada lado eran muy similares para los cinco caracteres, y las correlaciones entre lados no diferían de 1 significativamente, siendo las fenotípicas (entre 0,78 y 1,00) menores que las genéticas (entre 0,97 y 1,00).

Tabla 1. Heredabilidades para la asimetría bilateral y para cada carácter a las 36 semanas de edad.

Carácter	$ D-I $	$2 D-I /(D+I)$	$\text{arc sen } [2 D-I /(D+I)]^{0.5}$	$(D+I)/2$	D-I
Longitud pata (mm) 0,03	0,01 ± 0,03	0,02 ± 0,03	0,02 ± 0,03	0,56 ± 0,07	0,01 ± 0,03
Longitud ala (mm) 0,03	0,01 ± 0,03	0,09 ± 0,05	0,06 ± 0,04	0,39 ± 0,05	0,05 ± 0,03
Longitud pluma (mm) 0,05	0,00 ± 0,02	0,00 ± 0,04	0,00 ± 0,00	0,02 ± 0,02	0,00 ± 0,05
Área orejilla (cm <sup>2</sup> ) 0,02	0,01 ± 0,02	0,00 ± 0,07	0,01 ± 0,03	0,17 ± 0,04	0,02 ± 0,02
Área barbilla (cm <sup>2</sup> ) 0,00	0,03 ± 0,03	0,02 ± 0,03	0,00 ± 0,02	0,15 ± 0,03	0,00 ± 0,03

La heredabilidad de la asimetría fluctuante no difería significativamente de cero en ningún caso, indicando que está determinada principalmente por factores ambientales. Para longitud de pata, ala y pluma, una baja heredabilidad concuerda con la elevada heterosis encontrada por Campo *et al.* (2000). Aunque la heredabilidad de la asimetría fluctuante ha sido el tema de considerable controversia, los valores más fiables encontrados en la literatura son muy bajos (Whitlock y Fowler, 1997), en concordancia con los encontrados en este estudio. El bajo nivel de heredabilidad observado en la asimetría fluctuante indica el bajo nivel de control genético sobre la estabilidad durante el desarrollo. La heredabilidad de este carácter es la de la asimetría fluctuante dividida por  $0,6366-0,3634/(CV_{|D-I|})^2$ . Para los cinco caracteres analizados era 0,02; 0,03; 0,00; 0,01 y 0,07, respectivamente, por lo que las estimas de heredabilidad encontradas para la asimetría fluctuante no infravaloraron las de la estabilidad durante el desarrollo. La heredabilidad estimada para la asimetría direccional concordaba muy bien con su valor esperado  $h^2(1-r_{12}^G)/(1-r_{12}^P)$  (Roff y Reale, 2004), que era 0,00; 0,05; 0,00; 0,01 y 0,00, respectivamente. La correlación genética entre lados, que es una medida de los efectos de pleiotropía o desequilibrio gamético, no difería de 1, corroborando que la diferencia entre lados era puramente ambiental en origen. La varianza debida a dominancia era generalmente muy baja tanto para las asimetrías como para los caracteres; los caracteres morfológicos muestran típicamente bajos porcentajes de esta varianza (Crnokrak y Roff, 1995) y por tanto deberían esperarse también bajos niveles para las asimetrías. Por tanto, la asimetría fluctuante era el resultado de efectos ambientales sin efectos genéticos aditivos o dominantes significativos.

En el Experimento 2, no había interacción significativa entre la edad y el sexo para la asimetría relativa de longitud de pata y área de orejilla (Tabla 2). El efecto de la edad fue significativo para longitud de pata, siendo el valor mínimo a las 24 semanas (0,72%) significativamente distinto al valor máximo a las 40 semanas (1,34%). El efecto del sexo era significativo para el área de orejilla, teniendo las hembras mayor asimetría relativa que los machos (13,39% y 8,61%, respectivamente). Había interacción para la asimetría relativa de longitud de ala, longitud de pluma y área de barbilla. Para longitud de ala, la variación asociada con la edad fue significativa en ambos sexos; en las hembras los valores a las 20 y 40 semanas (2,04% y 2,09%) eran mayores que el resto, mientras que en los machos el

valor máximo era a las 16 semanas (2,32%). La diferencia entre sexos era significativa a esta edad, teniendo los machos mayor asimetría relativa que las hembras (2,32% y 1,11%). Para longitud de pluma y área de orejilla la variación asociada con la edad era significativa sólo en las hembras, siendo significativamente mayor el valor a las 20 semanas para ambos caracteres (3,12% y 21,94%). La diferencia entre sexos era significativa a esta edad, teniendo las hembras (3,12% y 21,94%) mayor asimetría relativa que los machos (1,30% y 6,39%).

Aunque había variación significativa con la edad para longitud de pata, longitud de ala, longitud de pluma (hembras) y área de barbilla (hembras), las únicas diferencias significativas ocurrían cerca de la edad adulta o cerca de la madurez sexual. Podían distinguirse tres tipos de variación en la asimetría fluctuante, en concordancia con los señalados por Swaddle y Witter (1997). Primeramente, la asimetría para longitud de pata (longitud de ala en machos) decrecía (aumentaba) tempranamente y luego aumentaba (decrecía) la mayoría del tiempo, En segundo lugar, la asimetría para longitud de ala y longitud de pluma en hembras seguía una tendencia aleatoria casi todo el tiempo. Finalmente, la asimetría para área de barbilla en hembras disminuía tempranamente y permanecía constante todo el tiempo. Moller (1994) encontró un grado similar de asimetría fluctuante para longitud de pata y longitud de ala en ambos sexos de la golondrina.

Tabla 2. Cuadrados medios indicando el efecto de la edad para cada sexo sobre la asimetría fluctuante.

Fuentes	Longitud pata	Longitud ala	Longitud pluma	Área orejilla	Área barbilla
Edad (8)	0,0038**	0,0069***	0,1028**	0,0486	0,0702
Sexo (1)	0,0012	0,0001	0,0152	0,2518***	0,0846**
Interacción (8)	0,0012	0,0052**	0,0091**	0,0460	0,1042***
Residual (277)	0,0015	0,0021	0,0036	0,0244	0,0193
<b>Hembras</b>					
Edad (8)		0,0054**	0,0116***		0,1551***
Residual (171)		0,0018	0,0030		0,0194
<b>Machos</b>					
Edad (8)		0,0067**	0,0078		0,0157
Residual (171)		0,0024	0,0042		0,0176

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bryden y Heath. 2000. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 57, 2186.
- Cadée *et al.* 2000 *J. Evol. Biol.* 13, 359.
- Campo *et al.* 1991. *Poult. Sci.* 70, 1469.
- Campo *et al.* 2000. *Poult. Sci.* 79, 453.
- Corruccini y Potter. 1981. *Am. J. Phys. Anthropol.* 55, 21.
- Crnokrak y Roff. 1995. *Heredity* 75, 530.
- Graser *et al.* 1987. *J. Anim. Sci.* 64, 1362.
- Kruuk *et al.* 2003 *J. Evol. Biol.* 16, 101.
- Leamy *et al.* 1999. *J. Evol. Biol.* 12, 146.
- Misztal y Pianola. 1987. *J. Dairy Sci.* 70, 716.
- Moller. 1994. *Evolution* 48, 658.
- Moller *et al.* 1999. *Am. Nat.* 153, 556.
- Palmer y Strobeck. 1992. *Acta Zool. Fenn.* 191, 57.
- Parsons *et al.* 1992. *Heredity* 68, 361.
- Roff y Reale. 2004. *Evolution* 58, 47.
- Swaddle y Witter. 1997. *Proc. Roy. Soc. Lond. Biol. Soc.* 264, 329.
- Tuytens *et al.* 2003 *Anim. Welf.* 12:535.
- Whitlock *et al.* 1996. *Proc. R. Soc. Lond. Biol. Sci.* 263, 849.
- Whitlock y Fowler. 1997 *J. Evol. Biol.* 10, 63.

## AGRESIVIDAD Y PICAJE EN AVES DE PUESTA DE DIFERENTES RAZAS. RELACIÓN CON LA DURACIÓN DE LA INMOVILIDAD MUSCULAR Y EL COCIENTE DE LEUCOCITOS

Dávila, S.G., Campo, J.L., Gil, M.G.

Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación Agraria y Alimentaria, Apartado 8111, 28080 Madrid

### INTRODUCCIÓN

La gallina es la única especie doméstica que fue inicialmente seleccionada para agresividad en lugar de para docilidad. La agresión es una de las clases de conflictos entre animales dentro de la especie que incluyen la amenaza, la pelea, el picaje de plumas y el canibalismo (Webster, 1994), y es usada para establecer el orden de dominancia en un grupo social. Algunos experimentos han indicado una base genética de la agresividad entre gallos (Marsteller *et al.*, 1980), y los machos reproductores de las líneas de carne muestran un comportamiento sexual aberrante con altos niveles de agresividad hacia las hembras (Millman *et al.*, 2000). La relación entre la agresividad y los indicadores de estrés ha sido poco estudiada; niveles altos de agresión han sido asociados al estrés en gallinas (Marsteller *et al.*, 1980: corticosterona; Jones, 1996: corticosterona y duración de inmovilidad muscular) y en cerdos (McGlone *et al.*, 1993: cortisol y número de leucocitos). El objetivo de este estudio fue analizar la relación entre la agresividad y el cociente entre heterófilos y linfocitos (uno de los mejores indicadores de estrés) o la duración de la inmovilidad muscular (una medida tradicional del miedo) en gallos de diferentes razas. Puesto que la asociación entre el picaje dirigido a las manos del cuidador, un comportamiento defensivo-exploratorio, y los niveles de miedo o estrés no ha sido estudiada previamente el estudio incluye dicho análisis.

### MATERIAL Y MÉTODOS

En el Experimento 1, se utilizaron siete razas españolas (Andaluza, Castellana Negra, Leonesa Parda, Menorca Negra, Prat Leonada, Villafranguina Roja y Española Cara Blanca) y una población de Leghorn Blanca, mantenidas en la granja experimental de El Encín (Madrid) dentro del programa de conservación iniciado en 1975 por el INIA. Dos variedades de la Andaluza (Franciscana y Perdiz) se incluyeron en el estudio. Un total de 81 gallos se muestrearon en nueve días (bloques) diferentes, incluyendo en cada bloque nueve gallos (uno por cada raza). La agresividad relativa, basada en la relación dominante-subordinado, se estimó observando cada gallo en cada bloque en ocho encuentros aleatorios por pares (36 encuentros por bloque) y calculando el porcentaje de encuentros ganados. En una situación típica, un gallo amenazaba o iniciaba el ataque y el otro retrocedía, huía o indicaba sumisión; el período de latencia para el inicio de los combates fue de cinco minutos, y una vez decididos no se continuaban. En el Experimento 2 se utilizaron cinco razas españolas (Castellana Negra, Leonesa Parda, Prat Leonada, Vasca Roja Barrada y Villafranguina Roja) y la Leghorn Blanca. Un total de 84 gallinas fueron usadas, igualmente divididas en dos grupos; el grupo 1 consistía de 42 gallinas que picaban las manos del experimentador (6, 3, 12, 9, 9 y 3 gallinas de cada raza), y el grupo 2 servía como control (con 6, 3, 12, 9, 9 y 3 gallinas de cada raza que no picaban). En ambos experimentos los animales tenían 36 semanas.

La sangre para el conteo de leucocitos se obtuvo de una pequeña punción en la cresta, siguiendo el método de Lucas y Jamroz (1961) para la tinción, y contando un total de 100 leucocitos incluidos los granulados (heterófilos, eosinófilos y basófilos) y los no granulados (linfocitos y monocitos). La inmovilidad muscular se indujo en una cuna de madera (Jones y Faure, 1981), con un máximo de tres intentos y 600 seg en cada intento. En el Experimento 1 se utilizó un diseño en bloques al azar:  $x_{ij} = \mu + R_i + b_j + e_{ij}$ . Las correlaciones entre agresividad, cociente de leucocitos y duración de la inmovilidad muscular se calcularon con las varianzas-covarianzas residuales. Se usaron las transformaciones  $\text{arc sen } \sqrt{\cdot}$ ,  $\sqrt{\cdot}$ , y  $\log$  para estas variables. En el Experimento 2 se utilizó un diseño factorial:  $x_{ijk} = \mu + T_i + R_j + TR_{ij} + e_{ijk}$

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se resumen los valores de los coeficientes de correlación entre los caracteres. La correlación entre agresividad relativa e inmovilidad muscular era significativa al 6%, siendo el intervalo de confianza 0,00-0,41. La correlación entre agresividad y cociente de leucocitos no fue significativa, en concordancia con lo indicado por Marsteller y col. (1980) que no encontraron asociación entre agresividad y estrés (nivel de corticosterona). La correlación encontrada entre los indicadores de miedo y estrés tampoco fue significativa.

Tabla 1. Coeficientes de correlación entre agresividad relativa, cociente de leucocitos, y duración de la inmovilidad muscular

	Agresividad relativa	Cociente leucocitos	Número heterófilos	Número linfocitos
Cociente leucocitos	0,02			
Número heterófilos	0,01	0,99***		
Número linfocitos	-0,04	-0,93***	-0,87***	
Inmovilidad muscular	0,21 <sup>o</sup>	0,15	0,17	-0,13

Tabla 2. Agresividad relativa (%), cociente de leucocitos y duración de la inmovilidad muscular (seg) en gallos de diferentes razas

Raza	Agresividad relativa	Inmovilidad muscular	Cociente leucocitos
Cara Blanca	52,50 <sup>a</sup>	536 <sup>a</sup>	0,53 <sup>a</sup>
Menorca	48,75 <sup>a</sup>	458 <sup>ab</sup>	0,52 <sup>a</sup>
Villafranguina	27,80 <sup>abc</sup>	425 <sup>ab</sup>	0,36 <sup>a</sup>
Leonesa	24,58 <sup>abc</sup>	248 <sup>b</sup>	0,36 <sup>a</sup>
Andaluza Perdiz	22,28 <sup>abc</sup>	362 <sup>ab</sup>	0,56 <sup>a</sup>
Andaluza Franciscana	18,69 <sup>abc</sup>	563 <sup>a</sup>	0,36 <sup>a</sup>
Castellana	10,20 <sup>bc</sup>	263 <sup>ab</sup>	0,42 <sup>a</sup>
Leghorn	6,25 <sup>c</sup>	470 <sup>ab</sup>	0,55 <sup>a</sup>
Prat	0,00 <sup>c</sup>	307 <sup>ab</sup>	0,40 <sup>a</sup>

Había diferencias significativas entre razas para agresividad relativa (Tabla 2), mientras que el efecto bloque no era significativo. Los gallos de la Española Cara Blanca y la Menorca Negra eran los más agresivos, aproximadamente con el 50% de los encuentros ganados, mientras que los de la Castellana Negra, Leghorn Blanca y Prat Leonada eran los menos agresivos (los de la Prat perdieron todos los encuentros). Este resultado sugiere que la selección para tamaño de orejilla, desde la Castellana a la Menorca y de ésta a la Cara Blanca, podría haber producido indirectamente un incremento en los niveles de agresividad, mientras que la selección para puesta (Leghorn, Castellana y Prat) podría haber reducido dichos niveles. Jones y Prescott (2000) también encontraron menor agresividad en gallos de estirpes de

puesta. La diferencia entre razas no parece ser debida al tamaño de la cresta y barbillas (uno de los mejores indicadores del nivel de hormona masculina), puesto que la Cara Blanca y la Menorca tienen estos apéndices de tamaño medio, mientras que Castellana y Leghorn los tienen de tamaño máximo (Campo *et al.*, 1999). Estas diferencias significativas entre razas confirman la base genética de la agresividad entre gallos, y concuerdan con lo obtenido por Marsteller *et al.* (1980) en estirpes de la misma raza. Los gallos de la Cara Blanca y la Andaluza Franciscana tenían la máxima duración de la inmovilidad muscular y los de la Leonesa tenían la mínima. No había diferencias significativas para el cociente de leucocitos.

Tabla 3. Cociente de leucocitos, número de heterófilos y de leucocitos, duración de la inmovilidad muscular (seg) y número de inducciones en gallinas que picaban o no las manos del experimentador

Picaje manos	Cociente leucocitos	Número heterófilos	Número linfocitos	Inmovilidad muscular	Número inducciones
Sí	0,36 <sup>a</sup>	21,54 <sup>a</sup>	61,47 <sup>a</sup>	217 <sup>b</sup>	1,33 <sup>a</sup>
No	0,41 <sup>a</sup>	24,50 <sup>a</sup>	62,54 <sup>a</sup>	312 <sup>a</sup>	1,09 <sup>b</sup>

Las gallinas que picaban las manos tenían una duración de la inmovilidad muscular significativamente más corta que las gallinas control (Tabla 3), sugiriendo que las gallinas con menos miedo picaban más. Éste resultado concuerda con lo indicado por Jones (1996), quien sugirió que los animales con menor duración de la inmovilidad muscular adoptan una actitud más agresiva cuando se les molesta. La agresividad en los gallos y el picaje a las manos en las gallinas analizados en los Experimentos 1 y 2 respectivamente, reflejan diferentes comportamientos; las dos razas con machos más agresivos nunca picaban las manos del experimentador, mientras que lo contrario ocurría para las tres razas con gallos menos agresivos. Millman *et al.* (2000) encontraron que los gallos que mostraban mayores niveles de agresividad hacia las hembras mostraban también mayores niveles de agresividad hacia los cuidadores. Las gallinas que picaban las manos requerían un número mayor de inducciones, en concordancia con el hecho de que la facilidad de inducción es también un indicador del miedo; aproximadamente 9% de las gallinas requerían dos inducciones y 12% requerían tres inducciones, mientras que en el control, 9% de las gallinas requerían dos inducciones. No hubo diferencias significativas para el cociente de leucocitos ni sus componentes, en concordancia con lo encontrado en los gallos del Experimento 1, sugiriendo que ambos tipos de agresión no son indicadores de estrés.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Campo J.L., M.G. Gil, M. Alonso y I. Muñoz, 1999. *Eur. Poult. Sci.* 63, 1-5.
- Jones R.B., 1996. *World's Poult. Sci. J.* 52, 131-174.
- Jones R.B. y J.M. Faure, 1981. *Behav. Proc.* 6, 47-55.
- Jones R.B. y N.B. Prescott, 2000. *World's Poult. Sci. J.* 56, 127-138.
- Lucas A.M. y C. Jamroz, 1961. *Atlas of Avian Hematology*, USDA.
- Marsteller F.A., P.B. Siegel y W.B. Gross, 1980. *Behav. Proc.* 5, 339-354.
- McGlone J., J. Salak, E. Lumpkin, M. Gibson y R. Norman, 1993. *J. Anim. Sci.* 71, 888-896.
- Millman S.T., I.J.H. Duncan y T.M. Widowski, 2000. *Poult. Sci.* 79, 1233-1241.
- Webster J., 1994. *Animal Welfare*. Blackwell.

## EFFECTO DE LA CONSANGUINIDAD SOBRE LA FERTILIDAD Y LA FACILIDAD DE PARTO EN EL VACUNO DE LECHE. RESULTADOS PRELIMINARES.

O. González-Recio<sup>1\*</sup>, E. López de Maturana<sup>2</sup> y J. P. Gutiérrez<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Producción Animal. ETSI Agrónomos. Universidad Politécnica de Madrid. Ciudad Universitaria s/n. 28040 Madrid.

<sup>2</sup>Departamento de Sanidad y Producción Animal. NEIKER-TECNALIA. Granja Modelo de Arkaute. Apdo 46, 01080 Vitoria-Gasteiz.

<sup>3</sup>Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad Complutense de Madrid. Avda. Puerta de Hierro s/n 28040.  
Correo electrónico: oscar.grecio@upm.es

### INTRODUCCIÓN

Históricamente, el incremento de la rentabilidad de las explotaciones lecheras se ha conseguido mediante el aumento de los ingresos, principalmente debido a un aumento de la producción de leche. En las últimas décadas, como consecuencia de los precios de la leche y del sistema de cuotas, se ha comenzado a dar más importancia a la reducción de costes para incrementar los beneficios económicos, prestando mayor atención a los caracteres funcionales (fertilidad, facilidad de parto, resistencia a enfermedades, etc). Es sobradamente conocido el deterioro de algunos de estos caracteres (e. g. fertilidad, resistencia a enfermedades) debido al incremento de la producción (Dechow *et al.*, 2001; Veerkamp *et al.*, 2001), aunque también se empieza a culpar al incremento de la consanguinidad que han experimentado las poblaciones Holstein en la gran mayoría de los países (Sewalem *et al.*, 2006, AIPL, 2006, Croquet *et al.*, 2006). La consanguinidad ha sido ampliamente estudiada y definida (Falconer y Mackay, 1996), aunque la medida de su efecto sobre caracteres funcionales ha resultado siempre muy complicada debido a su incremento no lineal por generación, lo que dificulta el ajuste de este parámetro en función de la cantidad de información genealógica conocida. Hasta la fecha, son escasos los trabajos en la bibliografía científica que han estudiado el efecto de la consanguinidad sobre caracteres funcionales como la fertilidad o la facilidad de parto.

El objetivo de este trabajo fue realizar una primera aproximación para determinar qué efecto ejerce el aumento de la consanguinidad sobre la fertilidad y la facilidad de parto. Para ello, se sugiere una forma alternativa de ajuste del coeficiente de consanguinidad que permita buscar una relación lineal de la misma con dichos caracteres.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Para la realización de este estudio se utilizaron datos de lactaciones generados por vacas procedentes del País Vasco, Navarra y Gerona, con sus respectivos registros de inseminaciones y facilidad de parto. La consanguinidad ( $F$ ) de cada animal se calculó utilizando el algoritmo de Meuwissen y Luo (1992) evaluando una genealogía con un total de 564.317 animales. Para tener en cuenta la cantidad de información genealógica disponible, se calculó el número de generaciones equivalentes  $t$  (Gutiérrez y Goyache, 2005) como la suma sobre todos los antepasados conocidos del término  $(1/2)^n$ , siendo  $n$  el número de generaciones que separa a cada individuo del antepasado considerado (Maignel *et al.*, 1996). Teniendo en cuenta la expresión que permite obtener la consanguinidad en una determinada generación  $t$  (Falconer y Mackay, 1996)  $F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t$ , se obtuvo  $\Delta F$  como  $\Delta F = 1 - \sqrt[t]{1 - F_t}$ . Se exigió que los datos procediesen de vacas con al menos 4 generaciones equivalentes conocidas, resultando un total de 51.738 vacas de vacas con registros de inseminaciones y 21.904 vacas con registros de facilidad de parto. La consanguinidad (expresada como  $F$  e  $\Delta F$ ) se incluyó en los modelos para número de inseminaciones y facilidad de parto usados en las valoraciones genéticas en el entorno del País Vasco, Navarra y Gerona. Para el número de inseminaciones se utilizó un modelo animal umbral secuencial con los siguientes efectos: días a la inseminación (5 niveles),

nivel productivo (5 niveles), grupo lactación-edad al parto (16 niveles), región-año-época de parto (69 niveles), rebaño-año de inseminación (4280 niveles), técnico inseminador (138 niveles), toro inseminador (900 niveles), efecto permanente de la vaca (49.497 niveles) y el efecto aditivo genético (109.469 niveles) (ver González-Recio y Alenda (2006) para más detalles). En el caso de facilidad de parto, el modelo utilizado fue un modelo umbral macho-abuelo materno con los siguientes efectos: interacción rebaño-año-técnico que codifica el parto (2318 niveles), interacción número de parto-sexo del ternero (4 niveles), mes de parto (12 niveles), raza del toro inseminador (2 niveles, holstein vs. no holstein) y los efectos genético aditivos del padre (801 niveles) y del abuelo materno (1120 niveles) del ternero que origina el dato de facilidad de parto (ver López de Maturana *et al.* (2003), para más detalles). Para ambos caracteres se realizaron dos análisis, uno incluyendo la consanguinidad ( $F$ ) definida en 5 niveles (<3,125%, 3,125-6,25%, 6,25-12,5%, 12,5-25%, >25%), y otro incluyendo  $\Delta F$  como covariable lineal.

Las estimas posteriores obtenidas para cada nivel de  $F$  e  $\Delta F$ , obtenidas en la escala subyacente, se transformaron a escala visible utilizando la metodología explicada por Dempster y Lerner (1950). Para ello, se consideraron como niveles de referencia el primer nivel de  $F$  ( $F < 3,125\%$ ) e  $\Delta F = 0$ , y se hicieron coincidir las soluciones para dichos niveles con el valor en la distribución subyacente correspondiente a la media fenotípica de cada carácter (37% en el caso de tasa de preñez y 3,67 % en el caso de incidencia de partos distócicos). Las soluciones para el resto de niveles se expresaron como diferencias en la escala visible con respecto a los niveles de referencia. Es necesario considerar para la interpretación de los resultados que el porcentaje de preñez es la inversa del número de inseminaciones.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las diferencias entre los diferentes niveles de  $F$  para la fertilidad y la facilidad de parto se muestran en la tabla 1. Esta tabla muestra las medias posteriores de las diferencias en escala visible entre los diferentes niveles de  $F$ , con respecto al nivel de referencia ( $F < 3,125\%$ ), con sus respectivos intervalos de máxima probabilidad (al 95%). Un incremento de la consanguinidad afectó de forma significativa a la tasa de preñez, llegando a disminuir en un 2 % de media la tasa de preñez de las vacas con una  $F$  entre 6,25 y 12,5, y hasta en 7% de media para las vacas con  $F > 25\%$  (Tabla 1). Este notable efecto de la consanguinidad sobre la fertilidad no se observó sobre la facilidad de parto, obteniendo diferencias no significativas entre el porcentaje de partos distócicos correspondiente al primer nivel ( $F < 3,125\%$ ) y los correspondientes al resto de niveles. Aunque las diferencias entre el grupo de máxima consanguinidad ( $F > 25\%$ ) y el grupo de referencia ( $F < 3,125\%$ ) presentaron un intervalo de máxima probabilidad con un límite superior que indica un aumento del 4% de partos distócicos en los animales más consanguíneos. El hecho de que no se observen diferencias significativas podría ser debido a la baja incidencia de partos distócicos en la población de estudio (3,67 %). Además, el hecho de ser un carácter con un componente genético muy dependiente de las dimensiones pélvicas de la madre y del tamaño del ternero y de la vaca podría también explicar dichos resultados.

La media posterior para el coeficiente de  $\Delta F$  fue de 4,558 para el número de inseminaciones, y no fue diferente de cero para la facilidad de parto. La figura 1 muestra como  $\Delta F$  tiene, al igual que  $F$ , un efecto ligeramente negativo sobre la fertilidad, disminuyendo la tasa de preñez a medida que aumenta  $\Delta F$ . Cuando  $\Delta F$  fue de 0,01 unidades, la probabilidad de concepción se redujo en casi un 2,5%.

Este estudio muestra los resultados preliminares del efecto negativo que tiene la consanguinidad sobre la fertilidad, aunque no se vio un efecto claro sobre la facilidad de parto, por lo que sería interesante profundizar en la investigación sobre la relación entre la consanguinidad y dichos caracteres funcionales.



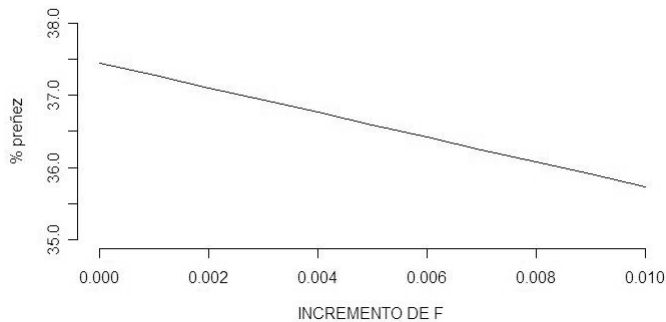
Tabla 1: Deterioro de la fertilidad al incrementar la consanguinidad. Consanguinidad dividida en grupos<sup>1</sup> y comparada respecto a una consanguinidad de referencia<sup>2</sup>. Entre paréntesis se da el intervalo más probable (95%) de la distribución.

Carácter	F1 vs F2	F1 vs F3	F1 vs F4	F1 vs F5
% preñez	-1,03 (-1,72; -0,34)	-1,68 (-2,91; -0,42)	-2,00 (-6,16; 2,32)	-6,37 (-12,78; 0,50)
% partos distócicos	0,04 (-0,20; 0,28)	0,10 (-0,33; 0,56)	-0,63 (-1,67; 0,68)	-0,22 (-2,63; 4,15)

<sup>1</sup>F1= (F<3,125%); F2= (3,125%<F<6,25%); F3=(6,25%<F<12,5%); F4= (12,5%<F<25%); F5=(25%<F).

<sup>2</sup>El grupo F1 se tomo como grupo de referencia, expresando el descenso en la tasa de preñez en porcentaje con respecto a este grupo.

Figura 1: Deterioro de la fertilidad con respecto al incremento de la consanguinidad ( $\Delta F$ ).



### AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen la cesión de los datos a las asociaciones de ganaderos de vacuno frisón del País Vasco (EFRIFE), Navarra (AFNA) y Gerona (AFRIGI).

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AIPL (Animal Improvement Programs Laboratory). 2006. Disponible en [http://aipl.arsusda.gov/eval/summary/inbrd\\_tbl=HOt](http://aipl.arsusda.gov/eval/summary/inbrd_tbl=HOt) (Febrero de 2007).
- Croquet, C., Mayeres, P., Gillon, A., Vanderick, S., Gengler, N. 2006. J. Dairy Sci, 89, 2257-2267.
- Dechow, C. D., Rogers, G.W., Clay, J.S. 2001. J. Dairy Sci. 84: 266-275.
- Dempster, E.L., Lerner, I.M. 1950. Genetics 35 (2), 212-236.
- López de Maturana, E., Ugarte, E., Ugarte, C. 2003. X Jornadas sobre Producción Animal. ITEA Volumen extra, nº 24. Tomo II.: 564-566.
- Falconer DS, Mackay TFC, 1996. Introduction to Quantitative Genetics, Longman, Harlow.
- González-Recio, O., Alenda, R. 2006. ITEA, 2, 215-221.
- Gutiérrez, J.P., Goyache, F., 2005. Journal of Animal Breeding and Genetics, 122: 172-176.
- Maignel L, Boichard D, and Verrier E, 1996. Interbull Bull 14: 49-54.
- Meuwissen TI, Luo Z, 1992. Genet. Sel. Evol., 24, 305-313.
- Sewalem, A., Kistemaker, G.J., Miglior, F., Van Doormaal, B.J. 2006. J. Dairy Sci., 89, 2210-2216.
- Veerkamp, R. F., E. P. C. Koenen and G. De Jong. 2001. J. Dairy Sci. 84: 2327-2335.

## ESTUDIO DE LA PRIMERA LACTACIÓN DE OVEJAS LACAUNE Y ASSAF EN SISTEMA DE PRODUCCIÓN INTENSIVO

Huertas, G.G.<sup>1</sup>, Pérez-Cabal, M.A.<sup>1</sup>, Hernández F.<sup>2</sup>, Alenda R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>. Departamento de Producción Animal. Universidad Politécnica de Madrid. Ciudad Universitaria; 28040. Madrid. ggonzalezhuertas@alumnos.upm.es

<sup>2</sup>. Granja Cerrromonte S.L.; 05358. Ávila.

### INTRODUCCIÓN

En las últimas décadas el sector ovino lechero español se está transformando debido a la introducción de razas foráneas de alta producción que se explotan en sistemas intensivos. Trabajos anteriores explican la situación general de estas razas en España (Ugarte *et al.*, 2001) y más en concreto de la raza Assaf (Jiménez *et al.*, 2005; Gutiérrez, 2006). Es necesario estudiar los factores que inciden en la rentabilidad de estas explotaciones intensivas para considerarlos en los programas de selección. El objetivo de este trabajo es presentar los primeros resultados obtenidos en una granja intensiva de reciente creación de producción de leche y duración de la lactación del primer parto de ovejas Lacaune y Assaf.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha controlado la producción de leche de la primera lactación de corderas Lacaune (importadas de Francia a través de Genelex) y Assaf (compradas en España) que llegaron a la explotación Cerrromonte (Ávila) con 4-5 meses de edad. Desde entonces el manejo que recibieron los animales es idéntico, independientemente de la raza. Para caracterizar el comportamiento medio de las dos razas en 180 días de lactación y según su nivel de producción, se han utilizado los kilos de leche producidos al día registrados de forma individual y automática en la sala de ordeño (Tabla 1). Por otra parte, dentro de cada raza se han estudiado las ovejas con lactaciones o superiores a 240 días o inferiores a 180 días. Al tratarse de un menor número de animales se han utilizado controles semanales para mejorar la calidad de los datos (Tabla 2).

Tabla 1. Datos utilizados en el estudio del comportamiento medio de cada raza.

CONCEPTO	LACAUNE	ASSAF
Nº ovejas con lactación finalizada	751	125
Nº ovejas con lactación en curso > 180 días	65	44
Nº de controles mensuales de la producción diaria	4.592	978

Tabla 2. Datos utilizados en el estudio las lactaciones o superiores a 240 días o inferiores a 180 días.

CONCEPTO	LACAUNE	ASSAF
Nº ovejas con lactación >240 días	298	60
Nº de controles semanales (lactación >240 días)	8.885	1.912
Nº ovejas con lactación <180 días	57	14
Nº de controles semanales (lactación <180 días)	1.177	284

Las curvas de lactación se han obtenido a partir de las medias corregidas por el mes de control de la producción de leche diaria por oveja en función del estado de lactación (intervalos de 10 días) utilizando el procedimiento MIXED del paquete estadístico SAS (SAS, 2001). El cálculo de la producción total y estandarizada se ha realizado con el método Fleischman utilizando controles mensuales y la comparación de medias con el procedimiento GLM de SAS (SAS, 2001).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Figura 1 muestra la curva de lactación media obtenida en cada raza con los datos de la Tabla 1. La oveja media Lacaune presenta una curva típicamente lechera con un marcado pico y una caída lineal hasta el secado, comportamiento que podría ser reflejo de la selección realizada en Francia para un periodo de ordeño con una duración restringida. La curva de la oveja media Assaf presenta un pico de lactación menos acentuado pero una

mayor persistencia, que podía explicarse por la utilización de esta raza para lactaciones prolongadas en el tiempo.

Figura 1. Curva de lactación media de la raza Lacaune y Assaf.

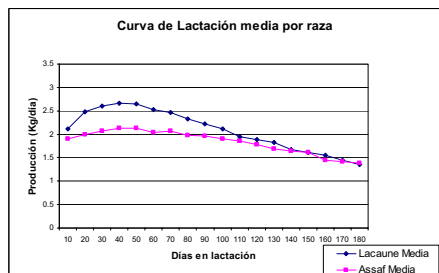
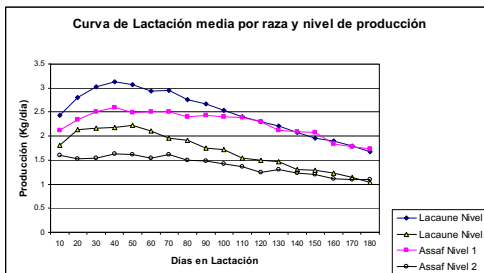


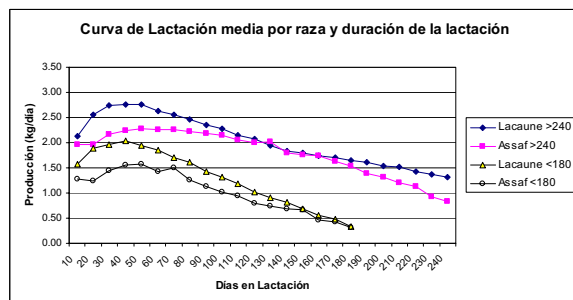
Figura 2. Curva de lactación por nivel de producción por raza (Nivel 1: superior a la media; Nivel 2: inferior a la media).



En la Figura 2 se representan las curvas de cada raza por nivel de producción respecto a la correspondiente media a 180 días (Lacaune = 388 kg y Assaf = 337 kg). Se manifestó una gran diferencia en capacidad productiva entre cada nivel de la misma raza, aún cuando todos los animales han recibido el mismo manejo. Estos resultados refuerzan la importancia de detectar tanto a los animales de alto potencial productivo como de bajo para programar los apareamientos, de forma que la granja pueda obtener una reposición propia mejorando el nivel genético de su rebaño sin necesidad de adquirir animales para vida en otra granja.

Las ovejas con lactación finalizada tuvieron una duración media de 238 días para las Lacaune y de 235 días para las Assaf con una producción media de 455 kg y 372 kg respectivamente. El 92% de las ovejas Lacaune y el 89% de las Assaf alcanzaron los 180 días de lactación, llegando a 240 días el 40% de las Lacaune y el 48% de las Assaf, por lo que se encuentran comportamientos muy diferentes dentro del mismo rebaño. Las curvas de las ovejas con lactación superior a 240 días y aquellas con lactación inferior a 180 días se muestran en la Figura 3. Se puede observar que son los animales más persistentes los que han permanecido en ordeño más allá de los 180 días, superando en este caso las Lacaune a las Assaf. Los animales con lactación inferior a 180 días tuvieron menor producción (inferior a 1 kg a los 100-120 días) y menor persistencia.

Figura 3. Curva de Lactación por duración de la lactación.



La versatilidad encontrada en cuanto al pico y la persistencia de la lactación entre y dentro de cada raza, podría utilizarse en los programas de mejora para seleccionar a los animales que mejor se adapten al interés del sistema intensivo español, aunque será necesario conocer las correlaciones entre pico, persistencia y producción tal y como se ha realizado en otras razas (Pollott y Gootwine, 2001), así como la respuesta a la selección.

La Tabla 3 recoge la producción estandarizada a diferentes días de los animales que han superado los 180 días de lactación. Las producciones de las ovejas Lacaune son superiores a las que indica el control lechero oficial de la raza en Francia de 230 litros en 144 días para ovejas de primer parto (ICAR, 2004), lo que puede explicarse por la ausencia del periodo de amamantamiento así como a un sistema de producción más intensivo que el francés. Los datos de la raza Assaf son superiores a los recogidos en otros trabajos como en el de Jiménez *et al.* (2005) con 260,9 litros en 150 días, pero en ellos se aglutinan datos de distintas explotaciones cuyos sistemas de producción pueden diferir mucho del de Cerrromonte. Las medias de la producción estandarizada presentan diferencias estadísticamente significativas debido al factor raza de 81 kg a 120 días; 87 kg a 150 días y 90 kg a 180 días, favorables a la Lacaune que se explican, como puede apreciarse en la Figura 1, por su mayor producción al principio de la lactación.

Tabla 3. Producción estandarizada (kg) a 120 días (P120), 150 días (P150) y 180 días (P180) de las ovejas con lactaciones finalizadas y en curso

	LACAUNE (n=759)	ASSAF (n=155)
P120	280,0 ± 74,0 *	231,2 ± 73,3
P150	338,0 ± 87,9 *	287,7 ± 87,4
P180	388,8 ± 99,7 *	337,6 ± 98,7

\*  $P < 0,0001$

Hay que tener presente que un programa de mejora ha de considerar no sólo los ingresos por venta de leche y carne sino también todos los factores que influyen en los costes de producción (fertilidad, sanidad, duración de la lactación, periodo seco...). Por ello será necesario estudiar el comportamiento de estas razas a lo largo de la vida productiva y definir una función de beneficio que las caracterice para calcular la importancia económica relativa entre todos los caracteres (Pérez *et al.*, 1999). Es previsible que dado que los sistemas de producción y razas son diferentes a los del ovino tradicional, se reflejará una situación distinta a la descrita por Legarra *et al.* (2005), posiblemente más cercana al sector vacuno lechero.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Gutiérrez, J.P. 2006. Situación de la raza Assaf en España. *Tierras*, 123, 18-26.
- ICAR. 2004. Tables with results of the biennial survey but not included in the report. Disponible en <http://www.icar.org>. Consultado el 15 de febrero de 2007.
- Jiménez, M.A., Serrano, M., Jurado, J.J. 2005. La raza Assaf española en la provincia de León. Situación actual de la raza. *ITEA*, 101 (2), 117-128.
- Legarra, A., Ramón, M., Ugarte, E., Pérez-Guzmán, M.D. 2005. Pesos económicos en ovino lechero en razas Latxa y Manchega. *ITEA*, Vol. Extra 26 (1), 132-134.
- Pérez, M.A., Chafeddine, N., Alenda, R. 1999. Índices de selección obtenidos a partir de estudios económicos en vacuno de leche. *BOVIS*, 90, 13-37.
- Pollott, G.E., Gootwine, E. 2001. A genetic analysis of complete lactation milk production in improved Awassi sheep. *Livest. Prod. Sci.*, 71, 37-47.
- SAS. 2001. Institute User's Guide. Release 8.2. SAS Inst., Inc., Cary, NC.
- Ugarte, E., Ruiz, R., Gabiña, D., Beltrán de Heredia, I. 2001. Impact of high-yielding foreign breeds on the spanish dairy sheep industry. *Livest. Prod. Sci.*, 71, 3-10.

## PESOS ECONÓMICOS PARA LOS CARACTERES DE COMPOSICIÓN LECHERA EN LA RAZA OVINA MANCHEGA

Ramón, M., Pérez-Guzmán, M.D.  
CERSYRA. Avda. del Vino 10. Valdepeñas. Ciudad Real.  
mramon@jccm.es. mdperez@jccm.es

### INTRODUCCIÓN

La cantidad de leche es el carácter de mayor importancia económica en el esquema de selección de la raza Manchega (Ramón, 2007). La práctica totalidad de esta leche se destina a la elaboración de queso, y en el rendimiento quesero intervienen de manera fundamental los contenidos graso y proteico. El objetivo de este trabajo es valorar la importancia económica de los caracteres kilogramos y porcentajes de grasa y proteína de la leche en la raza Manchega mediante el cálculo de sus pesos económicos.

### MATERIAL Y MÉTODOS

#### Datos

Para este trabajo se han utilizado los datos obtenidos de un estudio económico en 12 ganaderías de raza Manchega (Legarra *et al.*, 2006), así como los datos de producción de los animales correspondientes al Control Lechero Oficial (CLO) para los años 2002 y 2003.

Los valores de referencia utilizados para los contenidos graso y proteico en raza Manchega han sido de 69,23 y 57,22 g/l respectivamente (Ramón, 2007) y se ha considerado un valor calórico por kg de leche de 0,64 UFL (INRA, 1990). El contenido energético de la leche puede dividirse en cada uno de sus constituyentes: grasa, proteína y volumen. No se ha encontrado en la bibliografía ninguna referencia al aporte energético de cada uno de los componentes de la leche en ovino, por lo que se ha utilizado la descrita para el vacuno. Así, según Wilmink (1988) y Colleau *et al.* (1994), la energía necesaria para producir 1 kg de leche es utilizada para sintetizar las materias grasas, las materias proteicas y el volumen o vector leche (leche-grasa-proteína) con las proporciones respectivas de 55%, 22,5% y 22,5%.

#### Métodos

El beneficio derivado de la venta de leche se ha calculado como la diferencia de los ingresos de la venta menos los costes asociados a su producción. Como precio de venta de la leche se ha utilizado el precio medio en lonja para los años a estudio (7,95 €/Hgdo ESU, ver apéndice). Los costes asociados a la producción de 1 kg de grasa, proteína y volumen se han calculado de acuerdo a las necesidades energéticas de cada uno de estos componentes. Los cálculos realizados vienen detallados en el Apéndice 1.

Por tanto, los ingresos y costes derivados de la venta de leche con una composición determinada han sido calculados de acuerdo a las siguientes expresiones, según trabajemos con porcentajes o kilogramos de grasa y proteína:

$$I_{Leche} = Leche_v \cdot P_{LecheREF} \cdot \left( \frac{\%G + \%P}{100} \right)$$

$$I_{Leche} = P_{LecheREF} \cdot (kgG + kgP)$$

$$C_{Leche} = Leche_v \cdot \left( \frac{C_{GrasaREF} \cdot \%G + C_{ProtREF} \cdot \%P}{100} + C_{VolREF} \right)$$

$$C_{Leche} = C_{GrasaREF} \cdot kgG + C_{ProtREF} \cdot kgP + C_{VolREF} \cdot Leche_v$$

donde  $Leche_v$  son los litros de leche vendidos por oveja y año, kgG, kgP, %G y %P los contenidos graso y proteico de la leche,  $P_{LecheREF}$  el precio de referencia (7,95 €/Hgd ESU) de la leche en lonja y  $C_{GrasaREF}$ ,  $C_{ProteREF}$  y  $C_{VoiREF}$  los costes de producción de la grasa (0,660 €/kg), proteína (0,328 €/kg) y volumen lechero (0,019 €/kg), respectivamente.

Los pesos económicos han sido calculados como la diferencia del beneficio en las situaciones previa y posterior a la mejora genética del carácter manteniéndose el resto de los caracteres constantes.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Tabla 1 muestra los resultados obtenidos. Estos han sido presentados en forma de mínimo, máximo, media y primer cuartil (1Q), mediana o segundo cuartil (2Q) y tercer cuartil (3Q) como una medida de la dispersión de los datos. La información aportada por los cuartiles es especialmente útil para estudios con pocos datos y gran variabilidad en los cuales la media no aporta mucha información.

Tabla 1. Pesos económicos para los caracteres cantidad de leche, grasa, proteína y volumen en las ganaderías de ovino Manchego a estudio.

	Mín.	1Q	2Q	Media	3Q	Máx.
Leche (€/l)	0,43	0,69	0,75	0,70	0,77	0,80
Grasa (€/kg)	6,82	7,04	7,24	7,18	7,27	7,46
Proteína (€/kg)	7,44	7,53	7,60	7,59	7,65	7,72
Grasa (€/%)	5,04	6,18	7,82	7,92	9,96	11,60
Proteína (€/%)	5,32	6,48	8,36	8,40	10,65	12,40
Volumen (€/kg)	-0,027	-0,022	-0,019	-0,019	-0,017	-0,013

El beneficio marginal asociado a la mejora genética de la producción de leche ha sido de 0,70 €/l, similar a los 0,72 €/l descritos en la misma raza en otros estudios (Legarra *et al.*, 2006; Ramón, 2007).

El volumen de leche mostró un peso económico negativo (-0,019). El precio de venta de la leche depende de los contenidos graso y proteico y no así del volumen de leche, mientras que un aumento del volumen producido si conlleva un coste energético asociado. La mayoría de los trabajos realizados en vacuno de leche muestran un peso económico negativo para el volumen de leche (Colleau *et al.*, 1994; Pieters *et al.*, 1997).

Los pesos económicos de los porcentajes de grasa y proteína han sido superiores a sus correspondientes expresados en kilogramos, debido a que, para el nivel productivo de la raza (148,57 litros; Ramón *et al.*, 2006), el equivalente en kg a un aumento porcentual unitario del contenido graso o proteico es superior a 1 kg. Asimismo, los pesos económicos del contenido proteico han sido mayores que para el contenido graso, pues el coste energético asociado a la producción de 1 kg de grasa es mayor que para 1 kg de proteína, resultando más rentable este último. En ovino lechero australiano, Fuerst-Waltl y Baumung (2006) obtuvieron pesos económicos de 2,90 y 6,40 €/kg para cantidad de grasa y de proteína. En ese estudio, los precios de mercado fueron de 4,43 y 7,41 €/kg de grasa y de proteína respectivamente, mientras que en la raza Manchega el precio ha sido el mismo (7,95 €/kg) lo que explica las menores diferencias obtenidas en esta última. Ya que el rendimiento quesero depende en gran medida del contenido de caseínas (proteínas de la leche), si bien el contenido graso y, especialmente, el ratio entre ambos también son importantes, el sistema de pago de la leche en función de su composición debería de dar mayor precio al contenido proteico, con lo que la importancia relativa del peso económico del carácter kg de proteína respecto al del kg de grasa sería mayor.

La correlación genética entre el carácter leche y los porcentajes de grasa (-0,29) y proteína (-0,45) es negativa (Ramón *et al.*, 2006), por lo que la selección hacia un

incremento productivo implicaría un descenso no deseado de los niveles graso y proteico que afectaría al rendimiento quesero. La alta heredabilidad del porcentaje de proteína (0,28) y su peso económico (8,40 €/%) hacen de este carácter un objetivo de interés en Manchega.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Colleau J.J, Regaldo D., Gastinel P.L. 1994. INRA Prod. Anim. 7(3):151.
- Fuerst-Waltl B., Baumung R. 2006. 8<sup>th</sup> WCGALP. 02-04.
- INRA. 1990. Ed. Mundi-Prensa. 200 págs.
- Legarra A., Ramón M., Ugarte E., Pérez-Guzmán, MD. 2006. Ani. Sci. En prensa.
- Pieters T., Canavesi F., Cassandro M., Dadati E., Van Arendonk J.A.M. 1997. Livest. Prod. Sci. 49:23.
- Ramón M., Fernández-Perea M.T., Pérez-Guzmán M.D., Serrano M. 2006. ITEA. 102(2):115
- Ramón M. 2007. Tesis Doctoral. ETSIA Albacete.
- Wilmink J.B.M. 1988. Livest. Prod. Sci. 20:299.

### APÉNDICE 1

El precio de la leche en Lonja viene dado en hectogramos de extracto seco útil:

$$Hgdo\ ESU = (\%G + \%P)/100$$

Este cociente equivale a expresar los contenidos graso y proteico en tantos por uno o, lo que es lo mismo, en kg de grasa y proteína.

El coste de producir un kg de leche se ha calculado de acuerdo a las necesidades energéticas para cada uno de los componentes de la leche. Así, los gastos energéticos asociados a la producción graso, proteína y volumen para la leche de referencia han sido calculados como:

$$GE_G = (0,64 \cdot 0,55)/kgG = 0,352/0,06923 = 5,08\ UFL/kg$$

$$GE_P = (0,64 \cdot 0,225)/kgP = 0,144/0,05722 = 2,52\ UFL/kg$$

$$GE_V = (0,64 \cdot 0,225)/kgL = 0,144/1,00 = 0,14\ UFL/kg$$

Para un coste de 0,13 €/UFL (Ramón, 2007), el coste de producir un kg de grasa, proteína y volumen fue de 0,660 €, 0,328 € y 0,019€, respectivamente.

## ¿UN GEN DE GRAN EFECTO PARA PROLIFICIDAD EN RAZA RASA-ARAGONESA?

Jurado J.J.<sup>1</sup>, Calvo J.H.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Dpto. de Mejora Genética Animal. INIA, Crta. de la Coruña Km. 7,00. 28040 MADRID.

<sup>2</sup>Dpto. de Producción Animal. CITA. Avda. de Montañana, 930. 50059 ZARAGOZA

email: jurado@inia.es

### INTRODUCCION

La cooperativa Carnes Oviaragón mantiene desde 1995 un programa de mejora genética para la prolificidad en la raza Rasa Aragonesa. (Jurado y Cea, 2000) En dicho programa se constituyó un núcleo de selección compuesto por 69 ganaderos que tienen el compromiso de tomar información de los partos de sus ovejas y aceptar y mantener hijas de machos de Inseminación artificial (IA). El resto de los rebaños de la cooperativa, hasta 1363, constituyen la base de selección y su mejora se basa en la adquisición de animales en rebaños del núcleo. En el núcleo de selección los rebaños están conectados por machos de referencia situados de el CENSYRA de Movera y que además son los transmisores de la mejora genética. La valoración genética de reproductores se hace anualmente mediante la metodología BLUP usando un modelo animal con medidas repetidas para el carácter número de corderos vivos en un parto (Jurado y Espinosa, 1996) y con grupos genéticos (Quass, 1988). El objetivo de selección es pasar de 1,3 a 1,5 corderos por partos en 10 años.

Tradicionalmente en los rebaños de la cooperativa la selección de reproductores ha estado (y en gran parte esta todavía) basada en la adaptación de los mismo al prototipo racial por encima de otras consideraciones, lo que ha producido una progresiva disminución de la media genética de la población. El programa de Mejora, aunque ha sido capaz de detectar animales con genotipo para alta prolificidad no ha tenido el efecto suficiente para contrarrestar la selección por tipo. (Jurado *et al.*, enviado para publicación)

En un estudio detallado de los machos seleccionados como reproductores y por tanto con un elevado potencial para inducir alta prolificidad en sus hijas se han detectado dos machos que se apartan de la línea general de los demás y que presentan hijas con una distribución de partos claramente diferenciada. El propósito de este artículo es presentar algunos hechos que nos inducen a pensar que pudiera haber un gen de gran efecto involucrado en la determinación genética de la prolificidad en la raza Rasa Aragonesa y que son la base del proyecto INIA RTA2006-140.

### MATERIAL Y METODOS

El material empleado han sido las bases de datos del control de producciones del programa de selección y los resultados contenidos en el 14<sup>a</sup> Catalogo de reproductores de 2006. En la tabla 1 se presenta algunos datos del programa.

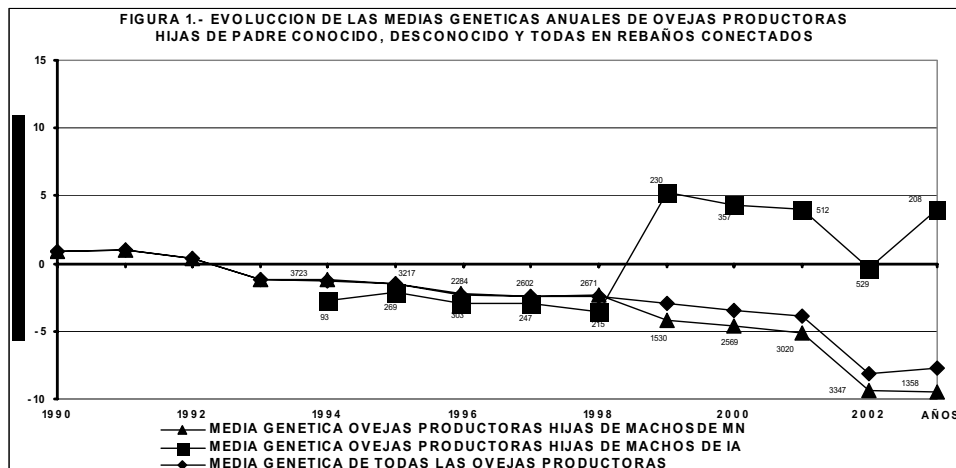
N. rebaños activos	142	N. de ovejas vivas	115.824	Fertilidad med. IA	56,2%
N de rebaños en el núcleo	69	N. de ovejas con VG	176.023	N. med. semen./reb.	19,28
N. de ovejas en el núcleo	108.805	N. de sementales con VG	107	N. med. Hij. IA/reb.	64,17
N. de rebaños en la base	1.363	N. de ovejas con padre conoc.	4.992	N. med. Hij. IA/reb y se.	3,15
N. de ovejas en la base	584.375	N. med. de partos/oveja	3,65	Prolificidad med. total	1,338

### RESULTADOS Y DISCUSION

Tres son los argumentos en que nos basamos para sospechar la presencia de un gen de gran efecto en esta población.

**a) Un excesiva respuesta a la selección no esperable para un carácter tan poco heredable** ( $h^2 = 0,049$ , Espino y Jurado, 1998). En la figura 1 se presenta la tendencia genética obtenida para las hijas con padre conocido (hijas de IA) y las de padre desconocido.





Los 15 sementales (con valor genético medio (VGM) de +4,55) padres de las ovejas nacidas en 1999 (230) fueron a su vez hijos de padres desconocidos y madres con elevado valor genético (14º Catalogo de Reproductores, 1997). Las 230 ovejas tuvieron un VGM de +5,2. De estas 122 tuvieron un VGM de +12,6 y sus padres de +23,3 y las otras 110 lo tuvieron negativo (-3,0) y sus padres -5,4. En los dos casos las madres tuvieron VGM próximo a 0. El valor fenotípico medio (VPM) en primer parto de las 122 fue de 1,34 y el de las 110 fue de 1,13. Estas ovejas tienen ahora 1202 partos y un VPM de 1,50. Las 122 tienen ahora 643 partos y un VPM de 1,63 mientras que las 110 tiene ahora 559 partos y su VPM es de 1,36. Parece al menos llamativo, que se obtenga una respuesta a la selección elevada y que se establezca diferencias genéticas sustanciales entre hijas de machos cuyo único mérito genético es el tener madres selectas y padres desconocidos, teniendo en cuenta que se trata de un carácter muy poco heredable

**b) Frecuencia de partos en las hijas de dos sementales (4455 y 619) muy diferentes de la de los otros.** En la tabla 2 se presenta las frecuencias de partos para las hijas de estos dos machos, junto a las de un hermano del primero y las de dos hijos del 4455 y 4456, así como prolificidad media de la población. Creemos destacable la alta prolificidad de ambos sementales (1,686 y 1,644) frente a la de la población (1,338), así como que un hermano de madre (el 4456) sea tan diferente del hermano. Las hijas de ambos hermanos también son diferentes.

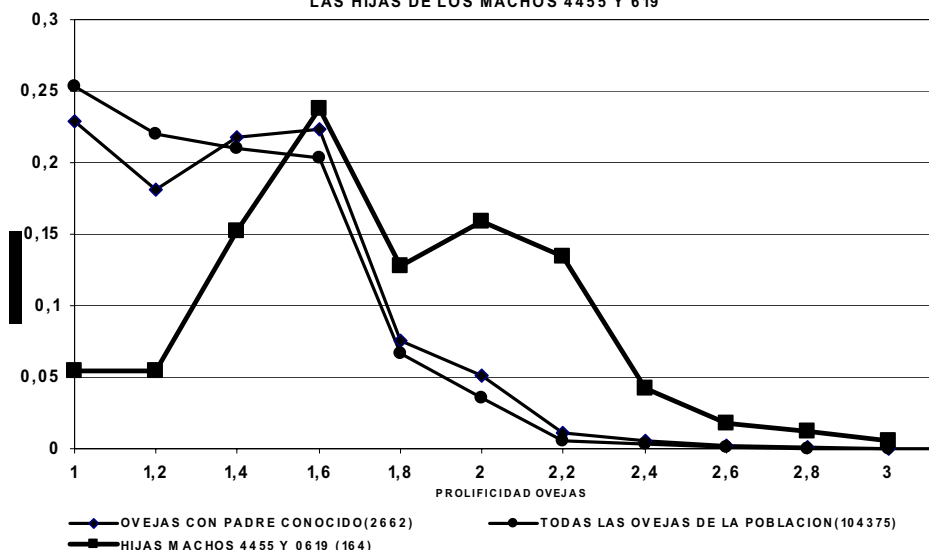
IDENT. SEMENTAL	V.G.	INFORMACION HIJAS				PORCENTAJE DE PARTOS				PADRE		MADRE				
		NH	NC	NP	PROLF	S	D	T	C	IDENT.	V.G.	NP	PROLF			
4455	52,56	394	1465	869	1,686	41,4	48,9	9,3	0,3	Z20603188	40,5	3	3,66			
619	38,10	101	526	320	1,644	47,1	43,1	8,1	1,2	Z09890725	24,5	9	2,11			
4456	-5,27	208	828	614	1,349	67,1	31,1	1,6	0,2	Z20603188	40,5	3	3,66			
2 HIJOS DE 4455	8,15	85	300	227	1,319	69,2	29,5	1,2	0,0	4455	52,56		1,2			
2 HIJOS DE 4456	-5,2	109	214	171	1,215	79,3	20,1	9,4	0,2	4456	-5,27		5,6			
POBLACION		176023				1,338				67,9	30,4	1,5	0,1			

V.G.- Valor genético del animal NH.- Numero de hijas NC.- Numero de corderos NP.- Numero de partos PROLF.- Prolificidad S.- Partos simples D.- Partos dobles T.- Partos triples C.- Partos cuádruples IDENT.- Identificación animal

**c) La distribución de frecuencias de la prolificidad de las hijas de estos dos machos difiere claramente de la del resto de machos.** En la figura 2 se presenta las

distribuciones de frecuencias de las ovejas con tres ó más partos en toda la población (104375), en las ovejas con padre conocido (2662) y en las hijas de los machos 4455 y 619 (164). Es manifiesta la diferente distribución en el caso de las hijas de los machos objeto de nuestra atención, presentando dos picos (en 1,6 y 2) que sugieren la existencia de una causa de gran efecto en la determinación genética de la prolificidad en esta población. Se podría pensar en un gen de gran efecto que estaría en heterocigosis en ambos machos ya que aproximadamente la mitad (24%) de las hijas presenta una prolificidad alta (1,6) y la otra mitad (16%) muy alta (2,0). Por otra parte sería un gen autosómico dominante: dominante porque se observaría su efecto en heterocigosis y autosómico porque no estaría ligado al cromosoma X. En el caso de genes localizados en el cromosoma X las hijas de machos que portan el alelo del gen que proporciona alta prolificidad serían todas heterocigotas u homocigotas, presentando una mayor prolificidad las heterocigotas e infertilidad las homocigotas, como ocurre con las mutaciones BMP15 del gen FecX descritas hasta ahora (Davis, 2004) y sería, por consiguiente, un fenotipo no observado en la población estudiada.

FIGURA 2.- PROLIFICIDAD MEDIA DE OVEJAS CON TRES PARTOS Y MAS, PARA TODAS LAS OVEJAS DE LA POBLACION, PARA LAS CON PADRE CONOCIDO Y PARA LAS HIJAS DE LOS MACHOS 4455 Y 619



Se podría concluir que parece haber ciertos indicios que hacen pensar en la presencia en esta población de un factor genético de gran efecto que establece diferencia en la prolificidad de las ovejas. Para confirmar esta presunción se han puesto en marcha una serie de experiencias diseñadas expresamente para poner de manifiesto esta presencia basados en la experiencia anterior de la raza Lacaune (Bodin *et al.*, 2005) y que son la base de proyecto de investigación INIA RTA2006-140

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bodin, L., SanCritobal, M., Lecerf, F., Mulsant, P., Bibé, B., Lajous, D., Belloc, J., Eychenne, F., Amigues, Y., Essen, J.M. 2002. Segregation of a major gene influencing ovulation in progeny of Lacaune meta sheep. *Genet. Sel. Evol.* 34:447-464.
- Davis, G.H. 2004. Fecundity genes in sheep. *Anim. Reproduction Sci.* 82:247-253.
- Espinosa, M.J., Jurado, J.J. 1998. Estima de parámetros genéticos para prolificidad en ganado ovino mediante muestreo de Gibbs. *Resultados preliminares. ITEA.* 94A: 297-304.
- Jurado, J.J., Cea, R. 2000. Esquema de selección en la raza ovina Rasa Aragonesa. *Ovis*, 68 : 37-51.
- Jurado, J.J., Espinosa, M.J. 1996. Problemática del desarrollo de un programa de mejora genética en prolificidad en raza Rasa Aragonesa. *ITEA* 92A: 44-56.
- Quass, R.L. 1988. Additive genetic model with groups and relationships. *J. Dairy Sci.* 71:1338-1345.

**SIMOGAN Y MEJORA GENÉTICA**Altarriba, J., Yagüe, G., Moreno, C., Varona, L.<sup>1</sup>

Mejora genética. Fac. Veterinaria, U. Zaragoza. C/ Miguel Server 177, 50013 Zaragoza.

<sup>1</sup> Centre UdL-IRTA. Av. Alcalde Rovira Roure 191, 25198 Lleida.e-mail: [altarrib@unizar.es](mailto:altarrib@unizar.es)**INTRODUCCIÓN**

SIMOGAN (Sistema Nacional de Identificación y Registro de los Movimientos de los Bovinos) es una base de datos informatizada de ámbito nacional, en la cuál quedan registradas todas las explotaciones bovinas existentes, incluidos los mataderos, con todos los animales bovinos y sus movimientos, de conformidad con la Directiva 97/12/CE (1997). Permite conocer en un momento dado los datos registrados de cualquier animal ([www.mapa.es/es/ganaderia/pags/simogan/simogan.htm](http://www.mapa.es/es/ganaderia/pags/simogan/simogan.htm)), con el fin de facilitar el comercio intracomunitario y el seguimiento epidemiológico de los animales por los agentes implicados.

El objeto de este estudio es explorar las posibilidades de utilizar la información aportada por los mataderos al SIMOGAN, complementando la recogida por la Asociación de criadores (CONASPI), para la elaboración de criterios de selección que permitan una mejora genética más eficaz de la raza Pirenaica (Altarriba *et al.*, 1996).

En la actualidad la mejora genética de la raza Pirenaica se fundamenta en un índice de selección del peso a los 7 meses, obtenido a partir de datos de campo recogidos entre los 110 y 310 días de edad de los animales en las distintas explotaciones (Varona *et al.*, 1997).

**MATERIAL Y MÉTODOS**

Los caracteres aportados por SIMOGAN son: peso de la canal fría en Kg., clasificación de la canal según la sistemática EUROP (CEE nº 2930/81, 1981), con conformación y engrasamiento de cobertura, color y pH a las 24 horas del sacrificio. Los registros del carácter conformación han sido transformados a una escala numérica de puntuación con 18 valores posibles con incrementos de 0,67 entre valores contiguos; engrasamiento con 20 valores posibles entre 0,25 y 5,00; y color con 17 valores posibles entre 0,25 y 4,25. En la tabla 1 se recogen los parámetros característicos de estas variables.

Tabla 1. Principales parámetros estadísticos de las variables estudiadas.

Parámetro	Peso canal	Confor.	Engras.	Color	pH
N	18.211	14.031	11.952	2.465	2.488
Media	297,7	3,617	2,109	2,252	5,590
DT	55,13	0,452	0,470	0,337	0,120
CV (%)	18,5	12,5	22,3	15,0	2,1

De la misma base de datos se obtuvo la fecha del sacrificio, explotación de origen de cada animal (*Ex*) e instalación en la cual se produjo el sacrificio del animal (*M*). Estas informaciones fueron volcadas, previa autorización expresa de cada ganadero, y sometidas a una intensa depuración, contrastando su credibilidad al tenerse en cuenta los datos registrados de los mismos animales por CONASPI.

Los datos utilizados de esta segunda base de datos fueron: sexo (*S*), fecha de nacimiento y genealogía. Se calculó la edad (*E*) al sacrificio (de 250 a 480 días con una media = 364,4 y DT = 40) y se obtuvo la época trimestre-año de nacimiento (*Ep*).

El modelo animal utilizado ha sido el siguiente para cada carácter (Tabla 2):

$$y_{ijklmn} = S_i + E_j + Ep_k + Ex_l + M_m + u_n + e_{ijklmn}$$

siendo y la observación del carácter en el animal *n*, *u* el valor mejorante y *e* el residuo del modelo.

Tabla 2. Número de niveles de cada efecto incluido en el modelo.

Efecto	Peso canal	Confor.	Engras.	Color	pH
Sexo	2	2	2	2	2
Edad	8	8	8	8	8
Época	32	23	17	13	13
Explotación	548	477	455	135	135
Matadero	12	12	12	7	7
Animales	40870	34843	31888	8640	8732

La estimación multicarácter de componentes genéticos y de efectos sistemáticos se ha realizado mediante metodología bayesiana (Wang *et al.*, 1993). Se asume que las distribuciones a priori de los valores mejorantes y los residuos de cada carácter son normales multivariantes de esperanza 0 y varianza  $\mathbf{A}\sigma_u^2$  y  $\mathbf{I}\sigma_e^2$  respectivamente, siendo  $\mathbf{A}$  la matriz de parentesco numerador y  $\sigma_u^2$  y  $\sigma_e^2$  las varianzas genética y residual. Los efectos sistemáticos y los componentes de (co)varianza poseen a priori una distribución uniforme. Las distribuciones condicionales de los valores mejorantes, efectos sistemáticos y residuales son gaussianas, mientras que las distribuciones condicionales de las (co)varianzas genética y residual son Wishart invertidas.

La distribución marginal posterior de cada parámetro se ha obtenido mediante integración de las funciones multivariantes de densidad implicadas con la ayuda de la técnica de marginalización denominada muestreo de Gibbs (Gelfand y Smith, 1990), con una cadena de un millón de puntos de los cuales se han descartado los cien mil primeros.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se observa que se dispone de pocos datos en los caracteres color y pH; en este último caso además hay escasa variabilidad (CV = 2,1).

En la Tabla 3 se presentan los resultados correspondientes a la variabilidad explicada por cada uno de los efectos sistemáticos incluidos en el modelo. Se observa que el efecto sexo es el más importante en el carácter peso de la canal, mientras que el efecto matadero lo es en el resto de los caracteres. En situación intermedia se encuentra el efecto explotación (9-38%), así como el efecto edad en los caracteres peso y color.

Tabla 3. DT entre las soluciones correspondientes a los niveles de cada efecto sistemático (% varianza respecto al conjunto de efectos sistemáticos).

Efecto	Peso canal	Confor.	Engras.	Color	pH
Sexo	35,9 (69)	0,076 (4)	0,099 (4)	0,040 (6)	0,001 (<1)
Edad	14,9 (12)	0,030 (<1)	0,030 (1)	0,057 (11)	0,007 (1)
Época	5,3 (2)	0,102 (7)	0,059 (1)	0,034 (4)	0,028 (19)
Explotación	17,8 (17)	0,135 (12)	0,153 (9)	0,105 (38)	0,034 (30)
Matadero	3,1 (<1)	0,350 (77)	0,470 (85)	0,108 (41)	0,044 (50)

En la Figura 1 se han graficado los valores estimados para los distintos niveles de los efectos sexo, edad y época. Se observa, salvo en el carácter engrasamiento que los machos muestran valores superiores que las hembras, una tendencia positiva con la edad en los caracteres peso y color y una ausencia de tendencia asociada al efecto época de parto en los cinco caracteres.

La estimación de componentes (Tabla 4) revela coeficientes de heredabilidad significativamente distintos de cero en los distintos caracteres estudiados, lo que permite, en principio, postularlos como potenciales criterios eficientes de selección. A su vez, se detectan correlaciones genéticas entre peso a la canal con conformación y color, y de conformación con engrasamiento, siendo este último valor de signo negativo.

A modo de resumen, se destacan los siguientes hechos:

1. Los caracteres estudiados intervienen directamente en el objetivo de selección.

- Se detecta suficiente variabilidad genética; peso al sacrificio, conformación y engrasamiento se presentan como criterios alternativos al utilizado actualmente.
- Los registros disponibles para estos caracteres son potencialmente abundantes y pueden utilizarse masivamente a muy bajo costo.
- Como inconveniente hay que citar que el registro de tales caracteres exige el sacrificio de los animales y por tanto no son medibles en los candidatos a la selección.

Figura 1. Estimaciones de cada nivel para los efectos sexo, edad y época de nacimiento.

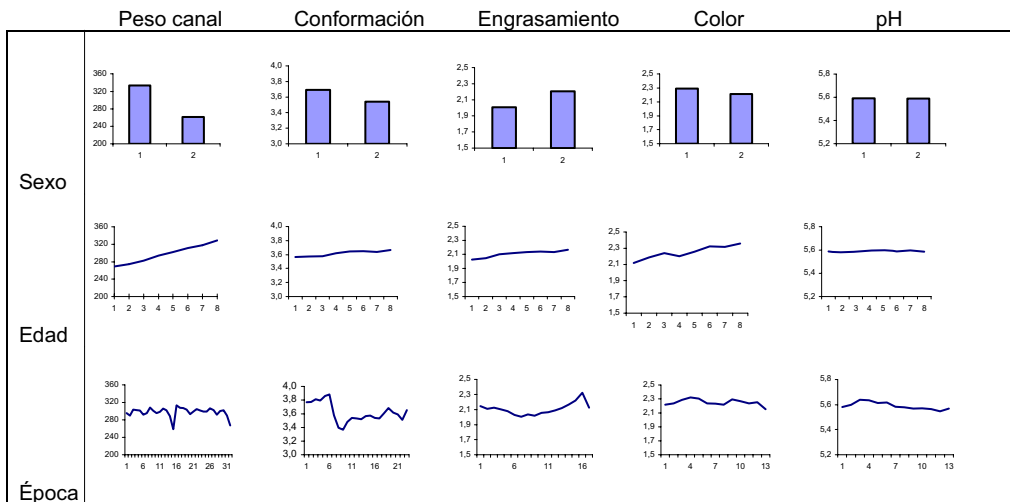


Tabla 4. Estimadores modales. Heredabilidad en la diagonal, correlaciones genéticas en matriz triangular superior y correlaciones residuales en inferior.

Caracteres	Peso canal	Confor.	Engras.	Color	pH
Peso canal	0,353 *	0,379 *	-0,049	0,414 *	0,384
Conformación	0,304 *	0,290 *	-0,243 *	0,475	0,486
Engrasamiento	0,147 *	-0,093 *	0,209 *	-0,097	0,470
Color	0,062	0,045	0,047	0,203 *	-0,130
pH	-0,037	-0,111	-0,119 *	0,052	0,067 *

\*:  $p < 0.05$  (HPD al 95% no incluye el valor 0)

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Altarriba, J., García Cortés, A. *et al.* 1996. Situación y perspectivas de la mejora genética de la raza vacuna Pirenaica. *ITEA 92A*: 107-116.
- CEE no. 2930/81. 1981. Community scale for the classification of carcass of adult bovine animals. *Official publications of the European communities*, L-2985 Luxemburg.
- Directiva 97/12/CE. 1997. Council Directive amending and updating Directive 64/432/EEC on health problems affecting intra-Community trade in bovine animals and swine. *Official Journal L 109*: 1-37.
- Gelfand, A., Smith, A.F.M. 1990. Sampling-based approaches to calculating marginal densities. *J. Am. Stat. Assoc.* 89: 398-409.
- Varona, L., Moreno, C. *et al.* 1997. Multiple trait genetic analysis of underlying biological variables of production functions. *Livest. Prod. Sci.* 47: 201-209.
- Wang, C.S., Rutledge *et al.* 1993. Bayesian analysis of mixed linear models via Gibbs sampling with an application to litter size in Iberian pigs. *Genet. Sel. Evol.* 26: 91-115.

## **EFFECTO DEL LOCUS CSN3 SOBRE LA COMPOSICIÓN DE LA LECHE DE CABRA DE RAZA MURCIANO-GRANADINA.**

Caravaca, F.<sup>1</sup>, Urrutia, B.<sup>2</sup>, Carrizosa, J.<sup>2</sup>, Angiolillo, A.<sup>3</sup>, Jordana, J.<sup>3</sup>, Amills, M.<sup>3</sup>, Badaoui, B.<sup>3</sup>, Serradilla, J.M.<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Dpto. de Ciencias Agroforestales. EUITA. Universidad de Sevilla. Ctra. Utrera, km. 1. 41013 Sevilla.

<sup>2</sup> Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario. Estación Sericícola. 30150 La Alberca. Murcia.

<sup>3</sup> Departament de Ciència animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona. 08193. Bellaterra. Barcelona.

<sup>4</sup> Departamento de Producción Animal. Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales. Ctra. N IV km 396. 14071 Córdoba. 14070 Córdoba. pa1semaj@uco.es

### **INTRODUCCIÓN**

La caseína  $\kappa$  (CSN3) es una de las proteínas fundamentales de la leche de los mamíferos por su papel en la estabilización de las micelas. En el caso de la cabra, se han descrito 16 polimorfismos de ADN para el gen CSN3 que proporcionan 13 variantes proteicas que se han denominado: A, B, C, D, E, F, G, H, I, J, K, L y M (Yahaoui *et al.*, 2003; Jann *et al.*, 2004; Prinzenberg, *et al.*, 2005). Los estudios realizados para determinar las frecuencias en que se encuentran estos alelos han establecido que las variantes A y B son las predominantes en las razas de cabras españolas, francesas e italianas, con una mayor frecuencia del tipo B. Las de tipo F y G se han encontrado en relativa alta frecuencia sólo en rebaños italianos y la F en muy alta frecuencia en la cabra montesa (Yahaoui *et al.*, 2003).

Existen pocos estudios sobre la asociación entre el polimorfismo de este gen con los parámetros productivos. Díaz Carrillo (1993), en la raza Payoya, indica que el genotipo BB, el menos frecuente en dicha raza, es el asociado a una mayor producción de leche, aunque con menores concentraciones de caseína total, caseína  $\beta$  y grasa que el genotipo AA. Este mismo autor apunta a que en la raza Murciano-Granadina, la única variable afectada por el genotipo CSN3 es el porcentaje de proteína, estando el genotipo AA asociado a una media más alta. Sin embargo en cuanto a producción y en esta misma raza el autor apunta que el genotipo BB se muestra más productor de leche, aunque sugiere que se tome este resultado con cautela dado el bajo número de individuos en la muestra estudiada. Angulo *et al.* (1994) observaron una mayor producción de leche y mayor cantidad de caseínas en cabras con genotipo BB de la raza Murciano-Granadina. No obstante, ambos autores trabajaron con variantes polimórficas proteicas cuya determinación genética no fue estudiada y que pueden no corresponder a los polimorfismos de ADN referidos anteriormente. El presente trabajo pretende esclarecer los efectos del polimorfismo del gen CSN3 caprino sobre la producción y composición de la leche en la raza Murciano-Granadina.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

El estudio se realizó durante los años 2003 y 2004, en tres rebaños de la región de Murcia con cabras inscritas en el libro genealógico de la raza Murciano-Granadina y en control de rendimiento lechero. En primer lugar se determinó el genotipo del gen CSN3 de 240 cabras, cuyo genotipo para el gen de la caseína  $\alpha_{s1}$  (CSN1S1) era conocido, siguiendo el protocolo descrito por Yayahoui *et al.* (2003). Se seleccionaron 117 cabras primaras con genotipos AA y BB (los más frecuentes) procurando que tuviesen el mismo genotipo para el gen CSN1S1. A estas cabras se les recogió toda la leche de un ordeño con una periodicidad aproximadamente bimensual (un total de 368 muestras) que se sometió al análisis rutinario de composición en el Laboratorio Interprofesional Lechero de Cantabria, determinándose los contenidos de grasa, proteína, extracto seco magro, lactosa, recuento de gérmenes y recuento de células somáticas,

y a un análisis con un espectrofotómetro de infrarrojo cercano previamente calibrado para la determinación de los contenidos de caseína total, CSN1S1 y caseína  $\alpha$ 2. Una vez depurados los registros para el análisis estadístico el número de cabras con registros completos ha sido de 114 y el total de registros de 409, lo que arroja una media de 4 registros por animal controlado.

Para el análisis de asociación se utilizó el modelo lineal mixto, procedimiento MIXED del SAS (SAS V8e. 2001) con el modelo propuesto por Little et al. (1998) para el análisis de observaciones repetidas, en el que se consideraron los factores fijos genotipo CSN3, rebaño-año-estación, ordinal de parto (lactación) y meses transcurridos desde el parto a la fecha de control (mes de muestreo), que se trató como la medida repetida, y el animal como factor aleatorio. Se utilizó la corrección de Bonferroni para comparaciones múltiples, resultando el nivel mínimo de significación 0,0166.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las frecuencias alélicas obtenidas en el conjunto de animales genotipados fueron 16% AA, 45,4% AB, 37% BB, 0,8% AF y 0,8% AG, que confirma los resultados obtenidos por otros autores (Yahyaoui et al., 2003). Estas frecuencias son, sin embargo, diferentes de las descritas por Díaz Carrillo (1993) en esta misma raza (58,1% AA, 34,4% AB y 7,5% BB), lo que confirma que es muy probable que ambos polimorfismos tengan una base molecular diferente, o bien la denominación que utilizó este autor para los alelos es la opuesta de la establecida en la actualidad.

El análisis estadístico (Tabla 1), revela que existe una clara influencia del genotipo del gen CSN3 sobre los contenidos de proteína, caseína total y grasa de la leche, no resultando una asociación significativa del genotipo con el resto de las variables.

Aunque nuestros resultados no son comparables con los de Díaz Carrillo (1993) y los de Angulo et al. (1994), por no tener seguridad de que se trate del mismo polimorfismo, es curioso que el primero de estos dos autores asigne valores de contenido en proteína superiores a las cabras con genotipo AA, lo que podría indicar, en el caso de tratarse del mismo polimorfismo, un sistema de nomenclatura inverso del que se utiliza en la actualidad. En el trabajo del segundo de los autores citados, se obtienen resultados similares en cuanto al contenido en caseínas para la leche de las cabras con genotipo BB en la raza Murciano-Granadina, aunque apunta a una mayor producción de leche para las mismas que no queda corroborada con los datos aquí obtenidos. Por último, apuntar que aunque los polimorfismos del gen CSN3 bovino no sean los mismos que los descritos en caprino, es interesante constatar que en el bovino las variantes A y B tienen un efecto importante sobre la producción y la composición de la leche (véase la revisión de Ng-Kwai Hang, 1998).

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto coordinado CICYT (AGL2002-04304-C03-01-02-03 GAN). También agradecemos a los ganaderos, y a la asociación de la raza (ACRIMUR), su ayuda y colaboración durante el período de muestreo.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Angulo, C., Díaz-Carrillo, E., Muñoz, A., Alonso, A., Jiménez, I., Serradilla, J.M. 1994. Effect of electrophoretic goat  $\kappa$ -casein polymorphism on milk yield and main components yields. Proceedings of the 5<sup>th</sup> WCGALP. Guelph. Vol. 19. pp. 333-336.
- Amigo, L. Recio, I., Ramos, M. 2000. Genetic polymorphism of ovine proteins: its influence on technological properties of milk- a review. Intern. Dairy J., 10:135-149.
- Díaz Carrillo, E. 1993. Análisis de los contenidos y producción total de las fracciones caseínicas en la leche de tres razas de cabras españolas. Factores de variación y relaciones con otros componentes lácteos. Tesis doctoral. Universidad de Córdoba.
- Jann, O., Prinzenberg, E.M., Luikart, G., Caroli, A., Erhardt, G. 2004. High polymorphism in the  $\kappa$ -casein (CSN3) gene from wild and domestic caprine species revealed by

DNA sequencing. J. Dairy Res. 71:188–195. • Littell, R.C., Henry P.R. and Ammerman C.B. 1998. Statistical analysis of repeated measures data using SAS procedures. J. Anim. Sci. 76: 1216-31. • Ng-Kwai-Hang, K. F. 1998. Genetic polymorphism of milk protein: relationships with production traits, milk composition and technological properties. Canadian J. Anim. Sci., 78 (Suplement):131-147. • Prinzenberg, E. M., Gutscher, K., Chessa, S., Caroli, A., Erhardt, G. 2005. Caprine kappa-casein (CSN3) polymorphism: new developments in molecular knowledge. Journal-of-Dairy-Science, 88(4): 1490-1498. • Yahyaoui, M.H., Coll, A., Sanchez, A., Folch, J.M. 2001. Genetic polymorphism of the caprine kappa casein gene. J Dairy Res. 68(2):209-16. • Yahyaoui, M.H., Angiolillo, A., Pilla, F, Sanchez, A., Folch, J.M. 2003. Characterization and genotyping of the caprine kappa casein variants. J. Dairy Sci., 86:2715-2720.

Tabla 1. Medias mínimo cuadráticas y sus correspondientes errores (en g/kg) de las variables en estudio que resultaron significativas. (Medias con la misma letra de superíndice no son significativamente diferentes al nivel del 1% o inferior).

<b>Genotipos CSN3 (N;n)<sup>(1)</sup></b>	<b>Proteína</b>	<b>Caseína</b>	<b>Grasa</b>
AA (61;19)	34,23 ± 1,3	27,36 ± 1,14	46,60 <sup>(a)</sup> ± 2,58
AB (166;54)	36,42 <sup>(a)</sup> ± 1,06	29,88 <sup>(a)</sup> ± 0,94	49,37 <sup>(a)(b)</sup> ± 2,12
BB (141;44)	36,00 <sup>(a)</sup> ± 1,16	29,67 <sup>(a)</sup> ± 1,03	51,47 <sup>(b)</sup> ± 2,32
Efectos significativos en el modelo al nivel del 5% o inferior	gKappa <sup>(2)</sup> MPC <sup>(3)</sup>	gKappa MPC	gKappa MPC RAE <sup>(4)</sup> NL <sup>(5)</sup>

<sup>(1)</sup> N es el número de observaciones totales que han intervenido en el análisis y n el número de cabras a las que corresponden.

<sup>(2)</sup> gKappa: Genotipo Kappa

<sup>(3)</sup> MPC: Meses desde el parto a la fecha de control.

<sup>(4)</sup> RAE: Combinación de efectos rebaño, año de parto y estación de parto.

<sup>(5)</sup> NL: Número de orden de parto o lactación



## EFECTO DE LOS FENOTIPOS DE $\alpha$ s1-CASEÍNA BB, BC y BD EN LA COMPOSICIÓN DE LECHE DE OVEJA DE RAZA MERINA

Caio, S.<sup>1</sup>, Izquierdo, M.<sup>2</sup>, Gonzalez, J.<sup>1</sup>, Hernández, F.I.<sup>2</sup>, Corral, J.M.<sup>2</sup>, Rodríguez, J.<sup>1</sup>, Roa, I.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Productos Lácteos. Instituto Tecnológico Agroalimentario, 06071 Badajoz  
\* [isidro.roa@juntaextremadura.net](mailto:isidro.roa@juntaextremadura.net)

<sup>2</sup>Centro de Investigación La Orden-Valdesequera, Junta de Extremadura. Carretera Nacional V, Km 374, Guadajira 06071 (Badajoz).

### INTRODUCCIÓN

El efecto que pueden tener las variantes genéticas de proteínas lácteas en la producción y la composición de la leche ha suscitado un gran interés debido a sus potenciales aplicaciones tanto tecnológicas (Amigo *et al.*, 2000) como para la selección asistida por marcadores. Diversos autores han estudiado el polimorfismo genético de leche de oveja mediante diferentes técnicas como son electroforesis en gel de poliacrilamida a pH 8,6 e isoelectroenfoque en gel, Chianese *et al.*, (1996) y Addeo *et al.*, (1992). Dentro de las fracciones caseínicas se identificaron 3 fenotipos de  $\alpha$ s<sub>1</sub>-caseína (BB, BC y BD), según la nomenclatura establecida por Chianese *et al.* (1996). Así el objetivo de este trabajo ha consistido en la identificación de los diferentes fenotipos de  $\alpha$ s<sub>1</sub>-caseína en leche de oveja Merina y asociarlos a caracteres de producción y calidad con el fin de adecuar la producción lechera de ovinos a su principal uso, la producción de queso. En este trabajo se han observado diferencias significativas del contenido en grasa, proteína y extracto seco total entre las ovejas portadoras del fenotipo BD y las ovejas portadoras del fenotipo BB en la leche del primer control.

### MATERIAL Y MÉTODOS

La leche utilizada procedía de un rebaño de ovejas de raza Merina del Centro de Investigación Agraria Finca La Orden-Valdesequera de la Junta de Extremadura. Para estudiar los fenotipos se analizaron 189 muestras individuales recogidas durante las lactaciones comprendidas entre el otoño de 2004 y la primavera de 2005. Las caseínas se obtenían por precipitación isoelectrónica siguiendo el método descrito por Aschaffenburg y Drewry (1959). Cada muestra de caseína liofilizada se sometía a electroforesis discontinua en geles de poliacrilamida (disc-PAGE) a pH 8,6 como se indica en Chianese *et al.*, (1996) y a isoelectroenfoque en geles de poliacrilamida (IEF) según Addeo *et al.*, (1992).

Para estimar la influencia de los fenotipos observados en la composición de leche, se utilizaron 525 resultados de composición (grasa, proteína, lactosa, extracto seco total y extracto seco magro) calculados en un analizador automático Milko-Scan (Foss Electric, Dinamarca), correspondientes a 1025 lactaciones consecutivas desde el otoño de 1999 hasta la primavera de 2006 de las 189 ovejas estudiadas. Los porcentajes de calidad de la mañana o de la tarde, se obtuvieron multiplicando los porcentajes de calidad media de la mañana o tarde por los kilogramos de leche de la mañana o de la tarde de cada carácter y dividido por cada una de las distintas producciones totales: producción total al primer control, real, tipificada a 120 días mediante el método Fleischmann y leche ordeñada, respectivamente.

El efecto del fenotipo sobre los caracteres de producción y composición se analizó con un modelo mixto utilizando el procedimiento mixed del paquete estadístico SAS (SAS Institute, 1998). Se consideraron como factores el intervalo parto-destete (3 niveles), la paridera (15 niveles: desde septiembre 1999 a enero 2006), tipo de parto (2 niveles, simple o doble), el ordeño (2 niveles: mañana y tarde). El modelo incluía los siguientes efectos:

$$Y_{ijkl} = \mu + X_i + T_j + P_k + NP_l + Gen_m + Oveja_n + e_{ijklmn}$$

Donde  $Y_{ijkl}$  es el valor de cada uno de los caracteres de la calidad de leche (porcentaje medio diario de proteína, grasa, lactosa, extracto seco magro y extracto seco total),  $\mu$  es la media para cada carácter,  $X_i$  es el efecto del intervalo parto-destete,  $T_j$  es el efecto del tipo de parto,  $P_k$  es el efecto de la paridera,  $NP_l$  es el efecto del número de parto,  $Gen_m$  es el efecto del fenotipo de  $\alpha_{s1}$ -caseína,  $Oveja_n$  es el efecto aleatorio de la oveja y  $e_{ijklm}$  es el error residual que incluye los efectos del ambiente asociado con cada animal.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se han observado mediante electroforesis alcalina (disc-PAGE, a pH 8,6) tres perfiles de  $\alpha_{s1}$ -caseína identificados como formas heterocigóticas correspondientes a los fenotipos BB, BC y BD descritos por Chianese *et al.*, (1996). El fenotipo BB muestra tres bandas, la central de mayor intensidad. El perfil del fenotipo BC se caracteriza por tener tres bandas siendo las dos bandas más catódicas con intensidad superior a la más anódica. El fenotipo BD revela cinco bandas de las cuales las tres más anódicas coinciden con las bandas del perfil BB y presenta dos más en posición más catódica.

La separación de las proteínas en base a las diferencias de sus puntos isoeléctricos (isoelectroenfoque) permitió confirmar los fenotipos BB, BC y BD en la zona de la  $\alpha_{s1}$ -caseína.

El fenotipo BC presentó la mayor frecuencia fenotípica con un valor del 70,9 %, (Tabla 1) seguido del fenotipo BB con el 25,4 % y, con una frecuencia más baja, el fenotipo BD (3,7 %). Estos resultados están de acuerdo con los obtenidos por López-Gálvez *et al.* (1999), Pirisi *et al.* (1999) y Serrano-Moyano *et al.* (1999) indicando que en la leche de las razas ovinas españolas los alelos B y C son los más frecuentes. El alelo D ha sido también detectado en la raza Merino por Piredda *et al.*, (1994) y Serrano Moyano *et al.* (1999).

El fenotipo de la caseína no influyó significativamente sobre ninguno de los caracteres de producción cuantitativa de leche. Tampoco resultado significativo para la mayoría de los caracteres de composición de leche excepto para la composición al primer control en la que resultaron significativas el porcentaje de grasa diaria ( $p= 0.0923$ ), porcentaje de proteína ( $p= 0.0532$ ) y porcentaje extracto seco total ( $p= 0.0563$ ) (Tabla 2). El estudio estadístico del efecto del fenotipo en la composición de leche (Tabla 2) reveló que los fenotipos de la  $\alpha_{s1}$ -caseína presentan diferencias significativas ( $p<0,05$ ) únicamente para composición al primer control en todos los parámetros estudiados excepto en la lactosa y extracto seco magro. Otros investigadores (Bolla *et al.*, 1989; Piredda *et al.*, 1993; Chianese *et al.*, 1997; Pirisi *et al.*, 1999 y Amigo *et al.*, 2000) encontraron un efecto significativo al correlacionar los fenotipos de la  $\alpha_{s1}$ -caseína con la composición de leche de oveja. En nuestro caso, únicamente resultaron significativos la grasa, la proteína y el extracto seco total en el primer control no en el conjunto de la lactación.

Respecto a las variables de cantidad de leche estudiadas no hubo ninguna influencia del fenotipo en la producción, sin embargo, Chianese *et al.*, (1997), al estudiar ovejas portadoras del alelo B, observó una mayor producción de leche. Respecto a las variables de composición de leche estudiadas, únicamente el contenido en grasa, proteína y extracto seco total al primer control de las ovejas portadoras del fenotipo BD fue significativamente superior ( $P<0,05$ ) al observado para las ovejas portadoras de los otros fenotipos. Pero esta influencia no se mantuvo para los mismos parámetros de calidad ajustados para leche total producida, tipificada a 120 días u ordeñada. Por otra parte, Piredda *et al.*, (1993); Pirisi *et al.*, (1999) y Amigo *et al.*, (2000) comprobaron que en ovejas portadoras del alelo C daban lugar a leches con mayor contenido en sólidos totales, proteína o grasa y que su aptitud para la producción de queso era mayor. Por tanto los resultados obtenidos en este trabajo no dan lugar a conclusiones definitivas. En un futuro próximo nuevos trabajos utilizando la técnica de electroforesis capilar podrán aportar resultados más concluyentes.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Addeo, F., Mauriello, R., Moro, L., Laezza, P., Chianese, L., Di Luccia, A. 1992. *Milchwissenschaft*. 47, 283-287 • Amigo, L., Recio, I., Ramos, M. 2000. *International Dairy Journal*. 3, 135-149. • Aschaffenburg, R., Drewry, J. 1959. 15th Int. Dairy Cong. Sec. V 1631-1637. • Bolla, P., Caroli, A., Mezzelani, A., Rizzi, R., Pagnacco, G., Fraghy, A., Casu, S. 1989. *Animal Genetics* 1, 78-79 • Chianese, L., Mauriello, R., Tripaldi, C., Taibi, L., Dell'aquila, S. 1997. en *Milk Protein Polymorphism* (pp. 316-323). Bruselas, Bélgica. International Dairy Federation. • Chianese, L., Garro, G., Laezza, P., Mauriello, R., Ferranti, P., Addeo, F. 1996. *J. Dairy Res.* 63, 49-59 • López-Gálvez, G., Chianese, L., Addeo, F., Amigo, L., Ramos, M. 1999. *Milchwissenschaft* 54, 17-19. • Piredda, G., Papoff, C.M., Sanna, S.R., Campus, R.L. 1993. *Scienza e Tecnica Lattiero-Casearia*, 54, 135-143. • Pirisi, A., Piredda, G., Papoff, C.M., Di Salvo, R., Pintus, S., Garro, G., Ferranti, P., Chianese, L. 1999. *J. Dairy Res.* 66, 409-19. • SAS User's Guide, Release 6.12. 1998. SAS Institute Inc., Cary, NC. • Serrano-Moyano, B., Garzón, A.I., Garro, G., Chianese, L., Martínez, J. 1999. *Arch. Zootec.* 48, 197-206.

## AGRADECIMIENTOS

Beca predoctoral I.N.I.A., Plan Regional de Investigación Proyecto PRI+DT+I (2PR03B027), fondos FEDER, INTERREG III y Junta de Extremadura (Consejería de Infraestructuras y Desarrollo Tecnológico). Asociación de criadores de ganado Merino.

Tabla 1. Frecuencias fenotípicas de  $\alpha_{s1}$ -caseína observadas en leche de oveja Merina.

Fenotipos observados de $\alpha_{s1}$ -caseína	Nº de observaciones (nº de ovejas)	Frecuencias fenotípicas (%)
BB	48	25,4
BC	134	70,9
BD	7	3,7

Total de observaciones: 189.

Tabla 2. Composición de la leche en función de los fenotipos de  $\alpha_{s1}$ -caseína para producción al primer control. (Valores de medias de los mínimos cuadrados  $\pm$  error standard)

		Fenotipo de $\alpha_{s1}$ -caseína		
		BB	BC	BD
<b>Grasa</b>	n	134	365	25
	media $\pm$ se (%)	7.04 $\pm$ 0.12 <sup>a</sup>	7.21 $\pm$ 0.08 <sup>ab</sup>	7.65 $\pm$ 0.27 <sup>b</sup>
<b>Proteína</b>	n	134	365	25
	media $\pm$ se (%)	6.14 $\pm$ 0.09 <sup>a</sup>	6.31 $\pm$ 0.06 <sup>b</sup>	6.41 $\pm$ 0.20 <sup>ab</sup>
<b>Lactosa</b>	n	115	305	20
	media $\pm$ se (%)	4.49 $\pm$ 0.04	4.44 $\pm$ 0.02	4.49 $\pm$ 0.08
<b>Extracto seco magro</b>	n	134	365	25
	media $\pm$ se (%)	11.48 $\pm$ 0.08	11.59 $\pm$ 0.06	11.74 $\pm$ 0.19
<b>Extracto seco total</b>	n	134	365	25
	media $\pm$ se (%)	18.45 $\pm$ 0.17 <sup>a</sup>	18.70 $\pm$ 0.12 <sup>a</sup>	19.45 $\pm$ 0.40 <sup>b</sup>

<sup>a,b</sup> letras iguales: grupos homogéneos ( $P < 0,05$ ); letras diferentes: grupos significativamente diferentes ( $P < 0,05$ ); n: nº de observaciones.

## ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD Y RELACIONES GENÉTICAS ENTRE CINCO RAZAS OVINAS DEL PIRINEO ORIENTAL

Ferrando, A., Parés, P.M., Marmi, J., Avellanet, R., Jordana, J.

Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. Edifici V; 08193-Bellaterra (Barcelona). Jordi.Jordana@uab.es

### INTRODUCCIÓN

Las razas Xisqueta, Aranesa, Ripollesa, Tarasconesa y Roja del Rosellón, son razas locales ovinas distribuidas en comarcas Pirenaicas y pre-Pirenaicas del norte de España, las tres primeras, y sur de Francia, las dos últimas. La raza Aranesa está estrechamente emparentada con la Tarasconesa y probablemente comparten su origen más ancestral con la raza Merina. La raza Ripollesa se originó a partir de cruces entre antiguas poblaciones autóctonas de las comarcas nororientales de Catalunya con ovejas trashumantes de la raza Merina. La raza Xisqueta, en cambio, pertenece al Tronco Ibérico que deriva de ovinos procedentes de Asia Central. La Roja del Rosellón, parece tener sus orígenes más ancestrales en las poblaciones procedentes del Norte de África. El objetivo de este trabajo es explorar la variabilidad genética de estas cinco razas ubicadas en los Pirineos Orientales, y determinar el grado de diferenciación genética existente entre ellas.

### MATERIAL Y MÉTODOS

En el estudio se han incluido animales pertenecientes a 5 razas ovinas de los Pirineos Orientales: Xisqueta (N=98), Aranesa (N=90), Ripollesa (N=55), Tarasconesa (N=44) y Roja del Rosellón (N=24). El ADN fue extraído de muestras de sangre siguiendo un protocolo estándar con fenol-cloroformo (Ausubel *et al.*, 1987). Las poblaciones fueron analizadas para 12 marcadores de ADN de tipo microsatélite: McM42, INRA49, McM527, TGLA53, MAF65, HSC, OarCP20, OarCP34, OarCP49, OarFCB11, McM218 y MAF214. Los productos de PCR fueron analizados en un secuenciador ABI3730 (Applied Biosystems) usando ROX70-500 como marcador interno del tamaño de los fragmentos. Los análisis estadísticos sobre la estima de la diversidad genética y de la estructura poblacional han sido realizados con los programas GENETIX v4.05 (Belkhir *et al.*, 2001) y FSTAT (Goudet, 1995). Se han obtenido los valores de heterocigosidad esperada ( $H_E$ ) con el estimador no sesgado de Nei (1978) y de heterocigosidad observada ( $H_o$ ), el porcentaje de loci polimórficos, las frecuencias alélicas y la riqueza alélica corrigiendo el tamaño muestral a N=23. El valor de  $F_{ST}$  y la estima del flujo génico entre poblaciones (siguiendo la fórmula  $Nm = (1-F_{ST})/4*F_{ST}$ ) han sido calculados con el estimador  $\theta$ , de Weir y Cockerham (1984), de la  $F_{ST}$  de Wright. El déficit de heterocigotos en cada locus para cada población ha sido calculado estimando el valor del  $F$ -estadístico análogo a la  $F_{IS}$  de Wright. Finalmente, se ha obtenido un dendrograma de relación entre razas mediante el algoritmo neighbour-joining a partir de la distancia  $D_A$  (Nei *et al.*, 1983), utilizando el programa POPULATIONS v1.2.28 (Langella, 2002). La robustez de cada rama fue probada realizando 1000 reemplazos sobre los loci.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los 12 loci amplificaron y fueron polimórficos en las cinco razas ovinas. El número total de alelos fue de 155 para el conjunto de las razas. El número total de alelos por locus varió entre 10 (INRA49 y OarCP34) y 25 (OarCP49). Dentro de cada raza, la Xisqueta presentó el mayor número de alelos, mientras que el valor menor fue para la Roja del Rosellón, probablemente debido a la diferencia de muestras analizadas en cada raza. Se detectó un total de 22 alelos propios, 10 de ellos en la raza Xisqueta. La riqueza alélica ajustada a un mismo tamaño muestral para todas las razas (N=23) siguió presentando un valor más elevado en la raza Xisqueta. Las otras cuatro razas presentaron un valor similar entre ellas. La heterocigosidad observada varió entre 0.699 (Aranesa) y 0.750 (Roja del Rosellón). Las razas Xisqueta y Aranesa mostraron un déficit significativo de heterocigotos ( $p < 0.05$ ) del 5.2 y el 6.1%, respectivamente, para el conjunto de los loci. En cambio a nivel de locus, sólo

MAF214 mostró un déficit significativo de heterocigotos en la raza Xisqueta ( $p < 0.05$ ). La Tabla 1 muestra los principales valores de diversidad genética.

En la Tabla 2 se muestran los valores de  $F_{ST}$  entre las diferentes razas así como el número de migrantes entre poblaciones por generación. Ambos indican un flujo génico relativamente bajo entre la Roja del Rosellón y el resto de razas ovinas del Pirineo Oriental. La Figura 1 presenta el árbol filogenético no enraizado de las razas realizado con la distancia  $D_A$  de Nei. En general, las diferencias genéticas debido a la estructura racial son muy bajas, entre el 1% y el 4.8%. De las cinco razas, la Roja del Rosellón es la que presenta una mayor distancia genética respecto a las demás. Como era esperable, las razas Aranesa y Tarasconesa, que comparten el mismo origen, se agrupan juntas.

Como conclusión, las razas ovinas estudiadas del Pirineo Oriental muestran una elevada variabilidad genética a nivel de marcadores microsatélite y una diferenciación genética poco pronunciada. De todas ellas, la Roja del Rosellón es genéticamente la más distante.

### AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el *Departament d'Agricultura, Ramaderia i Pesca de la Generalitat de Catalunya*. También agradecemos a los ganaderos, y a las diferentes asociaciones de las razas, su ayuda y colaboración durante el período de muestreo.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Ausubel, F. M., Brent, R., Kingston, R. E., Moore, D. D., Seidman, G. G., Smith, J. A., Struhl, K. 1987. *Current Protocols in Molecular Biology*. Green Publishing Associates and Wiley-Interscience, New York. • Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., Bonhomme, F. 2001. GENETIX 4.02, Logiciel sous Windows TM pour la Génétique des Populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions: CNRS UMR 5000. Université de Montpellier II, Montpellier (France). • Goudet, J. 1995. FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity*, 86, 385-386. • Langella, O. 2002. Population 1.2.28. Logiciel de génétique des populations. Laboratoire Populations, génétique et évolution, CNRS UPR 9034, Gif-sur-Yvette, <http://www.cnrs-gif.fr/pge/>. • Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89, 583-590. • Nei, M., Tajima, F., Tateno, T. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution*, 19, 153-170.

Tabla 1. Valores de diversidad genética de las cinco razas ovinas. Abreviaciones:  $H_E$ , heterocigosidad esperada con el estimador no sesgado de Nei (1978);  $H_O$ , heterocigosidad observada; SD, desviación estándar; n.a., número total de alelos; a.p., alelos propios de cada raza; r.a. riqueza alélica para un tamaño muestral corregido a  $N=23$ ;  $F_{IS}$ , estimador del déficit de heterocigotos dentro de las razas.

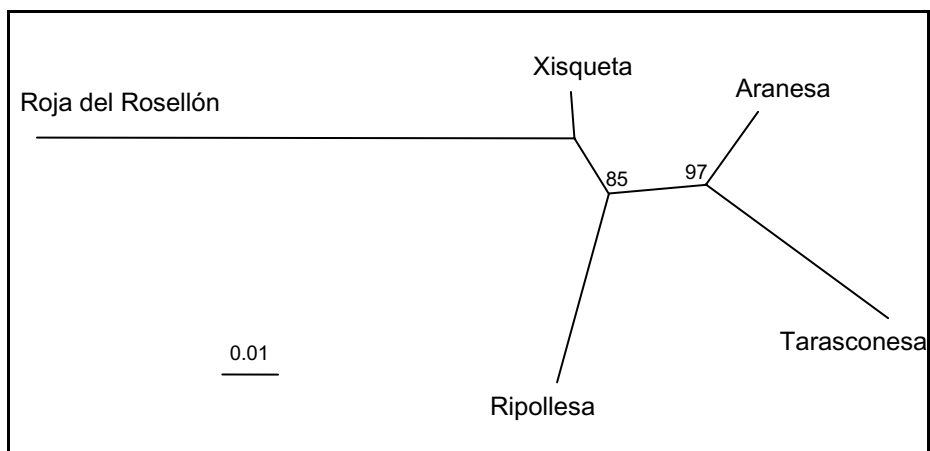
Raza	$H_E \pm SD$	$H_O \pm SD$	n.a.	a.p.	r.a.	$F_{IS}$
<b>Xisqueta</b>	0.768 $\pm$ 0.106	0.728 $\pm$ 0.130	137	10	8.50	0.052*
<b>Aranesa</b>	0.744 $\pm$ 0.111	0.699 $\pm$ 0.121	117	3	7.62	0.061*
<b>Tarasconesa</b>	0.747 $\pm$ 0.127	0.736 $\pm$ 0.129	102	2	7.63	0.016
<b>Ripollesa</b>	0.758 $\pm$ 0.107	0.744 $\pm$ 0.120	111	5	7.50	0.019
<b>Roja del Rosellón</b>	0.741 $\pm$ 0.094	0.750 $\pm$ 0.146	89	2	7.35	-0.012

\*,  $p < 0.05$

Tabla 2. En la diagonal superior se presentan los valores de  $F_{ST}$  entre poblaciones, según Weir y Cockerham (1984); en la diagonal inferior se detalla el número de migrantes entre poblaciones por generación ( $Nm$ ).

	Xisqueta	Aranesa	Tarasconesa	Ripollesa	Roja del Rosellón
Xisqueta	---	0.01246	0.01084	0.01005	0.02941
Aranesa	19.82	---	0.01242	0.01888	0.04492
Tarasconesa	22.81	19.87	---	0.01537	0.04795
Ripollesa	24.64	12.99	16.02	---	0.04191
Roja del Rosellón	8.25	5.32	4.96	5.72	---

Figura 1. Árbol filogenético de las cinco razas ovinas realizado mediante el método *neighbour-joining* con la distancia  $D_A$  de Nei. La robustez ha sido probada para 1000 reemplazos sobre los loci. La escala representa la distancia genética.



## PARÁMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES DE PRODUCCIÓN DE LECHE EN VACAS MESTIZAS TROPICALES

Chirinos, Z., Márquez, O.

Universidad del Zulia, Facultad de Agronomía, Departamento de Zootecnia. Maracaibo. Venezuela. Apartado 15205, Maracaibo 4005-A. [zhirino@luz.edu.ve](mailto:zhirino@luz.edu.ve)

### INTRODUCCIÓN

La ganadería bovina llamada de doble propósito (leche y carne) en Venezuela, se ha presentado como una alternativa que le ha permitido al ganadero utilizar animales cruzados en un amplio rango de condiciones ambientales, obteniéndose niveles variables de producción de leche de manera eficiente, económicamente más estable y flexible en las respuestas a cambios relativos de precios para leche y carne en el mercado nacional. Sin embargo, estos sistemas con animales mestizos, están limitados en su nivel de producción por factores tanto genéticos como ambientales (Rodríguez-Hernández, 1998).

El conocimiento de los aspectos genéticos de una población es esencial para la obtención de la información que sirve para orientar a los productores y técnicos en la identificación de animales superiores genéticamente, teniendo como objetivo un progreso genético mayor en los programas de selección. Para ello, es necesario conocer los valores de los componentes de varianza y calcular los parámetros genéticos de la característica determinada. De la estimación correcta de estos parámetros depende la precisión de las estimaciones de los valores genéticos y del progreso genético en una población. Estos parámetros genéticos son necesarios al evaluar programas de mejora, así como para la predicción de valores genéticos (Marion *et al.*, 2001).

El objetivo de este estudio fue estimar los parámetros genéticos para la producción de leche total y ajustada a 305 días en vacas mestizas tropicales.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Los datos fenotípicos provienen de los registros productivos de animales pertenecientes a la hacienda "La Esperanza" de la Facultad de Agronomía de La Universidad del Zulia. Ubicada en el Km. 107 de la carretera Maracaibo-Machiques, Municipio Rosario de Perijá, Zulia. Venezuela. Zona de Bosque Seco Tropical, con una precipitación y temperatura promedio de 1100 mm/año y 28 °C respectivamente, suelos de baja fertilidad y escasa retención de humedad. El manejo de la explotación se corresponde con un sistema de doble propósito semi-intensivo, que se caracteriza por ordeño mecánico sin apoyo del becerro, alimentación a base de pastos (*Panicum maximum*, *Brachiaria humidicola*, *Digitaria xumfulosi* y *Echinochloa polistachya*), complementada durante el verano dependiendo de la calidad del pasto con heno, ensilaje, sales minerales y concentrado (1-2 kgs/animal/día<sup>-1</sup>). Otras materias primas se incorporaron alternativamente dependiendo de su disponibilidad en la zona, tales como la yacija y harina de maíz. El rebaño está constituido por vacas mestizas producto de cruces alternos con predominio ½ *Bos taurus* x *B. indicus* obtenidos tanto por inseminación artificial.

Se eliminaron aquellas vacas con lactancias menores a 250 días y más de 400 días de ordeño, sin información de primer parto, con un intervalo entre partos menores a 305 días, y sin datos de producción. Finalmente quedaron 2455 lactancias en 507 vacas con partos entre 1987 y 2000 e hijas de 41 toros.

El modelo mixto utilizado incluyó los efectos fijos de año-época de parto (Años 13 clases; Épocas 3 clases: Enero-Abril, Mayo-Agosto, Septiembre-Diciembre), el número de partos de la vaca (4 clases: 1,2,3,>4), Grupo genético (G1 < 50% *Bos taurus* (BT); G2 > 50% BT y G3 mestizo indefinido) y como efectos aleatorios: efecto aditivo directo del animal (a), ambiente permanente (p), y residual (e). Los componentes de varianza para cada

característica en estudio se estimaron usando el método Máxima Verosimilitud Restringido (REML), usando el programa computacional VCE4.0 (Groeneveld, 1998).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los valores promedios  $\pm$  desviación estándar (DS), mínimos y máximos para la producción de leche total (PL) y ajustada a 305 días de lactancia (PL305), se presentan en la Tabla 1. Los promedios de producción de 3.066,8 Kg. y 2.980,5 Kg. supera las producciones registradas por Acosta y col., (1998) con vacas mestizas en una región muy similar y cuyas producciones fueron de 2133,8 y 1958,1 para PL y PL305 respectivamente. Sin embargo, se consideran inferiores a las producciones de vacas Holstein en países como Chile: 5.044,1 Kg. (Uribe y Smulders, 2004), Brasil: 4.578,0 Kg. (Marion *et al.*, 2001) y resultaron comparables a los obtenidos en Cuba: 3028,0 Kg, con animales mestizos 5/8 Holstein x 3/8 Cebú (Hernández, 1998). Tales discrepancias se asocian normalmente a variaciones ambientales como nivel de manejo, factores climáticos y nutrición (Hernández, 1998)

Tabla 1. Valores promedios, mínimos y máximos para producción de leche total (PL) y producción ajustada a 305 días de lactancia (PL305) de vacas mestizas tropicales

Variable	Promedio	DS	Mínimo	Máximo
PL (Kg)	3.066,8	1.074,5	1.520,3	4.250,4
PL305 (Kg)	2.980,5	930,9	1.308,4	3.572,1

Los componentes de varianza estimados para la producción de leche total y ajustada a 305 días en esta población, se muestran en la tabla 2. El coeficiente de heredabilidad para PL y PL305 fue de 0,23 y 0,19 respectivamente; estos valores aunque están en el límite inferior, se encuentra dentro de los rangos de estimaciones para producción de leche bovina e incluso en animales puros Holstein (Marion *et al.*, 2001, Uribe y Smulders, 2004) y las reportadas para vacas mestizas cubanas (Hernández, 1998) cuyos valores oscilaron entre 0,17 y 0,22 para los distintos grupos genéticos evaluados.

Campos *et al.* (1994) analizaron registros de reproducción y producción de leche en vacas Holstein y Jersey de Florida, Estados Unidos; el tamaño de la muestra estudiada fue similar a la reportada en este estudio. Los registros fueron de 4.293 vacas Holstein y 2.143 vacas Jersey; sus estimaciones de heredabilidad para producción de leche fueron 0.34 y 0.32 para Holstein y Jersey, respectivamente.

Las varianzas genética, ambiental permanente y residual de este estudio fueron inferiores a las encontrada con datos de ganado Overo Chileno: 162.853, 163.266, y 323.228 respectivamente (Uribe y Smulders, 2004) y en el ganado Holstein Brasileño: 308.213, 6.177 y 1.487 respectivamente (Marion *et al.*, 2001), usando el modelo descrito en este trabajo. Las estimaciones de los componentes de varianza y coeficientes de heredabilidad suelen ser heterogéneos de acuerdo con diversos niveles de la producción de leche, desviación de la media del rebaño, cantidad total de datos a evaluar y de la forma de la edición de los datos, entre otros.

Los parámetros genéticos determinados demostraron, que existen diferencias aditivas para responder a la selección y que se podrían utilizar como un punto de partida en la modelización más correcta para la evaluación genética de este carácter y permitiría hacer una mejor identificación de toros mejoradores para la producción de leche.



Tabla 2. Componentes de varianza genética ( $\sigma_a^2$ ), ambiental permanente ( $\sigma_p^2$ ), residual ( $\sigma_e^2$ ), índices de heredabilidad ( $h^2$ ) y repetibilidad (r) para la producción de leche total (PL) y ajustada a 305 días (PL305) en vacas mestizas tropicales.

Variable	$\sigma_a^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_e^2$	$h^2$	r
PL (Kg.)	217.858,38	56.639,15	671.024,79	0,23	0,29
PL305 (Kg.)	123.056,83	31966,25	497.728,02	0,19	0,24

### AGRADECIMIENTOS

Los autores desean expresar su agradecimiento al Consejo de Desarrollo Científico y Humanístico de La Universidad del Zulia (Proyecto CONDES-LUZ No. CC-0623-06) por su apoyo financiero a esta investigación.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Acosta, J., Pereira, N., Padrón, S., Chirinos, Z., Rincón, E., Villalobos, R., Marin, D. 1998. Producción de leche del ganado mestizo en una zona de bosque seco tropical. Revista Científica de la Facultad de Ciencias Veterinarias. LUZ. VII (2): 99-104.
- Campos, M. S., C. J. Wilcox, C. M. Becerril, A. Díaz. 1994. Genetic parameters for yield and reproductive traits of Holstein and Jersey Cattle in Florida. *J. Dairy Sci.* 77: 867-873.
- Groeneveld, E., García-Cortés, A. 1998. VCE 4.0. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Armidale, Australia.
- Hernández, D. 1998. Evaluación de los cruzamientos en las ganaderías de doble propósito y su desarrollo en Cuba. En: Mejora de la Ganadería Mestiza de Doble Propósito. C. González-Stagnaro, N Madrid y Eleazar Belloso. Ed. Astro Data. 61-75.
- Marion, E., Nogara, P., Barbosa, G., Everling, M., Fernandes, H. 2001. Estudo da Heterogeneidade das Variâncias para as Características Produtivas de Rebanhos da Raça Holandesa no Rio Grande do Sul. *Rev. Bras. Zootec.*30 (S6): 1995-2001.
- Rodríguez-Hernández, T. 1998. La Ganadería doble propósito en la agricultura sostenible. En: Mejora de la Ganadería Mestiza de Doble Propósito. C. González-Stagnaro, N Madrid y Eleazar Belloso. Ed. Astro Data. 13-32.
- Uribe, H.A., Smulders, J.P. 2004. Estimación de parámetros y tendencias fenotípicas, ambientales y genéticas para características de producción de leche en bovinos overos colorados. *Arch. Med. Vet.* XXXVI N° 2. 137-146.

## SELECCIÓN DEL CARÁCTER VELOCIDAD DE ORDEÑO Y SU INCLUSIÓN EN UN ÍNDICE DE SANIDAD DE LA UBRE EN VACUNO LECHERO.

Fernández-Perea, M.T.<sup>1</sup>, Carabaño Luengo, M.J.<sup>1</sup>, Alenda Jiménez, R.<sup>2</sup>, Serrano Noreña M.<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Mejora Genética Animal. INIA. Carretera de A Coruña Km 7,5. 28040 Madrid. mayte@inia.es

<sup>2</sup>Depto. Producción Animal.E.T.S.I.A.Universidad PolitécnicaCiudad Universitaria.28040Madrid

### INTRODUCCIÓN

La mastitis es la enfermedad con mayor repercusión económica en las explotaciones de vacuno lechero debido al elevado coste que supone su tratamiento y al desecho que provoca (Shook y Shultz, 1994). El desarrollo de un índice de sanidad de la ubre que permita seleccionar los animales más resistentes a la mastitis y disminuir los costes de tratamiento y desecho que provoca la enfermedad es, por tanto, de interés para los productores. Cuando no se dispone de datos en los que se registre la incidencia de la enfermedad, los caracteres que se incluyen en el índice son el recuento celular y caracteres de conformación de ubre, por su correlación con presencia de mastitis en el rebaño. Otro carácter relacionado con los anteriores y que supone un importante coste en las explotaciones es la velocidad de ordeño. La naturaleza categórica de este carácter plantea dos alternativas de análisis, el uso un modelo lineal o de un modelo umbral. Varios estudios argumentan la ventaja de utilizar los modelos umbrales para caracteres categóricos (Kadarmideen *et al.*, 2000; Zwald *et al.*, 2006) ya que los valores estimados de las heredabilidades son mayores que utilizando el modelo lineal clásico. Esto supone una mayor precisión a la hora de escoger los reproductores genéticamente más resistentes a mastitis para la siguiente generación. El objetivo de este trabajo es investigar la inclusión del carácter velocidad de ordeño en un índice de sanidad de la ubre utilizando alternativamente un modelo lineal o un modelo umbral.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Los datos utilizados en el trabajo corresponden a las tres primeras lactaciones de la población frisona del País vasco y Navarra, suministrados por EFRIFE desde 1990 hasta el año 2002. En total fueron analizadas 20.023 lactaciones de 7.888 vacas, con un total de 28.798 animales en el pedigree.

La tabla 1 describe los caracteres profundidad de ubre (PU), colocación de pezones anteriores (CPA), colocación de pezones posteriores (CPP), distancia entre pezones (DEP), recuento celular por lactación (RCS) y velocidad de ordeño (VO), así como la media y desviación típica de los mismos.

Tabla 1. Descripción, número de observaciones (N), media (X) y desviación típica (DT) de los caracteres utilizados en el índice de sanidad de ubre.

Carácter	Descripción del carácter*	N	X	DT
PU	1= baja,..., 9 =alta (6,5,4)	7.888	5.13	1.57
CPA	1=exteriores,..., 9=interiores (6,5,4)	7.888	4.51	1.54
CPP	1=exteriores,...,9 =interiores (6,5,4)	7.888	5.97	1.62
DEP	1=juntos...9=separados (6,5,4)	7.888	4.75	1.23
RCS	Media del log <sub>2</sub> del recuento ajustado	20.023	3.74	1.34
VO	1=fácil...3=difícil (2)	7.888	1.88	0.59

\*valores óptimos entre paréntesis

Los seis caracteres descritos se analizaron usando dos modelos multicarácter que, alternativamente consideraban un modelo lineal para todos los caracteres (modelo MCL) o lineal para los caracteres de tipo y recuento celular y umbral para el carácter velocidad e ordeño (modelo MCU). La tabla 2 muestra los efectos considerados y el número de niveles de los mismos para cada carácter.

El análisis estadístico se llevó a cabo usando inferencia bayesiana con Gibbs sampling. Tras un periodo de calentamiento de 20,000 iteraciones se utilizaron 220,000 iteraciones adicionales para hacer inferencia sobre la distribución marginal posterior de los parámetros desconocidos. Se utilizó el programa informático gibumb56kk.for desarrollado por Legarra (2002, comunicación personal).

Tabla 2. Número de niveles de los efectos rebaño-año-estación (Rae), edad al parto (Ep), días en lactación (DI), número de lactación (NI), calificador (CI), animal (An) y ambiental permanente (pe), considerados en el modelo lineal para los caracteres incluidos en el índice.

Carácter	Rae	Ep	DI	NI	CI	An	pe
PU,CPA,CPP,FTL	1298	46	30	2	14	28.798	7888
RCS	2183	-	-	3	-	28.798	7888
VO	2068	-	-	-	-	28.798	-

-: efecto no considerado en el modelo

Se desarrolló un índice lineal de selección para sanidad de ubre (ISU) combinando los seis caracteres mencionados bajo los dos modelos alternativos.

$$ISU = \mathbf{b}'\hat{\mathbf{u}}$$

, donde  $\mathbf{b}$  es el vector que contiene los coeficientes de ponderación de cada carácter y  $\hat{\mathbf{u}}$  es el vector de valores genéticos predichos para cada carácter. El vector  $\mathbf{b}$  de pesos del índice, se calculó según la ecuación:

$$\mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1}\mathbf{G}\mathbf{a}$$

, siendo:  $\mathbf{P}$  la matriz de (co)varianzas fenotípicas de los caracteres incluidos en el índice de selección,  $\mathbf{G}$  la matriz de (co)varianzas genéticas entre los seis caracteres del índice de selección y los caracteres del genotipo agregado (RCS en este caso) y  $\mathbf{a}$  el vector de valores económicos en el agregado genotípico (el valor económico para el recuento celular, calculado a partir de la derivación de la función de beneficio con respecto a esa variable según Pérez-Cabal *et al.*, 2004).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las estimas de heredabilidades y correlaciones entre los caracteres del índice bajo los dos modelos, MCL y MCU, se muestran en la tabla 3. El uso de uno u otro modelo apenas tuvo efecto en las estimas de heredabilidades o correlaciones, excepto para la heredabilidad del carácter VO, que fue más alta bajo el modelo MCU. Los valores de heredabilidad para el carácter VO encontrados en este estudio concuerdan con los encontrados en otros estudios, en los que se reseñan valores entre 0.10 y 0.15 para la heredabilidad en la escala subyacente (Zwald *et al.*, 2006).

Tabla 3. Estimaciones de las correlaciones genéticas (triángulo superior), fenotípicas (triángulo inferior) y heredabilidades (diagonal) para los seis caracteres que componen el índice de selección calculadas con el modelo lineal para todos los caracteres (MCL) y con el modelo umbral para velocidad ordeño (MCU).

Carácter	MCU						MCL					
	PU	CPP	CPA	FTL	RCS	VO	PU	CPP	CPA	FTL	RCS	VO
PU	<b>0.35</b>	0.25	0.21	-0.13	-0.51	0.04	<b>0.36</b>	0.25	0.22	-0.14	-0.57	-0.00
CPP	0.16	<b>0.25</b>	0.54	-0.34	-0.20	-0.10	0.16	<b>0.24</b>	0.57	-0.37	-0.21	-0.13
CPA	0.16	0.41	<b>0.25</b>	-0.16	-0.07	-0.06	0.26	0.41	<b>0.26</b>	-0.16	-0.05	-0.07
DEP	-0.08	-0.14	-0.07	<b>0.33</b>	0.12	0.12	-0.09	-0.14	-0.07	<b>0.32</b>	0.12	0.14
RCS	-0.15	-0.05	-0.04	0.00	<b>0.18</b>	-0.18	-0.16	-0.05	-0.03	0.06	<b>0.15</b>	-0.17
VO	-0.07	-0.05	-0.05	0.08	-0.07	<b>0.19</b>	-0.06	-0.04	-0.05	0.07	-0.06	<b>0.14</b>

La tabla 4 muestra los valores de los pesos de los caracteres en el índice utilizando MCL y MCU. Esto da lugar a dos ranking distintos, que se comparan en la tabla 5 para toros

con más de 30 hijas. Aproximadamente un 60% de los toros sufrieron alteraciones mínimas (5 puestos o menos) en el ranking, mientras que un 8% alteró su posición en más de 10 puestos.

Tabla 4. Valores de los pesos del índice calculados para el modelo lineal ( $b_{MCL}$ ) y el modelo umbral ( $b_{MCU}$ ) para los distintos caracteres.

	PU	CPP	CPA	DEP	RCS	VO
$b_{MCL}$	0.088	0.022	-0.188	-0.016	-0.173	0.052
$b_{MCU}$	0.095	0.019	0.008	-0.003	-0.123	0.125

Tabla 5. Porcentaje de cambio en el ranking de machos con más de 30 hijas, calculando el índice con el modelo lineal (MCL) y modelo umbral (MCU) para velocidad de ordeño.

Nº cambios de posición	MCL-MCU (%)
No cambia de posición	8.5
Menos de 5 posiciones de cambio	52
De 5 a 10 posiciones	28
+de 10 posiciones	8

El uso de un modelo umbral para la evaluación genética del carácter VO en la población analizada presenta ventajas frente al uso del modelo lineal en cuanto a la obtención de estimas más elevadas de la heredabilidad, con un consiguiente aumento de la precisión en la estima del valor genético de los reproductores. Por otra parte, la selección para mejorar la sanidad de la ubre mediante el índice propuesto no se alteraría de forma sustancial en función del modelo empleado para VO. Más aun, el reducido tamaño de los grupos de comparación y el elevado coste computacional que requiere la metodología umbral, son las desventajas más importantes que hacen que esta alternativa sea, de momento, difícilmente transferible a corto plazo a la evaluación genética nacional de la velocidad de ordeño.

## AGRADECIMIENTOS

A EFRIFE por la aportación de los datos de velocidad de ordeño.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Fernández *et al.* 2000. Estudio del carácter velocidad de ordeño y recuento de células somáticas en primera lactación en la población frisona del país vasco. ITEA. Producción Animal, vol. 96, nº 3: 270-276
- Kadarmideen *et al.* 2000. Linear and threshold model genetic parameters for disease, fertility and milk production in dairy cattle. Anim. Sci. 71: 411-419.
- Pérez-Cabal *et al.* 2004. Costes de mastitis en vacuno de leche. ITEA. Producción Animal, vol. 100, nº 3: 244-248
- Shook y Schutz. 1994. Selection on somatic cell score to improve resistance to mastitis in the United States. J. Dairy Sci. 77:648-658.
- Zwald *et al.* 2006. Genetic Analysis of Clinical Mastitis Data from On-Farm Management Software Using Threshold Models. J. Dairy Sci. 89:330-336.

## ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA EL PESO AL NACER EN BECERROS CRIOLLO LIMONERO DE VENEZUELA

Contreras, G. E.<sup>1</sup>, Chirinos, Z.<sup>2</sup>, Rico, M.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA). Zulia, Venezuela. gcontreras@inia.gob.ve. <sup>2</sup>Universidad del Zulia, Facultad de Agronomía, Maracaibo, Venezuela. <sup>3</sup>Universidad Politécnica de Madrid. ETSIA. Madrid. España.

### INTRODUCCIÓN

El Criollo Limonero, es una raza bovina venezolana originaria de los primeros bovinos hispanos traídos a la América durante la colonia y que su reservorio genético permanece intacto, ha sido catalogado como el "**Bos Taurus Tropical**", describiéndose como una raza resistente a plagas y enfermedades, excelente en el aprovechamiento de los pastos naturales y mejorados, con una alta eficiencia reproductiva y gran facilidad para el parto de las hembras y docilidad en el manejo (Bracho *et al.*, 2002). De este ganado se ha evaluado su comportamiento productivo y reproductivo en estudios de investigación aislados, debido a que la producción de leche representa el mayor renglón de los ingresos económicos de los ganaderos que lo explotan.

El peso al nacer es el primer valor de crecimiento que podemos evaluar en los animales, y con el que inferimos sobre el desarrollo en el periodo prenatal, el cual depende en gran medida de la condición corporal de la madre durante el período de gestación y especialmente en el último tercio de la misma. Este indicador en ganaderías bovinas tropicales, orienta el manejo que puede dársele al animal en los primeros días de vida, ya que becerros con pesos muy bajos o altos tienen dificultad para amamantarse, lo que resultaría en una ingestión insuficiente o retrasada de calostro que puede traer como consecuencia un alto riesgo de infecciones y enfermedades, que comprometerían la sobrevivencia del becerro (Martínez *et al.*, 1998). La importancia de conocer las tasas de crecimiento y las variaciones del peso en becerros resulta evidente al momento de su selección como futuros reemplazos, para el levante o ceba y más aún, como reproductores de doble propósito, ya que permiten asegurar el mejoramiento de diversos aspectos de la producción.

El objetivo de esta investigación fue estimar los parámetros genéticos para el peso al nacer en becerros de la raza Criollo Limonero.

### MATERIAL Y MÉTODOS

La base de datos se obtuvo de los registros oficiales de los becerros Criollo Limonero, nacidos en La Estación Local Carrasquero del INIA, ubicada en el sector Playa Bonita, municipio Mara, Estado Zulia, Venezuela. Latitud norte 11° y longitud oeste de 72°. La zona corresponde a Bosque seco Tropical con precipitación promedio anual entre 810 y 920 mm., la temperatura media anual 27,4 °C con valores máximos de 35,2 °C y mínimos 19,7 °C y humedad relativa de 77,3 %. Los datos fueron editados, descartándose toda aquella información que biológicamente no fuese posible, registros erróneos con problemas en la fecha nacimiento, información de los progenitores y animales duplicados, quedando en total 6.769 registros de datos y 8770 registros de pedigrí.

El modelo mixto utilizado incluyó los efectos fijos de sexo del animal (macho o hembra), la agrupación año-época de nacimiento (Años 11 clases: entre ≤ 1967, y >1998; Épocas 3 clases: Enero-Abril, Mayo-Agosto, Septiembre-Diciembre), el número de partos de la vaca (7 clases: 1,2,3,4,5,6 y >7), realizándose el análisis mediante el paquete estadístico Statistical Analysis System (SAS, 2001) y como efectos aleatorios: efecto aditivo directo del animal (*a*), aditivo materno (*m*), admitiéndose una covarianza entre los mismos, proporcional a la matriz de relación (*A*). La estimación de los parámetros genéticos se realizó mediante el programa VCE-REML (Groeneveld y García-Cortés, 1998).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En cuanto a los efectos fijos estudiados de: sexo de la cría, año-época de nacimiento y número de parto, todos afectaron significativamente ( $p < 0,001$ ) el peso al nacer. La media estimada para el peso al nacer fue de  $26,7 \pm 4,4$  Kg.; siendo el peso al nacer de las hembras de  $25,6 \pm 0,10$  kg. y de los machos  $27,6 \pm 0,10$  kg. La media se mantuvo dentro de los valores reportado para las razas criollas colombianas, caracterizadas por producir crías de bajo peso al nacer, inferiores a 30 Kg. (Martínez *et al.*, 1994). Los becerros resultaron más pesados que las hembras (6,89 %, superior); similares comportamiento fueron encontrados por Aranguren *et al.* (2006), con animales bovinos mestizos de doble propósito. Aparentemente, esta ventaja de los machos sobre las hembras, se atribuye al efecto fisiológico basal de la testosterona circulante, como agente anabolizante en el macho (Bracho *et al.*, 2002).

El efecto año-época de nacimiento, se explica por las variaciones debidas al manejo, cambios climáticos y a la disponibilidad de forrajes, tanto en cantidad como en calidad, existentes para la alimentación en el último tercio de la gestación de las vacas. En cuanto al efecto del número de parto, las novillas están aún en crecimiento por ello producen crías más livianas, y en la Estación local donde fueron criados han sido el grupo etario que ha tenido más disminuido la oferta forrajera durante los últimos años, por otro lado, las vacas de más partos tienden también a producir becerros de bajo peso al nacer debido a un menor pasaje de nutrientes por problemas de irrigación placentaria (Aranguren *et al.*, 2006).

En la tabla 1, se presentan las estimaciones de los parámetros genéticos, siendo la varianza genética aditiva directa obtenida, superior a la reportada por Ferraz *et al.* (2000) y Domínguez-Viveros (2003) utilizando razas sintéticas Santa Gertrudis (cruzados Brahman x Shorthorn) y la raza llamada Tropicarne (cruces de Senepol, Barzana, Brahman y Charoláis); pero inferior a la encontrada en animales mestizos de doble propósito venezolanos (Aranguren *et al.*, 2006). La varianza genética aditiva materna obtenida en este estudio de 0,59, fue superior a la reportadas en la raza sintética de 0,37 (Domínguez-Viveros, 2003). La superioridad de la varianza genética directa, sobre la varianza genética materna, nos indica el grado de importancia para esta raza de los efectos genéticos directos con respecto a los maternos. Reportes previos (Aranguren *et al.*, 2006), han señalado la importancia relativa de los efectos aditivos directos, aditivos maternos y maternal permanente en el crecimiento predestete del ganado de carne (Plasse, 1978).

En cuanto a los estimadores de la heredabilidad directa y materna del peso al nacer (tabla 1); los valores obtenidos pueden considerarse bajos (0,17 y 0,029 respectivamente); probablemente, motivado al fuerte impacto de las condiciones ambientales, sobre las vacas gestantes, como la distribución de las lluvias en la zona (zona de bosque seco tropical, con escasa precipitaciones e inundaciones en época de lluvia) que afecta tanto la cantidad como la calidad de los forrajes, afectado la expresión del potencial genético de estos animales es criar animales fuertes y vigorosos al momento del nacimiento. Es por ello que se ha recomendado realizar a partir de este proyecto las pruebas de progenie y/o selección por pedigrí. En el ganado cebú de se han obtenidos valores de heredabilidad con rangos entre 0,11 - 0,67 (Plasse, 1978). Igualmente, Ossa *et al.* (2005) obtuvieron en la raza Criollo Romosinuano heredabilidades entre 0,17 y 0,25; mientras que, otros estudios de ganado criollos Blanco Orejinegro y Sanmartinero reportaron rangos entre 0,24 y 0,85 (Martínez *et al.*, 1996).

Los resultados de esta investigación demuestran que existen suficientes diferencias aditivas para responder a la selección en cualquier etapa del crecimiento animal en estas poblaciones y aprovechar el potencial genético de esta raza de ser mejorada y conservada.

Tabla 1. Componentes de (Co) varianza y heredabilidad estimados para el peso al nacer en becerros de la raza Criollo Limonero

Característica	Peso al Nacer
<b>(Co) varianza</b>	
$\sigma_a^2$ Varianza genética aditiva directa	3,47
$\sigma_m^2$ Varianza genética aditiva materna	0,59
$\sigma_{a,m}$ Covarianza efecto directa- materno	0,98
$\sigma_e^2$ Varianza ambiental	15,37
$\sigma_p^2$ Varianza fenotípica.	20,41
$h^2_a$ Heredabilidad Directa	0,17
$h^2_m$ Heredabilidad Materna	0,029
$h^2_t$ Heredabilidad total	0,26

$$h^2_t = \text{Heredabilidad Total } \left( \frac{\sigma_a^2 + 0,5 \times \sigma_m^2 + 1,5 \times \sigma_{a,m}}{\sigma_p^2} \right)$$

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aranguren-Méndez, J., Bravo, R.R., Villasmil O.Y., Chirinos de F., Z., Romero, J. y Soto, E. 2006. Revista Científica, FCV-LUZ. Vol. XVI, N° 1, 55-61.
- Bracho, I., Contreras, G., Pirela, M., Zambrano, Z. 2002. La raza Criollo Limonero: Una realidad para la ganadería de doble propósito. CGS(Eds). Ediciones Astro Data. 11-39.
- Domínguez-Viveros, J., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Ruíz-Flores, A. 2003. Agrociencia 37: 323-335.
- Ferraz, B.S., Esler, J.P., Ribeiro, P.M.T. 2000. Livestock Research for Rural Development 12 (2). <http://www.cipav.org.co/lrrd/lrrd12/2/ferr122a.htm>.
- Groeneveld, E., García-Cortés, A. 1998. VCE 4.0. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Armidale, Australia.
- Martínez, C., Frahman, R., Buchanan, D.. 1994. Rev. ICA. 29:135-164.
- Martínez, G., Petrocinio, J., Herrera, P. 1998. Rev. Fac. Agron. (LUZ). 1998, 15: 446-454.
- Martínez, C., González, F., Huertas, R. 1996. 3er Congreso Iberoamericano de razas autóctonas y criollas. Santafé de Bogotá. p.490-500.
- Ossa, S.G., Suárez, T. M., Pérez, G. J. 2005. Rev. MVZ Córdoba. 10:(1), 564-572.
- Plasse, D. 1978. World Review of Animal Production. 14 (4):29 p.
- Statistical Analysis System Institute (SAS). 2001. Version 8.01. Ed, Cary, SAS Institute Inc.

## UTILIZACIÓN DE RAZAS OVINAS DE CARNE PARA MEJORAR LA PRODUCTIVIDAD DE LOS REBAÑOS DEL NORESTE DE PATAGONIA.

Alvarez, J. M.<sup>1</sup>, García Vinent, J. C.<sup>1</sup>, Giorgetti, H. D.<sup>2</sup>, Rodríguez, G.<sup>2</sup> Rodríguez Iglesias, R.<sup>3</sup>, Baselga, M.<sup>4</sup>

<sup>1</sup> EEA Valle Inferior-Convenio INTA provincia de Río Negro. <sup>2</sup> Chacra Experimental Patagones, MAAyP provincia de Buenos Aires. <sup>3</sup> Departamento de Agronomía. Universidad Nacional del Sur. <sup>4</sup> Departamento de Ciencia Animal. Universidad Politécnica de Valencia.

[malvarez@correo.inta.gov.ar](mailto:malvarez@correo.inta.gov.ar)

### INTRODUCCIÓN

La producción de carne en las explotaciones ovinas de la Patagonia ha sido variable y no se ha adaptado a la demanda de los consumidores (Miñón *et al.*, 2000). Esto implica, entre otras cosas, reconvertir los sistemas actuales de producción, aumentar el peso y la calidad de las canales de corderos. Las razas más difundidas en la región, Merino y Corriedale, no permiten lograr estos objetivos a corto plazo. La utilización de razas especializadas en producción de carne, en esquemas de cruzamientos terminales permitiría solucionar este problema. Los estudios locales se han realizado sobre ovejas Merino, y los resultados no han sido consistentes (Enrique *et al.*, 1998; La Torraca *et al.*, 1998). El objetivo de este ensayo, fue estudiar la influencia de la raza del morueco sobre el crecimiento, terminación comercial y las características de la canal de la progenie de ovejas Corriedale, en el noreste de Patagonia.

### MATERIAL Y MÉTODOS

El ensayo se realizó durante los ciclos productivos 2002 y 2003 en el Campo Experimental Patagones (40 ° 39' S, 62 ° 54' W, 40 msnm). Se utilizaron 240 ovejas adultas de la raza Corriedale, que fueron estratificadas por peso y estado corporal y asignadas a cuatro razas paternas: Corriedale (CO), Border Leicester (BL), Ile de France (IF) y Texel (TX). La parición se extendió desde el 15/08 al 20/09. Al nacimiento, se identificaron los corderos, la madre, el tipo de parto y la fecha. Se calculó el peso ajustado y la ganancia diaria a los 90 días (destete). Las condiciones de terminación comercial, se fijaron de acuerdo a los requerimientos de los compradores locales de corderos livianos (peso mínimo de 23 kg y puntuación de estado corporal superior a 2,5). Al destete, se faenaron todos los corderos machos sin castrar registrándose el peso de la canal caliente. La conformación, se evaluó utilizando los patrones vigentes en la Comunidad Económica Europea. Asimismo, se realizaron mediciones objetivas de conformación sobre la canal y se calcularon los índices de compacidad de la pierna (ancho de grupa/largo de la pierna), compacidad de la canal (peso /largo interno) y la relación entre el ancho de tórax y el largo interno de la res ( $Wr/L$ ). Se analizaron datos de 435 corderos nacidos, 390 destetados y 116 machos sacrificados. Las variables continuas, se analizaron mediante modelos lineales que incluyeron efectos fijos y aleatorios utilizando el programa PEST (Groeneveld y Kovac, 1990). La raza paterna, año de crianza, sexo y tipo de parto o crianza se trataron como efectos fijos. Los efectos aleatorios, incluyeron el valor aditivo del animal y el efecto del ambiente permanente de la madre. Las componentes de varianza, se estimaron mediante REML. La comparación de medias se realizó mediante contrastes de hipótesis utilizando un estadístico F. Para los caracteres de la canal se incorporó la edad del animal como covariable. El análisis de sobrevivencia y terminación comercial, se realizó ajustando un modelo lineal generalizado, asumiendo distribución binomial del término del error experimental y utilizando función de ligamiento logit. Para comparar las proporciones, se utilizó la prueba de Chi-cuadrado de Pearson con la corrección de continuidad de Yates.



## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

**Crecimiento y terminación comercial:** La interacción tipo de parto-sexo resultó significativa para peso al nacimiento ( $p < 0,05$ ). En los partos simples, los corderos machos presentaron un peso superior al de las hembras ( $5,31 \pm 0,09$  vs.  $4,83 \pm 0,09$  kg;  $p < 0,05$ ) mientras que no hubo diferencias en los partos dobles. Al destete los machos fueron más pesados que las hembras ( $p < 0,05$ ); mientras que éstas presentaron mayor condición corporal a los 90 días ( $p < 0,05$ ; Tabla 1). En este sentido, se ha mencionado una mayor actividad lipogénica y tamaño de los adipositos en corderas (Mendizábal *et al.*, 1997). Para terminación comercial, resultó significativa la interacción lactancia-sexo ( $p < 0,05$ ). Un porcentaje significativamente mayor de machos, alcanzó la terminación comercial en lactancias simples (82 % vs 62 %), pero no en lactancias dobles (41 % vs 43 %).

Tabla 1. Medias mínimo cuadráticas del sexo de los corderos para caracteres de crecimiento y terminación comercial.

Sexo	Sobrevida (%)	Ganancia diaria predestete ( $\text{kg día}^{-1}$ )	Peso 90 días (kg)	Condición corporal	Edad a terminación (días)
Hembras	88,8 <sup>a</sup>	0,206 <sup>a</sup>	21,74 <sup>a</sup>	2,8 <sup>a</sup>	77 <sup>a</sup>
Machos	88,9 <sup>a</sup>	0,214 <sup>b</sup>	23,02 <sup>b</sup>	2,6 <sup>b</sup>	75 <sup>a</sup>

Letras diferentes por columna indican diferencias significativas ( $p < 0,05$ ).

Las razas de carne, no aumentaron el peso al nacimiento ni la sobrevivencia ( $p > 0,05$ ). Los animales cruza, resultaron más pesados al destete y un mayor porcentaje alcanzó la terminación comercial ( $p < 0,05$ ) en menor tiempo (Tabla 2). La menor velocidad de crecimiento de los corderos cruza TX respecto del resto de las cruza, se debería a la muestra de padres utilizada. Éstos provienen de rebaños cuyos padres fundadores, importados desde Uruguay, han sido seleccionados por conformación y menos por velocidad de crecimiento (Bianchi *et al.*, 1999). Los corderos cruza, alcanzaron la terminación en menor tiempo que los CO ( $p < 0,05$ ). Este aspecto, es particularmente importante en los sistemas extensivos del noreste de Patagonia. Luego del destete, se produce una marcada disminución del crecimiento y calidad de las pasturas, en consecuencia, los corderos pierden estado corporal.

Tabla 2. Medias mínimo cuadráticas de la raza paterna para caracteres de crecimiento y terminación comercial.

Raza paterna	Peso al nacimiento (kg)	Sobrevivencia (%)	Ganancia diaria predestete ( $\text{kg día}^{-1}$ )	Peso 90 días (kg)	Condición corporal	Terminación comercial (%)	Edad a terminación (días)
CO	4,67 <sup>a</sup>	89,00 <sup>a</sup>	0,193 <sup>a</sup>	21,25 <sup>a</sup>	2,6 <sup>a</sup>	46,50 <sup>a</sup>	81 <sup>a</sup>
BL	4,64 <sup>a</sup>	92,00 <sup>a</sup>	0,217 <sup>bc</sup>	23,51 <sup>b</sup>	2,6 <sup>ab</sup>	68,20 <sup>b</sup>	74 <sup>b</sup>
IF	4,71 <sup>a</sup>	90,50 <sup>a</sup>	0,225 <sup>c</sup>	24,06 <sup>b</sup>	2,9 <sup>c</sup>	72,70 <sup>b</sup>	73 <sup>b</sup>
TX	4,76 <sup>a</sup>	94,30 <sup>a</sup>	0,205 <sup>ab</sup>	23,00 <sup>b</sup>	2,8 <sup>bc</sup>	60,70 <sup>b</sup>	76 <sup>ab</sup>

Letras diferentes por columna indican diferencias significativas ( $p < 0,05$ ).

**Características de la canal:** A edad constante, los corderos TX x CO presentaron mayor rendimiento ( $p < 0,05$ ). Esto explica, que si bien no se diferenciaron *in vivo* de los corderos puros, las canales resultaran más pesadas (Tabla 3). El mayor rendimiento de los corderos cruza TX ha sido ampliamente documentado (Kremer *et al.*, 2004, Wolf *et al.*, 1980). Los corderos cruza presentaron piernas y canales más compactas ( $p < 0,05$ ), proporcionalmente más anchas que CO ( $p < 0,5$ ). Existe evidencia experimental, que soporta la traducción de estos resultados en mayor proporción de cortes valiosos (Tatum *et al.*, 1998).

Tabla 3. Medias mínimo cuadráticas de la raza paterna para características de la canal.

Raza paterna	Peso de la canal (kg)	Rendimiento	Compacidad de pierna	Compacidad de la canal	Wr/L
CO	10,61 <sup>a</sup>	0,4241 <sup>a</sup>	0,988 <sup>a</sup>	0,200 <sup>a</sup>	0,346 <sup>a</sup>
BL	12,17 <sup>b</sup>	0,4216 <sup>a</sup>	1,031 <sup>b</sup>	0,220 <sup>b</sup>	0,355 <sup>ab</sup>
IF	11,83 <sup>b</sup>	0,4322 <sup>ab</sup>	1,034 <sup>b</sup>	0,223 <sup>b</sup>	0,374 <sup>c</sup>
TX	11,65 <sup>b</sup>	0,4481 <sup>b</sup>	1,025 <sup>b</sup>	0,220 <sup>b</sup>	0,366 <sup>bc</sup>

Letras diferentes por columna indican diferencia significativa ( $p < 0,05$ ).

Estas diferencias, se reflejaron en la clasificación de las canales en categorías de conformación (Tabla 4). Mientras que las canales de corderos hijos de padres BL e IF se concentraron en categorías superiores de conformación ( $p < 0,05$ ), lo opuesto ocurrió con las canales CO y TX x CO ( $p < 0,05$ ). En cuanto al engrasamiento, se destacó la cruce BL x CO, con mayor proporción de canales en la categoría 4 ( $p < 0,05$ ). La diferencia entre el comportamiento de IF y TX, coincide con lo reportado por Wolf *et al.* (1980), quienes encontraron que a peso constante los corderos cruce IF presentaban mayor espesor de grasa dorsal que TX.

Tabla 4. Distribución de la conformación y engrasamiento según la raza paterna.

Raza paterna	Conformación					Engrasamiento		
	E	U	R	O	P	2	3	4
CO	7 <sup>a</sup>	11 <sup>a</sup>	39 <sup>a</sup>	36 <sup>c</sup>	7 <sup>a</sup>	7 <sup>ab</sup>	75 <sup>b</sup>	18 <sup>a</sup>
BL	4 <sup>a</sup>	46 <sup>b</sup>	50 <sup>a</sup>	0 <sup>a</sup>	0 <sup>a</sup>	0 <sup>a</sup>	38 <sup>a</sup>	62 <sup>b</sup>
IF	9 <sup>a</sup>	51 <sup>b</sup>	29 <sup>a</sup>	8 <sup>ab</sup>	3 <sup>a</sup>	9 <sup>ab</sup>	51 <sup>ab</sup>	40 <sup>ab</sup>
TX	14 <sup>a</sup>	18 <sup>a</sup>	47 <sup>a</sup>	21 <sup>bc</sup>	0 <sup>a</sup>	18 <sup>b</sup>	54 <sup>ab</sup>	28 <sup>a</sup>

Letras diferentes por columna indican diferencia significativa ( $p < 0,05$ ).

Los resultados expuestos, indican que los cruzamientos mejoran el crecimiento y peso al destete de los corderos (8,2 a 13,2 %). Esto produjo diferencias relevantes en la proporción de animales que alcanzaron las condiciones mínimas de comercialización. Esta variable, registró aumentos del 30,5 al 56,5 % en las cruces. Los corderos cruce presentaron canales más compactas y consecuentemente fueron mejor clasificadas por conformación. Se concluye que la utilización de razas de carne en cruzamientos terminales, permitiría incrementar la productividad de los rebaños locales.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bianchi, G., Garibotto, G., Caravia, V., Bentancour, O., Michelena, A., Debellis, J., Otero, E. 1999. Producción Ovina. 12, 37 - 49.
- Boujenane, I., Kansari, J. 2002. Small Rumin. Res. 43: 115 – 120.
- Enrique, M., García Vinent, J. C., Durañona, G. G., Willems, P. 1998. Rev. Arg. de Prod. Anim. 18, S1, 299 – 300.
- Groeneveld, E., Kovac, M. 1990. En: 4<sup>th</sup> World Congress on Genetic Applied to Livestock Production. XIII 488. Edinburgh.
- Kremer, R., Barbato, G., Castro, L., Rista, L., Rosés, L., Herrera, V., Neirotti, V. 2004. Small Ruminant Research. 2004. 53, 117 – 124.
- La Torraca, A. J., Schenkel, R. A., Albertari, M., Sendin, M. E. 1998. Rev. Arg. de Prod. Anim. V18, S1, 301 – 302.
- Miñón, D. P., García Vinent, J. C., Perlo, A., Cariac, G., Rodríguez, G., Giorgetti, H., Durañona, G., Iglesias, R. 2000. En: Seminario de Producción de Carne Ovina. Información Técnica N° 18. pp. 5 – 23.
- Mendizábal, J. A., Soret, B., Purroy, A., Arana, A., Horcada, A. 1997. Anim. Sci. 64: 283 – 289.
- Tatum, J. D., Samber, J. A., Gillmore, G. R., LeValley, S. B., Williams, F. L. 1998. J. Anim. Sci. 76, 774 – 780.
- Wolf, B. T., Smith, C., Sales, D. I. 1980. Anim. Prod. 31, 307 – 313.

## INFERENCIA BAYESIANA DE ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL EN LA RAZA BOVINA BLANCA CACEREÑA.

Padilla, J. A. <sup>a</sup>, Calero, R. <sup>b</sup>, Sansinforiano, M.E. <sup>a</sup>, Parejo, J. C. <sup>a</sup>, Martínez-Trancón, M. <sup>a</sup>, Bartolomé, P. <sup>b</sup>, Rabasco, A. <sup>a</sup>.

<sup>a</sup> Dpto. de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos. Facultad de Veterinaria. Universidad de Extremadura. Campus Universitario s/n. 10071. Cáceres. <sup>b</sup> Censyra. Junta de Extremadura. Ctra de S. Vicente s/n. 06071. Badajoz. jpadilla@unex.es

### INTRODUCCIÓN

La utilización de marcadores genéticos altamente polimórficos como los microsatélites se ha generalizado en estudios de diversidad genética y de estructura genética poblacional. El conocimiento de cómo la variación genética está partida entre poblaciones puede tener importantes implicaciones en la biología evolutiva, en la ecología y en el desarrollo de estrategias de conservación.

Las estimaciones convencionales de diferenciación genética entre poblaciones -  $F_{ST}$  de Wright (1951) y/o su análogo  $R_{ST}$  de Slatkin (1995) - son muy dependientes de las diferentes estrategias de muestreo (espacial o temporal) adoptadas, ignorando si la muestra está estratificada por reciente mestizaje, migración o hibridación (Balloux y Lougou-Moulin, 2002). Por otra parte, los métodos basados en distancias genéticas agrupan a los individuos en árboles filogenéticos, considerando los individuos como unidades taxonómicas operativas (Bowcock *et al.*, 1994). Estos métodos han sido muy utilizados ya que son fáciles de aplicar e intuitivos. Sin embargo, los clusters identificados pueden ser muy dependientes tanto del método de estima de la distancia utilizado, como de la representación gráfica elegida. Además, evaluar el significado estadístico de los clusters, que deben ser identificados visualmente, puede ser problemático (Pritchard *et al.*, 2000).

El reciente desarrollo de metodologías bayesianas (Pritchard *et al.*, 2000; Falush *et al.*, 2003) ha proporcionado la capacidad de inferir estructura de los datos por la presencia de desequilibrios de HWE y/o de ligamiento, asumiendo que el genotipo de cada individuo es una mezcla al azar de un número de poblaciones diferentes. La población muestreada es subdividida en las diferentes subpoblaciones (tantas como sea posible) que efectivamente agrupan los individuos, y en las que no existan desequilibrios o sean mínimos.

En este trabajo se pretende caracterizar, mediante métodos bayesianos, la estructura genética poblacional de la raza bovina Blanca Cacereña con objeto de adoptar las estrategias de conservación más adecuadas en el Plan de Conservación de la raza.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Hemos utilizado muestras de sangre de 246 animales (67 ♂ y 179 ♀) de raza Blanca Cacereña, procedentes de las cinco ganaderías que constituyeron el actual núcleo de conservación y de seis ganaderías comerciales, y de los que se tenía evidencia molecular de su pureza racial. El ADN fue extraído utilizando el kit *Perfect gDNA Blood Mini* (Eppendorf AG). Todos los animales se genotiparon con los 20 loci microsatélites (Tabla 1) que fueron más polimórficos en los estudios de variabilidad genética realizados en la raza. Los microsatélites se amplificaron en reacciones de PCR múltiple y los amplicones marcados fluorescentemente se separaron por electroforesis capilar en un analizador genético ABI PRISM 3130 (Applied Biosystems, USA) y se analizaron mediante GeneMapper<sup>®</sup> 3.7.

Las estimaciones del número de alelos por locus, heterocigosidad observada y esperada, y los estadísticos F se estimaron mediante el programa GENETIX 4.05.2 (Belkir *et al.*, 2001). La estructura poblacional fue examinada utilizando el programa STRUCTURE 2.1 (Pritchard *et al.*, 2000; Falush *et al.*, 2003) sin información previa poblacional (suponiendo que todas las muestras pertenecen a una única población), usando 100.000 repeticiones MCMC, después de descartar un período de 10.000, para alcanzar la estacionalidad de la cadena. Dado que la estima del número de subpoblaciones (K) con STRUCTURE, puede depender del modelo utilizado (Falush *et al.*, 2003), hemos corrido varias simulaciones bajo el modelo con mestizaje (con igual y diferente grado de mestizaje,  $\alpha$ , para cada población) y

con los modelos de frecuencias alélicas no correlacionadas y correlacionadas (Modelo F) entre las poblaciones. Los valores previos de K se fijaron entre 1 – 6, y se compararon los Ln de la probabilidad de los datos.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la tabla 1 se muestran el nº de alelos (NA), la heterocigosidad esperada (He) y observada (Ho) y el déficit de heterocigotos ( $F_{IS}$ ) de cada locus analizado en la raza.

Locus	NA	He	Ho	$F_{IS}$	Locus	NA	He	Ho	$F_{IS}$
MM12	7	0,7244	0,7286	-0,006	INRA023	4	0,5213	0,5897	-0,132
HAUT27	5	0,7164	0,8115	-0,133	TGLA53	8	0,4633	0,4274	0,078
HEL5	5	0,6945	0,6955	-0,001	ETH185	3	0,5287	0,6098	0,154
CSSM66	8	0,6791	0,7276	-0,072	BM2113	4	0,4477	0,4735	-0,058
INRA032	7	0,6703	0,7073	-0,055	INRA063	4	0,439	0,449	-0,023
ETH3	5	0,6812	0,6955	-0,021	INRA005	3	0,501	0,5066	-0,011
TGLA122	5	0,6694	0,7231	-0,080	TGLA227	4	0,4435	0,4468	-0,008
HAUT24	5	0,6517	0,7059	-0,083	INRA037	4	0,4431	0,3934	-0,112
BM1818	3	0,6528	0,6157	0,057	BM1824	4	0,4022	0,4303	-0,07
HEL9	6	0,6238	0,6531	-0,047	ETH152	5	0,4445	0,5188	-0,168

Tabla 1. Número de alelos (NA), heterocigosidades esperada (He) y observada (Ho) y el déficit de heterocigotos ( $F_{IS}$ ) de cada locus analizado en la raza Blanca Cacereña.

En los 246 animales de pura raza analizados hemos encontrado un total de 99 alelos con los 20 loci microsatélites analizados. El nº de alelos por locus varió de 3 – 8, con una media de  $4,95 \pm 0,34$  alelos por locus. Las heterocigosis medias esperada y observada fueron de  $0,595 \pm 0,025$  y  $0,570 \pm 0,026$ , respectivamente. El déficit medio de heterocigotos en la población total fue de  $-0,045 \pm 0,017$ .

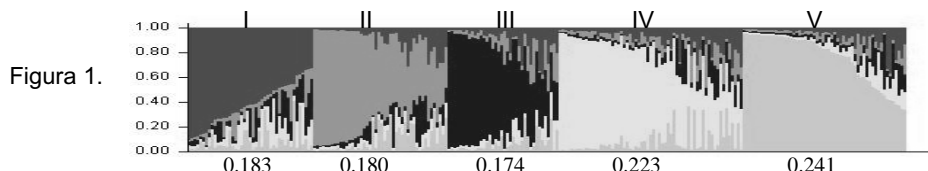
En la Tabla 2 se presenta el resumen de las simulaciones realizadas para inferir el número de subpoblaciones (K) existentes en la raza. Hemos obtenido los mismos resultados en cada uno de los modelos utilizados, las probabilidades de los datos [Ln P(D)] aumentaron hasta K = 5, estimándose 5 subpoblaciones en la raza Blanca Cacereña.

K	MODELOS							
	Frecuencias No correlacionadas				Frecuencias correlacionadas. El "Modelo F"			
	idéntico $\alpha$ en todas las poblaciones		$\alpha$ Individual para cada población		idéntico $\alpha$ en todas las poblaciones		$\alpha$ Individual para cada población	
Ln P(D)	Var[LnP(D)]	Ln P(D)	Var[LnP(D)]	Ln P(D)	Var[LnP(D)]	Ln P(D)	Var[LnP(D)]	
1	-9842.0	39.4	-9841.9	39.3	-9843.2	40.5	-9843.0	40.3
2	-9603.5	242.2	-9632.1	270.3	-9588.3	223.3	-9586.4	218.3
3	-9410.5	385.3	-9518.8	536.3	-9402.1	365.1	-9412.3	379.4
4	-9370.2	632.7	-9445.0	726.9	-9334.8	564.2	-9344.9	463.8
<b>5</b>	<b>-9228.8</b>	656.3	<b>-9391.9</b>	904.6	<b>-9276.7</b>	615.6	<b>-9297.7</b>	689.2
6	-9252.0	877.9	-9549.4	1410.2	-9341.9	985.9	-9332.8	839.2

Tabla 2. Inferencia del número de subpoblaciones (K) existentes en la raza Blanca Cacereña con los modelos de frecuencias correlacionadas y no correlacionadas, con iguales y diferentes grados de mestizaje ( $\alpha$ ) estimados con el programa STRUCTURE.

El valor de K puede estar sobreestimado por la presencia de alelos nulos, por la existencia de parentesco críptico o por una alta consanguinidad (Falush *et al.*, 2003). En nuestro estudio no hemos detectado alelos nulos en los análisis realizados con el programa Micro-Checker v.2.3.3 (van Oosterhout *et al.*, 2004). Además, el parentesco es suficientemente conocido, ya que se realizan controles genealógicos desde hace décadas, y por último el nivel de consanguinidad estimado no es suficiente para justificar una sobreestimación de K.

En la Figura 1 se muestra la proporción de afiliación de cada genotipo a cada uno de los 5 cluster encontrados en la población BC analizada, ordenados dentro de cluster.



La Tabla 3 muestra la proporción de individuos de cada ganadería asignados a cada cluster. El superíndice <sup>(n)</sup> muestra el número de individuos con una  $q_n > 0,8$  (% de procedencia de cada genotipo individual en ese cluster).

Ganaderías	Siglas	Clusters Inferidos					n
		I	II	III	IV	V	
Conservacionistas	CC	0.084	0.137	0.048	<b>0.631<sup>(7)</sup></b>	0.100	12
	DX	0.060	0.205 <sup>(1)</sup>	<b>0.550<sup>(11)</sup></b>	0.138 <sup>(2)</sup>	0.046	25
	EC	0.084	0.051	0.084 <sup>(1)</sup>	0.144 <sup>(1)</sup>	<b>0.637<sup>(21)</sup></b>	42
	EP	0.126	0.074	0.201 <sup>(3)</sup>	<b>0.400<sup>(12)</sup></b>	0.199 <sup>(3)</sup>	47
	SR+P	0.066	<b>0.672<sup>(16)</sup></b>	0.105	0.073	0.083 <sup>(1)</sup>	28
Comerciales	ML+BC+FS+O	<b>0.487<sup>(6)</sup></b>	0.249	0.070	0.061	0.133	23
	ON	0.289 <sup>(2)</sup>	0.106	0.158	0.225 <sup>(7)</sup>	0.222 <sup>(6)</sup>	69
Tabla 3.	Total	45	44	43	55	59	246

Estos resultados indican que existe una tendencia de agrupación de los animales según la ganadería de procedencia. En 4 de los 5 cluster se agrupan los animales procedentes de las ganaderías conservacionistas. Estos resultados son similares a los obtenidos por Parejo *et al.* (2002) con análisis RAPD en esta raza, y a los de Rosenberg *et al.* (2002) en humanos. El modelo F asume que las K poblaciones representadas en la muestra divergieron desde una población ancestral común, y experimentaron diferentes cantidades de deriva. Las ganaderías actuales proceden en su mayor parte de una única población que en los años 70 constituyó el núcleo de conservación (Calero *et al.*, 2000), y en las que ha existido cierto grado de aislamiento reproductivo y escaso flujo genético entre las ganaderías.

Estos métodos además de inferir estructura poblacional, permiten conocer la ascendencia de los individuos y su grado de mestizaje lo que nos permitirá planificar adecuadamente los apareamientos de la siguiente generación para el mantenimiento de la variabilidad genética.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Balloux, F., Lugon-Moulin, N. 2002. *Molecular Ecology* 11: 155-165.
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., Bonhomme, F. 1996-2004. GENETIX 4.05, Université de Montpellier II, (France).
- Bowcock, A.M., Ruiz-Linares, A., Tomfohrde, J., Minch, E., Kidd, J.R., Cavalli-Sforza, L.L. 1994. *Nature* 368: 455-457.
- Calero, R., Padilla, J.A., Parejo, J.C., Bartolomé, P., Martínez-Trancón, M., García-Barreto, L.J., Tabasco, A., Sansinforiano, E., Bravo, J.A. 2000. *Feagas* 17: 70-76.
- Falush, D., Stephens, M., Pritchard, J.K. 2003. *Genetics* 164: 1567-1587.
- Parejo, J.C., Padilla, J.A., Tabasco, A., Sansinforiano, M.E., Martínez-Trancón M. 2002. *Genes & Genetic Systems* 77: 51-58.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P. 2000. *Genetics* 155: 945-959.
- Rosenberg, N.A., Pritchard, J.K., Weber, J.L., Cann, H.M., Kidd, K.K., Zhivotovsky, L.A., Feldman, M. 2002. *Science* 298: 2381- 2385.
- Slatkin, M. 1995. *Genetics* 139: 457-462.
- Van Oosterhout, C., Hutchinson, W.F., Wills, D.P.M., Shipley, P. 2004. *Molecular Ecology Notes* 4: 535-538
- Wright, S. 1951. *Annals of Eugenics* 15: 323-354.

Este trabajo es fruto de un Convenio Junta de Extremadura-UEx en materia de Conservación de Razas. Cofinanciado con fondos europeos FEOGA-ORIENTACIÓN medida 7.8 del programa operativo integrado de Extremadura 2000-2006.

## **INFERENCIA DE HIBRIDACIÓN EN LA RAZA BOVINA BLANCA CACEREÑA.**

Padilla, J. A., Sansinforiano, M.E., Parejo, J. C., Rabasco, A., Martínez-Trancón, M.  
Dpto Producción Animal y Ciencia de los Alimentos. Facultad de Veterinaria. Universidad de Extremadura. Campus Universitario s/n. 10071. Cáceres. jpadilla@unex.es

### **INTRODUCCIÓN**

Entre las razas bovinas españolas, la Blanca Cacereña es quizás la más amenazada de extinción. Está localizada en el S.O. de España. La disminución del censo de esta raza, como la de otras razas locales europeas, se ha producido paulatinamente en la segunda mitad del siglo XX, como consecuencia de la expansión de otras razas altamente seleccionadas e intensivamente gestionadas. En 1979 fue declarada como raza de especial protección por el Ministerio de Agricultura. Desde entonces criadores y organizaciones públicas han trabajado, con mayor o menor éxito, para conservar y recupera esta raza. Todo esto junto a los análisis genéticos moleculares realizados (Parejo *et al.*, 2002) ha permitido el diseño de un plan coordinado de conservación de la raza, en el que la gestión de la conservación se realiza tanto en un núcleo de conservación como en ganaderías comerciales (Calero *et al*, 2000). Aunque existe un estricto control genealógico en el núcleo de conservación, en las ganaderías comerciales dedicadas a la producción de carne se conoce la práctica ganadera de cruzar hembras de esta raza con sementales de razas cárnicas precoces, principalmente la raza Charolesa, para obtener híbridos con buenos rendimientos. El conocimiento de la influencia genética de la raza Charolesa en los rebaños actuales y la identificación de los híbridos en la raza son necesarios para la gestión del Plan de Conservación.

La utilización de marcadores genéticos altamente polimórficos como los microsatélites son una herramienta fiable y frecuentemente utilizada para la estimación de la diversidad genética y de la estructura genética poblacional, parámetros poblacionales necesarios para la gestión de la conservación en poblaciones de animales silvestres y domésticos. Normalmente, los microsatélites son suficientemente variables como para permitir la identificación inequívoca de todos los individuos muestreados en una población. Se han desarrollado varios métodos que emplean genotipos multilocus para seleccionar o excluir poblaciones como origen de los individuos y para inferir estructura poblacional. Estos métodos incluyen una variedad de procedimientos de asignación de máxima verosimilitud (Paetkau *et al.*, 1995, Rannala y Mountain, 1997, Cornuet *et al.*, 1999) y de modelos de agrupamiento bayesianos (Pritchard *et al.*, 2000, Falush *et al.*, 2003, Wilson y Rannala, 2003). En este estudio hemos utilizado 30 loci microsatélites para identificar los animales de raza pura y contribuir con ello al manejo del Plan de Conservación de la raza.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

Poblaciones de referencia: Hemos utilizado muestras de sangre completa de 112 animales (34 ♂ y 78 ♀) de raza Blanca Cacereña (BC), 60 animales (30 ♂ y 30 ♀) de raza Charolesa (CH) y 60 animales (31 ♂ y 29 ♀) de la raza Retinta (RE). Las muestras fueron recogidas de animales no emparentados e inscritos en los Libros de Registro de cada raza. La población de referencia de BC estuvo constituida por animales de raza pura (con genealogía conocida), procedentes de las cinco ganaderías que constituyeron el actual núcleo de conservación. Se utilizaron 68 animales sin genealogía conocida procedentes de 6 ganaderías comerciales para los análisis de asignación a raza e identificación de híbridos.

El ADN genómico de cada animal fue extraído utilizando el kit *Perfect gDNA Blood Mini* (Eppendorf AG). Todos los animales fueron genotipados con los 30 loci microsatélites recomendados por la FAO para los estudios de diversidad genética (<http://www.projects.roslin.ac.uk/cdiv/markers.html>). Los 30 microsatélites se amplificaron solos o en reacciones múltiplex (3 -10 loci co-amplificaban) en 6 reacciones de PCR independientes. Los productos de PCR marcados fluorescentemente se separaron por electroforesis capilar en un analizador genético ABI PRISM 3130 (Applied Biosystems, USA) y se analizaron mediante GeneMapper®. Para estandarizar los resultados se han utilizado seis muestras de ADN de referencia, Holstein, Ayrshire, Limousin, Charolais, Aberdeen Angus y Piedmontese del Roslin Institute (Edimburgo).

Las estimaciones del nº de alelos por locus, heterocigosidad observada y esperada, los estadísticos F y el análisis factorial de correspondencias se estimaron mediante el programa GENETIX 4.05.2 (Belkir *et al.*, 2001). Las diferencias entre medias se estimaron con el paquete estadístico STATGRAPHICS Centurión XV. El equilibrio Hardy-Weimberg se computó mediante test exacto con el programa GENEPOP 3.4 (Raymond y Rousset, 1995).

Hemos utilizado el programa STRUCTURE 2.1 (Pritchard *et al.*, 2000; Falush *et al.*, 2003) para inferir la estructura poblacional y asignar los animales a la población más probable, bajo el modelo con mestizaje y frecuencias alélicas correlacionadas. Para estimar la probabilidad de que un individuo pertenezca a cada población de referencia hemos utilizado el algoritmo de re-muestreo Monte Carlo de Paetkau *et al.*, (2004) con 10000 individuos simulados, utilizando el criterio de asignación de Rannala y Mountain (1997), disponibles en el programa GeneClass v.2.0.f. (Piry *et al.*, 2004, Baudouin *et al.*, 2004).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se han detectado un total de 223 alelos en los 30 loci microsatélites y poblaciones de referencia analizadas. Los valores de variabilidad genética encontrados en la raza BC fueron significativamente menores que los observados para las tres razas analizadas (Tabla 1), y similares a otras razas amenazadas, como la Mallorquina (Martin Burriel *et al.*, 2003).

Raza	MNA	H <sub>o</sub> ± S.E.	H <sub>e</sub> ± S.E.	F <sub>IS</sub>	PA
Blanca Cacereña (BC)	3,53 ± 0,218 <sup>a</sup>	0,512 ± 0,045 <sup>a</sup>	0,452 ± 0,038 <sup>a</sup>	-0,132	7
Charolais (CH)	5,97 ± 0,385 <sup>b</sup>	0,660 ± 0,032 <sup>b</sup>	0,664 ± 0,030 <sup>b</sup>	0,006	36
Retinto (RE)	5,77 ± 0,341 <sup>b</sup>	0,652 ± 0,029 <sup>b</sup>	0,656 ± 0,027 <sup>b</sup>	0,006	25
Total	7,43 ± 0,400	0,586 ± 0,031	0,656 ± 0,027	-0,048	

Tabla 1. Número medio de alelos por locus (MNA), heterocigosidades medias observada (H<sub>o</sub>) y esperada (H<sub>e</sub>), déficit de heterocigotos (F<sub>IS</sub>), y el nº de alelos privados de cada raza, observados con 30 loci microsatélites en las tres razas analizadas. Los superíndices indican diferencias (P < 0.05) entre los valores medios.

Las estimaciones de los estadísticos F para todos los loci y poblaciones, mostraron valores de diferenciación racial (F<sub>ST</sub> = 0.213) mayores que los obtenidos en otras razas europeas (8-11%) (MacHugh *et al.*, 1998; Kantanen *et al.*, 2000; Cañón *et al.*, 2001). En promedio, las razas tuvieron un - 4,8 % de exceso de heterocigotos (F<sub>IS</sub>), mientras que la población total alcanzó el 17,5% (F<sub>IT</sub>). La mayor diferenciación genética se encontró entre la raza BC y las otras razas. No se encontraron loci microsatélites en desequilibrio H-W en las tres razas a la vez.

El análisis factorial de correspondencias reveló una clara separación de las tres razas. Hemos obtenido resultados similares en los análisis realizados con STRUCTURE, sin utilizar información previa poblacional, asumiendo que las poblaciones de referencia de las razas constituían una única e hipotética población. Las muestras se han agrupado en tres "clusters" genéticos distintos (K = 3), cada uno correspondiente a una raza (Figura 1A).

La asignación racial de los 68 individuos BC sin genealogía conocida y la identificación de los híbridos se realizó con STRUCTURE, con dos aproximaciones modélicas: sin y con información poblacional previa. En el primer caso, los animales de cada raza son asignados a los clusters 1, 2 ó 3, estimando la probabilidad (q<sub>i</sub>) de que cada genotipo pertenezca a cada uno de los tres clusters. En el segundo caso, asumimos que los individuos proceden de una de las tres razas predefinidas, y *structure* asigna los individuos y estima la probabilidad de que cada individuo tenga un ancestro en los otros grupos, tanto en la generación muestreada como en la 1ª y 2ª generaciones anteriores. En ambas aproximaciones modélicas se han obtenido los mismos resultados. En 31 de los 68 animales sin genealogía conocida las probabilidades de afiliación a la raza BC eran q<sub>i</sub> < 0.86. El resto de los animales BC se agruparon en el cluster 1 con una proporción de afiliación q<sub>i</sub> > 0.99. Los híbridos interraciales se identifican en la fig. 1B. Estos resultados han sido confirmados, además, por el método de computación de probabilidades de Paetkau *et al.* (2004), ya que con excepción de los 31 animales híbridos, el resto de los animales fueron excluidos de las razas de las que no procedían y asignados a su verdadera población de origen.

En el segundo modelo "con información poblacional" se ha inferido la ascendencia de los 31 híbridos. La mayor parte de ellos fueron híbridos BC-CH. Así, 2 animales mostraron

una probabilidad  $q_2 > 0.98$  (Cluster 2) de ser migrantes de la raza CH (híbridos con varias generaciones de retrocruzamiento); 7 animales tuvieron ascendencia significativa en la primera generación pasada (un padre) y 14 en la segunda generación (un abuelo) de raza Charolesa ( $q_2 \geq 0.897$ ). Excepto 1 animal que tuvo un abuelo en el cluster 3 (RE,  $q_3 = 1$ ), el resto tuvieron ancestros en las segundas generaciones de los cluster 2 y 3 (4 animales) o de los cluster 1, 2 y 3 (3 animales).

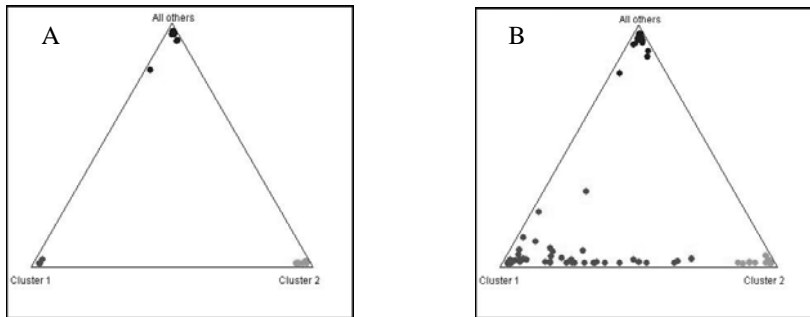


Figura 1. Resumen de los resultados de agrupamiento asumiendo tres razas. Cada punto muestra la proporción individual de afiliación ( $q_i$ ) de las muestras. Los Clusters 1 a 3 representan los genotipos BC, CH y RE, respectivamente. Los genotipos mestizos se representan intermedios entre los clusters. A) Poblaciones de referencia. B) Agrupamiento obtenido al incluir los 68 animales BC a asignar ( $N = 180$ ).

En los últimos años se está generalizando la utilización de los métodos bayesianos para la detección de híbridos en animales domésticos (Freeman et al. 2005; Cañón et al. 2006; García et al. 2006). Nuestros resultados permiten identificar los animales de la raza BC y los animales híbridos, confirmando la existencia de cruzamientos con una raza cárnica mejorante, como es la raza Charolesa. Esta identificación constituye una de las fases primordiales en el manejo y gestión del plan de conservación, ya que permitirá preservar el acervo genético que la caracteriza y evitar la sustitución con otras razas foráneas, y puede proporcionar una valoración genética objetiva que facilite las decisiones para la concesión de ayudas a la cría en pureza (Decreto 34/97, Junta de Extremadura)

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Baudouin, L., Piry, S. et al. 2004. *Journal of Heredity* 95: 217–24.
- Belkhir, K., Borsa, P. et al. 1996-2004 GENETIX 4.05, Université de Montpellier II (France).
- Calero, R., Padilla, J.A., et al. 2000. *Feagas*, 17: 70-76.
- Cañón, J., Alexandrino, P. et al. 2001. *Genetics Selection and Evolution* 33: 311-389.
- Cañón, J., García, D. et al. The ECONOGENE Consortium. 2006. *Animal genetics* 37: 327-334.
- Cornuet, J.M., Piry, S. et al. 1999. *Genetics* 153: 1989-2000.
- Falush D., Stephens M. y Pritchard J.K. (2003) *Genetics* 164: 1567–1587.
- Freeman, A.R., Bradley, D.G. et al. 2006. *Animal Genetics*. 37(1):1-9.
- Garcia, D., Martínez, A. et al. 2006. *Meat Science* 72: 560-566
- Kantanen, J., Olsaker, I. et al. 2000. *Journal of Heredity* 91: 446-457.
- MacHugh, D.E.R., Loftus, T., et al. 1998. *Animal Genetics* 29: 333 – 340
- Martin –Burriel, I., Osta, R. et al. 2003. *ITEA* 24E.
- Parejo, J.C., Padilla, J.A. et al. 2002. *Genes & Genetic Systems* 77: 51-58.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P. 2000. *Genetics* 155: 945–959.
- Paetkau, D., Calvert, W. et al. 1995. *Molecular Ecology* 4: 347-354.
- Paetkau, D., Slade, R. et al. 2004. *Molecular Ecology* 13: 55-65.
- Piry, S., Alapetite, et al. 2004. *Journal of Heredity* 95 (6): 536–539.
- Rannala, B., Mountain, J.L. . 1997. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 94: 9197 – 9201.

Este trabajo es fruto de un Convenio Junta de Extremadura-UEx en materia de Conservación de Razas. Cofinanciado con fondos europeos FEOGA-ORIENTACIÓN medida 7.8 del programa operativo integrado de Extremadura 2000-2006.



## VARIABILIDAD EN LA REGIÓN CODIFICANTE DEL GEN *PRNP* DE LA RAZA OVINA CRIOLLA NEGRA “CHILOTA”

L. Álvarez<sup>1</sup>, R. de la Barra<sup>2</sup>, J.J. Arranz<sup>1</sup> y F. San Primitivo<sup>1</sup>.

1. Dpto. Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León, Campus de Vegazana s/n, 24071 León. fsant@unileon.es
2. Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Centro experimental Butalcura, Casilla 24-O, Chiloé, Chile.

### INTRODUCCIÓN

El gen *PRNP*, situado en el cromosoma 13 ovino (Castiglioni *et al.*, 1998) es un gen de copia única que codifica la proteína priónica PrP. Esta proteína tiene la cualidad de poder plegarse de manera errónea, dando lugar a una glicofoma anormal y patógena, denominada PrP<sup>Sc</sup>, cuyo cúmulo en el tejido nervioso provoca la encefalopatía espongiforme conocida con el nombre de tembladera o scrapie (Baylis y Goldmann, 2004).

El gen priónico ovino tiene un tamaño de 31 kb, tres exones y dos intrones, estando la región codificante ORF en el último de los exones (Comincini *et al.*, 2000). Esta región tiene una longitud de 771 pares de bases y muestra una elevada variabilidad, habiéndose encontrado hasta el momento 42 mutaciones, de las cuales 4 son silentes, en 32 codones.

En el ganado ovino, se ha demostrado la influencia del gen *PRNP* sobre el desarrollo del scrapie (Goldmann, 1993). Aunque por el momento son únicamente tres los codones (136, 154 y 171) que parecen mostrar influencia sobre la susceptibilidad a esta patología, la aparición de nuevas mutaciones con efectos sobre el tiempo de incubación, así como sobre la facilidad de conversión de la proteína fisiológica a patógena, obligan a ampliar el estudio de la variabilidad en esta región.

La raza ovina criolla negra Chilota, tiene su origen en un reducido grupo de ejemplares ovinos ibéricos, introducidos por los españoles en 1568, en el archipiélago de Chiloé (formado por unas 40 islas ubicadas en el extremo sur de Chile, entre los paralelos 41°44' y 43°17' De latitud sur). El censo actual se cifra en unos 40.000 ejemplares aislados reproductivamente. Los factores climáticos, geográficos y antropológicos han definido un tipo de animal pequeño, de líneas rectas, de variada policromía de lana, miembros y cara cubierta y apreciable rusticidad, marcada especialmente por gran resistencia podal a la humedad y tolerancia a parásitos gastrointestinales. En Chile no se ha diagnosticado scrapie hasta el momento. Nuestro objetivo ha sido identificar la variabilidad del gen *PRNP* en una oveja, la chilota, originada de ovinos ibéricos sin identificar y desarrollada en un ambiente exento de scrapie y aislada reproductivamente.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Para la realización de este estudio se utilizaron un total de 34 muestras de sangre de animales de la raza Chilota, procedentes de diferentes rebaños localizados en la isla de Chiloé (la mayor del archipiélago). Una vez aislado el ADN mediante procedimientos estándar, se amplificó un fragmento de 989 pb que contenía las 771 pb de la región codificante del gen *PRNP*. Para ello se utilizó la siguiente pareja de cebadores: EIII-ORF-up (5'-AACTTTGTCCTTAGAGGAGAAAGAG-3') y EIII-ORF-dn (5'-ATGAAAACAGGAAGTTGCC-3'), diseñada a partir de la secuencia del gen *PRNP* tomada de la base de datos GeneBank (U67922). Tras la comprobación de la reacción de PCR mediante electroforesis en gel de agarosa, se purificó el producto de PCR y se secuenció en sus dos cadenas, utilizando el kit BigDye Terminators v.3.1 (Applied Biosystem), en un secuenciador automático ABI3130. Una vez obtenidos los electroferogramas, se analizaron utilizando el software “Sequencing Analysis 5.2” y “SeqScape 2.5” de Applied Biosystem. Con objeto de obtener una mayor calidad de resultados, únicamente se han analizado secuencias con alto índice de calidad (QV>20) en las dos cadenas del producto amplificado.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Polimorfismos en los codones 136, 154 y 171: en la población de 34 ovejas Chilota, se han encontrado 4 de los 5 haplotipos considerados básicos en la susceptibilidad al scrapie (ARQ, ARR, AHQ y VRQ), no apareciendo el alelo ARH. Como se puede apreciar en la Tabla 1, el alelo salvaje ARQ fue el más frecuente (69,11%), seguido del alelo resistente ARR (26,48%). Únicamente se localizaron 2 animales heterocigotos para el alelo AHQ y uno para el haplotipo susceptible VRQ.

Respecto a los genotipos, la forma ARQ/ARQ fue la más frecuente. La frecuencia del genotipo resistente ARR/ARR fue del 23,53%, pudiéndose considerar alta en una población sin incidencia de scrapie (en las razas españolas la frecuencia de este genotipo ronda el 6%). Los otros 3 genotipos (VRQ/ARR, AHQ/ARQ y AHQ/ARR) aparecieron en un solo animal.

Haplotipo	Frecuencia (%)	Genotipo	Frecuencia (%)
ARQ	69,11	ARQ/ARQ	67,65
ARR	26,48	ARR/ARR	23,53
AHQ	2,94	AHQ/ARR	2,94
VRQ	1,47	AHQ/ARQ	2,94
ARH	0	VRQ/ARR	2,94

Tabla 1.- Frecuencias haplotípicas y genotípicas para los codones 136, 154 y 171 del gen *PRNP* obtenidas en nuestra población ovina Chilota.

En cuanto a las frecuencias alélicas, responden a valores comparables con los encontrados en razas ibéricas, si bien la frecuencia de los alelos ARR y ARQ son ligeramente superiores y el resto inferiores (Álvarez, 2007). Las frecuencias genotípicas, en desequilibrio Hardy-Weinberg, responden claramente al efecto de la consanguinidad. La población se formó a partir de un pequeño número de animales, que no ha podido ser determinado, pero nunca recibió nuevas aportaciones de animales.

Es de destacar el incremento que han sufrido las frecuencias de los alelos ARR (26,48% frente a 24,78% en las razas españolas y 20,98% en las portuguesas) y ARQ (69,11% frente a 65,68% en las razas españolas y 67,29% en las portuguesas), aunque sea ligero. Las diferencias en las frecuencias del resto de los alelos pueden ser debidas a los tamaños muestrales, tanto de la población de Chilotas como del resto de las razas (entre 9 y 20 muestras por raza). En ausencia de scrapie, el incremento de frecuencia de los dos alelos ARR y ARQ, ¿puede atribuirse únicamente a un efecto de deriva?

El gen *PRNP* produce una proteína que parece ser responsable de la aparición de un proceso patológico grave. Sin embargo, es un gen que muestra una enorme variabilidad, de forma que produce proteínas diferentes, algunas de las cuales presentan mayor facilidad para cambiar a proteínas patógenas (ARQ) y otras muestran mayor resistencia (ARR). Parece lógico que, en presencia de la enfermedad, se incremente la frecuencia de los alelos que producen proteínas más resistentes y en esto se ha basado la Comunidad Europea para promover por primera vez una selección hacia un genotipo concreto. Pero, en ausencia de la enfermedad, ambos alelos mantienen frecuencias altas.

La proteína PrP producida por el gen *PRNP*, además de estar implicada en el scrapie, cumple diversas misiones fisiológicas, entre las que podemos destacar su intervención en: procesos sinápticos (Brown, 2001), apoptosis (Thellung *et al.*, 2000), funciones de activación y transporte (Reilly, 2000) y un largo etc. En todo caso, parece que la conversión de la PrP<sup>C</sup> a PrP<sup>Sc</sup>, dirige a las células a la muerte por apoptosis. Es muy probable que la explicación a la enorme variabilidad que presenta este gen, a la evolución de las frecuencias alélicas, a la variabilidad alélica entre poblaciones y a otras muchas incógnitas que continúa suscitando este tema, no se encuentre únicamente en su relación con el scrapie.

Polimorfismos en toda la región codificante del gen PRNP: en la Tabla 2 se describen los polimorfismos localizados en la región codificante del gen PRNP en la población Chilota. El número total de polimorfismos fue de 9. Uno de ellos, el G145V, no está descrito en la literatura y se debió a una transversión g→t en la segunda base del codón 145, lo que produjo el cambio del triplete GGC (glicina) a GTC (valina). De los 9 polimorfismos, 2 resultaron silentes en los codones 231 y 237, no produciendo cambio aminoacídico.

Codón	Mutación	%	Codón	Mutación	%
Q101R	CAG-CGG	2,94	R154H	CGT-CAT	5,88
Q101	CAG	97,06	R154	CGT	94,12
M112T	ATG-ACG	5,88	Q171R	CAG-CGG	55,88
M112	ATG	94,12	Q171	CAG	20,59
A136V	GCC-GTC	2,94	R171	CGG	23,53
A136	GCC	97,06	R231	AGG-CGG	17,64
L141F	CTT-TTT	2,94	R231	AGG	82,36
L141	CTT	91,18	L237	CTC-CTG	17,64
F141	TTT	5,88	L237	CTC	82,36
G145V	GGC-GTC	5,88			
G145	GGC	94,12			

A=alanina, F=fenilalanina, G=glicina, H=histidina, L=leucina, M=metionina, Q=glutamina, R=arginina, T=treonina, V=valina

Tabla 2.- Lista de polimorfismos encontrados en la región codificante del gen PRNP en nuestra población de 34 ovejas Chilota.

La variabilidad encontrada en la región codificante del gen PRNP en la oveja Chilota puede considerarse elevada. Aunque el total de mutaciones descritas hasta ahora es de 42, en un estudio realizado con 25 razas ibéricas (Álvarez, 2007), se identificaron un total de 15 puntos polimórficos. Todos los detectados en la oveja Chilota, salvo el anteriormente citado correspondiente al codón 145, se han encontrado también en las razas ibéricas.

A modo de conclusión podríamos afirmar que la estructura del gen PRNP en la raza Chilota se encuentra muy próxima al conjunto de razas ibéricas, que la frecuencia del alelo ARR es alta y la del alelo VRQ es baja, a pesar de no haberse diagnosticado scrapie y que la población, a pesar de su aislamiento reproductivo, mantiene una alta variabilidad en este gen.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Álvarez, L. 2007. Variabilidad en el gen PRNP ovino y su relación con la producción de leche y el scrapie. Tesis Doctoral. Universidad de León.
- Baylis, M., Goldmann, W. 2004. The genetics of scrapie in sheep and goats. *Current Molecular Medicine*, 4: 385-396.
- Brown, D.R. 2001. Prion and prejudice: Normal protein and the synapse. *Trends of Neuroscience*, 24: 85-90.
- Castiglioni, B., Comincini, S., Drisaldi, B. 1998. Comparative mapping of the prion gene (PRNP) locus in cattle, sheep and human with PCR-generated probes. *Mammalian Genome*, 9: 853-855.
- Comincini, S., Castiglioni, B., Del Vecchio, I., Foti, M.G., Ferretti, L. 2000. Structure and comparative analysis of the bovine prion gene locus. *Current Genomics*, 1: 313-321.
- Goldmann, W. 1993. PrP gene and its association with spongiform encephalopathies. *British Medical Bulletin*, 49 (4): 839-859.
- Reilly, C.E. 2000. Nonpathogenic prion protein (PrPc) acts as a cell-surface signal transducer. *Journal of Neurology*, 247: 819-820.
- Thellung, S., Florio, T., Villa, V., Corsaro, A., Arena, S., Amico, C., Robello, M., Salmona, M., Forloni, G., Bugiani, O., Tagliavini, F., Schettini, G. 2000. Apoptotic cell death and impairment of L-type voltage-sensitive calcium channel activity in rat cerebellar granule cells treated with the prion protein fragment 106-126. *Journal of Neurobiology Diseases*, 7: 299-309.

## GENES CANDIDATOS PARA EL DESARROLLO EMBRIONARIO EN CONEJO: III. GEN DEL *TIMP1*

Argente, M.J.<sup>1</sup>, Garcia, M.L.<sup>1</sup>, Agea, I.<sup>1</sup>, Muelas, R.<sup>1</sup>, Peiró, R.<sup>2</sup>, Merchán, M.<sup>3</sup>, Folch, J.M.<sup>3</sup>, Santacreu, M.A.<sup>2</sup>, Blasco, A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> División de Producción Animal, Departamento de Tecnología Agroalimentaria, UMH. mj.argente@umh.es

<sup>2</sup> Unidad de Mejora Genética, Departamento de Ciencia Animal, UPV

<sup>3</sup> Unitat de Genètica i Millora Animal, Departament de Ciència Animal i dels Aliments. UAB

### INTRODUCCIÓN

El tamaño de camada es un carácter de considerable importancia económica en conejo (Armero y Blasco, 1992). Sin embargo, su selección ha tenido un éxito limitado, debido a su baja heredabilidad (Blasco *et al.*, 1993). Blasco *et al.* (1994) proponen la selección por capacidad uterina como un método alternativo para mejorar el tamaño de camada en conejo e inician un experimento de selección divergente por este carácter. Tras diez generaciones de selección, Santacreu *et al.* (2005) encuentran una diferencia entre la línea de alta (H) y de baja capacidad uterina (L) de 1.79 embriones a la implantación y 2.35 gazapos al parto. El menor desarrollo de los embriones observado por Mocé *et al.* (2004) en la línea L a las 72 horas de gestación podría estar relacionado con la mayor mortalidad de esta línea a las 72 horas de gestación (Mocé *et al.*, 2004) y a la implantación (Santacreu *et al.*, 2005). Los resultados de un análisis de segregación compleja (Argente *et al.*, 2003) sugerían como probable la existencia de un gen mayor para el carácter capacidad uterina y para el número de embriones implantados en esta población. Las metaloproteinasas de la matriz extracelular (MMPs) están relacionadas con los procesos de proliferación celular, embriogénesis y angiogénesis que tienen lugar durante el desarrollo del embrión y su implantación. A su vez, la actividad enzimática de las MMPs está regulada por inhibidores tisulares específicos (TIMPs). Uno de estos inhibidores tisulares (TIMP-1) parece tener un papel importante en el desarrollo del embrión (Hwang *et al.*, 2000). En el trabajo de Estellé *et al.* (2006), realizado con conejos del experimento de selección divergente por capacidad uterina (Argente *et al.*, 1997), se observa una mayor expresión del gen *TIMP1* en oviducto a las 62 horas de gestación en animales de la línea H en comparación con la línea L.

El objetivo del presente trabajo es analizar el efecto del polimorfismo estudiado del gen *TIMP1* sobre el número de embriones y su desarrollo a 48 y 72 horas de gestación en una población de conejas F2 obtenidas del cruce recíproco de las líneas H y L. Este trabajo es complementario a los presentados en estas jornadas por García *et al.* (2007) y Peiró *et al.* (2007).

### MATERIAL Y MÉTODOS

Animales. Se utilizó la misma población de animales F2 que en los trabajos de Peiró *et al.* (2007) y García *et al.* (2007).

Genotipado para el gen del *TIMP1*. Se realizaron extracciones de ADN genómico a partir de muestras de sangre siguiendo el protocolo del ABI PRISM™ 6100 Nucleic Acid PrepSation (Applied Biosystems). Los animales fueron genotipados mediante pirosecuenciación para el SNP A/G identificado en el promotor del gen *TIMP1* de conejo (Merchán *et al.*, no publicado).

Caracteres. Se recogieron los siguientes caracteres a 48 y 72 horas de gestación: tasa de ovulación (TO); supervivencia embrionaria, estimada como el número de embriones recuperados normales utilizando la TO como covariable (SE); tasa de fecundación, estimada como el cociente de embriones recuperados respecto al total recuperado (ocitos y embriones) multiplicado por 100 (TF); porcentaje de embriones en estado de inicio de mórula (IM); porcentaje de embriones en estado de mórula compacta (MC), y porcentaje de embriones en estado de blastocisto (B).

Análisis estadísticos. Los análisis se realizaron utilizando metodología bayesiana. Los modelos empleados para TO, TF, SE, IM, MC y B incluyeron los mismos efectos que los

descritos en Peiró *et al.* (2007), aunque en este caso el efecto del genotipo hace referencia al gen *TIMP1*. Se usaron priors planos uniformes acotados para todos los parámetros desconocidos y se asumió que los datos se distribuían de forma normal. Las distribuciones marginales posteriores de las variables analizadas fueron estimadas por Gibbs Sampling. Se utilizó una cadena de 100,000 muestras descartando las primeras 20,000 (burning) y salvando una de cada 10 muestras para evitar una alta correlación. La convergencia fue testada usando el criterio de Geweke.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se sacrificaron un total de 172 hembras a 48 horas de gestación, de las cuales 73 eran homocigotas AA y 11 homocigotas GG, y un total de 159 hembras a 72 horas de gestación, de las cuales 72 eran homocigotas AA y 7 homocigotas GG. La Tabla 1 muestra los parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre el genotipo AA (genotipo más frecuente en la línea H) y GG (genotipo más frecuente en la línea L) para la tasa de ovulación, la supervivencia y el desarrollo de los embriones a 48 y 72 horas de gestación. Estas distribuciones fueron aproximadamente normales. Los errores estándar de Monte Carlo (MCse) fueron pequeños y el test de Geweke detectó la convergencia de todas las cadenas. Una ventaja de las técnicas Bayesianas es la posibilidad de construir fácilmente cualquier clase de intervalo de confianza. De forma que podemos calcular la probabilidad que la diferencia sea mayor de cero, y también la probabilidad que estas diferencias sean económicamente o biológicamente relevante (Pr). En la Tabla 1 figuran las cantidades que nosotros consideramos como diferencias relevantes.

Respecto a la TO, 1 óvulo de diferencia entre las hembras del genotipo AA y GG puede considerarse una diferencia relevante ( $b=1$ ). La probabilidad que la TO sea mayor de 1 óvulo en el genotipo AA frente al genotipo GG es pequeña ( $P(D>b)=15\%$ ). Por lo que se puede indicar que la diferencia estimada ( $D=0.38$  óvulos, Tabla 1) es irrelevante. Tampoco los genotipos AA y GG parecen diferir en TF, pues la probabilidad que la diferencia supere el valor de relevancia establecido ( $b=8\%$ ) es cero. Estos resultados estarían de acuerdo con los obtenidos por Mocé *et al.* (2004), estos autores no encontraron diferencias en TO y TF en las líneas parentales de alta y de baja capacidad uterina que dieron lugar a esta población F2.

En relación a la SE y el desarrollo embrionario, se consideraron unas diferencias entre el genotipo AA y GG de 0.25 embriones y 4% como diferencias relevantes respectivamente. A las 48 horas de gestación, los genotipos AA y GG no presentan diferencias relevantes para SE ni para IM ( $D=-0.01$  y  $-3.28\%$ , respectivamente Tabla 1). Sin embargo a las 72 horas de gestación, la probabilidad que el genotipo AA tenga 0.25 embriones más que el genotipo GG es relativamente elevada ( $P(D>b)=83\%$ , Tabla 1). Respecto al desarrollo embrionario, el genotipo AA muestra un menor porcentaje de IM ( $D=-16.33\%$ ,  $P(D<-b)=86\%$ ) y un mayor porcentaje de MC ( $19.85\%$ ,  $P(D>b)=87\%$ , Tabla 1) que el genotipo GG. Un desarrollo embrionario más acelerado podría ser el responsable de la mayor supervivencia embrionaria a las 72 horas de gestación (0.88 embriones) y a la implantación (2 embriones, según Merchán *et al.*, datos no publicados) encontrada en el genotipo AA cuando se compara con el genotipo GG, aunque estas diferencias desaparecen al parto (Merchán *et al.*, datos no publicados). Este resultado estaría de acuerdo con el mayor desarrollo y supervivencia de los embriones observado por Mocé *et al.* (2004) a las 72 horas de gestación en la línea H.

## CONCLUSIONES

El polimorfismo estudiado para el gen *TIMP1* parece tener un papel importante en el desarrollo del embrión y su supervivencia a partir de las 72 horas de gestación.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado con los proyectos CICYT AGL2001-3068-C03 y AGL2005-07624-C03.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Argente, M.J., Blasco, A., Ortega, J.A., Haley, C.S. Visscher, P.M. 2003 *Genetics* 163 : 1061-1068.
- Argente, M.J., Santacreu, M.A., Climent, A., Bolet, G. Blasco, A. 1997 *J. Anim. Sci.* 75 : 2350-2354.
- Armero, E. Blasco, A. 1992. *Proc. 5<sup>th</sup> WRC* 1 : 637-642.
- Blasco, A., Argente, M.J., Haley, C.S. Santacreu, M.A. 1994 *J. Anim. Sci.* 72 : 3066-3072.
- Blasco, A., Bidanel, J.P., Bolet, G., Haley, C.S. Santacreu, M.A. 1993 *Livest. Prod. Sci.* 37:1-21.
- Estellé, J., Sastre, Y., Merchán, M., Peiró, R., Santacreu, M.A., Folch, J.M. 2006 *Mol Reprod Dev.* 73(6): 678-84.
- García, M.L., Muela, R., Agea, I., Merchán, M., Peiró, R., Blasco, A., Santacreu, M.A., Folch, J.M., Argente, M.J. 2007 *ITEA*.
- Hwang, W., Kim, H., Lee, E., Lim, J., Roh, S., Shin, T., Hwang, K., Lee, B. 2000. *J Vet Med Sci* 62(1):1-5.
- Mocé, M.L., Santacreu, M.A., Climent, A. Blasco, A. 2004 *J. Anim. Sci.* 82 : 68-73.
- Peiró, R., Merchán, M., Santacreu, M.A. Argente, M.J. García, M.L., Agea, I., Muela, R. Folch, J.M Blasco, A. 2007 *ITEA*
- Santacreu, M.A., Mocé, M. L., Climent, A. Blasco, A. 2005 *J. Anim. Sci.* 83 : 2303-2307.

Tabla 1. Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre el genotipo AA y GG del gen *TIMP1* para la tasa de ovulación (TO), tasa de fecundación (TF), supervivencia embrionaria (SE), porcentaje de inicio de mórulas (IM) y porcentaje de mórulas compactas (MC).

	<b>D</b>	<b>HPD<sub>95%</sub></b>	<b>P(D&gt;0)</b> (%)	<b>b</b>	<b>Pr (%)</b>	<b>P(D&gt;b)</b> (%)	<b>MCse</b>	<b>Z</b>
<b>TO</b>	0.38	-0.78, 1.50	74	1	16	15	0.006	-0.022
<b>TF (%)</b>	-2.62	-4.86, 1.65	7	8	0	0	0.022	-0.144
<b>. 48 horas gestación</b>								
<b>SE</b>	-0.01	-0.92, 0.89	49	0.25	58	29	0.004	0.625
<b>IM (%)</b>	-3.28	-22.73, 17.66	38	4	38	24	0.087	-0.388
<b>. 72 horas gestación</b>								
<b>SE</b>	0.88	-0.55, 2.21	90	0.25	88	83	0.006	-0.999
<b>IM (%)</b>	-16.33	-39.49, 5.96	8	4	90	4	0.113	0.902
<b>MC (%)</b>	19.85	-7.68, 46.4	92	4	92	87	0.135	0.902

D: media posterior de la diferencia entre los genotipos AA y GG; HPD<sub>95%</sub>: región de alta densidad posterior al 95%; P(D>0): probabilidad que la diferencia sea mayor de cero, b: diferencia relevante asumida; Pr: probabilidad de la relevancia (probabilidad que D sea mayor que b en valor absoluto); P(D>b): probabilidad que D sea relevante a favor del genotipo AA; MCse: error estándar de Monte Carlo; Z: valor Z del test de Geweke.

## GENES CANDIDATOS PARA EL DESARROLLO EMBRIONARIO EN CONEJOS: II. GEN DE LA OVIDUCTINA

García, M.L.<sup>1</sup>, Muelas R.<sup>1</sup>, Agea, I.<sup>1</sup>, Merchán, M.<sup>2</sup>, Peiró, R.<sup>3</sup>, Blasco, A.<sup>3</sup>, Santacreu, M.A.<sup>3</sup>, Folch, J.M.<sup>2</sup>, Argente, M.J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> División de Producción Animal, Departamento de Tecnología Agroalimentaria. UMH.  
mariluz.garcia@umh.es

<sup>2</sup> Unitat de Genètica i Millora Animal, Departament de Ciència Animal i dels Aliments. UAB

<sup>3</sup> Unidad de Mejora Genética, Departamento de Ciencia Animal. UPV

### INTRODUCCIÓN

En conejo, la selección divergente por capacidad uterina (Argente *et al.*, 1997) durante 10 generaciones ha conducido a una diferencia en hembras unilateralmente ovariectomizadas entre la línea de alta (H) y baja (L) capacidad uterina de 1.01 gazapos (Mocé *et al.*, 2005) cuando la respuesta a la selección se estima mediante una población control críoconservada. Santacreu *et al.* (2005) estimó las respuestas correlacionadas para el número de embriones implantados (1.79) y el tamaño de camada al parto (2.35) en hembras intactas. Estudios complementarios delimitaron que las diferencias entre las dos líneas seleccionadas divergentemente aparecían entre las 48 y las 62 horas de gestación (Peiró *et al.*, 2004), cuando los embriones se encuentran todavía en el oviducto. Parte de las diferencias entre las líneas H y L se produjeron en las dos primeras generaciones de selección (Blasco *et al.*, 2005), por lo que se supuso que estas diferencias podrían ser producidas por encontrarse segregando en la población un gen mayor sobre la capacidad uterina y el número de embriones implantados (Argente *et al.*, 2003).

La oviductina es una glicoproteína sintetizada por el epitelio del oviducto que favorece la capacitación espermática, la fecundación de los oocitos y el desarrollo embrionario temprano (Buhi, 2002; Killian, 2004). Por tanto, el gen de la oviductina podría ser un gen candidato para explicar las diferencias entre las líneas de conejo seleccionadas por capacidad uterina de forma divergente.

Merchán *et al.* (2005) encontraron un SNP en el exón 11 del gen *OVGP1* asociado a las líneas H y L. El objetivo de este trabajo es conocer la relación entre los genotipos de la oviductina y el desarrollo embrionario de una población F2 obtenida a partir de las líneas H y L. Este trabajo es complementario al presentado en estas mismas jornadas por Argente *et al.* (2007) para el gen *TIMPI* y Peiró *et al.* (2007) para el gen del receptor de la progesterona.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Animales. La descripción del material animal utilizado en esta experiencia está descrito en Peiró *et al.* (2007).

Genotipado del gen de la Oviductina. A partir de muestras de sangre se realizó la extracción del ADN genómico siguiendo el protocolo de ABI PRISM™ 6100 Nucleic Acid PrepSation (Applied Biosystems). Se diseñó un par de primers sobre el exón 11 utilizando la secuencia del ADNc de la oviductina del conejo (GenBank AF347052) y se amplificó un fragmento de PCR de 174 pb. El genotipado del SNP G/C<sub>1413</sub> se realizó por Pirosecuenciación en un equipo PSQ HS 96. El genotipo GG fue más frecuente en la línea L y el genotipo CC fue más frecuente en la línea H.

Caracteres. Los caracteres estudiados fueron la tasa de ovulación (TO) y la tasa de fecundación (TF). Además también se estudió la supervivencia embrionaria (SE) y el porcentaje de embriones en cada uno de los estados de desarrollo: inicios de mórulas (IM) y mórulas compactas (MC) a las 48 horas, y éstos y blastocistos (B) a las 72 horas después de la monta (más detalles en Peiró *et al.*, 2007).

Análisis estadísticos. Los análisis se realizaron siguiendo la metodología bayesiana y los detalles de estos análisis junto los modelos utilizados son los descritos por Peiró *et al.* (2007). En este caso el efecto del genotipo se corresponde con el gen de la oviductina, con 3 niveles; CC, CG y GG.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En los resultados únicamente se presentan las diferencias entre los homocigotos. Por ello, se analizaron un total de 55 y 66 hembras CC a las 48 horas y a las 72 horas de gestación, respectivamente. Para el genotipo GG se utilizaron 29 hembras a las 48 horas de gestación y 18 hembras a las 72 horas.

En la Tabla 1 se presentan los parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre los genotipos CC y GG para gen de la oviductina. Se consideró que una diferencia de un óvulo por hembra era una diferencia relevante ( $b=1$ ), por tanto, la diferencia estimada entre los dos genotipos se considera irrelevante ( $D=0.39$ ;  $Pr=7\%$ ). Se consideró como relevante una diferencia de un 8% en la TF. A pesar de que la probabilidad de que el genotipo GG tenga una mayor TF que el genotipo CC es elevada ( $P(D>0)=93\%$ ), la diferencia estimada entre los dos genotipos es irrelevante ( $D=-3.96\%$ ) y la probabilidad de que sea relevante es nula. Este resultado está en concordancia con los datos anteriores de las líneas parentales, pues no se han encontrado diferencias significativas para la TO (Mocé *et al.*, 2004; Santacreu *et al.*, 2005) ni para la TF entre las líneas H y L (Mocé *et al.*, 2004; Peiró *et al.*, 2004).

Los genotipos CC y GG no presentan diferencias relevantes para SE a 48 horas post-coito. Cuando se estudia el desarrollo de los embriones a las 48 horas post-coito, éstos se encuentran en estados de desarrollo correspondientes a IM o MC. Una diferencia en el estado de desarrollo de un 4% es lo que se ha considerado como relevante. La diferencia en el porcentaje de IM entre los genotipos CC y GG se considera relevante ( $D= -6.16\%$ ) y a favor del genotipo GG, predominante en la línea L. La probabilidad de que el porcentaje de IM para el genotipo GG sea superior al genotipo CC es del 79% y de que sea relevante es del 61%. Por tanto, las hembras con genotipo CC presentan un desarrollo embrionario más acelerado a 48 horas de gestación.

La diferencia entre genotipos para SE a 72 horas post-coito se considera relevante ( $D= -0.56$ ;  $Pr=79\%$ ) y a favor del genotipo GG. Este resultado es concordante con el obtenido por Merchán *et al.* (2006) para esta misma población, en la que el genotipo GG obtuvo mayor número de embriones implantados ( $D=-0.58$ ;  $P(D>0)=15\%$ ). Los grados de desarrollo embrionario encontrados en este momento de la experiencia fueron IM, MC y B. El genotipo GG para el gen de la oviductina presenta mayor porcentaje de IM que el genotipo CC ( $P(D>0)=86\%$ ), siendo esta diferencia relevante ( $D=-10.32\%$ ). Las diferencias para el porcentaje de mórulas compactas no se pueden considerar como relevantes ( $D=2.48\%$ ,  $b=4\%$ ). El porcentaje de embriones catalogados como B sería superior al genotipo CC, predominante en la línea H (7.84%). Por tanto, las hembras de genotipo CC presentan también a 72 horas de gestación un desarrollo embrionario más acelerado que las de genotipo GG.

## CONCLUSIONES

Las diferencias alélicas encontradas para el gen de la oviductina en las líneas H y L podrían explicar el diferente número de embriones recuperados a 72 horas post-coito y el grado de desarrollo de los embriones en estas líneas. El genotipo GG, predominante en la línea L, presenta mayor número de embriones recuperados a 72 horas post-coito y menor grado de desarrollo de los embriones a 48 horas y a 72 horas de gestación que el genotipo CC predominante en la línea H.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado con los proyectos CICYT AGL2001-3068-C03 y AGL2005-07624-C03.



## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Argente, M.J., Santacreu, M.A., Climent, A., Bolet, G., Blasco, A. 1997. *J. Anim. Sci.* 75, 2350-2354.
- Argente, M.J., Blasco, A., Ortega, J.A., Haley, C.S. Visscher, P.M. 2003. *Genetics* 163, 1061-1068.
- Argente, M.J., García, M.L., Agea I., Muelas R., Peiró R., Merchán M., Folch J.M, Santacreu M.A., Blasco A. 2007. ITEA.
- Blasco, A., Ortega, J.A., Climent, A., Santacreu, M.A. 2005. *J. Anim. Sci.* 83, 2297-2302.
- Buhi, W.C. 2002. *Reprod.* 123, 355-362.
- Killian, G.J. 2004. *Anim. Repro. Sci.* 82-83, 141-153.
- Merchán, M., Peiró, R., Estellé, J., Sastre, Y., Santacreu, M.A., Folch, J.M. 2005. *Reprod. Domest. Anim.* 40 (4), 409.
- Merchán, M., Peiró, R., Argente, M.J., García, M.L., Agea, I., Santacreu, M.A., Blasco, A., Folch, J.M. 2006. 8th WCGALP. Brasil.
- Mocé, M.L., Santacreu, M.A., Climent, A., Blasco, A. 2004. *J. Anim. Sci.* 82, 1046-1052.
- Mocé, M.L., Santacreu, M.A., Climent, A., Blasco, A. 2005. *J. Anim. Sci.* 83, 2308-2312.
- Peiró, R., Santacreu, M.A., Climent, A., Blasco, A. 2004. 8th World Rabbit Congress. México.
- Peiró, R., Merchán, M., Santacreu, M.A. Argente, M.J. García, M.L., Agea, I., Muela, R. Folch, J.M, Blasco, A. 2007 ITEA
- Santacreu, M.A., Mocé, M.L., Climent, A., Blasco, A. 2005. *J. Anim. Sci.* 83, 2303-2307.

Tabla 1. Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre el genotipo CC y GG para la tasa de ovulación (TO), tasa de fecundación (TF), supervivencia embrionaria (SE), porcentaje de inicio de mórulas (IM) y porcentaje de mórulas compactas (MC).

	D	HPD <sub>95%</sub>	P(D>0) (%)	b	Pr (%)	P(D>b) (%)	MCse	Z
<b>TO</b>	0.39	-0.37, 1.50	83	1	7	0	0.004	-0.499
<b>TF (%)</b>	-3.96	-6.64, 0.89	7	8	1	0	0.022	-0.144
<b>. 48 horas gestación</b>								
<b>SE</b>	0.03	-0.64, 0.70	54	0.25	47	26	0.003	-1.142
<b>IM (%)</b>	-6.16	-21.98, 7.08	21	4	70	9	0.073	-0.088
<b>. 72 horas gestación</b>								
<b>SE</b>	-0.56	-1.71, 0.38	14	0.25	79	6	0.005	1.135
<b>IM (%)</b>	-10.32	-28.92, 7.32	14	4	82	7	0.099	-0.973
<b>MC (%)</b>	2.48	-19.72, 23.55	58	4	73	45	0.118	-0.973

D: media posterior de la diferencia entre los genotipos CC y GG; HPD<sub>95%</sub>: región de alta densidad posterior al 95%; P(D>0): probabilidad de que la diferencia sea mayor que cero; b: diferencia relevante asumida; Pr: probabilidad de la relevancia (probabilidad que D sea mayor que b en valor absoluto); P(D>b): probabilidad que D sea relevante a favor del genotipo CC; MCse: error estándar de Monte Carlo; Z: valor Z del test de Geweke.

## ESTIMACIÓN DE LAS COMPONENTES DE VARIANZA PARA LAS CARACTERÍSTICAS SEMINALES EN CONEJO. ANALISIS PRELIMINARES

Lavara, R.<sup>1</sup>, García, M.L.<sup>2</sup>, Baselga, M.<sup>1</sup>, Vicente, J.S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Unidad de Mejora Genética, Departamento de Ciencia Animal, UPV

<sup>2</sup> Departamento de Tecnología Agroalimentaria, UMH. mariluz.garcia@umh.es

### INTRODUCCIÓN

En conejo, se ha producido en los últimos años una expansión de la inseminación artificial en las granjas de producción a través de centros de inseminación que ofertan este servicio técnico. Estos centros de inseminación están vinculados a los núcleos de mejora genética, a partir de los cuales realizan la reposición de los machos seleccionados por caracteres de crecimiento.

Existen trabajos publicados para rentabilizar la producción de estos centros de inseminación, mediante la obtención de más dosis seminales a partir de un eyaculado (Viudes de Castro y Vicente, 1997; Castellini y Lattaoli, 1999), optimizando los parámetros de calidad espermática (Kuzminsky *et al.*, 1996; Castellini *et al.*, 2003; Pascual *et al.*, 2004), estudiando los parámetros cualitativos y cuantitativos del semen más relacionados con la fertilidad y la prolificidad (Brun *et al.*, 2002a; Vicente *et al.*, 2004; Lavara *et al.*, 2005; García-Tomás *et al.*, 2006b) o mejorando la eficacia de crioconservación del semen (Mocé *et al.*, 2003).

Desde el punto de vista genético, también hay en la bibliografía estimas de los parámetros de cruzamiento para las características espermáticas (Brun *et al.*, 2002b; García-Tomás *et al.*, 2006a), que indican que no existe superioridad de los machos cruzados en la mayoría de los caracteres estudiados. El objetivo de este trabajo es estimar los parámetros genéticos de las características espermáticas de una línea de conejos seleccionada durante 25 generaciones por velocidad de crecimiento en el periodo de engorde.

### MATERIAL Y MÉTODOS

**Animales:** Se utilizaron un total de 85 machos adultos, habituados a la recogida con vagina artificial de una línea seleccionada por velocidad de crecimiento (línea R) de la Unidad de Mejora Genética de la U.P.V

**Muestras:** Se recuperaron un total de 1022 eyaculados, examinándose el volumen, la concentración, daños en el acrosoma y morfoanomalías, además se procedió al análisis de los parámetros de motilidad mediante el sistema de análisis de imágenes Sperm Class Analyzer.

Tras la recogida del eyaculado, se determinó el volumen (VOL, ml) y se descartaron aquellos eyaculados que presentaban coloraciones anormales. Posteriormente, se diluyeron 1:5 con TRIS-Cítrico-Glucosa y se tomó una primera muestra que se fijó con una solución al 0.2% de glutaraldehído (950µl solución + 50µl muestra) para determinar la concentración, los daños en acrosomas y las morfoanomalías, posteriormente se tomó una segunda muestra para valorar los parámetros de motilidad utilizando para ello un microscopio con placa termostataada a 37°C y objetivo 20X de contraste de fases.

Una vez tomadas las imágenes de motilidad, se analizaban con el software Sperm Class Analyzer. Los datos registrados fueron: porcentaje de espermatozoides móviles totales (MOT, %), velocidad curvilínea total (VCL, µ/s), velocidad rectilínea total (VSL, µ/s), velocidad media total (VAP, µ/s), índice de rectitud (LIN, %), índice de linealidad (STR, %), índice de oscilación (WOB, %), amplitud media del desplazamiento lateral (ALH, µ) y frecuencia de batido del espermatozoide (BCF, Hz).

En las muestras fijadas, se determinó la concentración (CONC, 10<sup>6</sup>spz/ml) utilizando una cámara Thoma y los daños en el acrosoma (NAR, %) y las morfoanomalías (ANOR, %) se evaluaron mediante un microscopio con contraste de fases a 400 aumentos.

**Análisis estadísticos:** el modelo utilizado incluía como efectos fijos, la estación (4 niveles) y la edad del macho en el momento de la recogida de la muestra (3 niveles; menos de 9 meses, entre 9 y 15 meses, más de 15 meses de edad). Como efectos aleatorios se tuvieron en cuenta el efecto permanente no aditivo y el ambiental de un macho sobre todos sus datos, el aditivo del animal y el error. El programa informático utilizado fue el VCE, para

hallar las soluciones REML de las componentes de varianza del modelo anterior (Neumaier y Groeneveld, 1998).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El número de datos, el mínimo, el máximo, la media bruta y la desviación típica de los caracteres estudiados se presentan en la Tabla 1. Los valores obtenidos para el volumen del eyaculado (0.63 ml) y la concentración ( $170.47 \cdot 10^6$  spz/ml) son inferiores a los presentados por García-Tomás *et al.* (2006a) utilizando los machos de crecimiento R y C y por Brun *et al.* (2002a) utilizando machos de líneas maternas. Sin embargo, el porcentaje de espermatozoides catalogados como anormales (19.87%) y el NAR (84.2%) es del mismo orden que los datos de García-Tomás *et al.* (2006a), y el porcentaje de espermatozoides móviles (64.17%) que los encontrados en los machos maternas por Brun *et al.* (2002a). Los parámetros de motilidad recogidos mediante el sistema de análisis de imágenes Sperm Class Analizar son similares a los encontrados por Lavara *et al.* (2005), para esta misma línea R.

En las Tablas 2 y 3 se indican las estimas de la  $h^2$  y de los efectos  $p^2$  (varianza de los efectos permanentes entre la varianza fenotípica) para los caracteres seminales. Las estimas de los efectos  $p^2$  son superiores a las estimas de las  $h^2$  para los caracteres estudiados, excepto para el porcentaje de espermatozoides anormales, la motilidad, la velocidad rectilínea total y la velocidad media total de los espermatozoides.

Las estimas de  $h^2$  para el porcentaje de espermatozoides anormales, la motilidad y la velocidad rectilínea total es elevada ( $0.488 \pm 0.052$ ,  $0.276 \pm 0.079$ ,  $0.213 \pm 0.070$ ; respectivamente). La velocidad media total y la frecuencia de batido del espermatozoide presentan estimas moderadas ( $0.172 \pm 0.058$ ,  $0.132 \pm 0.080$ ; respectivamente) y para el resto de caracteres las estimas no serían diferentes de cero. Panella *et al.* (1994) obtienen unas estimas de  $h^2$  superiores a las presentadas en este trabajo (0.44 para el volumen; 0.60 para la concentración y 0.56 para la motilidad).

En general, las referencias encontradas en porcino son también superiores. El volumen de semen de verraco presenta un  $h^2$  de entre 0.14-0.58 y la concentración de 0.14-0.49 según Grandjot *et al.* (1997), Oh *et al.* (2003) y Smital *et al.* (2003). Las diferencias encontradas por los autores son debidas a las distintas poblaciones de porcino con las que han trabajado, al modelo utilizado y al azar. Grandjot *et al.* (1997) y Smital *et al.* (2003) estiman un  $h^2$  para la motilidad espermática de 0.05 y 0.38, respectivamente. La  $h^2$  para el porcentaje de espermatozoides anormales en porcino es inferior a la estimada en conejo ( $0.34 \pm 0.033$ , Smital *et al.*, 2003).

## CONCLUSIONES

El porcentaje de espermatozoides anormales, la motilidad y variables relacionadas con la velocidad rectilínea, la velocidad media y la frecuencia de batido de los espermatozoides presentarían varianza aditiva apreciable. Los resultados presentados en este trabajo se pueden considerar preliminares ya que la base de datos se está ampliando a través de un organigrama de centros de inseminación asociados a núcleos de mejora genética, así como el número de variables medidas correspondientes a la morfoformetría de los espermatozoides.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto CICYT AGL2004-02710/GAN.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Brun, J.M., Theau-Clement, M., Bolet, G. 2002a. Anim. Repr. Sci. 70, 139-149. • Brun, J.M., Theau-Clement, M., Bolet, G. 2002b. Anim. Res. 51, 433-442. • Castellini, C., Lattaioli, P. 1999. Anim. Reprod. Sci. 57, 11-120. • Castellini, C., Lattaioli, P., Dal Bosco, A., Minelli, A., Mugnai, C. 2003. Reprod. Nutr. Dev. 43, 91-103. • García-Tomás, M., Sánchez, J., Rafel, O., Ramon, J., Piles, M. 2006a. Livest. Sci. 100, 111-120. • García-Tomás, M., Sánchez, J., Rafel, O., Ramon, J., Piles, M. 2006b. Livest. Sci. 104, 233-243. • Grandjot, G., Brandt, H., Glodek, P. 1997. Arch. Tierz. 40, 421-432. • Kuzminsky, G., Fausto, A.M., Morera, P. 1996. Reprod. Nutr. Dev. 36, 565-575. • Lavara, R., Moce, E. Lavara, F., Viudes de Castro, M.P. Vicente, J.S. 2005. Theriogenology 64, 1130-1141. • Mocé, E., Vicente, J.S., Lavara, R. 2003. Theriogenology 60 (1), 115-123. • Neumaier A., Groeneveld E. 1998. Genet. Sel. Evol. 30 (1), 3-26. • Oh, S.H., See, M.T., Long, T.E., Glavin, J.M. 2003. J. Anim. Sci. 81 (Suppl.1), 317. • Panella, F.; Castellini, C.; Facchin, E. 1994. Cahiers Options Méditerranéennes. Vol: 8: 279-283. • Pascual, J.J., García, C., Martínez, E., Mocé, E., Vicente, J.S. 2004. Reprod. Nutr. Dev. 44, 49-63. • Smital, J., Wolf, J., De Sousa, L.L. 2003. Anim. Rep. Sci. 86, 119-130. • Vicente, J.S., Viudes de Castro, M.P., Lavara, R., Moce, E. 2004. Theriogenology 61, 1357-1365. • Viudes de Castro, M.P., Vicente, J.S. 1997. Anim. Reprod. Sci. 46, 313-319.

Tabla 1. Análisis descriptivos de las características seminales.

	VOL	CONC	ANOR	NAR	MOT	VCL	VSL	VAP	LIN	STR	WOB	ALH	B
Datos	1022	1004	965	965	839	812	811	812	811	811	811	806	8
Mínimo	0.05	0	0	0	0	7.6	0.7	3	7.1	15.7	28.4	0.1	2
Máximo	2.5	1650	90	100	100	145.5	77.2	96.5	88.9	100	92.1	6	2
Media	0.63	170.47	19.87	84.62	64.17	58.69	32.47	38.63	54.56	76.54	65.78	2.7	1
Desviación	0.38	164.21	18.19	14.03	26.30	22.53	15.8	17.39	13.35	10.41	10.73	0.95	3

VOL: volumen (ml); CONC: concentración en millones de spz por ml; ANOR (%): porcentaje de espermatozoides anormales; NAR (%): porcentaje de acrosomas no dañados; MOT (%): porcentaje de espermatozoides móviles totales; VCL: velocidad curvilínea total ( $\mu/s$ ); VSL: velocidad rectilínea total ( $\mu/s$ ), VAP: velocidad media total ( $\mu/s$ ), LIN: índice de rectitud (%); STR: índice de linealidad (%); WOB: índice de oscilación (%); ALH: amplitud media del desplazamiento lateral ( $\mu$ ); BCF: frecuencia de batido del espermatozoide (Hz).

Tabla 2. Estimaciones de la  $h^2$  y de los efectos  $p^2$  con sus errores estándar para las características seminales: 1ª parte.

	VOL	CONC	ANOR	NAR	MOT	VCL
$h^2$	0.064±0.043	0.004±0.052	0.488±0.069	0.081±0.048	0.276±0.079	0.082±0.051
$p^2$	0.098±0.043	0.373±0.062	0.040±0.055	0.212±0.047	0.171±0.067	0.132±0.047

VOL: volumen (ml); CONC: concentración en millones de spz por ml; ANOR (%): porcentaje de espermatozoides anormales; NAR (%): porcentaje de acrosomas no dañados; MOT (%): porcentaje de espermatozoides móviles totales; VCL: velocidad curvilínea total ( $\mu/s$ ).

Tabla 3. Estimaciones de la  $h^2$  y de los efectos  $p^2$  con sus errores estándar para las características seminales: 2ª parte.

	VSL	VAP	LIN	STR	WOB	ALH	BCF
$h^2$	0.213±0.070	0.172±0.058	0.072±0.046	0.0±0.0	0.071±0.047	0.020±0.049	0.132±0.0
$p^2$	0.014±0.046	0.055±0.044	0.097±0.045	0.183±0.028	0.077±0.046	0.179±0.049	0.168±0.0

VSL: velocidad rectilínea total ( $\mu/s$ ), VAP: velocidad media total ( $\mu/s$ ), LIN: índice de rectitud (%); STR: índice de linealidad (%); WOB: índice de oscilación (%); ALH: amplitud media del desplazamiento lateral ( $\mu$ ); BCF: frecuencia de batido del espermatozoide (Hz).

# *Patología animal*



## PREVALENCIA DE INFECCIÓN POR NEMATODOS GASTROINTESTINALES EN VACAS RUBIA GALLEGA EXPLOTADAS EN SEMIEXTENSIVO

Díaz, P., Pedreira, J., Arias, M., Panceira, A., Lomba, C., Sánchez-Andrade, R., Morrondo, P., Díez-Baños, P.

Unidad de Parasitología y Enfermedades Parasitarias, Departamento de Patología Animal, Facultad de Veterinaria de Lugo (Universidad de Santiago de Compostela).  
Campus Universitario s/n 27002 LUGO  
e-mail: [pinone@lugo.usc.es](mailto:pinone@lugo.usc.es)

### INTRODUCCIÓN

Galicia posee un clima templado cálido, caracterizado por veranos templados e inviernos con temperaturas suaves y elevadas precipitaciones; estas condiciones permiten que, durante la mayor parte del año, el ganado salga diariamente al pasto. La raza autóctona Rubia Gallega, de aptitud principalmente cárnica y muy rústica, se ha empleado tradicionalmente para el aprovechamiento de las praderas de la zona. Debido a la profunda reestructuración que está sufriendo la ganadería en Galicia, el número de cabezas de Rubia Gallega ha aumentado significativamente en los últimos años, convirtiéndose en la raza autóctona con mayor censo de España.

En diversos estudios se ha comprobado que los nematodos gastrointestinales, y en mayor medida el género *Ostertagia*, representa una causa importante de pérdidas económicas en el ganado vacuno mantenido en régimen semiextensivo. Además, las infecciones causadas por estos nematodos, generalmente cursan de forma subclínica, por lo que es difícil valorar con exactitud la importancia real de estos parásitos, así como de las mermas de rendimiento que ocasionan.

El objetivo de este estudio es conocer la prevalencia de infección por nematodos gastrointestinales en vacuno de raza Rubia Gallega explotado de manera extensiva o semiextensiva, así como identificar los géneros implicados con mayor frecuencia en las gastroenteritis parasitarias.

### MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio se realizó entre febrero de 2001 y marzo de 2004, y en él se analizaron 1158 muestras de heces de vacas de raza Rubia Gallega explotadas por un sistema tradicional de manejo en pastoreo extensivo o semi-extensivo en diferentes zonas de la provincia de Lugo. Las heces se extrajeron del recto con guantes de plástico y una vez identificadas se conservaron a 4º C hasta su procesado, que se realizó antes de las 48 horas de su recogida.

Las muestras de heces se analizaron por duplicado empleando la técnica de flotación en solución salina (Manual de Técnicas del Laboratorio Central Veterinario de Weybridge, 1986). Basándonos en las características morfométricas de los huevos de los nematodos presentes, diferenciamos *Trichuris*, *Capillaria* y *Nematodirus* y el resto de los estrongilidos. Para determinar los distintos géneros y, en su caso, las especies de nematodos gastrointestinales, se realizaron coprocultivos con el fin de obtener larvas de tercer estadio. Se realizó una mezcla de heces de animales pertenecientes a cada explotación, que se colocó en una estufa a 27°C, en oscuridad, y se incubó durante 15 días. Para obtener las larvas, las heces del coprocultivo se colocaron en dispositivos Baermann y se siguió la técnica de migración larvaria. La identificación genérica o específica se hizo según las descripciones realizadas por Borgsteede y Hendriks (1974) y Van Wyk *et al.* (2004).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el 96% de las explotaciones se comprobó que los animales eliminaban huevos de estrongilidos y en menor proporción, *Capillaria* (9%), *Trichuris* (1%) y *Nematodirus* (1%). Estos resultados son similares a los hallados por Nogareda *et al.* (1987), Morrondo *et al.* (2003) y Díaz *et al.* (2005) en ganado vacuno explotado en diferentes zonas de Galicia, y superior a los obtenidos por Díez-Baños *et al.* (1994a) y Paz-Silva *et al.* (1998) en bovinos

gallegos. Este porcentaje de infección tan elevado se debe, probablemente, a que las condiciones climáticas en Galicia propician la dedicación de grandes extensiones al pastoreo semiextensivo, lo que favorece la transmisión de parasitosis de ciclo directo, y en especial, las causadas por nematodos gastrointestinales (Mezo *et al.*, 1995).

Tras la realización de los correspondientes coprocultivos se identificaron larvas de *Ostertagia* (91%), y en menor proporción, de *Oesophagostomum* (59%), *Trichostrongylus* (55%), *Cooperia oncophora* (51%) y *Cooperia punctata* (49%), siendo *Chabertia*, *Haemonchus* y *Bunostomum* los géneros que se hallaron en menos del 15% de las granjas estudiadas (12%, 11% y 9%, respectivamente). Los géneros y especies identificados en este estudio coinciden con lo observado por Díez-Baños *et al.* (1994b), Mezo *et al.* (1995) y Almería y Uriarte (1999) en ganado vacuno.

El elevado porcentaje de infección por *Ostertagia* spp coincide con el obtenido por diversos autores (Nogareda *et al.*, 1987; Mezo *et al.*, 1996; Almería y Uriarte, 1999) en ganado vacuno explotado en España. Este hecho puede deberse a que cuando los animales se reinfectan con larvas de *Ostertagia* spp sólo se produce una resistencia parcial (Armour, 1989), y además porque las fases libres de *Ostertagia* son muy resistentes a las condiciones adversas; en este sentido, Del Valle *et al.* (1978), señalaron que las larvas de *Ostertagia* se desarrollan y eclosionan a temperaturas de 5° C, aunque la temperatura óptima para su desarrollo oscile entre 25 y 30° C.

Debido al elevado porcentaje de infección por nematodos gastrointestinales en vacas Rubia Gallega explotadas en semiextensivo, es recomendable desarrollar medidas encaminadas a reducir su prevalencia, lo que debería incluir, además de cambios de manejo, la administración estratégica de antihelmínticos.

#### AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido subvencionado gracias a la concesión de una beca predoctoral al Dr. Pablo Díaz Fernández y al Proyecto de Investigación (PGDIT04RAG261008PR), ambas ayudas concedidas por la Xunta de Galicia.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Almería, S., Uriarte, J. 1999. Dynamics of pasture contamination by gastrointestinal nematodes of cattle under extensive management systems: proposal for strategic control. *Veterinary Parasitology*, 83: 37-47.
- Armour, J. 1989. The Influence of Host Immunity on the Epidemiology of Trichostrongyle Infections in Cattle. *Veterinary Parasitology*, 32: 5-19.
- Borgsteede, F.H.M., Hendricks, J. 1974. Identification of infective larvae of gastrointestinal nematode in cattle. *Tijdschrift voor Diergeneeskunde*, 99: 103-113.
- Del Valle-Suárez, J.M., Rojo-Vázquez, F.A., Díez-Baños, P. 1978. Estudio sobre los tricostrongídeos del ganado vacuno de León. *Hygia Pecoris*, Vol. I: 82-107.
- Díaz, P., Pedreira, J., Arias, M., Lomba, C., Suárez, J.L., Paz, A., Morrondo, P. 2005. Infecciones parasitarias en vacas de raza Rubia Gallega de la provincia de Lugo: Influencia de la edad. *Buiatría Española*, 10: 231-234.
- Díez-Baños, P., Morrondo, P., Sánchez-Andrade, R., Prieto, M., López, C., Panadero, R. 1994a. Prevalencia de infestación por diferentes formas parasitarias en el ganado vacuno de Lugo. IV Congreso Nacional de Buiatría, La Coruña, 10-12 Marzo.
- Díez-Baños, P., Mezo-Menéndez, M., Morrondo-Pelayo, M.P., Díez-Baños, N. 1994b. Effect of anthelmintic treatment in heifers before turnout to rotational pasture infected with gastrointestinal nematodes. *Revista Ibérica de Parasitología (Research and Reviews in Parasitology)*, 54: 105-107.
- MAFF. 1986. Manual of Veterinary Parasitological Laboratory Techniques. Ministry of Agriculture, Fisheries and Food, Technical Bulletin N°18, London, HMSO, 2-67.
- Mezo-Menéndez, M., Díez-Baños, P., Morrondo Pelayo, P., Díez-Baños, N. 1995. Faecal egg output, contamination of pastures and serum pepsinogen concentration in



heifers with natural gastrointestinal nematode infections in North-West Spain. *Journal of Helminthology*, 69: 53-58.

- Mezo, M., Morrondo, P., Díez-Baños, P. 1996. Control de nematodosis gastroentéricas bovinas mediante bolos intrarruminales compuestos de oxfendazol de liberación programada. IV Congreso Fe. Me. S. P. Rum, Murcia, 28-30 marzo.
- Morrondo, P., Díaz, P., Pedreira, J., Paz-Silva, A., Sánchez-Andrade, R., Suárez, J.L., Arias, M., Díez-Baños, P. 2003. Digestive parasitosis affecting to the autochthonous Rubia Gallega cattle. XI Congresso Internazionale della Federazione Mediterranea Sanità e Produzione Ruminanti (Fe.Me.S.P.Rum.), Olbia (Sassari).
- Nogareda, C., Freire, V., Paz, P., Álvarez, F., Abajo, B. 1987. Incidencia parasitológica en ganado vacuno lechero de Silleda (Pontevedra). *ONE Veterinaria*, 66: 59-68.
- Paz, A., Panadero, R., Sánchez-Andrade, R., López, C., Díez-Baños, P., Morrondo, P. 1998. Prevalencia de procesos parasitarios En muestras de ruminantes remitidas al HCV-RC de Lugo. *Consulta de Difusión Veterinaria*, 54 (volumen especial SEMIV): 113-115.
- Van-Wyk, J.A., Cabaret, J., Michael, L.M. 2004. Morphological identification of nematode larvae of small ruminants and cattle simplified. *Veterinary Parasitology*, 119: 277-306.

## REPERCUSIONES ECONÓMICAS DE LA CISTICERCOSIS HEPÁTICA OVINA

Luzón, M.\*<sup>1</sup>, Rojo, F.A.<sup>2</sup>, Peñalver, J.<sup>3</sup>, López, J.<sup>3</sup>, Meana, A.\*\*<sup>1</sup>

1. Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid. 28040 – Madrid. \*[mluzon@vet.ucm.es](mailto:mluzon@vet.ucm.es); \*\*[ameana@vet.ucm.es](mailto:ameana@vet.ucm.es)
2. Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León. 24071 – León. [franciscorojo@unileon.es](mailto:franciscorojo@unileon.es)
3. Veterinario colaborador. [vetincar@hotmail.com](mailto:vetincar@hotmail.com); [monguro@hotmail.com](mailto:monguro@hotmail.com)

### INTRODUCCIÓN

Aunque no es sencillo calcular las pérdidas que las infecciones o infestaciones parasitarias infieren en la ganadería, en algunos casos es posible cuantificar los daños, como ocurre cuando se producen bajas como consecuencia de un determinado proceso. Sin embargo, la mayoría de las enfermedades parasitarias cursan de forma insidiosa, lo que hace que sólo puedan calcularse de forma aproximada las pérdidas que producen. No obstante, reflejan la trascendencia de los problemas parasitarios en los animales domésticos y útiles.

A pesar de esos inconvenientes, los criterios básicos para valorar las repercusiones de las parasitosis son, según Cordero del Campillo (1973) los siguientes: mortalidad; decomisos; disminución de los rendimientos; atenciones médico-veterinarias; y repercusiones sobre el bienestar humano. La mortalidad y los decomisos podrían calcularse con determinada facilidad; sin embargo, las otras pérdidas son, a menudo, imposibles de evaluar. En cualquier caso, las cifras son muy elevadas.

La disminución de la ganancia de peso es la característica más común de la tricostrongilidosis. Además, se ha comprobado que la tricostrongilidosis también produce disminución de la producción de leche (Martínez-González *et al.*, 1996).

En cuanto a la producción de lana en ganado ovino, las cifras también son demostrativas. En Australia, se calcula que los corderos y ovejas infestados con unas 400 metacercarias de *Fasciola hepatica*, mostraron una reducción del 20-39% en la producción de lana independientemente de la edad y nivel de nutrición.

Muchas veces, los efectos de los parásitos no son muy aparentes. Sin embargo, el tratamiento de los animales con un antihelmíntico eficaz da lugar a una ganancia en peso de hasta 50% en corderos infestados con tricostrongilidos (Reid y Armour, 1978). Bastan, además, cargas parasitarias relativamente bajas (45-120 fasciolas) para que se vean comprometidas las producciones ovinas, tanto en cuanto al desarrollo de los animales, como en la calidad del vellón y peso de la lana (Hawkins y Morris, 1978).

Aunque la información sobre las pérdidas económicas ocasionadas por los nematodos gastrointestinales en la producción de rumiantes en España no es muy abundante, Flores (1983) cifraba estas pérdidas en ganadería ovina en torno a los 7.000 millones de ptas. en 1981 y García Pérez *et al.* (1993) indicaban beneficios económicos del 400% tras la administración de tratamientos antiparasitarios en ganado Lacho.

Berga Monge y Sánchez Mendoza (1990) han estimado las pérdidas económicas en ovinos a partir de los datos sobre prevalencia de los principales procesos parasitarios, estableciendo una pérdida de peso por canal entre el 2% y el 10% para animales con strongilosis, fasciolosis o hidatidosis, y unas pérdidas de leche entre el 5% y el 10%. La evaluación económica de las pérdidas por enfermedades parasitarias establecida por los mencionados autores (incluyendo además los decomisos y la muerte de los animales) alcanzó un valor de mercado de más de 3000 € en un solo año y define a la fasciolosis como la parasitosis que más pérdidas produce (77,4% del total), aunque el estudio no se incluyeron otras parasitosis también prevalentes, como la cisticercosis.

En este trabajo, hemos pretendido aportar algunos datos sobre pérdidas económicas en ovinos derivadas directamente de un proceso parasitario frecuente como la cisticercosis hepática (*Cysticercus tenuicollis*). Para ello, hemos estudiado los decomisos de hígados parasitados por la fase larvaria de *Taenia hydatigena* realizados en un matadero industrial durante un periodo de tiempo y se ha valorado tanto las pérdidas indirectas por la falta de ingresos como las directas por los gastos derivados de la destrucción de los hígados decomisados.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Los datos presentados en el estudio se han obtenido a partir del total de corderos (dos meses de edad, aproximadamente) sacrificados entre los meses de julio y diciembre de 2006 en un matadero ubicado en la zona centro de España, procedentes de diversas comarcas castellano-manchegas y andaluzas. Se indican en el estudio el número total de hígados inspeccionados mensualmente (equivalente al total de animales sacrificados) y de decomisos hepáticos por distintas patologías. En función de dichos datos, se ha calculado el porcentaje mensual de hígados decomisados y lo que representa cada patología originaria de decomisos respecto al total de hígados inspeccionados y al total de decomisados (porcentaje relativo). Así mismo, se ha calculado el promedio mensual de animales sacrificados y el de hígados decomisados por distintas causas, expresándose en este último caso tanto en valor absoluto como en porcentajes.

Los costes generados por los decomisos hepáticos se han calculado considerando dos tipos de pérdidas:

1. Pérdidas relativas a los gastos originados por la destrucción de las vísceras; es decir, "costes directos".
2. Pérdidas originadas por la ausencia de venta de las vísceras ó "costes indirectos".

Los costes se han calculado considerando un peso promedio para hígados de corderos de dos meses de 0,86 kg y un coste de destrucción actual de los decomisos de ovino de 0,15 €/kg, lo que significa 0,129 € por hígado decomisado. El cálculo de los costes indirectos se ha basado en la relación de ventas de la empresa durante el semestre evaluado, resultando un precio medio para los despojos de 1,12 €/kg. Esto se traduciría en una pérdida de 0,963 € por hígado decomisado.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El número de corderos sacrificados durante el semestre evaluado fue de 262.085, con un promedio mensual de 43. 680 ( $\pm$  4.832). El 25% (65.619) de los hígados fue decomisado debido a infecciones por *C. tenuicollis* (84%; n = 55.121); el 16% restante (10.498) debido a la presencia de abscesos hepáticos. Los promedios mensuales -calculados para los decomisos y la proporción relativa de los mismos- fueron, respectivamente, del 24,6%, 83,4% y 16,6%.

El 21% de los hígados inspeccionados en el semestre fueron decomisados por cisticercosis, con un promedio mensual del 20,6%.

Considerando los gastos consecutivos a la destrucción de vísceras y las pérdidas por disminución de ventas según los parámetros indicados anteriormente, los costes derivados de los decomisos por cisticercosis hepática fueron: 7.110,6 € por costes directos de destrucción y 53.092,5 € por disminución de las ganancias, lo que representa una pérdida total de 60.203,1 € en el semestre evaluado. Considerando un promedio mensual de 10.033,05 €, los decomisos por cisticercosis hepática ha supuesto un coste anual de unos 120.000 €.

Entre las repercusiones económicas directas de las parasitosis están los decomisos de las vísceras o canales afectadas. Probablemente, las principales causas de decomisos hepáticos en la especie ovina en España son de origen parasitario, destacando la fasciolosis y la hidatidosis (Berga Monge y Sánchez Mendoza, 1990), aunque es probable que otras parasitosis hepáticas altamente prevalentes en nuestra ganadería ovina -como la dicroceliosis y la cisticercosis- contribuyan en buena medida a las pérdidas por decomisos.

Resulta inicialmente llamativo observar que, en el matadero estudiado, las dos únicas causas de decomisos de hígados de cordero sean la cisticercosis visceral y los abscesos hepáticos

(adquiridos probablemente por vía onfalógena), siendo con mucho la infección por *C. tenuicollis* la causa más importante. El origen de los corderos sacrificados, procedentes de áreas de clima seco, justificaría la ausencia de fasciolosis, y la edad de los animales explicaría la ausencia de otras patologías parasitarias frecuentes en ovinos adultos, como la hidatidosis y la dicroceliosis. Sin ánimo de realizar un análisis epidemiológico de los resultados, cabe señalar que los porcentajes mensuales de decomisos por cisticercosis hepática se han mantenido en torno al 20%, lo que indica una prevalencia de parasitación bastante constante durante el periodo de estudio, suponiendo para la empresa un coste medio mensual de unos 10.000 €.

De estos resultados se deduce el insuficiente nivel sanitario de las ganaderías proveedoras de la empresa y, por extensión, probablemente de muchas ganaderías ovinas de la mitad sur peninsular. A su vez, dadas las características epidemiológicas de esta cestodosis larvaria, totalmente equiparables desde el punto de vista de la transmisión perro/oveja a otra metacestodosis de importancia en salud pública (hidatidosis), los resultados de estudios similares al nuestro podrían servir también de indicador sobre el grado de eficacia de las campañas de erradicación de la hidatidosis.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Beller KA. 1997. The Blue Book. 1997; 27: 223-236.
- Berga Monge, A, Sánchez Mendoza, P. 1990. Ovis nº 9: 67-73.
- Cordero Del Campillo M. 1973. Symposium Tramisol. Madrid.
- Díaz Yubero, M.A. 1981. El Campo. Boletín de información Agraria del Banco de Bilbao nº 83: 5-7.
- Fitzgerald, P.R. 1980. Adv. Vet. Sci. & Comp. Med. 24: 518.
- Flores Lasarte, M. 1981. El Campo. Boletín de información Agraria del Banco de Bilbao nº 83: 37-39
- Hawkins, C.D. y Morris, R.S. 1978. Vet. Parasitol. 4: 341.
- García Pérez, A. L. *et al.* 1993. Med. Vet., 10: 221-228.
- Martínez-González, B. *et al.* 1996. Parasitología, **38** (1-2): 236. VII European Multicollloquium of Parasitology. 2-6 September. Parma (Italy).
- Pawlowski, Z., Schultz, M.G. 1972. Adv. Parasitol. 1: 31-42.
- Reid, J.F. & Armour, J. (1978). Vet. Rec. 102: 4-7.

## NUEVAS APORTACIONES SOBRE LA PARASITOFAUNA DEL GANADO OVINO EN EXPLOTACIONES EXTENSIVAS DE SECANO

Valcárcel F.<sup>1</sup>, Fernández, N.<sup>1</sup>, Olmeda, A.S.<sup>2</sup>, Meana, A.<sup>2</sup>, Rojo-Vázquez, F.A.<sup>3</sup>

1. Fac. Veterinaria, Universidad Alfonso X El Sabio; 2. Dep. Sanidad Animal, UCM;

3. Dep. Sanidad Animal, Universidad de León. E-mail: [fvalcsan@uax.es](mailto:fvalcsan@uax.es)

### INTRODUCCIÓN

Las parasitosis son consideradas como una de las principales causas de pérdidas económicas en las explotaciones de rumiantes (Cordero del Campillo, 1970; Flores Lasarte, 1981). Esto ha supuesto que todo el sector se conciencie de su control. Así, basándose en estudios sobre la bionomía de los parásitos se han diseñado diversas estrategias de manejo que redujesen o evitasen las posibilidades de que los animales se infectasen (rotación de parcelas, pastoreo mixto vacuno-ovino, separación por edades, acceso restringido a charcas, etc.) y/o en la utilización de fármacos de muy diversas maneras o en momentos “claves” (antes de la cubrición y/o antes del parto, en primavera y otoño, al salir al pastoreo o al cambiar a los animales de praderas, rotación de fármacos, combinación de fármacos de distinto espectro de actuación o de diferente modo de acción, nuevas vías de administración, etc.).

Gracias a estas medidas, entre otras razones, la mayoría de las parasitosis de los rumiantes en pastoreo en áreas de secano se manifiestan de forma generalmente subclínica (Fernández Díez, 1968; Díez Baños *et al.* 1991a,b) por lo que los tratamientos antiparasitarios se aplican tan solo una o dos veces al año.

Diversos estudios en ovinos españoles, dirigidos mayoritariamente a los nematodos gastrointestinales, han señalado que casi el 100% de los ovinos se encuentra parasitados, con más de 200 especies parásitas descritas, si bien normalmente con cargas medias-bajas (Fernández Díez, 1968; Tarazona Vilas *et al.*, 1985; Uriarte y Gabiña, 1987; Valcárcel *et al.* 1998). Sin embargo, la laboriosidad de los estudios de campo hace que este tipo de datos no se actualice con excesiva frecuencia. La ausencia de datos actualizados junto con las preocupantes denuncias acerca de la existencia en la Península Ibérica de cepas de helmintos resistentes a los fármacos (Requejo Fernández *et al.* 1997, Álvarez-Sánchez, 2003, Álvarez-Sánchez *et al.* 2006), algunos de ellos de uso muy común, nos hizo plantearnos el presente estudio cuyo objetivo es aportar datos actualizados sobre los parásitos más habituales de los ovinos en pastoreo en áreas de secano del centro peninsular.

### MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio se realizó en la finca experimental del CIA Dehesón del Encinar (Toledo) entre los años 2003 y 2004. Se trata de una dehesa de 715 Ha en la que pastan por separado vacuno avileño y ovino talaverano. Para el estudio se emplearon ovinos que seguían unas pautas reproductivas de 1 parto al año y eran alimentados fundamentalmente a base de pasto (1 oveja/Ha) suplementando en épocas de escasez herbácea. Los animales se desparasitaron con albendazol (5 mg/kg pv, *po*, febrero) y con ivermectina (1ml/50 kg, en octubre).

Mediante necropsias mensuales se estudiaron los endo y ectoparásitos de un total de 67 animales (entre cinco y ocho al mes) de edades comprendidas entre uno y 10 años de edad. El día anterior a la necropsia se tomaron muestras de heces para determinar la eliminación fecal de huevos (hpg= huevos por gramo). Se determinó la carga parasitaria en abomaso e intestino delgado y ciego (cestodos y nematodos gastrointestinales), hígado y vesícula biliar (trematodos), esófago y diafragma (sarcosporidiosis) y en la cabeza (miasis cavitarias). Previamente a las necropsias se realizó una inspección externa para evidenciar ectoparásitos. También se recogieron mensualmente garrapatas de la vegetación.

La necropsia y la eliminación fecal de huevos se realizaron con las técnicas de laboratorio habituales revisadas por García Romero *et al.* (2000) y Valcárcel Sancho *et al.* (2000a,b). La presencia de microquistes de sarcosporidios se determinó por triquineloscopia. La recogida de garrapatas de la vegetación se realizó mediante la técnica de arrastre de una toalla de felpa de 2 m<sup>2</sup> durante 30 minutos.

## RESULTADOS

Los nematodos gastrointestinales fueron los parásitos más frecuentes afectando al 87% de los animales muestreados con un promedio de 1259 vermes (mín: 30, máx: 25480). Al estudiar su distribución en el tracto gastrointestinal, las cargas parasitarias más elevadas correspondieron al intestino delgado y al abomaso, con muy poca parasitación del ciego (607, 507 y 1 vermes de promedio, respectivamente). Las cargas más elevadas tuvieron lugar en septiembre y mayo. Del total de 11890 vermes identificados, las tres especies más abundantes fueron *Teladorsagia circumcincta*, *Trichostrongylus vitrinus* y *Nematodirus fillicollis* (39,00%, 36,69 % y 14,41%, respectivamente). El resto de especies identificadas (*Teladorsagia trifurcata*, *Ostertagia lyrata*, *O. kolchida*, *O. ostertagi*, *Trichostrongylus axei*, *T. capricola*, *T. colubriformis*, *Nematodirus spathiger* y *Haemonchus contortus*) tuvieron muy poca representación. En relación con la edad de los animales, como es habitual en estas parasitosis, los animales menores de dos años y mayores de ocho tuvieron las cargas más elevadas (promedio de 2964 y 967 vermes, respectivamente). El tratamiento antihelmíntico en primavera (ABZ) redujo el 100% de los vermes pero el de octubre (IVM) sólo eliminó al 96,4%. La eliminación fecal de huevos de estos nematodos gastrointestinales también fue relativamente baja (promedio de 307 hpg, mín: 15, máx: 3030).

Se encontraron diversos estadios larvarios de *Oestrus ovis* en 16 de 65 animales (24,62%) con las mayores prevalencias de julio a septiembre (máximo en agosto con un 83,33% de animales positivos). Durante el resto del año no se detectaron larvas, excepto en dos animales en el mes de enero (40% de los muestreados ese mes).

Pudimos recoger ejemplares de garrapatas prendidos en las ovejas en el 19,40 % de los animales desde abril hasta octubre con las mayores prevalencias en septiembre (71,43%). Sobre un total de 125 ejemplares recogidos, se identificaron dos géneros: *Hyalomma*, el más abundante (96%) y *Rhipicephalus*, con una sola especie por género: *H. lusitanicum* y *R. bursa*. En la vegetación sólo recogimos ejemplares desde abril a agosto, siendo julio y agosto los meses en los que las capturas fueron más abundantes. En estos muestreos recogimos sobre todo *H. lusitanicum*: 886 ejemplares (larvas, ninfas y adultos), *Rhipicephalus pusillus* (11 adultos) y *Dermacentor marginatus* (una hembra).

Se detectaron microquistes de sarcosporidios en el esófago de cinco animales (7,57%) y en el diafragma de otros nueve (13,47%) si bien no coincidieron las fechas en las que se detectaron. Así, en el esófago se hallaron fundamentalmente entre marzo y mayo mientras que en el diafragma aparecieron las mayores prevalencias en septiembre y octubre. No se identificaron específicamente estos microquistes.

No se encontraron trematodos ni cestodos en las necropsias (hígado, vesícula o intestino delgado) así como tampoco se observó excrección fecal de huevos de estos grupos parasitarios.

## DISCUSIÓN

Como era previsible, los nematodos gastrointestinales fueron el grupo parasitario más abundante y constante de todos los estudiados si bien con niveles medios bajos como parece ser la norma en estas áreas castellano-manchegas (Tarazona Vilas, 1974; Tarazona Vilas *et al.*, 1985; García Romero *et al.*, 1993; Valcárcel Sancho *et al.*, 1998). En cuanto a la distribución de especies, se ajustó también a lo descrito con anterioridad salvo por la escasez de ejemplares de *T. axei*. A pesar de representar cargas medias bajas, el nivel de infección fue casi tres veces superior al hallado quince años antes en la misma finca (García Romero *et al.*, 1993; Valcárcel Sancho *et al.*, 1998). Este hecho hizo que nos planteásemos la posibilidad de que hubiese algún tipo de resistencia a los antihelmínticos o de algún fallo de manejo (Valcárcel Sancho *et al.*, 2005). La eficacia de los dos productos empleados -ABZ e IVM- fue adecuada. No obstante, no es posible sospechar la existencia de resistencias a este producto puesto que no se realizaron técnicas como el porcentaje de reducción de la eliminación de huevos (FECRT), el ensayo de inhibición de la alimentación larvaria (LFI), etc.

La presencia de *H. lusitanicum* y *R. bursa* en las ovejas puede considerarse normal, al ser ambas especies habituales en los rumiantes domésticos y silvestres de la Península. Aparte de que *H. lusitanicum* fuese la especie más frecuente, la gran desproporción entre el número de capturas de esta especie en la vegetación en comparación con el resto de ixódidos puede justificarse por el hallazgo de dos “nidos de larvas” con 402 y 381 ejemplares que supusieron una considerable elevación en el recuento de esta especie. La importancia de “nidos” radica en poder localizar el inicio del ciclo anual de esta garrapata de tres hospedadores en las épocas más calurosas. Aunque *R. pusillus* fue abundante en la vegetación, la ausencia de parasitación en el ovino por esta especie se justifica por su carácter monotrópico alimentándose casi exclusivamente en conejos. *D. marginatus* fue recogido muy escasamente como es habitual en estas zonas.

En relación con las miasis, el 25% de los animales tenía larvas de *Oestrus ovis* en las cavidades craneales. Encontramos larvas casi exclusivamente en los ovinos muestreados en verano sin que existiera relación alguna con la edad; tampoco el número de larvas por animal fue elevado. Aunque no eran parte del estudio, en algunas ovejas y en otros animales del rebaño, también detectamos miasis semiespecíficas o gusaneras localizándose principalmente a nivel interdigital y perineal. La presencia de estas larvas de moscas era especialmente importante en los meses más calurosos y generalmente ocurría tras el desprendimiento de ixódidos. Las moscas hacían la puesta en o alrededor de la herida sangrante que dejaban las garrapatas y al crecer las larvas comenzaban a alimentarse del tejido circundante produciendo heridas y una destrucción tisular tan grande que algunas ovejas a las que no se les detectaban a tiempo llegaban a morir. En nuestra opinión, esta artropodosis debe ser objeto de estudios para determinar con mayor exactitud su bionomía, sobre todo, establecer medidas de control adecuadas.

Estos resultados confirman que las principales parasitosis de los ovinos adultos en éstas áreas de secano son las gastroenteritis parasitarias y las artropodosis, dejando en un segundo plano las cestodosis, trematodosis y sarcosporidiosis.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Álvarez, M.A. 2003. Tesis doctoral, Universidad de León.
- Álvarez-Sánchez, M.A., Mainar-Jaime, R.C., Pérez García, J. y Rojo-Vázquez, F.A. Veterinary Record, 159 (13): 424-425; 2006.
- Cordero del Campillo, M. 1970. Revista Ibérica de Parasitología, 30: 121-127.
- Díez Baños, N.; Díez Baños, P.; Cordero del Campillo, M. y Morrondo Pelayo, P. 1991a. ICASEP I, Valencia, p. 260.
- Díez Baños, N.; Díez Baños, P.; Cordero del Campillo, M. y Mezo Menéndez, M. 1991b. ICASEP I, Valencia, p. 285.
- Fernández Díez, M. 1968. Rev. Iber. Parasitología, 28 (1): 32-69.
- Flores Lasarte, M. 1981. El Campo, 83: 37-45.
- García Romero, C.; Valcárcel Sancho, F.; Cordero del Campillo, M. y Rojo-Vázquez, F.A. 1993. Investigación Agraria. Producción y Sanidad Animales, 8 (2): 155-168.
- García Romero, C.; Valcárcel Sancho, F. y Rojo Vázquez, F.A. 1996. Serie: Area de Producción Animal 8, 99p.
- García Romero, C.; Valcárcel Sancho, F.; Olmeda García, A.S.; Corchero Ayala, J. y Rojo-Vázquez, F.A. 2000. Ovis, 70: 23-42.
- Pérez García, J. 2003. Tesis doctoral, Universidad de León.
- Requejo-Fernández, J.A.; Martínez, A.; Meana, A., Rojo-Vázquez, F.A.; Osoro, K. y Ortega Mora, L.M. 1997. Veterinary Parasitology, 87: 83-88.
- Tarazona Vilas, J.M. 1974. Anales INIA Servicio de Higiene y Sanidad Animal, 1: 63-85.
- Tarazona Vilas, J.M.; Sanz-Pastor, A.; Babin, M.M.; Canals, A.; Domínguez, T.; Martín, M. y Trujillo, J. 1985. Anales INIA Servicio de Higiene y Sanidad Animal, 11: 63-69.
- Uriarte, J. y Gabiña, D. 1987. V Congreso Nacional de Parasitología. Salamanca, pp 143-144.
- Valcárcel Sancho, F.; García Romero, C.; Olmeda García, A.S. y Rojo-Vázquez, F.A. 1998. Research and Reviews in Parasitology, 58 (2): 75-82.
- Valcárcel Sancho, F.; García Romero, C.; Olmeda García, A.S.; Corchero Ayala, J. Rojo-Vázquez, F.A. 2000a. Ovis, 70: 43-53.
- Valcárcel Sancho, F.; García Romero, C.; Olmeda García, A.S.; Corchero Ayala, J., Meana, A. y Rojo-Vázquez, F.A. 2000b. Ovis, 70: 55-75.
- Valcárcel F., A. Cerdeño, J.J. Mateos, P. Martín, T. Muñoz, A.S. Olmeda, F.A. Rojo-Vázquez. XI Jornadas de Producción Animal AIDA 2005, Vol Extra nº 26 (2): 870-872.

## PREVALENCIA DE INFECCIÓN POR *Calicophoron daubneyi* EN VACAS EXPLOTADAS EN GALICIA: CRONOBIOLOGÍA DE ESTE TREMATODO.

Suárez, J. L., Díaz, P., Francisco, I., Pardo, M., Paz, A., Sánchez-Andrade, R., Díez Baños, P., Morrondo, P.

Unidad de Parasitología y Enfermedades Parasitarias, Departamento de Patología Animal, Facultad de Veterinaria de Lugo (Universidad de Santiago de Compostela).  
Campus Universitario s/n 27002 LUGO  
e-mail: [gdep@lugo.usc.es](mailto:gdep@lugo.usc.es)

### INTRODUCCIÓN

La parafistomosis es una trematodosis causada por parásitos de la familia Paramphistomidae, que tienen un ciclo biológico similar a *Fasciola hepatica*, y de hecho comparten el hospedador intermediario, principalmente caracoles del género *Lymnaea* (Ollerenshaw y Smith, 1969). Los parafistomos afectan con mayor frecuencia a rumiantes jóvenes (terneros, cabritos y corderos), son causantes de alteraciones digestivas y hemáticas que a veces incluso pueden causar bajas. Las alteraciones se deben principalmente a los trematodos juveniles, y se discute la patogenicidad de los adultos (Díaz *et al.*, 2006). Se han descrito varios géneros y especies de Paramphistomidae, entre los que destacan *Paramphistomum* (*P. cervi*, *P. ichikawi*, o *P. microbothrium*), *Cotylophoron*, *Gigantocotyle* y *Calicophoron*. La especie más habitual en Europa es *Calicophoron daubneyi*.

La infección por Paramphistomidae depende directamente de condiciones ambientales adecuadas para el hospedador intermediario, fundamentalmente temperaturas suaves y precipitaciones frecuentes. En el presente trabajo se analiza la cronobiología de *C. daubneyi* en el Noroeste de España, estudiando la parasitación de vacas Rubia Gallega.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Durante el periodo de marzo de 2001 - febrero de 2004, se recogieron 724 muestras individuales de heces de vacas Rubia Gallega de 121 explotaciones en régimen semi-extensivo. La selección de los animales se realizó mediante el paquete estadístico SPSS (versión 12.0).

Las muestras se analizaron mediante la técnica coprológica de sedimentación, y los resultados se presentaron como el número de huevos por gramo de heces (h.p.g.). Para establecer el patrón climático de la zona de estudio, se recopilaron los valores mensuales de temperaturas máxima y mínima, precipitación y humedad relativa de 20 estaciones meteorológicas automatizadas. Los resultados se procesaron con Microsoft Excel, y el análisis estadístico con SPSS, empleando las pruebas de Chi-cuadrado, ANOVA y Bonferroni post hoc.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### a) Patrón climático

No se obtuvieron diferencias estadísticamente significativas en las variaciones anuales de los valores de las temperaturas máxima y mínima, precipitación ni humedad relativa, de modo que se representaron como un patrón climático anual (Figura 1). Las precipitaciones máximas se registraron en noviembre-diciembre y en abril.

Las temperaturas más elevadas se registraron durante los meses de verano y las más bajas en invierno. El porcentaje de humedad relativa se mantuvo más o menos constante, variando entre 58,3% en enero y 70,7% en noviembre.

#### b) Variación estacional de infección

La prevalencia media de parafistomosis fue moderada (19%; 95% IC: 16, 22), y su importancia queda demostrada por el hecho de que en cinco meses se superó el 20% (Brotowidjoyo y Coperman, 1979). Estos resultados coinciden con los datos de otras zonas



de Francia (Szmidt-Adjidé *et al.*, 2000), Italia (Agosti *et al.*, 1980) o Turquía (Tinar *et al.*, 1992).

El porcentaje de infección más alto se obtuvo en septiembre (66%) y el más bajo en diciembre (4%), resultando estas diferencias significativas ( $\chi^2= 9,621$ ,  $p= 0,001$ ); no obstante, no se apreció correlación entre la prevalencia de infección y los parámetros climáticos.

La cifra máxima de eliminación de huevos se obtuvo en mayo y la mínima en diciembre, comprobándose asimismo que eran diferencias significativas ( $F= 4,452$ ,  $p= 0,004$ ). La infección de rumiantes se produce por la ingestión de metacercarias de *C. daubneyi*, y su presencia está ligada a la de los caracoles hospedadores intermediarios (*Lymnaea truncatula* en el noroeste de España). Si tenemos en cuenta que los huevos del trematodo aparecen en las heces de los rumiantes 2-3 meses después de la ingestión de metacercarias (Rolfe *et al.*, 1991), y que en el presente estudio las mayores prevalencias se encontraron en septiembre y marzo, se puede avanzar que la infección de los animales se produciría principalmente en junio y diciembre.

Según estos resultados durante estos periodos se debería producir la mayor emisión de cercarias por los caracoles hospedadores intermediarios, favoreciendo mucho la presencia de metacercarias en el pasto y con ello las probabilidades de máxima infección de las vacas. Entre los meses de diciembre y abril se registraron temperaturas medias de 5° C, apreciándose incremento desde mayo a octubre. Christensen y Nansen (1976) comprobaron que los limneidos precisaban temperaturas superiores a 4° C para sobrevivir.

Las precipitaciones más abundantes tuvieron lugar en abril para disminuir a continuación hasta septiembre. El incremento de las temperaturas máxima y mínima, unido al de la pluviosidad, debería haber estimulado la liberación de numerosas cercarias entre mayo-junio, lo que propiciaría la mayor infección de los animales entre junio-agosto.

Es interesante conocer bien estos periodos en las distintas regiones para interpretarlos correctamente en el momento de planificar pautas de control de esta trematodosis.

#### AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido subvencionado gracias a la concesión de la Xunta de Galicia del Proyecto de Investigación (PGDIT04RAG261009PR).

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agosti, M., Calaetti, E., Pozza, O. 1980. Clínica e epizootología della paramphistomiasis bovina nella Provincia di Milano. *La Clinica Veterinaria*, 103: 284-296.
- Brotowidjoyo, M.D., Copeman, D.B. 1979. Abattoir survey of bovine paramphistomiasis in North Queensland. *Australian Veterinary Journal*, 55: 402.
- Christensen, N.O., Nansen, P. 1976. The influence of temperature on the infectivity of *Fasciola hepatica* micracidia to *Lymnaea truncatula*. *Journal of Parasitology*, 62: 698-701.
- Díaz, P., Lomba, C., Pedreira, J., Arias, M., Sánchez-Andrade, R., Suárez, J.L., Díez-Baños, P., Morrondo, P., Paz-Silva, A. 2006. Analysis of the IgG antibody response against Paramphistomidae trematoda in naturally infected cattle. Application to serological surveys. *Veterinary Parasitology*, 140: 281-288.
- Rolfe, P.F., Boray, J.C., Nichols, P., Collins, G.H. 1991. Epidemiology of paramphistomosis in cattle. *International Journal Parasitology*, 21: 813-819.
- Szmidt-Adjidé, V., Abrous, M., Adjidé, C.C., Dreyfuss, G., Lecompte, A., Cabaret, J., Rondelaud, D. 2000. Prevalence of *Paramphistomum daubneyi* infection in cattle in central France. *Veterinary Parasitology*, 87: 133-138.
- Tinar, R., Coskun, S., Dogan, H., Demir, S., Akyol, C.V. 1992. Prevalence of *Paramphistomum* species in ruminants of the Marmara region. *Turk Veterinirlik ve Hayvancilik Dergisi*, 16: 187-197.

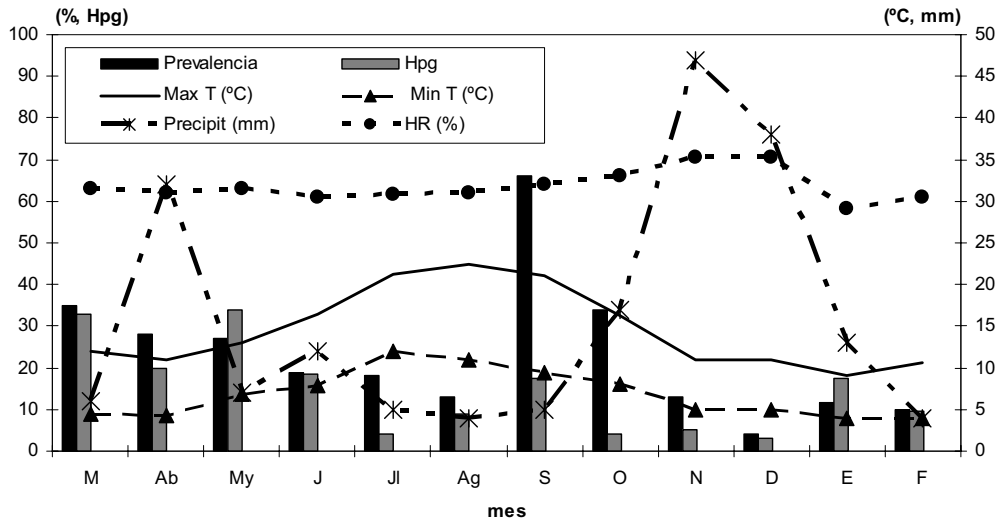


Figura 1.- Parámetros climáticos, prevalencia de parafistomosis y eliminación de huevos de *C. daubneyi*.

## **PREVALENCIA DE LA HIPODERMOSIS BOVINA EN GALICIA MEDIANTE UN ESTUDIO DE MATADERO**

Vázquez, L., Dacal, V., Panadero, R., López, C., Cienfuegos, S., Morrondo, P., Díez, P. Parasitología y Enfermedades Parasitarias. Dpto. Patología Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad de Santiago de Compostela. 27002. Lugo.  
E-mail: [luisvazsan@gmail.com](mailto:luisvazsan@gmail.com)

### **INTRODUCCIÓN**

Entre los perjuicios económicos causados por la hipodermosis destacan disminución de la producción de leche, reducción del valor de la canal, depreciación del cuero, etc.

De las seis especies citadas dentro del género *Hypoderma*, sólo dos parasitan de forma obligada al ganado vacuno: *Hypoderma bovis* e *Hypoderma lineatum*. En el Noroeste de España predomina *H. lineatum* frente a *H. bovis*. Las larvas 1 de *H. lineatum* se desplazan por el tejido conjuntivo de la parte anterior del pecho y abdomen, hasta la submucosa esofágica, donde permanecen temporalmente. Tras este periodo de reposo, las L-1 reinician una migración prolongada durante meses hacia la piel del dorso, donde forman los "barros o bubones", que son nódulos en cuyo interior se desarrollan las larvas hasta su tercer estadio.

El objetivo de este trabajo es estudiar las variaciones mensuales de infestación por *Hypoderma lineatum* y al mismo tiempo comprobar la influencia de factores como zonas climáticas, razas y edad de los animales.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

Desde mayo de 2004 hasta marzo de 2005, se obtuvieron semanalmente 20 esófagos de bovinos procedentes de las 4 provincias gallegas y sacrificados en matadero. Los esófagos se identificaron individualmente mediante el número de canal del que procedían. Los muestreos se dieron por finalizados cuando durante tres muestreos consecutivos no se observaron L-1 de *H. lineatum* en el esófago. Se abrió longitudinalmente el esófago para buscar las posibles larvas en la submucosa.

La mayoría de los animales muestreados eran de raza frisona. Con respecto a la edad de los animales se establecieron tres grupos: uno formado por animales de  $\leq 4$  años, otro integrado por vacas cuya edad estaba comprendida entre los 4 y 9 años y un último grupo compuesto por bovinos de  $\geq 10$  años. Para estudiar la influencia del clima o de la zona geográfica de procedencia, se establecieron, basándonos en la clasificación de Carballeira *et al.* (1983), cuatro áreas o zonas climáticas: centro, montaña, costa y transición.

### **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

De los 539 esófagos examinados, 104 (19,3%) presentaban larvas 1 de *Hypoderma lineatum* en su submucosa. El diagnóstico "post-mortem" de la hipodermosis a través de la búsqueda y hallazgo de L-1 en la submucosa esofágica, constituye un método fiable de diagnóstico, siempre que se realice sobre un número suficiente de animales y durante los periodos del año adecuados. Los porcentajes de parasitación obtenidos en el matadero resultaron muy inferiores a los obtenidos con la detección de anticuerpos (Panadero, 1996). Esta diferencia puede atribuirse a la mortalidad de las larvas durante su migración intraorgánica, ya que, de acuerdo con Gingrich (1980), la mayor parte de las larvas que no completan su desarrollo y por tanto no alcanzan los lugares de reposo invernal, son destruidas en las primeras fases de la migración.

Al examinar las variaciones de la prevalencia a lo largo de los periodos de estudio (Figura 1), observamos que la más elevada fue en los meses de julio (25,6%) y especialmente en octubre (42,3%). Estos resultados coinciden con los obtenidos por Panadero *et al.* (1998) y Fernández *et al.* (2005), quienes también observaron porcentajes más altos de esófagos parasitados entre octubre y noviembre.

Al tener en cuenta la zona climática de procedencia (Figura 2) de los animales positivos, observamos que las prevalencias más elevadas se observaron en la montaña (30,6%),

mientras que las más bajas se registraron en las zonas costeras (8,3%). Estas diferencias fueron significativas, siendo la prevalencia en la costa significativamente menor que en las otras zonas ( $p=0,0097$ , g.l.=1;  $\chi^2=10,4218$ ).

Estos resultados coinciden con los de Panadero *et al.* (2000), quienes comprobaron, mediante ELISA indirecto, que los animales procedentes de la franja costera gallega, cuyos veranos se caracterizan por temperaturas relativamente elevadas y precipitaciones intensas, presentaban los porcentajes más bajos de parasitación. De acuerdo con estos autores, el factor con mayor influencia sobre la seroprevalencia de la hipodermosis era la precipitación global y en menor medida la temperatura y la intensidad del viento. En este sentido, Talegón (1969) refiriéndose a la provincia de Lugo, observó que los animales de las localidades más afectadas por hipodermosis eran los de las zonas altas de montaña y los menos afectados los de la zona costera.

Al considerar la raza (Figura 3) observamos que la prevalencia más alta se presenta en las vacas de raza rubia (31,3%), seguidas por las frisonas (18,5%) y sus cruces (15,7%). No obstante estas diferencias observadas, no resultaron estadísticamente significativas ( $p>0,05$ ). Estos resultados coinciden con los de Panadero *et al.* (2000) quienes observaron los valores más altos de seropositividad en las vacas de raza rubia gallega, si bien en su caso las diferencias sí fueron significativas.

Al tener en cuenta la edad de los animales (Figura 4), los porcentajes más elevados de vacas infestadas corresponden a los animales de más edad (25,0%), seguidos por los más jóvenes (20,5%) y, finalmente por los de 5-9 años (16,2%). No obstante, mediante la prueba  $\chi^2$  no se encontraron diferencias significativas con respecto a la edad de los animales ( $p>0,05$ ).

La ausencia de relación entre la edad de los animales y la prevalencia por *Hypoderma* ha sido una constante en distintos estudios llevados a cabo en Galicia (Panadero *et al.*, 2000; Castillo, 2003), en los cuales se considera un factor importante el número de contactos previos que el animal haya tenido con las moscas de *Hypoderma*, por su repercusión a nivel inmunitario. En todo caso, el planteamiento de este estudio en un muestreo de matadero no permitió disponer de muestras suficientes de animales entre 1 y 2 años, lo que posiblemente permitiría comparar los resultados de un modo más cercano a la realidad.

### AGRADECIMIENTOS

Al personal del matadero NOVAFRIGSA y en especial a los inspectores veterinarios. Este trabajo ha sido financiado por los Proyectos de Investigación AGL-2004-01827 y PGDIT05PXIC26101PN de la Xunta de Galicia.

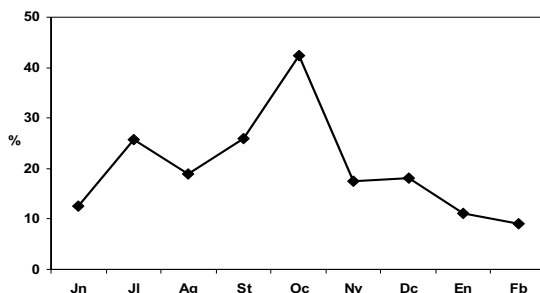


Fig. 1: Evolución mensual de la prevalencia

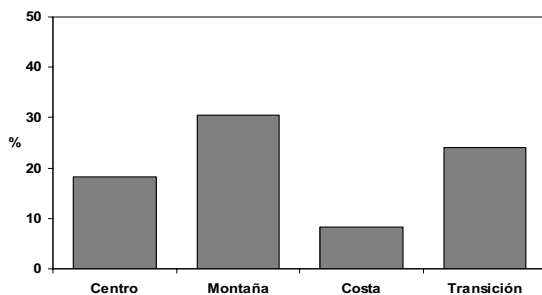


Fig. 2: Prevalencia según la zona climática de procedencia

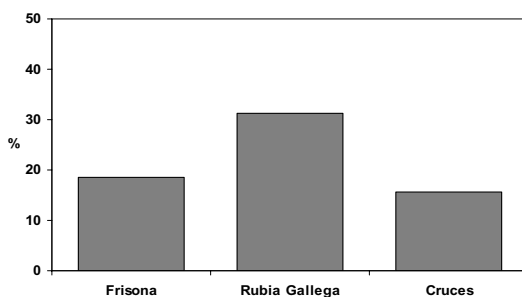


Fig. 3: Prevalencia según la raza de los animales

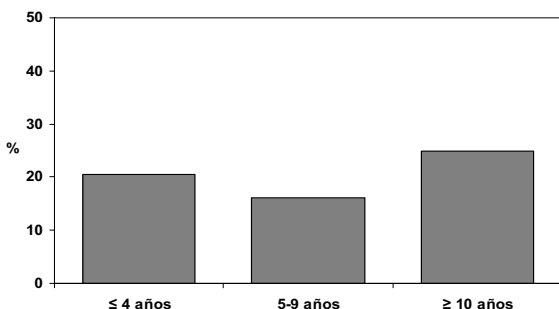


Fig. 4: Prevalencia según la edad de los animales

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Carballeira, A., *et al.* 1983. Bioclimatografía de Galicia. Fundación Barrié de la Maza. 239 pp.
- Castillo, M. 2003. Memoria de Licenciatura. Facultad de Veterinaria. Universidad de Santiago de Compostela. 166 pp.
- Fernández, M., *et al.* 2005. IV Jornadas Internacionales de ganado Vacuno de AVEBU, 10: 235-239
- Gingrich, R. 1980. Veterinary Parasitology, 9: 233-242
- Panadero, R. 1996. Tesis Doctoral. Facultad de Veterinaria. Universidad de Santiago de Compostela. 256 pp.
- Panadero, R., *et al.* 1998. Veterinaria México, 29: 155-160.
- Panadero, R., *et al.* 2000. Journal of Medical Entomology, 37, (1): 27-28.

## ANÁLISIS DE LA INTENSIDAD DE PARASITACIÓN POR LARVAS-1 DE *Hypoderma lineatum* EN GANADO VACUNO DE GALICIA

Dacal V., Vázquez L., Panadero R., López C., Cienfuegos S., Morrondo P., Díez P.  
Parasitología y Enfermedades Parasitarias. Dpto. Patología Animal. Facultad de Veterinaria.  
Universidad de Santiago de Compostela. 27002. Lugo. E-mail: [vicendacal@hotmail.com](mailto:vicendacal@hotmail.com)

### INTRODUCCIÓN

Aunque los síntomas y las lesiones de la hipodermosis son poco evidentes, esta parasitosis es responsable de pérdidas económicas importantes que la convierten en una de las enfermedades parasitarias a controlar de forma correcta.

La biología de *Hypoderma* sp. está muy condicionada por los factores medioambientales que influyen directamente sobre el desarrollo de los estadios libres del parásito. El clima condiciona de una parte la cronología de los periodos de riesgo para la infestación, y por otra, la intensidad de parasitación. También influyen en el ciclo de este parásito otros factores dependientes del hospedador como la raza y edad (Benakhla *et al.* 1993, Panadero *et al.*, 1995).

En este estudio se analiza la influencia del área climática, raza y edad de los animales sobre la intensidad de parasitación por L-1 de *Hypoderma lineatum* durante su permanencia en la mucosa del esófago.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Entre mayo de 2004 y marzo de 2005 acudimos semanalmente a un matadero local, en el que se sacrifican bovinos procedentes de diversas zonas del noroeste de España, preferentemente de Galicia. Tras la evisceración de los animales en la cadena de sacrificio se recogieron, aproximadamente 20 esófagos sobre los que se investigó la presencia de L-1, para el diagnóstico de *H. lineatum*. Los muestreos se dieron por finalizados cuando, durante tres visitas consecutivas, no se observaron L-1 de *H. lineatum* en ningún esófago. De cada animal muestreado se recopilaron los siguientes datos: municipio y provincia de procedencia, edad y raza. Con respecto a la edad de los animales se establecieron tres grupos:  $\leq 4$  años, 5-9 años y  $\geq 10$  años para comparar los resultados respectivos.

Galicia por su situación en el Noroeste de la Península Ibérica, tiene un clima oceánico, con inviernos fríos y lluviosos y veranos calurosos y secos. No obstante, en su territorio hay variaciones climáticas ostensibles que permiten diferenciar zonas climáticas distintas. Para estudiar la influencia del clima y de la zona geográfica de procedencia de los animales, se establecieron cuatro áreas o zonas climáticas en Galicia: Centro, Montaña, Costa y Transición, basándonos para ello en la clasificación de Carballeira *et al.* (1983) (Figura 1).

Se utilizó el análisis de varianza multifactorial para determinar si había diferencias significativas en la intensidad de parasitación teniendo en cuenta la procedencia, raza y edad de los animales.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De los 104 esófagos parasitados (19,3%) se extrajeron un total de 720 L-1, con un número medio de larvas por esófago considerado como moderado ( $6,92 \pm 6,2$ ); que resultó inferior a lo hallado por Panadero *et al.* (1998) y Fernández *et al.* (2005) en Galicia y por Martínez-Moreno (1992) y Hurtado (1997) en Andalucía y Cáceres, respectivamente.

La distribución del número de L-1/ esófago puede verse en la Figura 2. En la mayoría (59,6%) de los esófagos parasitados se hallaron entre 1 y 5 larvas, y únicamente en el 2,9% se observaron más de 30 larvas 1 de *Hypoderma lineatum*. Si se considera que en un estudio previo realizado en Galicia por Panadero *et al.* (1998) el porcentaje de esófagos que albergaban más de 30 larvas era del 8,8%, por lo que se deduce que la intensidad de parasitación ha experimentado una reducción en estos años transcurridos.

Al tener en cuenta las zonas climáticas (Figura 3), se advierte que está más parasitada la montaña ( $9,6 \pm 7,8$ ), seguida de cerca por la costa ( $9,1 \pm 13,3$ ), centro ( $7,5 \pm 9,6$ ), y finalmente,

la zona de transición ( $6\pm 7,6$ ). Las diferencias halladas no fueron estadísticamente significativas ( $p>0,05$ ), por lo que, de acuerdo con Panadero *et al.* (2000), podemos afirmar que si bien la zona climática puede condicionar el porcentaje de parasitación por *H. lineatum*, sin embargo, no parece influir sobre el número de larvas 1 recogidas de cada esófago. Esta situación podría explicarse si se considera que en la zona de montaña la temperatura media durante el estudio fue menor lo cual reduciría la eficacia de puesta de las moscas. Además, al ser la prevalencia más elevada en la zona de la montaña, es probable que los animales hayan desarrollado mayor resistencia frente a las reinfestaciones (Panadero *et al.*, 2000).

Con respecto a la raza (Figura 4) la más parasitada fue la Rubia Gallega ( $10,8\pm 14,1$ ), seguida por los cruces ( $7,8\pm 7,4$ ) y la frisona ( $6,4\pm 7,8$ ). No obstante, en nuestro estudio estas diferencias no fueron significativas ( $p>0,05$ ).

Nuestros resultados no concuerdan con lo descrito por Benahkla *et al.* (1993) en Argelia, quienes observaron que la raza frisona presentaba, en general, mayor número de barros que otras razas autóctonas lo que atribuyeron al grosor de la piel.

Al tener en cuenta la edad de los animales muestreados (Figura 5) vemos que la intensidad de parasitación fue muy similar en los diferentes grupos, de modo que no se encontraron diferencias significativas entre ellos ( $p>0,05$ ). Estos resultados tampoco coinciden con lo obtenido por Benahkla *et al.*, (1993) y Panadero *et al.*, (1995), quienes indican que los animales mayores tendían a presentar intensidades de infestación más bajas debido, probablemente, a que los contactos previos con las larvas del parásito ejercen un cierto grado de protección cuya valoración no resulta sencilla en condiciones de campo.

#### AGRADECIMIENTOS

Al personal del matadero NOVAFRIGSA y en especial a los inspectores veterinarios. Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto de Investigación AGL-2004-01827 y PGDIT05PXIC26101PN (Xunta de Galicia).

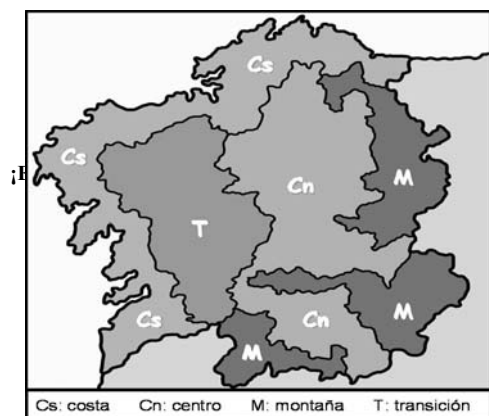


Figura 1. Zonas climáticas de Galicia

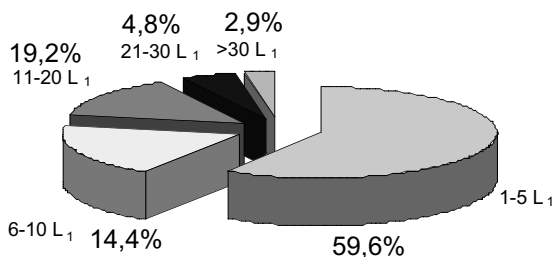


Figura 2. Distribución del número de larvas por esófago parasitado

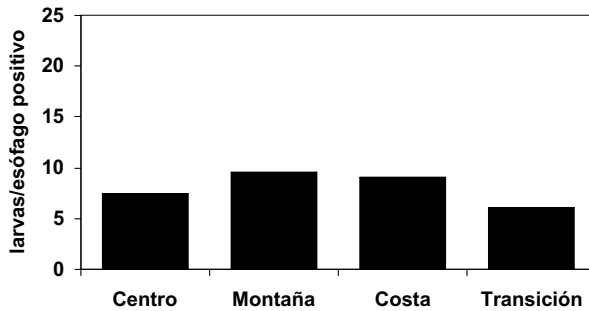


Figura 3. Intensidad de parasitación por L-1 de *H. lineatum* al tener en cuenta la zona climática

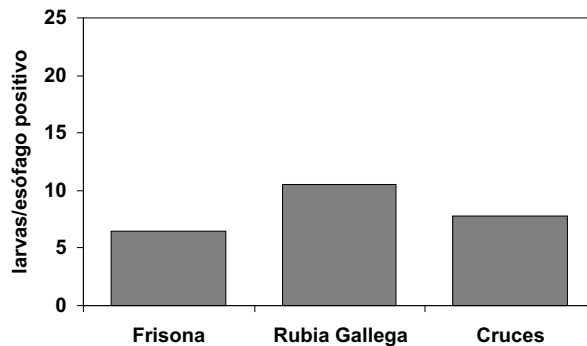


Figura 4. Intensidad de parasitación por L-1 de *H. lineatum* al tener en cuenta la raza

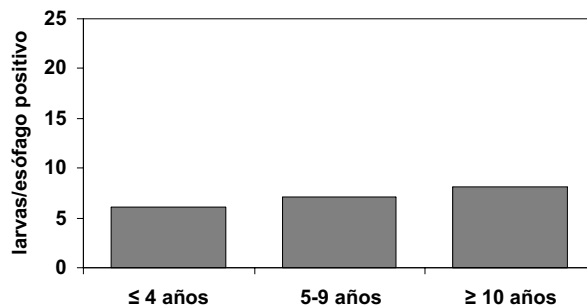


Figura 5. Intensidad de parasitación por L-1 de *H. lineatum* al tener en cuenta la edad

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Benakhla, A., *et al.* (1993). *Revue de Médecine Vétérinaire*, 144: 693-700.
- Carballera, A., *et al.* (1983). *Bioclimatografía de Galicia*. Ed. Fundación Barrié de la Maza.
- Fernández, M. *et al.* (2005). *IV Jornadas Internacionales de Ganado Vacuno de AVEBU*. Lugo, 10: 235-239
- Hurtado, F., *et al.* (1997). *Revue de Médecine Vétérinaire*; 14: 227-232.
- Martínez-Moreno, F.J., (1992). *Tesis Doctoral*, Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba. 109 pp.
- Panadero, R., *et al.* (1995). *Research and Reviews in Parasitology*, 54: 129-132.
- Panadero, R., *et al.* (1998). *Veterinaria México*, 29: 155-160.
- Panadero, R., *et al.* (2000). *Journal of Medical Entomology*, 37: 27-28.



## NIVELES LEUCOCITARIOS CIRCULANTES EN GANADO VACUNO DURANTE LA FASE ESOFÁGICA DE *Hypoderma lineatum* (DIPTERA: OESTRIDAE)

Vázquez, L., Panadero, R., Dacal, V., Cienfuegos, S., Fernández, G., Díez, P., Morrondo, M<sup>a</sup> P., López, C.\*

Parasitología y Enfermedades Parasitarias. Dpto Patología animal. Facultad de Veterinaria de Lugo. Universidad de Santiago de Compostela. 27002 Lugo. \*clopez@lugo.usc.es

### INTRODUCCIÓN

La hipodermosis es una miasis que afecta preferentemente al ganado vacuno mantenido en pastoreo. Su importancia se ha puesto de manifiesto en diversos estudios efectuados en León, Asturias, Galicia, Andalucía, Extremadura. A pesar de disponer de fármacos eficaces, los porcentajes de parasitación siguen siendo altos en amplias zonas de nuestro país y de otros europeos, africanos y americanos. La migración intraorgánica de las larvas 1 de *Hypoderma* spp. provoca respuesta inmunitaria tanto humoral como celular. La primera se estudió ampliamente con numerosas técnicas que detectan anticuerpos (Colwell y Baron, 1990; Panadero *et al.*, 2000) y antígenos parasitarios (Panadero y col., 2002); sin embargo, no se ha demostrado relación entre los niveles de inmunoglobulinas séricas y el grado de resistencia alcanzado por los animales (Pruett y Barret, 1985, Panadero, 1996). Por el contrario, Nelson y Weintraub (1972) y Baron y Weintraub (1987) encontraron cierta correlación entre la intensidad de la respuesta inmunitaria celular y la mortalidad larvaria en el hospedador, especialmente durante la fase de penetración de las larvas. En esta respuesta celular cutánea se han identificado y cuantificado diversas poblaciones celulares (López *et al.*, 2005).

Cada una de las poblaciones leucocitarias desempeña funciones específicas en los mecanismos inmunitarios, y su mayor o menor demanda en los tejidos responde a estímulos específicos que serán los que determinen su presencia en la circulación sanguínea.

El objetivo de este estudio es observar si esa respuesta cutánea inicial, de importancia para la resistencia frente a la infestación por *Hypoderma*, se mantiene posteriormente durante la fase interna de la infestación y si se traduce en cambios en las poblaciones leucocitarias sanguíneas.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Durante el periodo en el que las larvas 1 de *H. lineatum* se encuentran en su fase esofágica (junio-febrero) en el noroeste de España (Fernández, 2005) se tomaron muestras de sangre de 92 vacas sacrificadas en un matadero de Lugo. La sangre se recogió en tubos Vacutainer con anticoagulante (EDTA). Tras su evisceración se recogieron esófagos y se investigó la presencia de larvas de *Hypoderma lineatum* en la submucosa esofágica.

Las muestras de sangre se procesaron para determinar diferentes poblaciones leucocitarias (granulocitos, monocitos y linfocitos) mediante un contador hematológico semiautomático (ABACUS Junior Vet; DIATRON, Viena, Austria).

El análisis de las posibles diferencias entre los niveles leucocitarios de la población de animales positivos y negativos se hizo con una prueba de regresión logística. También se analizó la correlación entre el número de larvas de *H. lineatum* observadas en cada esófago y los valores de las tres poblaciones leucocitarias estudiadas. Los programas estadísticos utilizados fueron OS4, v.1 rev.9 (William G. Millar, enero 2007) y SPSS v.14.02 (SPSS Inc., 1989-2005).

### RESULTADOS

De los 92 animales examinados, 46 resultaron positivos a *Hypoderma lineatum* y en los otros 46 no albergaban larvas. En la figura 1 se observa que los recuentos de granulocitos en los animales negativos son inferiores a los de los infestados, mientras que las cifras de linfocitos son muy similares en ambas poblaciones y las de monocitos fueron más elevadas en las vacas no parasitadas.

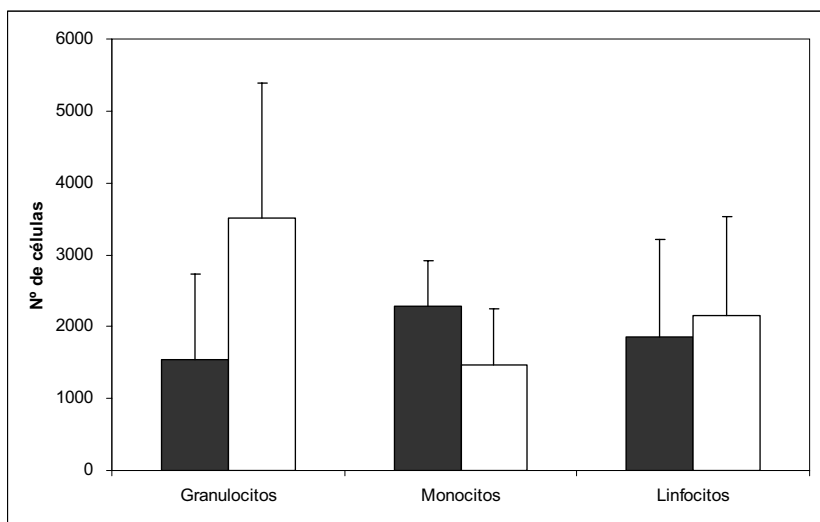


Figura 1. Resultados de las poblaciones leucocitarias en los bovinos positivos (□) y negativos (■)

No obstante, el modelo general de regresión logística no muestra diferencias significativas en los resultados de las células estudiadas, tomadas en conjunto, entre los animales positivos y negativos ( $\chi^2 = 1,622$ ;  $p = 0,654$ ). Consideradas individualmente, ninguna de las poblaciones leucocitarias estudiadas es capaz de discriminar animales positivos de negativos ( $p = 0,252$ , OR (Odds ratio) =  $1,0002 \pm 0,0003$ ,  $p = 0,568$ , OR =  $1,0002 \pm 0,0007$  y  $p = 0,537$ , OR =  $0,9999 \pm 0,0003$  para granulocitos, monocitos y linfocitos, respectivamente).

La tabla de contingencia que muestra la identificación de los animales mediante la regresión logística frente a la observada al examinar los esófagos se muestra en el cuadro siguiente:

		Esperados		
		Negativos	Positivos	Total
Observados	Negativos	24	22	46
	Positivos	26	20	46
Total		50	42	92

Tampoco ha habido correlación entre las diferentes poblaciones leucocitarias y el número de L1 alojadas en cada animal (Correlación de Pearson:  $p = 0,997$ ,  $p = 0,323$ ,  $p = 0,498$ ,  $p = 0,246$  para la población leucocitaria en conjunto, granulocitos, monocitos y linfocitos, respectivamente).

## DISCUSIÓN

Los resultados del estudio no han podido demostrar diferencias entre las poblaciones leucocitarias circulantes en animales infestados por *Hypoderma* durante su fase esofágica y los que no lo estaban. Esto concuerda con lo obtenido por otros autores (Nelson y Weintraub, 1972; Colwell, 1985; Nelson, 1987; Panadero, 1996), quienes detectaron un aumento significativo en los niveles de glóbulos blancos en general, y de eosinófilos y monocitos en particular, coincidiendo con las primeras fases de migración larvaria y durante la movilización posterior de las L1 hacia el dorso y su transformación en L2 y L3; esta situación difiere de lo observado durante la permanencia de las larvas en los lugares de reposo. De acuerdo con Gingrich (1980) esto se debería a que durante la fase de reposo invernal, el escaso estímulo antigénico ejercido por las larvas reduce notablemente la respuesta celular sea poco marcada. Durante este periodo de reposo, la escasa respuesta

celular se traduciría en una baja tasa de mortalidad larvaria. Por el contrario, la mayor destrucción larvaria tendría lugar durante la penetración de la piel o durante la migración las larvas al dorso de los animales. No obstante, la determinación de la respuesta celular circulante en casos de infestación *Hypoderma* requiere tener en cuenta el número de infestaciones previas que hayan sufrido los animales.

#### **AGRADECIMIENTOS**

Este estudio ha sido financiado por los proyectos de investigación PGIDT00PX126102PR y AGL2004-01827/GAN.

#### **REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

- Baron, R.W.; Weintraub, J. (1987). *Vet Parasitol.*, **21**: 43-50.
- Colwell, D.D. (1985). *Res. Highlights*, **86**: 44-46.
- Colwell, D.D.; Baron, R.W. (1990). *Med. Vet. Entomol.*, **4**: 35-42.
- Fernández, M. (2005). *Buiatría Española*, **10** (1): 235-239.
- Gingrich, R.E. (1980). *Vet Parasitol*, **7**: 243-254.
- López, C. et al. (2005). *Vet. Immunol. Immunopathol*, **108**: 285-294.
- Nelson, W.A. (1987). *Immune responses in Parasitic Infections*, **4**: Protozoa, Arthropods and Invertebrates. Ed. Soulsby C.R.C. Press, Boca Ratón, 175-209.
- Nelson, W.A., Weintraub, J. (1972). *J. Parasitol.*, **58**:614-624.
- Panadero, R. (1996). Tesis Doctoral. Universidad de Santiago de Compostela.
- Panadero, R. et al. (2000). *Parasitol. Res.* **86**, 67-68.
- Panadero, R. et al. (2002). *Vet. Parasitol.*, **108**: 85-94.
- Pruett, J.H., Barret, C.C. (1985). *The Southwestern Entomol.* **12**:79-88.

## ALGUNOS PARÁMETROS BIOQUÍMICOS EN OVEJAS INFECTADAS POR *Teladorsagia circumcincta* ALIMENTADAS CON UNA DIETA HIPOPROTEICA

Martínez-Valladares M., Vara-del Río M.P., Rojo-Vázquez F.A.  
Dept. de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad de León. 24071 León,  
España. [dsammv@unileon.es](mailto:dsammv@unileon.es)

### INTRODUCCIÓN

Los tricostrongídeos del tracto gastrointestinal son muy frecuentes en los rumiantes en pastoreo de todo el mundo. Desde hace años, se ha estudiado con interés la influencia de la nutrición sobre la resistencia a las infecciones por estos parásitos, debido a que los animales sometidos a un estado nutricional por debajo de las necesidades requeridas tendrán más dificultades para controlar la infección que los que no lo estén. En este trabajo hemos estudiado la dinámica de algunos parámetros bioquímicos en ovejas resistentes y susceptibles a la infección por *Teladorsagia circumcincta* alimentadas con una dieta hipoprotéica.

### MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio se realizó con un grupo de 22 ovejas adultas de raza Churra, de las que 11 eran susceptibles a la infección por *T. circumcincta* y 11 resistentes. Desde un mes antes de comenzar el ensayo hasta que finalizó, 42 días post-reinfección, las ovejas se alimentaron con una dieta hipoprotéica. El día 0, los animales se infectaron con 30.000 L3 de *T. circumcincta* y a los 7 días se desparasitaron con albendazol (7,5 mg/kg). Después de 7 días, se reinfectaron con 60.000 L3. Durante todo el ensayo, y previamente al mismo, se tomaron muestras de sangre a todos los animales para determinar los siguientes parámetros: proteínas totales, albúmina, calcio y fósforo. Los análisis se realizaron en el LTI (Laboratorio de Técnicas Instrumentales) de la Universidad de León.

### RESULTADOS

Los valores iniciales de las proteínas totales (g/dl) (Fig. 1) se encontraban por debajo de los normales para una oveja adulta (6-7,5 g/dl) (Benjamin, 1984). Aunque aumentaron ligeramente durante la infección, después de la reinfección se normalizaron. Al comparar los valores entre los animales resistentes y susceptibles, no se observaron diferencias significativas.

Fig. 1. Niveles de proteína total (g/dl)

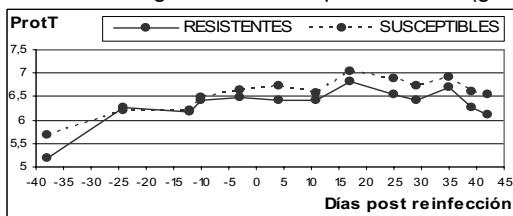
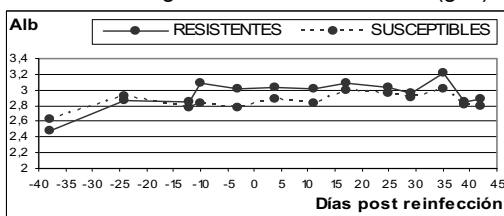
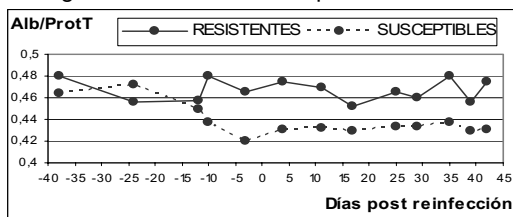


Fig. 2. Niveles de albúmina (g/dl)



En cuanto a la determinación de la albúmina sérica (Fig. 2), se observó un aumento progresivo, desde valores normales hasta alcanzar un máximo de 3,22 g/dl el día 35 post reinfección en el grupo de animales resistentes. Estas cifras, que son superiores a las normales (2,96 g/dl) (Benjamin, 1984), suelen asociarse a un estado de deshidratación en los animales. Durante el ensayo, la albúmina fue más alta en los resistentes que en los susceptibles, pero tampoco hubo diferencias significativas entre ambos grupos.

Fig. 3. Relación albúmina/proteína total



Sin embargo, al determinar el ratio albúmina/proteínas totales (A/P) (Fig. 3); es decir, la proporción que representa la albúmina en relación a las proteínas totales, se comprobó que la relación era diferente para ambos grupos inmediatamente después de la primera infección, siendo mayor en las ovejas resistentes que en las susceptibles hasta el final del experimento. Además, hubo diferencias significativas ( $p < 0,01$ ) entre ambos grupos los días -10, -3, 4, 35 y 42 post reinfección.

También se midieron los valores séricos de calcio y fósforo. Los niveles del calcio (Fig. 4) mostraron un ligero incremento durante el estudio y con una cinética muy similar en los dos grupos, sin apreciarse diferencias entre ambos. De todas formas, los valores se situaron siempre dentro de la normalidad (2-3 mmol/l) (Kelly, 1972). También se determinó la relación entre los valores de calcio y los niveles de albúmina en suero a lo largo de todo el ensayo. En este caso se encontró una relación significativa ( $p < 0,01$ ) entre ambos parámetros ya que la mitad del calcio presente en el suero se encuentra unido a la albúmina.

Fig. 4. Niveles de calcio (mmol/l)

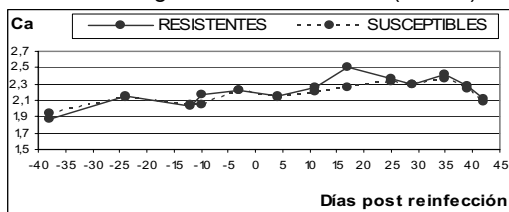
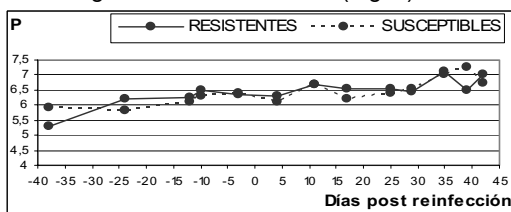


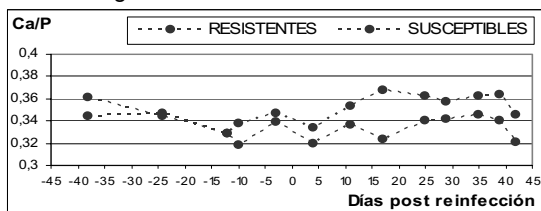
Fig. 5. Niveles de fósforo (mg/dl)



Al determinar los valores séricos del fósforo (Fig. 5) se observó un incremento progresivo del mismo pero siempre dentro de la normalidad (5-8 mg/dl) (Kelly, 1972). La cinética, tanto en el grupo resistente como en el susceptible, fue similar, sin observarse diferencias significativas entre los animales.

Por otra parte, se calculó el ratio calcio/fósforo (Ca/P) (Fig. 6) a lo largo del experimento y se observaron diferencias significativas entre ambos grupos el día 17 post reinfección.

Fig. 6. Relación calcio/fósforo



## DISCUSIÓN

Durante este estudio se han estudiado algunos parámetros bioquímicos en ovejas – resistentes y susceptibles a *T. circumcincta*- infectadas experimentalmente con el nematodo y sometidas a una dieta hipoprotéica.

El descenso del ratio A/P, principalmente en los ovinos susceptibles, se debió a un aumento de los valores de las proteínas totales (globulinas y albúmina). Encontramos diferencias significativas ( $p < 0,01$ ) entre ambos grupos los días -10, -3, 4, 35 y 42 post reinfección. Teniendo en cuenta que en un estudio previo (Martínez-Valladares y col., 2005), no se encontraron diferencias significativas entre los animales resistentes y susceptibles en el título de IgA, las diferencias en la relación A/P podrían deberse a otras globulinas, que no han sido identificadas durante el ensayo. En condiciones de hipoproteinemia y con el fin de diferenciar animales susceptibles de resistentes a la infección, además de conocer el título de IgAs, es necesario comparar las albúminas y las proteínas totales ya que engloban los anticuerpos de naturaleza protéica.

En cuanto a los niveles de calcio y fósforo en sangre, se han observado valores dentro del rango normal aunque si puede ser de utilidad el ratio Ca/P para describir las diferencias entre ambos grupos.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Benjamin MM. Manual de parasitología clínica en veterinaria, Ed. Limusa, México; 1984; 135.
- Martínez-Valladares M, Vara-Del Río MP, Cruz-Rojo MA, Rojo-Vázquez FA. 2005. Effect of a low protein diet on the resistance of Churra sheep to *Teladorsagia circumcincta*. Parasite Immunology. 27, 219-25.
- Kelly WR. Veterinary Clinical Diagnosis, Ed. Continental, London; 1972; 263.

## SELECCIÓN PARA LA RESISTENCIA A LOS ANTIHELMÍNTICOS DE ALGUNAS ESPECIES DE TRICOSTRONGÍLIDOS OVINOS EN CONDICIONES EXPERIMENTALES. IMPLICACIONES EN EL CONTROL ANTIPARASITARIO

Álvarez-Sánchez, M.A., Pérez-García, J., Cruz-Rojo, M.A. y Rojo-Vázquez, F.A.\*  
Dptº. de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León  
[\\*francisco.rojo@unileon.es](mailto:francisco.rojo@unileon.es)

### INTRODUCCIÓN

En nuestro país, uno de los problemas parasitarios que tiene mayor trascendencia económica y sanitaria en los pequeños rumiantes es la tricostrongilidosis, que afecta al 80-95% de los rebaños. Con independencia de datos puntuales, en general estas infecciones son responsables del 30% de las pérdidas en las producciones animales, asociadas a una disminución de la ganancia de peso y de la producción de leche.

Su control debe apoyarse en el conocimiento de la epidemiología, la administración de antihelmínticos y un manejo adecuado. En la práctica, se basa en la aplicación estratégica de antihelmínticos de amplio espectro, ya sea solos o combinados con los de espectro reducido para controlar otros procesos parasitarios, como la fasciolosis (Sangster, 1999; Jackson y Coop, 2000).

Sin embargo, el uso inadecuado de los antihelmínticos ha favorecido la aparición y el desarrollo de poblaciones de parásitos resistentes, lo que constituye un serio problema porque limita las posibilidades de uso de muchos antiparasitarios. En la práctica, la resistencia antihelmíntica (RA) aparece cuando una parte de la población parásita tolera dosis terapéuticas de un antihelmíntico que es eficaz contra otras poblaciones de la misma especie.

La RA en tricostrongílicos es un fenómeno mundial y afecta a las tres familias de antihelmínticos de amplio espectro estando implicados los principales géneros de tricostrongílicos: *Haemonchus*, *Teladorsagia* y *Trichostrongylus*. En otros países existe mucha información al respecto (Sangster, 1999; Jackson y Coop, 2000); los niveles de prevalencia más elevados se han denunciado en Sudamérica, Sudáfrica, Australia, pero también en algunos países de nuestro entorno, como UK, donde comprometen la viabilidad de las propias explotaciones.

En España se necesitan estudios en todo el país para determinar la extensión del problema. No obstante, diversos trabajos realizados por nosotros han puesto de manifiesto que más del 15% de los rebaños que hemos estudiado presentan resistencia a los bencimidazoles o a las lactonas macrocíclicas; y que en el caso de los imidazotiazoles, las cifras se aproximan al 35%.

Por tanto, actualmente el control de la tricostrongilidosis debe ser integrado, con objetivos bien definidos destacando entre ellos evitar la aparición y el desarrollo de la RA. Entre las repercusiones de la aparición de RA hay que señalar que una vez que se ha seleccionado una población resistente a un fármaco, en la mayoría de los casos no hay retorno a la susceptibilidad, aunque se utilicen fármacos con distinto mecanismo de acción en los siguientes tratamientos (Jackson y Coop, 2000).

Con objeto de mejorar el control de las tricostrongilidosis, hemos realizado -en condiciones experimentales y durante varias generaciones- la selección de una cepa de nematodos gastrointestinales resistente a ivermectina y levamisol para conocer la evolución de la RA y la posible reversión de la misma.

### MATERIAL Y MÉTODOS

A partir de las especies parásitas recuperadas en el coprocultivo post-tratamiento de una explotación con resistencia a la ivermectina y al levamisol mediante el método de reducción de huevos en las heces -FECRT- (Coles *et al.*, 1992) y el ensayo de inhibición de la

ingestión larvaria –LFIA- (Álvarez-Sánchez *et al.*, 2005), se ha llevado a cabo, paralelamente, una selección *in vitro* e *in vivo* frente a ivermectina y levamisol.

En la **selección *in vitro*** se utilizó el ensayo de motilidad larvaria (LMA). Esta técnica se basa en la capacidad de las larvas 3 (L3) de migrar a través de una malla cuando se incuban en un medio con antihelmíntico. Para ello, se añadieron unas 5.000 L3 sobre una malla de nylon de 3 cm y un diámetro de poro de 30  $\mu\text{m}$  que se colocó dentro de uno de los 6 pocillos de una placa microtiter. Se incubaron durante 2,5 horas a 23°C en una dilución de ivermectina (Merial) o levamisol (Sigma). La dilución de ivermectina y levamisol utilizada en el proceso de selección se calculó a partir de la DE<sub>50</sub> obtenida en el LFIA. Finalmente, se recogieron las L3 que migraron al fondo de la placa.

Con las larvas recuperadas en el LMA, se infectaron corderos donadores. A los 30 días post-infección se procedió a realizar la **selección *in vivo***, para lo cual se trataron los corderos donadores con un 25% de la dosis recomendada de ivermectina (IVOMEC<sup>®</sup>, Merial) y levamisol (ENDEX<sup>®</sup>, Novartis) durante los tres primeros tratamientos. En los dos siguientes se utilizó el 40% de la dosis recomendada para ambos fármacos. Se realizó el recuento de huevos antes y después del tratamiento y un coprocultivo post-tratamiento para recuperar las L3 que se emplearon en la siguiente fase de selección. Con el fin de hacer un seguimiento de las cepas seleccionadas se realizaron varios LFIA para cada antihelmíntico en cada generación y se calculó el porcentaje de eficacia.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El porcentaje de eficacia del levamisol y la ivermectina frente a la cepa utilizada en el estudio, mediante la realización del FECRT, fue del 86,54% y del 94,23%, respectivamente. Además, la DE<sub>50</sub> observada en el LFIA fue de 0,3  $\mu\text{g/ml}$  para el levamisol y de 0,0063  $\mu\text{g/ml}$  para la ivermectina, ambas por encima de los valores descritos en las cepas susceptibles (Álvarez-Sánchez *et al.*, 2005).

En el coprocultivo realizado antes del tratamiento, se observaron las siguientes especies: *T. circumcincta* (6%), *Trichostrongylus* spp. (41%), *Chabertia ovina* (49%) y *H. contortus* (4%). Los resultados del coprocultivo tras el tratamiento con ivermectina fueron: 75% *Trichostrongylus* spp., 14% *T. circumcincta* y 11% *H. contortus*; mientras que tras el tratamiento con levamisol: 47% *T. circumcincta*, 49% *Trichostrongylus* spp y 4% *Nematodirus* spp.

### Selección de resistencia frente a ivermectina.

Las larvas obtenidas de los coprocultivos post-tratamiento con ivermectina, se seleccionaron durante cinco generaciones sucesivas. En cada una, se llevaron a cabo diez LFIA para la detección de la resistencia a lactonas macrocíclicas e imidazotiazoles, además de la FECRT. Después del tratamiento con ivermectina (0,2 mg/Kg), se observó un descenso en los porcentajes de reducción desde la población inicial -generación 0- (94,23%) hasta la 5ª generación (60,70%). La reducción fue más marcada entre la 1ª y la 3ª generación, descendiendo de 90,50% a 70,35%. La especie más resistente a ivermectina fue *H. contortus*.

En el LFIA con ivermectina se produce un incremento estadísticamente significativo de las DE<sub>50</sub> desde la 1ª a la 5ª generación. Además, las DE<sub>50</sub> presentan diferencias significativas con las especies susceptibles de referencia y a medida que transcurre el proceso de selección, se aproximan los valores de las cepas resistentes de laboratorio.

En el LFIA con levamisol, también hay diferencias significativas en las DE<sub>50</sub> a medida que avanza el proceso de selección. Sin embargo, en este caso descienden las DE<sub>50</sub> desde la 1ª a la 5ª generación, siendo más marcado entre la 1ª y la 3ª generación. Además, las DE<sub>50</sub> de la generación 0, 1 y 2 presentan diferencias significativas con las cepas susceptibles de referencia, mientras que no se observan estas diferencias con las DE<sub>50</sub> de las generaciones 3, 4 y 5. Por tanto, se produce una reversión a la susceptibilidad al levamisol tras la



selección de resistencia a la ivermectina, no observándose diferencias significativas en la DE<sub>50</sub> a partir de la 3<sup>o</sup> generación.

#### **Selección de resistencia frente a levamisol**

Como en el caso anterior, las larvas obtenidas de los coprocultivos post-tratamiento con levamisol se seleccionaron durante cinco generaciones sucesivas. Así, tras el tratamiento con levamisol (7,5 mg/Kg), se observó un descenso en los porcentajes de reducción desde la generación 0 (86,54%) hasta la 5<sup>o</sup> (46,30%). Esta reducción era más marcada entre la 1<sup>o</sup> y la 3<sup>o</sup> generación, descendiendo de 79,50% a 57,50%. La especie más resistente a levamisol fue *T. circumcincta*.

En el LFIA con ivermectina, se produce un descenso de las DE<sub>50</sub> desde la 1<sup>o</sup> a la 5<sup>o</sup> generación y se observan diferencias significativas con las especies susceptibles de referencia, mientras que a medida que transcurre el proceso de selección, la diferencia con las DE<sub>50</sub> de las cepas resistentes de laboratorio aumenta. Por tanto, no se produce una completa reversión a la susceptibilidad.

En el LFIA con levamisol, hay diferencias significativas entre la 1<sup>o</sup> y la 5<sup>o</sup> generación. Sin embargo, entre la 1<sup>o</sup> y la 2<sup>o</sup> generación no hay estas diferencias. Estos resultados indican que el proceso de selección de resistencia frente al levamisol es más lento que frente a la ivermectina, donde sí se observan diferencias significativas entre las DE<sub>50</sub> de cada generación.

Es difícil explicar las razones por las que no ha habido reversión de la resistencia a ivermectina en el proceso de selección con levamisol, mientras que al contrario sí se ha producido. Sin embargo, la naturaleza multifactorial del proceso de selección y el tipo de mecanismo de resistencia condicionan que los genes que confieren resistencia se acumulen en mayor o en menor medida en la población, pudiendo ser ésta una de las posibles causas (Waller *et al.*, 1988).

#### **REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

- Álvarez-Sánchez, M.A., Pérez García, J., Rojo-Vázquez, F.A. (2005). *Experimental Parasitology*, 110, 56-61.
- Coles, G.C.; Bauer, C.; Borgsteede, F.H.M.; Geerts, S.; Klei, T.R.; Taylor, M.A.; Waller, P.J. (1992). *Veterinary Parasitology*, 44, 35-44.
- Jackson, F.; Coop, R.L., (2000). *Parasitology*, 120, S95-S107.
- Sangster, N.C. (1999). *International Journal of Parasitology*, 29, 115-138.
- Waller, P.J.; Dobson, R.J., Axelsen, A. (1988). *Australian Veterinary Journal*, 65, 376-379.

## DINÁMICA DE LA EXCRECIÓN DE HUEVOS DE NEMATODOS GASTROINTESTINALES Y DEL BALANCE ENERGÉTICO EN EL PERIPARTO OVINO.

Uriarte, J., Calvete, C., Valderrábano, J.

Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria, Gobierno de Aragón.  
Apartado 727, 50080 Zaragoza. [juriarte@aragon.es](mailto:juriarte@aragon.es)

### INTRODUCCIÓN

Las condiciones favorables para el desarrollo externo de los parásitos que aporta el riego de los pastos unido a la intensificación proporcionada por el manejo reproductivo y por el aumento de la carga ganadera de los sistemas de producción de regadío, ha dado como resultado un incremento importante de las infecciones por nematodos gastrointestinales, con fuerte presencia de *Haemonchus contortus* (Tarazona *et al.*, 1985). La pérdida de la inmunidad adquirida frente a los nematodos gastrointestinales (NGI) en torno al parto (Lloyd, 1983) va acompañada de un aumento de la excreción fecal de huevos de parásitos en las ovejas que propicia la contaminación masiva de los pastos en un período en el que hay animales jóvenes, que son particularmente sensibles a la infección (Brunsdon, 1966; Armour, 1980). La trascendencia de este fenómeno, conocido como "periparturient rise" (PPR), en la epidemiología de las infecciones por NGI es tan manifiesta que la desparasitación de las ovejas en torno al parto es una medida habitual para el control de la infección (Taylor *et al.*, 1990). El PPR ha sido bien documentado por Barger (1993), sin embargo los mecanismos que lo inducen son complejos y todavía hoy no bien conocidos. En las dos últimas décadas se ha puesto en evidencia que el estado nutritivo del huésped es un factor importante en la relación huésped-parásito y podría jugar, por tanto, un papel decisivo en la aparición del PPR. El fuerte aumento que la resistencia a los antihelmínticos ha experimentado en las últimas décadas (Leathwick *et al.*, 2001), así como la creciente demanda de productos de calidad y saludables, exigen el desarrollo de métodos de control menos dependientes de los tratamientos farmacológicos. En este contexto, se hace indispensable conocer el ritmo y las causas asociadas a la excreción de huevos en torno al parto para poder implementar aquellas alternativas no farmacológicas que limiten su impacto en los ciclos de infección. El objetivo del presente trabajo fue estimar el modelo anual de excreción de huevos en rebaños ovinos de regadío que realizan tres partos cada dos años y valorar la posible implicación del balance energético de las ovejas sobre la eliminación de huevos durante el periparto.

### MATERIAL Y MÉTODOS

El trabajo se realizó durante tres años consecutivos sobre 60 ovejas de raza Rasa Aragonesa de 2-4 años de edad, que formaban parte de un rebaño de 400 animales, naturalmente infectado por nematodos gastrointestinales que no recibió ningún tratamiento antihelmíntico durante el período experimental. El rebaño se mantuvo en pastoreo rotacional sobre praderas permanentes de festuca - alfalfa entre marzo y noviembre, mientras que entre diciembre y febrero el pastoreo se realizó sobre nabo forrajero. El manejo reproductivo siguió un sistema de 3 partos / 2 años, con parideras en febrero, junio y octubre. Las ovejas experimentales estuvieron distribuidas homogéneamente en las épocas de parición, y los corderos nacidos se criaron con sus madres hasta los 50 días en que fueron destetados.

Cada dos semanas durante todo el ensayo se determinó la excreción fecal de huevos de cada oveja experimental por el método de McMaster (Raynaud, 1970) y el porcentaje de géneros presentes mediante coprocultivo de larvas. Con la misma periodicidad se evaluó la condición corporal de las ovejas del rebaño por el procedimiento de Russel *et al.*, (1969). A intervalos semanales se valoró la contaminación larvaria de la hierba en una de las praderas de la explotación, siguiendo la técnica de Taylor (1939).

Los análisis estadísticos fueron realizados mediante ajuste de modelos lineales generales (SAS, SAS Institute Inc., Cary, NC). Previo a los análisis los datos fueron normalizados, mediante la transformación  $\log(n + 1)$  para el recuento de huevos y arcoseno para el porcentaje de géneros en coprocultivo.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La evolución de la contaminación de la hierba por larvas infectantes de nematodos gastrointestinales fue muy similar durante los tres años de estudio. Anualmente se observaron tres períodos de máxima contaminación (Fig. 1). El primero, entre enero y abril, estuvo constituido por larvas trashibernantes y mostró a mitad de febrero los valores más elevados; el segundo desde el inicio de junio hasta finales de julio, procedió de los huevos excretados por las ovejas durante la primavera y alcanzó el máximo valor en la segunda mitad de junio. El tercero apareció entre octubre y noviembre y tuvo su origen en los huevos excretados durante el verano e inicio del otoño. El riesgo de infección para los animales difirió notablemente entre estos tres períodos, mientras que el primero no tuvo prácticamente significación por estar los animales pastando las praderas de nabos, los otros dos representaron períodos de riesgo real de infección.

El ritmo de eliminación de huevos mostró una evolución análoga en los tres años de estudio, tanto para las ovejas gestantes como vacías, ajustándose a un modelo bimodal, con máximos durante el verano y otoño (Fig. 1). Durante los primeros meses del año la excreción de huevos se mantuvo en un nivel moderado y similar en todos los animales, no observándose indicación alguna de la existencia de fenómeno del PPR en el modelo de excreción de las ovejas gestantes durante la paridera de febrero. Sin embargo, en las parideras de junio y octubre las ovejas gestantes mostraron un aumento significativo ( $p < 0,001$ ) de la excreción de huevos respecto a las vacías que también aumentaron, que fueron precedidos o coincidentes con fuertes incrementos de la población de larvas infectantes en la hierba. En estas 2 épocas, los recuentos de huevos en torno al parto siguieron el patrón del PPR descrito en la literatura (Salisbury y Arundel, 1970; Armour, 1980; Barger, 1993), comenzando a aumentar cuatro semanas antes del parto y alcanzando un valor máximo alrededor de la cuarta semana post-parto para descender posteriormente hasta situarse en valores próximos a los observados al inicio del período considerado a las 12 semanas del parto.

Este modelo de excreción de huevos apareció negativamente asociado a la evolución del balance energético que presentaron los animales, estimado a partir de la condición corporal (CC), que mostró un drástico descenso entre las 6 semanas previas y las 6 posteriores al parto como consecuencia del diferencial energético entre ingestión y demanda de nutrientes durante el final de gestación e inicio de lactación. A partir de ese momento, las menores necesidades para la producción de leche se tradujeron en un balance energético positivo con el consiguiente aumento de la CC de las ovejas.

La clara asociación observada entre los niveles de reservas energéticas y la respuesta inmune frente a los NGI (Valderrábano *et al.*, 2002; Valderrábano y Uriarte, 2003) sugiere que el desarrollo del fenómeno del PPR es consecuencia de un mayor nivel de anidación y desarrollo larvario derivado de la inmunodepresión asociada al balance energético negativo que tiene lugar en torno al parto (Valderrábano *et al.*, 2006). Esto explicaría la ausencia de PPR en la paridera de febrero ya que el manejo del pastoreo invernal impidió el contacto de los animales en la fase de inmunodepresión con la población de larvas infectantes de la pradera.

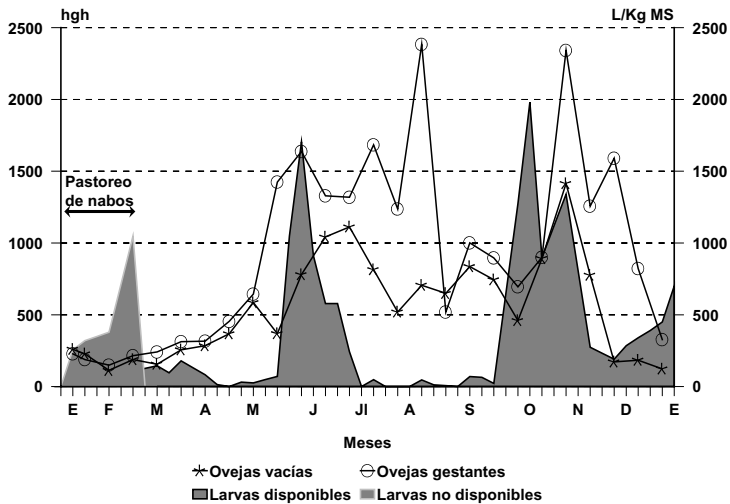
Los resultados del presente trabajo parecen indicar que el PPR es un fenómeno de origen multifactorial en el que deben concurrir la presencia de larvas infectantes en el pasto como factor determinante y la inmunodepresión en torno al parto como predisponente y modulador de su expresión. Así mismo sugieren, que la implementación de medidas de control conducentes a la obtención de pastos limpios en primavera y el manejo adecuado de la alimentación al inicio de la gestación podría ser una estrategia adecuada para reducir la utilización de antihelmínticos.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

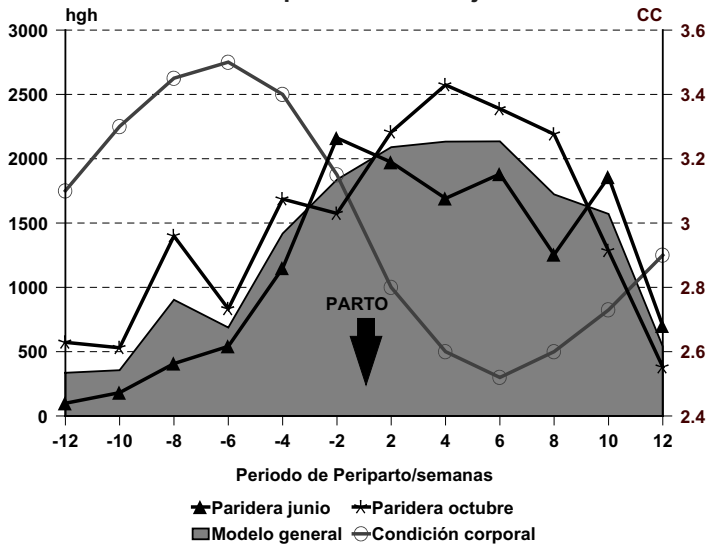
- Armour, J. 1980. *Vet. Parasitol.*, 6: 7-46.
- Barger, I.A. 1993. *Int. J. Parasitol.*, 23: 463-469.
- Brunson, R.V. 1966. *N. Z. Vet. J.*, 14: 118-125.
- Leathwick D.M., Pomroy W.E.,

Heath A.C.G. 2001. *N. Z. Vet. J.* 49:227-235. • LLoyd, S. 1983. *Vet. Immunol. Immunopathol.*, 4: 153-176. • Raynaud, J.P. 1970. *Ann. Parasitol. Hum. Comp.*, 45: 321-342. • Russel, A.J.F., Doney, J.M. and Gunn, R.G. 1969. *J. Agric. Sci., Cambridge* 72:451-54. • Tarazona, J.M., Sanz, A., Babín, M.M., Canals, A., Domínguez, T., Martín, M., Trujillo, M., 1985. *Comun. INIA*, 11: 62-69. • Taylor, E.L., 1939. *Parasitology*, 31: 183-194. • Taylor, M.a., Hunt, K.R., Wilson, C.A., Quick, J.M., 1990. *Vet. Rec.*, 126: 555-556. • Salisbury, J.R., Arundel, J.H., 1970. *Aust. Vet. J.*, 46: 267-271. • Valderrábano, J., Delfa, R., Uriarte, J. 2002. *Vet. Parasitol.*, 104: 327-338. • Valderrábano, J., Uriarte, J., 2003. *Anim. Sci.* 76, 481-490. • Valderrábano, J., Gómez-Rincón, C., Uriarte, J., 2006. *Vet. Parasitol.*, 141: 122-131.

**Figura 1. Evolución anual de la excreción de huevos en rebaños con 3 partos / 2 años**



**Figura 2: Excreción de huevos de nematodos gastrointestinales en torno al parto y condición corporal de las ovejas**



## EL APISTÁN® EN EL CONTROL DE LA VARROASIS EN PORTUGAL

Afonso Pires, S.<sup>1</sup>, Coelho Murilhas, A.<sup>2</sup>, Ferreira Maia, M.<sup>3</sup>, Branco Pereira, J.<sup>3</sup>

1. Escola Superior Agrária de Bragança – Departamento de Zootecnia; Apartado 1172  
5301-855 Bragança – Portugal. [spires@ipb.pt](mailto:spires@ipb.pt)
2. Universidade de Évora – Departamento de Zootecnia; Apartado 94  
7002-554 Évora – Portugal. [murilhas@uevora.pt](mailto:murilhas@uevora.pt)
3. Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro – Departamento de Zootecnia; Apart. 1013  
5000-911 Vila Real – Portugal. [mmaia@utad.pt](mailto:mmaia@utad.pt), [opereira@utad.pt](mailto:opereira@utad.pt)

### INTRODUCCIÓN

El ácaro ectoparásito *Varroa destructor* fue detectado por primera vez en Portugal en el año 1986 (Belchior, 1996). Desde entonces se distribuyó por todo el país y aún hoy es el agente causante de la principal patología asociada a nuestras colonias de abejas melíferas. Sus múltiples consecuencias perjudiciales, directas o indirectas, son largamente reconocidas a nivel mundial, particularmente por su relevancia económica y ambiental.

En Portugal existen, dos acaricidas homologados para el tratamiento de la Varroasis, cuyos principios activos son el fluvalinato y el amitraz, con las designaciones comerciales de Apistán® y Apivar®, respectivamente. Una dependencia casi exclusiva de estos principios activos (con alguna frecuencia utilizados de forma repetida y desordenada) ha llevado, entre otras consecuencias negativas, a una gran presión de selección sobre las poblaciones nacionales de *Varroa*, con la posibilidad de aparición de fenómenos de resistencias. Además, son varios los relatos en la comunidad científica que comprueban el fenómeno de una creciente resistencia del parásito *Varroa destructor* a los acaricidas sintéticos más usados en la lucha contra la Varroasis, en colonias de abejas melíferas europeas y americanas (Colin *et al*, 1997; Mozes-Koch *et al*, 2000; Thompson *et al*, 2002; Trouiller, 1998 y 2001).

Un proyecto de ámbito nacional surge así, con base en la necesidad de clarificar, en el contexto específico de la apicultura portuguesa, el nivel de la eficacia terapéutica de los acaricidas que están disponibles y fueron autorizados por los servicios oficiales. Por lo que, el objetivo de éste trabajo es testar la eficacia actual del Apistán® en la lucha contra la Varroasis.

### MATERIAL Y MÉTODOS

El muestreo de este trabajo representa el 1% de la cabaña de colmenares existentes en Portugal Continental. En una primera fase, se han seleccionado al azar cinco apicultores por concejo que han contestado a una encuesta por teléfono y de donde ha sido posible obtener informaciones, tales como, la forma de utilización de los acaricidas, el número de tratamientos efectuados, las épocas de utilización. Así se garantizaba la posibilidad de que las poblaciones de *Varroa*, hospedadas en sus colonias, tenían condiciones favorables para desarrollar fenómenos de resistencia al Apistán®. De estos cinco apicultores, se eligieron dos a tres por concejo con el objetivo de realizar visitas a los colmenares. En cada colmenar, fueron estudiadas 10 colonias, donde fueron recogidas 20 muestras de cerca de 250 obreras adultas por muestra. De estas muestras, 10 fueron utilizadas como grupo testigo y otras 10 para el rastreo de resistencias al Apistán. De manera a efectuar el primero “rastreo rápido” a nivel nacional, sobre la posible existencia de poblaciones de *Varroa* resistentes al Apistán, fueron realizados estudios de campo, utilizando “kits de campo”, según la metodología descrita por la “National Bee Unit” (Reino Unido).

Se consideró que, si un estudio de campo presentase una eficacia por debajo del 60% (porcentaje de mortalidad relativa al número total de ácaros estudiados en las muestras de abejas), sería indicador de posibles fenómenos de resistencia a este principio activo. Por lo que, en la situación en que los estudios de campo presentaron “eficacias terapéuticas” inferiores en el 80% se procedió a su repetición, para la confirmación de los resultados.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A nivel nacional, el 57% de los estudios de campo efectuados para evaluación de la eficacia del fluvalinato sobre las poblaciones de *Varroa* hospedadas en las colonias testadas fueron conclusivos, revelando colonias con poblaciones de *Varroa* actualmente ya resistentes a este principio activo. Estas colonias deberán alcanzar niveles de morbilidad/tasas de mortalidad añadidas, si son continuamente tratadas con este principio activo.

La eficacia media nacional de los estudios de campo efectuados en colonias con poblaciones de *Varroa* consideradas resistentes al fluvalinato fue del orden del 26%. Este valor es inferior a cerca de un tercio del valor esperado en poblaciones de *Varroa* aún susceptibles.

El número medio de *Varroas* (18) encontradas en cada uno de los estudios de campo efectuado en colonias hospedadoras de poblaciones de *Varroa* consideradas resistentes al fluvalinato confiere credibilidad a la anterior consideración de la eficacia esperada de los tratamientos con este principio activo en las mismas colonias (Tabla 1).

Este trabajo evidencia además, una fuerte y persistente presión de selección para el desarrollo de poblaciones de *Varroa* crecientemente resistentes al fluvalinato. En esta situación, deberá ser prudentemente ponderada una reducción significativa del uso generalizado de este principio activo. Esta reducción, o su parada temporal, deberá ser encarada como una tentativa para la creación de condiciones auxiliares de forma a permitir una regresión natural de la dimensión de este fenómeno de resistencia.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Belchior, I. 1996. *Varroosis*. Apicultor 4: 7-9.
- Colin, ME., di Pasquale, S., Jourdan, P., Vandame, R. 1997. Fluvalinate resistance of *Varroa jacobsoni* Oudemans (Acari: Varroidae) in Mediterranean apiaries of France. *Apidologie*, 28: 375-384.
- Mozes-Koch, R., Dag, A., Efrat, H., Kalev, H., Kamer, Y., Slabezki, Y., Yakobson, B.A. 2000. First detection in Israel of fluvalinate resistance in the varroa mite using bioassay and biochemical methods. *Experimental and Applied Acarology*, 24: 35-43.
- Thompson, M.H., Ball, R.F., Bew, H.M., Brown, A.M. 2002. First report of *Varroa destructor* resistance to pyrethroids in the UK. *Apidologie*, 33: 357- 366.
- Trouiller, J. 1998. Monitoring *Varroa jacobsoni* resistance to pyrethroids in western Europe. *Apidologie*, 29: 537-549.
- Trouiller, J. 2001. Monitoring *Varroa* resistance to pyrethroids (1994-2001). *Bee Craft*, 15-17.

Tabla 1. Caracterización del número total de Varroas observadas y de la eficacia del fluvalinato (ambos en colonias hospedadoras de poblaciones de Varroa resistentes), por distrito.

Distrito	Número de casos considerados	Varroas observadas		Eficacia terapéutica del Fluvalinato en los estudios de campo efectuados en colonias que presentaban poblaciones de Varroa resistentes			
		Media	Error estándar	Mínimo	Máximo	Media	Error estándar
Aveiro	15	11,0	3,0	6,3	60,0	32,4	4,6
Beja	57	17,0	2,0	0,0	60,0	24,0	2,7
Braga	32	17,0	4,0	6,7	60,0	35,7	3,0
Bragança	23	16,0	4,0	0,0	57,9	31,3	4,0
Castelo Branco	67	23,0	2,0	0,0	60,0	29,8	1,9
Coimbra	37	15,0	2,0	5,9	60,0	32,4	2,3
Évora	134	24,0	2,0	0,0	60,0	17,5	1,6
Faro	36	19,0	3,0	0,0	53,8	22,0	3,1
Guarda	66	13,0	2,0	0,0	60,0	29,5	2,4
Leiria	17	14,0	3,0	0,0	55,6	34,1	4,1
Lisboa	8	21,0	9,0	20,0	60,0	40,8	6,7
Portalegre	86	19,0	3,0	0,0	60,0	30,2	2,1
Porto	13	12,0	2,0	15,8	57,1	40,4	3,7
Santarém	37	15,0	2,0	0,0	60,0	25,3	2,8
Setúbal	122	21,0	2,0	0,0	60,0	21,0	1,6
Viana Castelo	18	17,0	3,0	9,1	60,0	33,7	4,1
Vila Real	25	20,0	4,0	0,0	60,0	27,9	4,2
Viseu	90	11,0	1,0	0,0	60,0	27,3	2,0
Total Nacional	883	18,0	1,0	0,0	60,0	26,4	0,6

## LECTINAS: ¿METABOLITOS SECUNDARIOS DE LAS PLANTAS CON EFECTO ANTIHELMÍNTICO EN OVINOS?<sup>1</sup>

Ríos-de Álvarez, L.<sup>1,2</sup>, Jackson, F.<sup>2</sup>, Grant, G.<sup>3</sup>, Huntley, J.F.<sup>2</sup>

1. Instituto de Producción Animal, Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela. 2. Moredun Research Institute, Parasitology Division, Pentlands Science Park, Bush Loan, Midlothian, EH26 0PZ. 3. Rowett Research Institute, Aberdeen, Scotland.  
[leyla.rios@moredun.ac.uk](mailto:leyla.rios@moredun.ac.uk)

### INTRODUCCIÓN

El control de nemátodos gastrointestinales en rumiantes se ha basado tradicionalmente en el uso profiláctico y terapéutico de compuestos antihelmínticos comerciales (Coop and Sykes, 2002). Sin embargo, el uso continuo de estos productos ha resultado en la aparición a nivel mundial, de resistencia en los nemátodos (Waller, 1997). Debido a los crecientes problemas de resistencia y también debido a la contaminación que estos antihelmínticos causan tanto al ambiente como a los alimentos de origen animal, algunos investigadores se han avocado al estudio de formas alternativas de control parasitario. Algunos de los métodos alternativos son considerados de largo plazo, incluyendo estos la generación de ganado con resistencia genética a parásitos y también el desarrollo de vacunas. Alternativas como el consumo de forrajes ricos en metabolitos secundarios por parte de los animales y el control biológico a través del uso de hongos pueden ser consideradas alternativas de corto plazo. El estudio del efecto de metabolitos secundarios de plantas sobre el control de parásitos en ovinos se ha enfocado principalmente en los taninos, el presente trabajo recopila los primeros resultados obtenidos *in vitro* usando metabolitos distintos como son las lectinas.

El término lectinas es usado para todas aquellas proteínas que son capaces de enlazarse con carbohidratos, no poseen actividad enzimática y no son producto de una respuesta inmune. (Goldstein *et al.*, 1980; Varki *et al.*, 1999). Las lectinas han sido encontradas en plantas, bacterias, invertebrados y vertebrados. Las lectinas provenientes de las plantas son producidas como metabolitos secundarios de las mismas, con funciones diversas tales como: regulación fisiológica, defensa contra el ataque de patógenos e insectos, almacén de proteínas (Pusztai, 1980) y transporte de carbohidratos. El uso de lectinas ha sido estudiado en diversas ciencias incluyendo la biología, bioquímica y medicina, encontrando aplicaciones diversas para estos compuestos, tales como: la aglutinación de eritrocitos, estimulación mitogénica e inhibición del crecimiento de tumores (Goldstein *et al.*, 1980; Hernández-Cruz *et al.*, 2005).

Trabajos previos demuestran que las lectinas pueden tener efecto directo sobre algunos parásitos. En éste sentido, Tobata-Kudo *et al.* (2005) usando larvas L<sub>3</sub> de *Strongyloides ratti* en una prueba de migración de larvas, encontraron que algunas de las enzimas y lectinas utilizadas suprimían significativamente la migración de las mismas. Estos autores sugerían que las funciones quimo-sensoriales del parásito eran alteradas. Las lectinas utilizadas en este estudio eran la concanavalina A (ConA), aglutinina del germen de trigo (WGA) y la aglutinina de la soya o soja (SBA) a concentraciones de 0.5 mg/ml.

El presente estudio se enfoca en el uso *in vitro* de lectinas vegetales a fin de evaluar su potencial para el control de parásitos gastrointestinales en ovinos. Para el mismo se utilizó el ensayo *in vitro* de inhibición de ingestión larvaria (Álvarez-Sánchez *et al.*, 2005), con tres diferentes especies de parásitos gastrointestinales, *Teladorsagia circumcincta*, *Haemonchus contortus* y *Trichostrongylus colubriformis*.

### MATERIALES Y MÉTODOS

A partir de las heces de ovinos donantes infectados monoespecíficamente, se extrajeron huevos de las distintas especies de parásitos que fueron incubados por 24 horas a 22 °C. Luego de la eclosión y una vez obtenidas las larvas de primer estadio (L<sub>1</sub>), estas se incubaron en lectinas durante dos horas, luego las larvas se alimentaron con 10 µl de *E. coli*

<sup>1</sup> Trabajo financiado parcialmente por CDCH-Universidad Central de Venezuela



fluorescente (5-isotiocianato de fluoresceína-FITC, Sigma Chemical) y luego se incubaron por otras 18 horas a la misma temperatura. Las larvas con fluorescencia en el tracto digestivo fueron contadas como larvas alimentadas. Para esta determinación se usó un microscopio fluorescente invertido con filtro azul (longitud de onda 470 nm) (Álvarez-Sánchez *et al.*, 2005). Las lectinas fueron evaluadas en concentraciones de 0.5 hasta 500 µg/ml en triplicado y comparadas con agua destilada como control positivo. Las distintas concentraciones usadas y el porcentaje de larvas con fluorescencia fueron analizadas usando ANOVA de dos vías y luego graficadas. Los datos fueron analizados usando el logaritmo de las concentraciones, a través del análisis Probit a fin de calcular la Dosis Eficaz 50 (DE<sub>50</sub>) para cada lectina, que corresponde a la concentración inhibitoria del 50% de las larvas expuestas a la lectina. El paquete estadístico utilizado fue el Minitab (Versión 13.1, 2000).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Luego del realizar estudios preliminares con trece lectinas distintas, las 3 más potentes fueron escogidas (*Lec1*, *Lec2* y *Lec3*). Las Figuras 1 a, b y c muestran para las distintas especies parasitarias, el número de larvas fluorescentes para el control y las tres lectinas, en todos los casos se encontró una clara relación dosis-respuesta. Los resultados que se muestran en la Tabla 1 señalan los valores de DE<sub>50</sub>.

Aun cuando todas las lectinas tuvieron un efecto inhibitorio sobre las larvas L<sub>1</sub>, cuando el % de larvas alimentadas fue comparada entre lectinas y especies parasitarias, se encontró que *Lec1* produjo la mayor inhibición (P<0.0001) y la especie *T. colubriformis* resultó ser la más susceptible (P=0.0034). Estos resultados encontrados con lectinas y parásitos gastrointestinales son novedosos y demuestran que aun cuando los taninos han sido estudiados como los principales metabolitos secundarios de plantas con potencial antihelmíntico, deben incluirse nuevos metabolitos y profundizar la investigación con éstos tanto *in vitro* como *in vivo*.

Tabla 1. Efecto de las lectinas, expresado como Dosis Eficaz 50 (DE<sub>50</sub>), sobre larvas L<sub>1</sub> de tres especies distintas de parásitos gastrointestinales.

Parásito	Lectinas	DE <sub>50</sub> (µg/ml)			
		Media	se	Rango	
<i>Haemonchus contortus</i>	<i>Lec1</i>	8.26	5.8	6.58	10.97
	<i>Lec2</i>	58.65	10.3	42.17	84.17
	<i>Lec3</i>	69.39	15.1	46.57	111.03
<i>Teladorsagia circumcincta</i>	<i>Lec1</i>	7.31	1.6	5.05	11.97
	<i>Lec2</i>	59.05	14.1	37.86	97.94
	<i>Lec3</i>	78.86	20.2	49.61	137.46
<i>Trichostrongylus colubriformis</i>	<i>Lec1</i>	4.27	0.9	2.84	7.043
	<i>Lec2</i>	8.06	2.5	4.56	15.96
	<i>Lec3</i>	27.98	9.9	16.02	97.82

se: error estándar

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Álvarez-Sánchez, M.A., et al. 2005. The larval feeding inhibition assay for the diagnosis of nematode anthelmintic resistance. *Exp. Parasitol.* 110:56-61.
- Coop, R. L. and Sykes, A.R. 2002. Interactions between gastrointestinal parasites and nutrients. In: Freer, M. and Dove, H. (eds) *Sheep Nutrition*. CAB International. pp. 313-331.
- Goldstein I.J., Hughes R.C., et al. 1980. What should be called a lectin? *Nature* 66:285-286.
- Hernández-Cruz P., et al. 2005. Las lectinas vegetales como modelo de estudio de las interacciones proteína-carbohidrato. *REB* 24(1):21-27.
- Pusztai A.J. 1991. *Plant lectins*. Cambridge University Press. England.
- Tobata-Kudo, H., et al. 2005. *Strongyloides ratti*: Chemokinesis of glycolytic enzyme- and lectin treated third stage infective larvae in vitro. *Parasitol Int.* 54:147-152.
- Varki A., Cummings, R., et al. 1999. *Essentials of Glycobiology*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, La Jolla, California, USA. 653 p.
- Waller, P. 1997. Anthelmintic resistance. *Vet. Parasitol.* 72:391-412

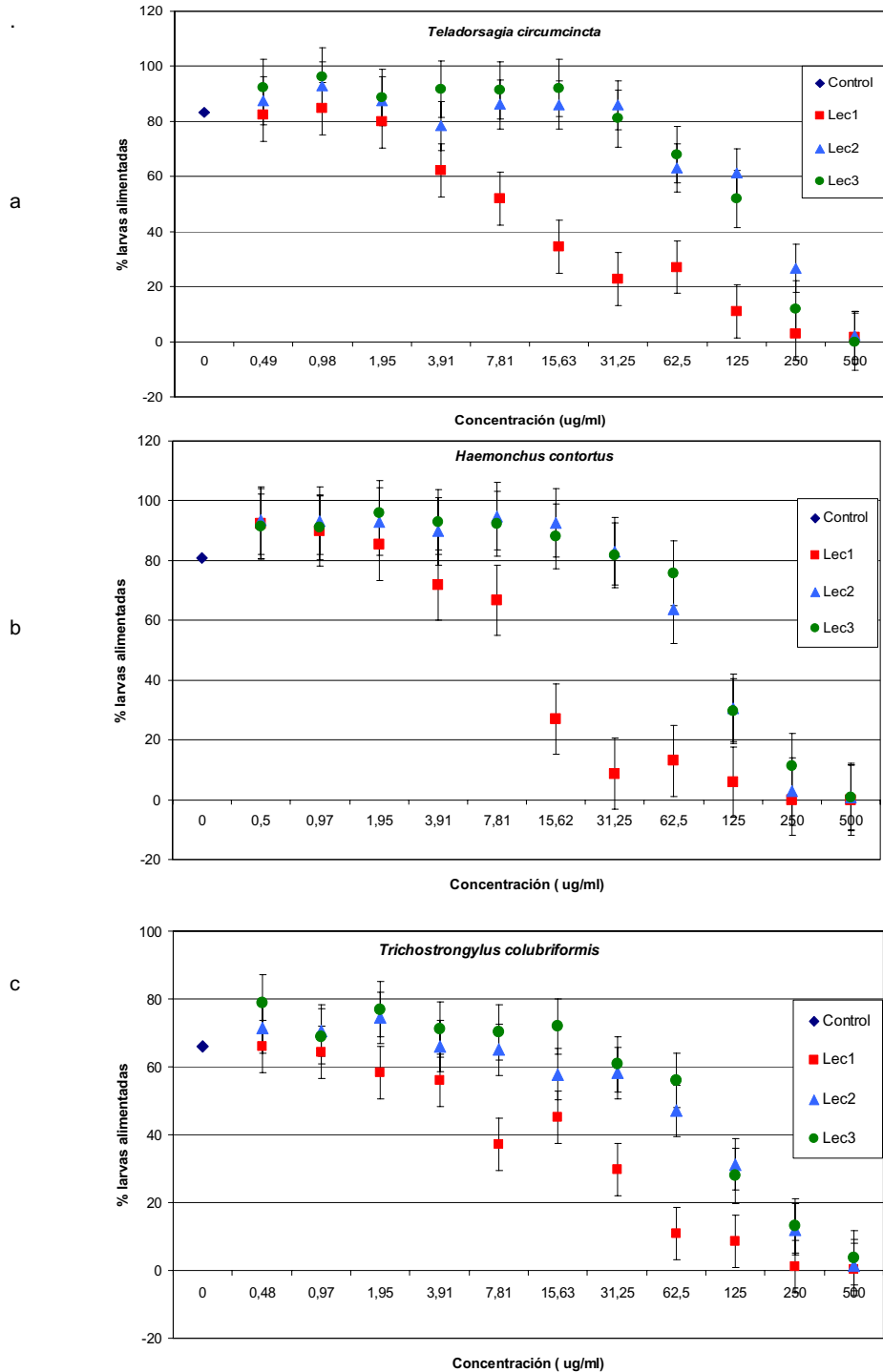


Figura 1 a, b, c. Efecto de las lectinas sobre distintas especies de parásitos gastrointestinales

## SISTEMAS TRADICIONALES DE PRODUCCIÓN DE CARNE DE POLLO<sup>1</sup>

García Cuadrado, N.

Centro de Investigación La Orden-Valdesequera. Junta de Extremadura. 06187 Guadajira, Badajoz.

[nazaret.garcia@juntaextremadura.net](mailto:nazaret.garcia@juntaextremadura.net)

### INTRODUCCIÓN

En los países desarrollados la producción de carne de aves en sistemas alternativos es minoritaria y está ligada a la calidad de los productos (Castellini *et al.*, 2002), sin embargo en los países en desarrollo aproximadamente el 80% de las aves se cría en libertad (FAO, 1998). Las aves criadas en libertad soportan mayor cantidad y variedad de parásitos que las mantenidas en explotaciones intensivas (Abebe *et al.*, 1997; Permin *et al.*, 1999). La relación hospedador-parásito es compleja y dinámica, pudiendo producir efectos no observables, disminución de las producciones, enfermedad e incluso muerte. El propósito de este trabajo es comparar las producciones de dos lotes de pollos criados en sistemas tradicionales donde proliferan los parásitos, "en libertad" y "en corral", con las de otro lote "control" alimentado con pienso convencional medicado.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se emplearon pollos de raza Extremeña Azul que eclosionaron el 1 de julio de 2004 en la Finca Valdesequera (Badajoz) y se criaron en naves, alimentados con pienso de arranque convencional medicado con anticoccidiósicos, hasta las 6 semanas de edad, momento en que se dividieron al azar en lotes que se enviaron a tres fincas colaboradoras.

Los pollos del lote control se alimentaron con pienso convencional medicado y maíz *ab libitum* y los últimos 33 días tuvieron acceso a una parcela de pradera de regadío donde nunca se habían criado aves. El lote en libertad accedió libremente al terreno de cultivo de regadío, aprovechando los restos de postcosecha de maíz y los de frutas y hortalizas. El lote criado en corral se alimentó con trigo *ab libitum* y restos de cultivos hortícolas. En el primer mes se registró mortalidad por aplastamiento: 16% en el lote control y 12% en el libre.

En noviembre, a los 4,5 meses de edad, se sacrificaron 20 pollos de cada lote. Se registraron el peso en vivo al sacrificio (PV) y el de la canal eviscerada sin cabeza ni tarsos (PC). Se calculó el porcentaje de rendimiento cárnico ( $Rdto=PC*100/PV$ ) y la ganancia diaria de peso vivo desde el nacimiento al sacrificio ( $GD=PV/días\ edad$ ).

Las muestras para el estudio parasitológico se mantuvieron congeladas hasta su procesamiento en laboratorio. La tráquea, el proventrículo y la molleja se abrieron longitudinalmente y se examinaron al microscopio estereoscópico (tras retirar la capa córnea de la molleja). El esófago, el buche, el intestino y los dos ciegos se abrieron longitudinalmente y se introdujeron por separado en recipientes identificados, añadiendo agua destilada con 2% de Tween80 hasta cubrirlos. Los esófagos y buches se maceraron 10-15 días en frigorífico antes de su observación con objeto de facilitar el desprendimiento de la mucosa. De cada tramo intestinal se extrajeron los helmintos de mayor tamaño, después se raspó la mucosa, extrayendo los más pequeños con ayuda del microscopio estereoscópico. Las observaciones se repitieron hasta no hallar parásitos.

La epidermis de los tarsos se mantuvo un mes en agua con 10% de NaOH, del líquido resultante se colaron y centrifugaron 10cc, con el sedimento se hicieron tres flotaciones en solución de sacarosa ( $d=1,32$ ) que se observaron al microscopio (100X).

Los helmintos se identificaron directamente a la lupa o se observaron al microscopio en una gota de agua destilada o de lactofenol. Se anotó el grado de maduración de los cestodos y

<sup>1</sup> Estudio cofinanciado por fondos FEDER

el sexo de los nematodos. Debido a la labilidad de *Davainea proglottina*, *Amoebotaenia cuneata* e *Himenolepis spp.* solo se anotó su presencia para calcular la prevalencia.

La identificación morfológica de los parásitos se hizo según las publicaciones de Euzéby (1981), Soulsby (1987), Khalil *et al.* (1994), Tarazona (1999), Reid y McDougald (2000) y Ruff y Norton (2000).

Los datos se analizaron estadísticamente con el programa XLSTAT. Se comprobó la normalidad de las distribuciones, se hizo un análisis de varianza, el test de Fisher y el test de Student con un 95% de intervalo de confianza, así como el análisis de la correlación.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el lote control solo se detectó un trozo de estróbilo de *Hymenolepis spp.* en un ave (5% de prevalencia). Todas las aves de los otros dos lotes estaban parasitadas, siendo mixtas todas las infestaciones. En el lote en libertad se identificaron 4 especies de nematodos, 5 de cestodos y 1 ácaro, albergando cada ave de 4 a 9 especies, el 85% de los pollos tenían de 5 a 7 especies. En el lote del corral se identificaron 2 nematodos y 3 cestodos, el 50% de los pollos tenía dos especies, el 30% tres y el 20% cuatro. En el lote en libertad el 100% de las infestaciones fueron mixtas nematodo/cestodo y en el de corral el 45%. Los resultados parasitológicos se exponen en la Tabla 1.

Tabla 1. Resultados parasitológicos en los lotes de pollos mantenidos en libertad y en corral.

Parásito	Lote en libertad			Lote en corral		
	Prevalencia	Carga de		Prevalencia	Carga de	
		Media	Rango		Media	Rango
NEMATODOS	100	39	3-341	100	27	9-68
<i>Capillaria annulata</i>	100	39	1-116	0		
<i>Capillaria caudinflata</i>	90	8	1-23	0		
<i>Ascaridia galli</i>	65	6	1-11	100	13	1-50
<i>Heterakis gallinarum</i>	90	68	1-214	100	13	3-27
CESTODOS	100	41	9-184	40	8	1-23
<i>Raillietina tetragona</i>	100	27	6-63	0		
<i>R. echinobothrida</i>	80	18	1-38	30	6	1-22
<i>Raillietina cesticillus</i>	15	8	1-17	20	4	1-13
<i>Davainea proglottina</i>	40			0		
<i>Amoebotaenia cuneata</i>	15			0		
<i>Hymenolepis spp.</i>	0			15		
ACAROS	15			0		
<i>Cnemidocoptes mutans</i>	15			0		

El lote control consiguió unos resultados productivos (Tabla 2) similares a los de otros dos lotes de pollos procedentes de la misma incubación, "ecológico" y "convencional", que fueron criados con pienso en parques exteriores de seco y que tuvieron leves parasitaciones por un cestodo de patogenicidad moderada, *Choanotaenia infundibulum* (Muriel y García, 2005). En cuanto a peso vivo al sacrificio, los lotes criados en libertad y en corral no difieren significativamente entre sí ( $p=0,303$ ) y sí lo hacen con el lote control ( $p\leq 0,01$ ). La carga de helmintos difiere significativamente en los tres lotes ( $p\leq 0,01$ ). El índice de correlación entre el peso vivo y la carga total de helmintos es  $r=-0,49$ , siendo  $r=-0,43$  la correlación con la carga de nematodos y  $r=-0,40$  con la de cestodos. El índice de correlación entre el peso vivo y el número de especies de helmintos albergadas es más significativo,  $r=-0,69$  (coeficiente de determinación  $r^2=0,47$ ).

En Asia, He *et al.* (1990) estimaron en 8% la pérdida de peso de los pollos infestados por nematodos y en 16% en caso de infestación mixta nematodo/cestodo. En África, Magwisha (1997) obtuvo en pollos criados en libertad un 19,3% de ganancia de peso extra tratándolos

mensualmente con mebendazol. En Sudamérica, Skallerup *et al.* (2005) cifran la diferencia en el peso vivo entre pollos tratados y no tratados con antihelmínticos 2,5 meses antes del sacrificio a los 81 días de edad, en 39%. En el presente estudio, la diferencia de peso vivo de las aves de los lotes criados en libertad y en corral respecto al lote control fue 37% y 35% menor respectivamente.

Tabla 2. Resultados productivos de los tres lotes de pollos analizados.

Lote	Edad (días)	PV (gr)	PC (gr)	Rdto (%)	GD (gr)
Control	136	2050,26	1351,08	64,88	15,08
Libre	135	1287,05	839,55	63,53	9,53
Corral	137	1332,23	842,80	61,80	9,72

PV= peso en vivo al sacrificio; PC= peso de la canal eviscerada sin cabeza ni tarsos; Rdto= rendimiento cárnico ( $PC \times 100 / PV$ ); GD= ganancia diaria de peso vivo desde el nacimiento al sacrificio ( $GD = PV / \text{días edad}$ ).

La alimentación deficiente en proteína y las helmintosis condicionaron los resultados productivos en los dos sistemas tradicionales estudiados. El sistema de cría en libertad fue económicamente más rentable que la cría en corral pues la alimentación no fue un insumo.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abebe, W., Asfaw, T., Genete, B., Kassa, B., Dorchie, P. 1997. Comparative studies of external parasites and gastrointestinal helminths of chickens kept under different management systems in around Addis Ababa (Etiopía). *Revue de Medecine Veterinaire* 148 (6) : 497-500.
- Castellini, C., Mugnai, C., Dal Bosco, A. 2002. Effect of organic production system on broiler carcass and meat quality. *Meat Science* 60(3): 219-225.
- Euzéby, J. *Diagnostic expérimental des helminthoses animales*, 2 Vol. Ed. Ministère de l'Agriculture, Paris 1981. 349 y 360 pp.
- He, S., Susilowati, V.E.H.S., Purwati, E., Tiuria, R. 1990. An estimate of meat production loss in native chicken in Bogor and its surrounding districts due to gastrointestinal helminthiasis. *Proceedings from the 5<sup>th</sup> National Congress of Parasitology*, Pandaan, Pasuruan, East Java, June 23-25, 1990. p. 57.
- Khalil, L.F., Jones, A., Bray, R.A. 1994. *Keys to the Cestode Parasites of Vertebrates*. CAB International University Press, Cambridge, Wallingford, UK. 751 pp.
- Magwisha, H.B. 1997. Prevalence of helminthoses and effects of deworming and supplementary feeding on live weight gains of free range chickens. <http://www.suanet.ac.tz/drpqs/fvmdess.htm#tp>
- Muriel A, García N. 2006. Producción ecológica de gallos de la raza Extremeña Azul. *Res. VII Congreso SEAE*, Zaragoza, 157-158.
- Permin, A., Nansen, P., Bisgaard, M., Frandsen, F., Pearman, M., Kold, J., Nansen, P. 1999. Prevalence of gastrointestinal helminths in different poultry production systems. *British Poultry Science* 40, 439-443.
- Reid, W.M., McDougald, L. 2000. Cestodos y trematodos. In *Enfermedades de las aves* Ed. BW Calnek *et al.* El manual moderno. México. 874-889.
- Ruff, D., Norton, R.A. 2000. Parásitos internos: nematodos y acantocéfalos. In *Enfermedades de las aves* Ed. BW Calnek *et al.* El manual moderno. México. 837-874.
- Skallerup, P., Luna, L.A., Johansen, M.V., Kyvsgaard, N.C. 2005. The impact of natural helminth infections and supplementary protein on growth performance of free-range chickens on smallholder farms in El Sauce, Nicaragua. *Preventive veterinary medicine* 69 (3-4):229-244.
- Soulsby, E.J.L. 1987. *Parasitología y enfermedades parasitarias en los animales domésticos*. Nueva Editorial Interamericana, México 1987. 823 pp.
- Tarazona, J.M. 1999. Nematodosis. In *Parasitología Veterinaria*. Ed Cordero *et al.* McGraw-Hill Interamericana. Madrid 791-808.

## REPETICIÓN DE ABORTOS ASOCIADOS A *NEOSPORA CANINUM*: ESTUDIO EN UNA EXPLOTACIÓN DURANTE 3 AÑOS

Pabón, M<sup>1</sup>, Lopez-Gatius, F.<sup>2</sup>, Garcia-Ispuerto, I.<sup>1</sup>, Bech-Sàbat, G.<sup>2,\*</sup>, Nogareda, C.<sup>2</sup>, Almería, S.<sup>1,3</sup>

1. Departamento de Sanidad Animal, Universidad Autónoma de Barcelona, 08193, Bellaterra, Barcelona.
2. Departamento de Producción Animal, Universidad de Lleida, E.T.S.E.A., Rovira Roure 177, 25198 Lleida.
3. CReSA, Universidad Autónoma de Barcelona, 08193, Bellaterra, Barcelona.  
Correo electrónico: gbech@prodan.udl.cat

### INTRODUCCIÓN

*Neospora caninum* es un protozoo intracelular obligado, considerado en la actualidad como una de las causas más frecuentes de aborto en ganado vacuno en todo el mundo (Dubey *et al.*, 2006). La incidencia de abortos en los animales infectados puede sobrepasar el 40% ocurriendo la mayor parte de ellos entre el 5º y 7º mes de gestación. Las razones por las que ciertos animales abortan y otros no, son desconocidas. A diferencia de *Toxoplasma gondii* que estimula una inmunidad protectora tras una infección primaria, *N. caninum* puede causar repetición de abortos en el ganado vacuno (Anderson *et al.*, 1995, Corbellini *et al.*, 2006). De hecho, las terneras nacidas de vacas seropositivas tienen un mayor riesgo de abortar que las terneras nacidas de madres seronegativas, (Anderson *et al.*, 1995; López-Gatius *et al.*, 2004).

Se considera que una vaca seropositiva frente *N. caninum* lo será durante toda su vida (Hietala y Thurmond 1999; Davison *et al.*, 1999) y los títulos de anticuerpos pueden permanecer elevados durante años (Stenlund *et al.*, 2003), aunque también algunos estudios han puesto en evidencia fluctuaciones en los títulos de anticuerpos.

En el presente estudio, se analizó el estado serológico frente *N. caninum* en una explotación con una alta tasa de seroprevalencia y de abortos asociados a *N. caninum* durante 3 años consecutivos. El objetivo del estudio fue analizar las fluctuaciones de anticuerpos frente *N. caninum* a lo largo del tiempo y establecer el riesgo de aborto repetitivo en animales seropositivos y seronegativos que permanecieron los 3 años en la explotación. También analizamos la prevalencia, aborto y repetición de aborto en la explotación completa a lo largo de 3 años.

### MATERIAL Y MÉTODOS

En los tres años de estudio, la explotación estuvo compuesta por un total de 259, 222 y 231 animales respectivamente. De ellos, 122 animales permanecieron en la explotación durante los 3 años de estudio. Se trataba de una explotación de elevada producción lechera (con una media de 10.230 kg de leche por vaca y año) con una tasa de reposición del 30%. Todos los animales estaban libres de brucelosis y tuberculosis y habían sido vacunados frente BVD e IBR. No había perros en la explotación. Todos los animales fueron inseminados artificialmente. El diagnóstico de gestación se basó en ultrasonidos a los 34 días post-inseminación y palpación rectal a los 90 y 180 días y posterior seguimiento hasta parto o fecha de aborto. Se registraron todos los abortos que tuvieron lugar entre los 90 y 265 días de gestación.

El análisis serológico se realizó en las muestras procedentes de la campaña de brucelosis mediante la técnica de ELISA CIVTEST anti-*Neospora* (Hipra, Girona) siguiendo las recomendaciones de la casa comercial. Seis fetos abortados procedentes de madres seropositivas y 1 procedente de madre seronegativa fueron analizados mediante técnicas histológicas y/o PCR en el cerebro.

Para cada animal se obtuvieron datos de título de anticuerpos frente *N. caninum*, edad, número de lactación (novillas gestantes = lactación 0), aborto y repetición de aborto.

El riesgo de aborto en animales seropositivos y seronegativos se comparó mediante test Chi-cuadrado. Todos los análisis estadísticos se realizaron mediante el programa estadístico SPSS 12.0. Los posibles efectos de la edad y lactación en la seroprevalencia, o riesgo de aborto se analizaron mediante ANOVA. En todos los análisis el nivel de significación estadística fue de  $P < 0.05$ .

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La seroprevalencia de anticuerpos frente *N. caninum* en la explotación completa disminuyó del 31,7% el primer año de estudio al 24,8% en el segundo y al 19,9% en el tercero, mientras el riesgo de aborto en la explotación pasó de un 20,6% el primer año al 5,5% en el segundo y al 9,9% en el tercero. Estas disminuciones en la seroprevalencia y riesgo de aborto en la explotación se debieron a la instauración de medidas de control en la explotación a partir del segundo año de estudio. Las medidas de control consistieron en la eliminación de animales seropositivos a *N. caninum* que habían abortado y a la inseminación de animales seropositivos con semen de ganado de carne, dado que las terneras híbridas lógicamente no permanecen en la explotación. De hecho, la inseminación de vacuno lechero con semen procedente de vacuno de carne reduce el riesgo de aborto en dichos animales (López-Gatius *et al.*, 2005).

Un total de 414 gestaciones fueron diagnosticadas durante los 3 años de estudio, de ellos 290 en animales seronegativos y 124 en seropositivos. El riesgo de aborto en animales seropositivos (39,5%) fue significativamente mayor que en animales seronegativos (1,4%) indicando una relación causal de los cuadros de aborto y *N. caninum* en la explotación. Además se confirmó la presencia del parásito, bien mediante técnicas histológicas o por PCR en los 6 fetos de madres seropositivas, mientras el procedente de una madre seronegativa fue negativo. No hubo efecto significativo de la edad o número de lactación en la prevalencia observada.

Del total de abortos observados en animales seropositivos, el 51% de los animales repitieron aborto y de ellos un 36,8% eran animales que habían tenido historial previo de abortos. En los 122 animales que permanecieron en la explotación durante los 3 años, la seroprevalencia de anticuerpos frente *N. caninum* fue de un 18%, incrementándose a un 21,3% en el segundo y tercer año de estudio. Únicamente 4 animales seroconvirtieron en el segundo y tercer año de estudio, el resto mostró el mismo estado serológico durante los 3 años de estudio. De acuerdo con nuestras observaciones, Hasler *et al.* (2006) observaron que sólo 2 de 30 animales seropositivos y 1 de 30 seronegativos modificaron su estado serológico durante la gestación, indicando una gran estabilidad de los anticuerpos frente *N. caninum* en ganado adulto.

De un total de 220 gestaciones analizadas en los 3 años de estudio en este grupo, 171 en animales seronegativos y 49 en seropositivos, todos los abortos tuvieron lugar en animales seropositivos y el porcentaje de animales que presentaron abortos repetitivos fue de un 61,5%, y un 26,7% de ellos presentaron historial de aborto previo. Una vaca sin historial de aborto previo, abortó cada uno de los 3 años de estudio. Anderson *et al.* (1995) concluyeron que sólo una pequeña proporción de vacas (<5%) podían repetir aborto causado por *N. caninum*. Nuestros resultados indican que en vacas infectadas crónicamente por *N. caninum* puede ocurrir un alto porcentaje de abortos repetitivos. Recientemente, Corbellini *et al.* (2006) han observado que una vaca con historial previo de aborto es 2,4 veces mas propensa a abortar un feto infectado por *N. caninum* que vacas sin historial previo de aborto. Estos resultados indicarían que las vacas infectadas por *N. caninum* que sufren abortos no son capaces de desarrollar inmunidad protectora frente la infección (Thurmond e Hietala, 1997; Corbellini *et al.*, 2006) y la inmunidad existente no previene el aborto repetitivo en vacas adultas. Por tanto la eliminación de vacas que han abortado 2 o más veces es una medida de control que puede reducir el riesgo de aborto en la explotación.

En conclusión, estos resultados indican que la seropositividad frente *N. caninum* es muy estable a lo largo del tiempo, y que las vacas infectadas por *N. caninum* presentan altas

tasas de abortos repetitivos. En los rebaños infectados, la eliminación selectiva de vacas que hayan sufrido aborto repetitivo, y/o la reducción del número de animales seropositivos nacidos en el rebaño mediante inseminación con semen de vacuno de carne sería una estrategia efectiva en la reducción del riesgo de aborto en las explotaciones. Los datos confirman la utilidad de un muestreo serológico anual para detectar la infección por *N. caninum* en las explotaciones de ganado vacuno lechero y para la aplicación de medidas de control en las mismas, de acuerdo con los resultados de Dijkstra *et al.* (2003) y Larson *et al.* (2004).

#### AGRADECIMIENTOS

Este estudio ha sido financiado mediante los proyectos AGL2004-06103-C02-01/02-GAN. I. García-Ispuerto y G. Bech-Sàbat han recibido financiación de las becas FPU del Ministerio de Educación y Ciencia, AP-2004-4279 y AP-2005-5378, respectivamente.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Anderson, M.L., Reynolds, J.P., Rowe, J.D., Sverlow, K.W., Packham, A.E., Barr, B.C., Conrad, P.A. 1995. Evidence of vertical transmission of *Neospora* sp infection in dairy cattle. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 210, 1169-1172.
- Corbellini, L.G., Pescador, C.A., Frantz, F., Wunder, E., Steffen, D., Smith, D.R., Driemeier, D. 2006. Diagnostic survey of bovine abortion with special reference to *Neospora caninum* infection: importance, repeated abortion and concurrent infection in aborted fetuses in Southern Brazil. *Veterinary Journal*, 172, 114-120.
- Davison, H.C., Otter, A., Trees, A.J. 1999. Estimation of vertical and horizontal transmission parameters of *Neospora caninum* infections in dairy cattle. *International Journal of Parasitology*, 29, 1683-1690.
- Dijkstra, T., Barkema, H.W., Eysker, M., Beiboer, M.L., Wouda, W. 2003. Evaluation of a single serological screening of dairy herds for *Neospora caninum* antibodies. *Veterinary Parasitology*, 110, 161-169.
- Dubey, J.P., Buxton, D., Wouda, W. 2006. Pathogenesis of bovine neosporosis. *Journal of Comparative Pathology*, 134, 267-289.
- Hasler, B., Hernandez, J.A., Reist, M., Sager, H., Steiner-Moret, C., Staubli, D., Stark, K.D., Gottstein, B. 2006. *Neospora caninum*: Serological follow-up in dairy cows during pregnancy. *Veterinary Parasitology*, 137, 222-230.
- Hietala, S.K., Thurmond, M.C. 1999. Postnatal *Neospora caninum* transmission and transient serological responses in two dairies. *International Journal of Parasitology*, 29, 1669-1676.
- Larson, R.L., Hardin, D.K., Pierce, V.L. 2004. Economic considerations for diagnostic and control options for *Neospora caninum*-induced abortions in endemically infected herds of beef cattle. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 224, 1597-1604.
- Lopez-Gatius, F., Lopez-Bejar, M., Murugavel, K., Pabon, M., Ferrer, D., Almeria, S. 2004. *Neospora*-associated abortion episode over a 1-year period in a dairy herd in north-east Spain. *Journal of Veterinary Medicine B*, 51, 348-352.
- Lopez-Gatius, F., Santolaria, P., Yaniz, J.L., Garbayo, J.M., Almeria, S. 2005. The use of beef bull semen reduced the risk of abortion in *Neospora*-seropositive dairy cows. *Journal of Veterinary Medicine B*, 52, 88-92.
- Stenlund, S., Kindahl, H., Uggla, A., Björkman, C. 2003. A long term study of *Neospora caninum* infection in a Swedish dairy herd. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 44, 63-71.
- Thurmond, M.C., Hietala, S.K. 1997. Effect of congenitally acquired *Neospora caninum* infection on risk of abortion and subsequent abortions in cattle. *American Journal of Veterinary Research*, 58, 1381-1385.



## EXPANSIÓN DE LA POBLACIÓN DE CULICOIDES IMICOLA EN ESPAÑA Y ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE LA MISMA, BASADO EN EL ANÁLISIS DEL GEN DE LA CITOCROMO OXIDASA SUBUNIDAD I (COI).

Calvo J.H.<sup>1</sup>, Calvete C.<sup>1</sup>, Martínez-Royo A.<sup>1</sup>, Estrada R.<sup>2</sup>, Miranda M.A.<sup>3</sup>, Borrás D.<sup>3</sup>, Sarto i Monteys V.<sup>4</sup>, Pages N.<sup>4</sup>, Delgado J.A.<sup>5</sup>, Collantes F.<sup>5</sup>, Lucientes J.<sup>2</sup>

1. Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria (CITA). Gobierno de Aragón. Zaragoza.

2. Dpto. Patología Animal. Universidad de Zaragoza.

3. Laboratorio de Zoología. Universidad de las Islas Baleares. Palma de Mallorca.

4. Unidad de Entomología. Fundación CReSA. Universidad Autónoma de Barcelona.

5. Dpto. Zoología y Antropología Física. Universidad de Murcia.

E-mail: jhcalvo@aragon.es

### INTRODUCCIÓN

La Lengua azul es una enfermedad vírica cuyos principales vectores biológicos son ciertas especies de dípteros del género *Culicoides*, siendo *Culicoides imicola* el principal vector. El virus parece infectar a todas las especies conocidas de rumiantes, aunque la enfermedad suele manifestarse de forma más severa en el ovino (incluso produciendo la muerte), en especial en determinadas razas, y en algunas especies de ciervos.

Hasta la fecha, todas las epizootias de Lengua Azul y Peste Equina (cuyo vector también es *C. imicola*) acaecidas en la Península Ibérica han estado limitadas geográficamente a la mitad sur de la misma. Los trabajos pioneros realizados sobre *C. imicola* en la Península Ibérica (Ortega *et al.*, 1997, Rawlings *et al.*, 1997) demostraron que esta limitación geográfica estaba asociada a la distribución del vector, presente principalmente en el suroeste de la península, en donde se dan de forma más generalizada los requisitos necesarios de hábitat para mantener poblaciones estables y abundantes. Sin embargo, el hallazgo en otros estudios más recientes de poblaciones de esta especie de mosquito en las Islas Baleares y Cataluña (Miranda *et al.*, 2003, Sarto i Monteys, 2005), así como la aparición de la enfermedad en regiones europeas más al norte del paralelo 40° N, hacen sospechar de una expansión septentrional de la enfermedad y de sus vectores.

### MATERIAL Y MÉTODOS

**Insectos.** 255 insectos fueron recogidos de 58 localizaciones en España.

**Extracción de DNA y análisis del gen COI.** El DNA total fue extraído de mosquitos individualmente usando el kit Nucleo Spin Tissue (Mancherey-Nagel, Düren, Germany). El DNA mitocondrial (50 ng) fue amplificado usando los siguientes cebadores: 5'-GGAGGATTTGGAAATTGATTAGT-3' y 5'-CAGGTAAAATTAATAAATTCTGG-3' (Dallas *et al.*, 2003) en un volumen final de 25 µl conteniendo 5 pmol de cada cebador, 200 µM dNTPs, 2 mM MgCl<sub>2</sub>, 50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl, 0.1% Triton X-100 y 0.5 U *Taq* polymerase (Biotools, Spain). Se amplificó un fragmento del gen *COI* de 523 p.b. (de 1 a 10 *C. imicola* de cada localización), secuenciando dicho producto amplificado con los cebadores descritos anteriormente.

**Análisis estadístico.** Los índices de variación nucleotídica, estructura haplotípica, y test de neutralidad fueron calculados usando DnaSP 4.0 (Rozas *et al.*, 2003). MEGA 2.0 fue utilizado para calcular la matriz de distancias entre poblaciones, y para construir árboles filogenéticos neighbour joining, utilizando métodos de remuestreo "bootstrap". El cálculo del estadístico Fst, así como la distribución de la variabilidad total encontrada entre poblaciones se calculó usando el programa Arlequin (<http://anthropologie.unige.ch/arlequin/>). La distribución del número de diferencias nucleotídicas entre cada combinación de haplotipos (distribución "mismatch"), y el índice de Harpending raggedness fueron calculados para estimar recientes expansiones numéricas, así como espaciales, usando Arlequin. Finalmente, Network version 4.1.1.2 (<http://www.fluxus-engineering.com>), se utilizó para establecer conexiones en red (median joining networks) entre los haplotipos de nuestra muestra. Las relaciones entre los haplotipos del gen *COI* fueron analizadas a dos niveles jerárquicos de *C. imicola*: 1) Poblaciones de *C. imicola* en España, 2) *C. imicola* total (las secuencias analizadas en este estudio y las depositadas en la base de datos GenBank de otros países y localizaciones: AJ867227, AJ867228, AJ877224, AJ877225, AJ867232-AJ867234, AJ867226, AJ549415-AJ549426, AJ867229-AJ867231, AJ549388-AJ549392,

AF078097, AJ549393-AJ549414, AF080531, AF080532, AF080534, AF080535, AF078098-AF078100, AF069231-AF069233, AF069249).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La secuencia analizada del gen COI de los *C. imicola* en España, contiene 19 haplotipos definidos por 15 sitios polimórficos, existiendo dos sustituciones no-sinónimas (en las posiciones 69 y 136). Considerando la población total, se encontraron 34 haplotipos definidos por 27 mutaciones, siendo cinco sustituciones no-sinónimas (posiciones 46, 69, 115, 136, y 253). En total, 11 nuevos haplotipos no descritos hasta ahora fueron encontrados en la población Española (GenBank acc. Number DQ868882, DQ868883, DQ868886-DQ868890, DQ868892, DQ868894, DQ871030). La diversidad nucleotídica ( $\pi$ ) y haplotípica (Hd) en España y la población total fueron  $\pi = 0.00132 \pm 0.17 \times 10^{-3}$  - Hd=0.428 $\pm$  0.043, y  $\pi = 0.00344 \pm 0.14 \times 10^{-3}$  - Hd=0.596 $\pm$  0.035, respectivamente. En las poblaciones españolas se encontró la máxima diversidad en Ceuta, Tarifa y Mijas, mostrando que un importante flujo genético ocurre entre el Norte de África y España. El exceso de alelos encontrados, no implica altos niveles de variación, ya que la muestra presento un exceso de variantes en baja frecuencia y una variante en alta frecuencia. Los niveles de variación en la población mundial fueron similares a las españolas.

En la población Española, los índices de diferenciación genética mostraron que las poblaciones analizadas no se pueden considerar como poblaciones aisladas, mostrando un elevado flujo genético entre las mismas ( $Nm=125.98$  migrantes por generación). El análisis AMOVA mostró que el 96.44% de la varianza total fue debida a diferencias genéticas entre individuos, mostrando una población mínimamente estructurada ( $F_{st}= 0.00398$ ). En la población mundial de *C. imicola* estructurada como Mediterráneo occidental (Portugal, España, Marruecos e Italia), Mediterráneo Oriental (Israel y Grecia) y Sudáfrica,  $F_{st}$  y  $Nm$  fueron 0.788 y 0.07 respectivamente, siendo el 78.8% de la varianza total debida a diferencias entre poblaciones. Dallas *et al.* (2003), sugieren que el nivel de subdivisión maternal en *C. imicola* entre el Mediterráneo occidental y Oriental es alto, y comparable con la división geográfica de los serotipos del BT Virus (BTV) en los brotes aparecidos en el Mediterráneo. Esto fue confirmado en nuestro estudio analizando la distribución "mismatch" entre poblaciones. Dos picos indican la presencia de grupos divergentes de haplotipos (Figura 1), un pico en 0 diferencias nucleotídicas (haplotipos del Mediterráneo occidental) y el segundo en 4 diferencias nucleotídicas (haplotipos del Mediterráneo oriental), indicando dos orígenes genéticos distintos. Además, el análisis de conexiones de red (median joining networks) mostraron un haplotipo faltante (mv1) entre los haplotipos orientales y occidentales (Figura 2), confirmando los dos orígenes distintos. Los análisis de conexiones de red también mostraron en la población Española una estructura filogenética de estrella, teniendo en su centro el haplotipo más común (Figura 2). Este tipo de estructura poblacional se explica como una rápida expansión tras en proceso genético de cuello de botella, siendo en estos casos la diversidad nucleotídica y haplotípica baja. Estos resultados junto con el árbol filogenético neighbour joining sugieren la falta de flujo genético entre el mediterráneo oriental y occidental, exceptuando el Mediterráneo Central en el que haplotipos encontrados en Sicilia se encuentran en *Culicoides imicola* del Mediterráneo Oriental y Occidental (Dallas *et al.*, 2003).

Para verificar si la población española estaba en expansión se llevaron a cabo diversos test de neutralidad. El test de  $F_u$ 's  $F_s$  resultó significativo (-21.57196 ;  $p < 0.001$ ), indicando una clara desviación de la frecuencia de alelos esperada debido al excesivo número de alelos raros. El test *Tajima's D* fue -1.99 ( $P < 0.05$ ), mientras que el test  $D^*$  fue -1.353 ( $P > 0.10$ ). Los índices negativos de los test de  $F_u$  and  $L_i$ 's and *Tajima's* indican un exceso de variantes en baja frecuencia, pudiendo esta baja frecuencia de mutaciones nuevas, ser un indicador de expansión de la población. Para confirmar esta hipótesis, se calculó la distribución mismatch de la población Española (Figura 1), mostrando una distribución unimodal, como es esperable en el caso de una expansión de la población (Rogers y Harpending, 1992; Slatkin y Hudson, 1991), con altos niveles de migración entre las poblaciones vecinas (Ray *et al.*, 2003; Excoffier, 2004). Por otra parte la distribución de datos no difieren de lo esperado bajo un modelo de expansión numérica de la población (Suma al cuadrado de las desviaciones = 0.00038,  $P = 0.650$ ; índice Harpending's

raggedness = 0.12,  $P = 0.800$ ) o espacial (suma al cuadrado de las desviaciones = 0.00038,  $P = 0.800$ ; índice Harpending's raggedness = 0.12,  $P = 0.700$ ). El índice Harpending's raggedness fue bajo, lo que indica una distribución unimodal. Estos resultados y la presencia de un haplotipo común en todas las poblaciones muestreadas, así como la aparición por primera vez de *Culicoides imicola* en localizaciones más al norte de la península que no habían aparecido hasta la fecha, indican una expansión de la población hacia nuevas localizaciones situadas más al norte de la península. Asumiendo, que todos los haplotipos encontrados son igualmente competentes para la transmisión del virus por vectores, la expansión hacia el norte de la Península Ibérica tiene importantes implicaciones en la epidemiología y expansión de la BTV.

**Agradecimientos.** Los autores de este trabajo agradecen a los servicios veterinarios de los Gobiernos de las diferentes Comunidades Autónomas su esfuerzo para realizar las capturas de los insectos. Trabajo subvencionado por la Subdirección General de Sanidad Animal del Ministerio de Agricultura Pesca y Alimentación (MAPyA).

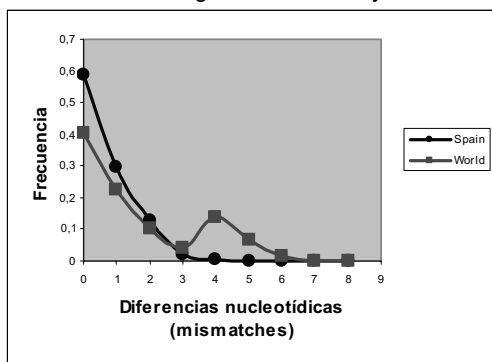


Figura 1. Distribución del número de diferencias nucleotídicas entre las diferentes combinaciones haplotípicas de mtDNA de *Culicoides imicola* de España (Spain) y la total (World).

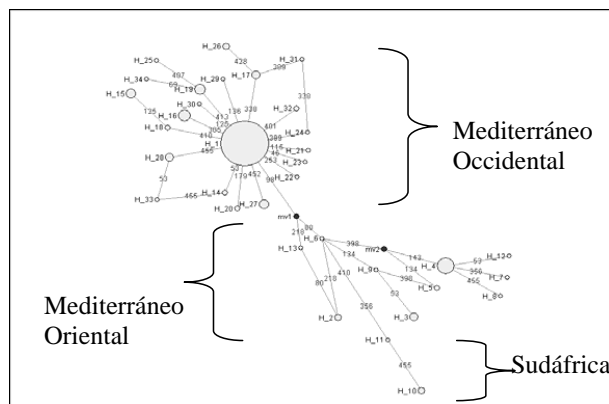


Figura 2. Análisis de conexiones de red (median joining network) El diagrama muestra las relaciones entre haplotipos y la frecuencia de los mismos. El número de haplotipo muestra el IMICOI haplotipo (Dallas et al. 2003). El diámetro de H\_6 (IMICOI 6) representa un animal. Los números indican la posición relativa del nucleotide mutado en relación a la secuencia DQ868882.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Dallas, J.F. et al. 2003. Medical and Veterinary Entomology, 17, 379-87.
- Excoffier, L. 2004. Molecular Ecology 13(4), 853-864.
- Miranda, M. A. et al. 2003. Medical and Veterinary Entomology, 17, 52-54.
- Ortega, M.D. et al. 1999. Journal of the American Mosquito Control Association, 15 (3), 391-399.
- Rawlings, P. et al. 1997. Medical and Veterinary Entomology, 11, 49-57.
- Ray, N. et al. 2003. Molecular Biology and Evolution, 20(1), 76-86.
- Rogers, A. R., y Harpending, H. 1992. Molecular Biology and Evolution, 9, 552-569.
- Rozas, J. et al. 2003. Bioinformatics, 19 (18): 2496-2497.
- Sarto i Monteys, V. et al. 2005. Veterinary Record, 156, 415-417.
- Slatkin, M. y Hudson, R.R. 1991. Genetics, 129 (2), 555-562.

## **VALORACIÓN DE LA EFICACIA DE DIFERENTES BARRERAS FÍSICAS Y QUÍMICAS PARA REDUCIR LA ABUNDANCIA DE POTENCIALES VECTORES DEL VIRUS DE LA LENGUA AZUL EN EL INTERIOR DE INSTALACIONES GANADERAS.**

Calvete C.<sup>1</sup>, Díaz-Molina M.<sup>2</sup>, Díez-De la Varga C.<sup>2</sup>, Boluda A.<sup>2</sup>, Estrada R.<sup>3</sup>, Miranda M.A.<sup>4</sup>, Borrás D.<sup>4</sup>, Lucientes J.<sup>3</sup>

1. Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria (CITA). Gobierno de Aragón. Zaragoza. 2. Área de Prevención y Control de Epizootias, Tragsesa, Madrid. <sup>3</sup> Dpto. Patología Animal. Universidad de Zaragoza. 3. Laboratorio de Zoología. Universidad de las Islas Baleares. E-mail: [ccalvete@aragon.es](mailto:ccalvete@aragon.es); [jlucien@unizar.es](mailto:jlucien@unizar.es)

### **INTRODUCCIÓN**

La lengua azul es una enfermedad producida por un virus del género *Orbivirus*, Familia *Reoviridae* cuya principal vía de transmisión es a través de la picadura de dípteros del género *Culicoides*, que son el hospedador primario del virus. Se ha demostrado que este virus es capaz de infectar a numerosas especies de rumiantes produciendo formas leves o inaparentes de la enfermedad. Sin embargo, y dependiendo del serotipo implicado, puede cursar con formas graves de enfermedad en algunas razas de ovejas que están ampliamente distribuidas por Europa, pudiendo ocasionar elevadas mortalidades en la cabaña ganadera.

Históricamente, en Europa, los brotes de lengua azul han sido de carácter esporádico y limitados al sur del continente. No obstante en la última década la presencia de esta enfermedad en Europa ha sido casi constante y con una clara y progresiva expansión hacia el norte, detectándose en áreas en las que nunca había sido declarada antes. Esta progresión de la enfermedad parece estar asociada al cambio climático y al consiguiente incremento de las temperaturas, lo que habría favorecido la expansión de las poblaciones de *Culicoides imicola*, el principal vector hasta ahora en Europa, así como al incremento de la capacidad vectorial de otras especies de *Culicoides* sp., como sería el caso de *Culicoides dewulfi*, el vector responsable de la reciente epizootia de lengua azul en el norte de Europa (Purse *et al.* 2005).

Entre las medidas propuestas actualmente para limitar la transmisión de esta enfermedad entre las especies domésticas de rumiantes en Europa está la recomendación de confinar a los animales en el interior de establos y construcciones ganaderas. Esta medida se basa en la suposición de que *C. imicola* prefiere alimentarse sobre animales que están al aire libre en vez de en animales alojados en el interior de construcciones. Sin embargo, esta medida de protección, que también se exige como un requisito necesario previo al movimiento de animales, es puesta en duda por algunos estudios científicos en los que se sugiere que el vector es perfectamente capaz de acceder al interior de las construcciones y que la facilidad de acceso está condicionada por las características de las mismas (Barnard 1997). Por este motivo se ha considerado necesario investigar sobre la verdadera protección que brindan las construcciones ganaderas frente a la picadura de estos vectores de lengua azul y sobre la eficacia de algunas medidas complementarias que son aplicadas de forma rutinaria con la intención de incrementar la seguridad de las construcciones.

En el presente trabajo se exponen los resultados obtenidos en una serie de ensayos, realizados en el marco del Convenio de Colaboración entre la Universidad de Zaragoza y TRAGSEGA para el desarrollo del Proyecto de I+D+i "Determinación de la eficacia de los sistemas de prevención y lucha frente al vector de la lengua azul" desarrollados para evaluar la eficacia del uso combinado de mallas e insecticidas como método para reducir la entrada al interior de instalaciones ganaderas de ejemplares pertenecientes al género *Culicoides*.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

El trabajo de campo se desarrolló durante el año 2006 en las instalaciones del CENSYRA en Badajoz y consistió en la realización de dos ensayos experimentales. Para la realización de

ambos ensayos se utilizaron trampas específicas para la captura de dípteros equipadas de un ventilador cuya función es succionar a los ejemplares que son atraídos por la trampa, introduciéndolos en el interior de un recipiente plástico parcialmente lleno de agua y etanol para facilitar la conservación de los ejemplares capturados. Como atrayente, estas trampas van dotadas de una lámpara de luz ultravioleta y de una fuente de CO<sub>2</sub>. Como la actividad de *los culicoides* es eminentemente vespertina y nocturna, éstas trampas se activan automáticamente al anochecer mediante un fotosensor, permaneciendo activas hasta el amanecer.

**Ensayo 1:** Estuvo orientado a evaluar la eficacia de diferentes combinaciones de tamaño de malla y productos insecticidas para reducir el paso de los culicoides a su través. En total se testó la eficacia de 25 tratamientos correspondientes a la combinación de cinco mallas con tamaño de orificio de 2x2mm, 5x5mm, 10x10mm, 20x20mm y 40x40mm y de cinco insecticidas (diazinón, malatión, cipermetrina, deltametrina y permetrina) además de otros cinco tratamientos correspondientes a las cinco mallas sin insecticida. Para llevar a cabo el ensayo cada trampa se instaló a 2m de altura y en el interior de un bastidor metálico de forma cúbica y de 1m de lado. Cada una de las mallas utilizadas fueron fijadas a todas las caras del bastidor rodeando completamente a la trampa. El ensayo se llevó a cabo durante 46 noches consecutivas. Durante cada noche se instalaron 12 trampas con diferentes combinaciones de tratamientos más dos trampas control sin malla. Las posiciones de las trampas fueron permutadas de forma sistemática cada noche con el fin de anular la variabilidad en las capturas debida a la localización del punto de muestreo.

**Ensayo 2:** Este ensayo consistió en evaluar en condiciones reales la eficacia de dos de los tratamientos anteriores (malla x insecticida) para limitar la entrada de culicoides al interior de una nave de ganado ovino. Para ello, la nave se dividió en tres módulos aislados uno de otro, distribuyendo el rebaño de ovejas entre los tres módulos. En el interior de cada módulo se instalaron tres trampas para la captura de dípteros y otras seis en el exterior de la nave a modo de control. Durante cinco noches consecutivas se realizó un muestreo previo tanto en los tres módulos como en el exterior de la nave. Posteriormente, en dos de los módulos, y en función de los resultados en el anterior ensayo, se procedió a cubrir todas las ventanas y puertas con malla de 10x10mm, la cual fue rociada con diazinón y cipermetrina en cada uno de los módulos tratados respectivamente, dejando el tercer módulo como control. Posteriormente el muestreo con las trampas se prolongó durante catorce noches más. Debido a la sobredispersión de los datos, el análisis estadístico se llevó a cabo mediante modelos lineales generalizados, previa transformación logarítmica del número de ejemplares capturados. Para el ajuste de los modelos se utilizó una distribución de errores gamma y la función logarítmica como función de enlace.. En ambos ensayos la variabilidad en las capturas debida a las diferentes condiciones climáticas de cada día fue considerada en el modelo como una variable aleatoria. En el ensayo 1, además, también se consideró la variabilidad debida a la posición ocupada por las trampas en cada muestreo. Los resultados se analizaron tanto para el total de ejemplares pertenecientes al género *Culicoides* sp. (incluido *C. imicola*) como para *C. imicola* por separado.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los modelos ajustados a los datos del ensayo 1 explicaron el 42,80% y el 38,12% de la varianza de los datos para *Culicoides* sp. y *C. imicola* respectivamente. El modelo estadístico ajustado a los datos del ensayo 1 no detectó ningún efecto significativo ( $p > 0.05$ ) del factor malla o del factor insecticida sobre el número de *Culicoides* sp. o de *C. imicola* capturados en las trampas tratadas en comparación a las trampas control. Si bien, en ambos casos, en las comparaciones post-hoc realizadas entre las diferentes niveles con malla y el nivel sin malla se observó que las capturas realizadas por las trampas rodeadas por las mallas de menor tamaño (2x2mm y 5x5mm) fueron superiores a las capturas de las trampas control, siendo esta tendencia estadísticamente significativa en la malla 2x2mm para *Culicoides* sp. ( $p < 0.05$ ) y en la malla 5x5mm para *C. imicola* ( $p < 0.05$ ). El tamaño de

mallas de 10x10mm fue el que presentó el menor número de ejemplares capturados tanto para *Culicoides* sp. como para *C. imicola*. Si bien estas diferencias no fueron estadísticamente significativas. Respecto al factor insecticida no se detectó ninguna tendencia ni diferencia significativa en las comparaciones post-hoc entre las capturas de las trampas tratadas con alguno de los insecticidas respecto a las trampas no tratadas.

Respecto al ensayo 2, los modelos ajustados explicaron el 38,62% y el 46,77% de la varianza de los datos para *Culicoides* sp. y *C. imicola* respectivamente. En ambos casos se detectaron diferencias muy significativas ( $p < 0.001$ ) entre el número de ejemplares capturados dentro de cada uno de los módulos y el exterior de la nave. En ambos casos también, la reducción de la cantidad de ejemplares capturados después del tratamiento fue significativamente mayor ( $p < 0.05$ ) dentro de la nave que en el exterior. Las comparaciones post-hoc evidenciaron que el número de ejemplares capturados en ambos casos en el interior de la nave fue siempre superior a los capturados en el exterior de la misma. Esta diferencia fue significativa ( $p < 0.01$ ) para *Culicoides* sp. para el módulo control y el tratado con malla y diazinón y muy significativa ( $p < 0.001$ ) para los mismos módulos en el caso de *C. imicola*. Respecto a la reducción del número de ejemplares capturados después de la instalación de la malla y su tratamiento con insecticida, las comparaciones post-hoc evidenciaron que para ambos grupos ésta reducción fue siempre mayor y estadísticamente significativa ( $p < 0.05$ ) para los tres módulos en comparación a la reducción de capturas en el exterior de la nave, pero no hubo ninguna diferencia en el grado de disminución de las capturas entre el módulo control y los tratados.

Los resultados obtenidos en el ensayo 1 demuestran que la utilización de mallas con tamaño de orificio igual o superior a 2x2mm no representan ningún obstáculo para el paso de dípteros del género *Culicoides* al interior de las explotaciones. Por el contrario, las dos mallas utilizadas con menor diámetro mostraron tendencias evidentes a incrementar el número de culicoides capturados por las trampas, probablemente por la menor ventilación y el consiguiente incremento de la concentración de CO<sub>2</sub> en el interior del bastidor y alrededor de la trampa, lo que incrementó su poder de atracción.

Los resultados también sugieren que ninguno de los cinco insecticidas utilizados tiene un efecto repelente sobre los dípteros del género *Culicoides*. De manera similar, la eficacia de estos productos como insecticidas cuando son rociados sobre las mallas se podría interpretar como reducida, posiblemente porque estos dípteros de pequeño tamaño no se lleguen a posar sobre la malla. No obstante el diseño de estos ensayos no permite evaluar el efecto de los insecticidas sobre la capacidad de los culicoides para picar al hospedador a medio y largo plazo, ya que con el diseño utilizado los culicoides probablemente fueron capturados por las trampas antes de que su viabilidad se viese comprometida por los efectos tóxicos del insecticida. Serán necesario la realización de nuevos experimentos para evaluar este punto.

Los resultados del ensayo 2 son plenamente coincidentes con los del anterior ensayo, evidenciando la reducida protección que supone la instalación de mallas, incluso tratadas con insecticidas, para reducir la presencia de culicoides en el interior de explotaciones ganaderas. El hecho de que el número de culicoides capturados después del tratamiento descendiese más dentro de la nave que en el exterior, incluso en el módulo control, podría explicarse por la propia dinámica de la población de culicoides a la finalización de su ciclo anual. El resultado más interesante, no obstante, es la mayor cantidad de *C. imicola* capturados en el interior de la nave respecto al exterior, lo que sugiere que esta especie es capaz de penetrar activamente, y no sólo de forma pasiva como se creía, al interior de las instalaciones ganaderas atraída por la presencia de posibles hospedadores. Este hallazgo debería conllevar el replanteamiento de algunos aspectos de la epidemiología de la lengua azul así como de algunas de las medidas propuestas para su control.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Barnard B.J.H. 1997. Onderstepoort Journal of Veterinary Research, 64, 227-233.
- Purse B.V. et al. 2005. Nature Reviews Microbiology, 3, 171-181.

## CAMPAÑA DE CONTROL DEL MAEDI VISNA EN ARAGÓN: PRIMEROS REBAÑOS CALIFICADOS

Pérez, M.<sup>1</sup>, Biescas, E.<sup>1,2</sup>, de Andrés, X.<sup>3</sup>, Leginagoikoa, I.<sup>4</sup>, Salazar, E.<sup>1</sup>, Malo, J.M.<sup>5</sup>, Pérez, A.<sup>5</sup>, Izquierdo, S.<sup>5</sup>, Cancr, J.<sup>5</sup>, Berriatúa, E.<sup>6</sup>, Reina, R.<sup>3</sup>, Bolea, R.<sup>1</sup>, de Andrés, D.<sup>3</sup>, Gracia, J.<sup>5</sup>, Amorena, B.<sup>3</sup>, Badiola, J.J.<sup>1</sup>, Luján, L.<sup>1</sup> [mmperez@unizar.es](mailto:mmperez@unizar.es)

1. Dpto. Patología Animal. Fac. Vet. Zaragoza. 2. ITG Ganadero. Pamplona. 3. Inst. de Agrobiotecnología (CSIC-Universidad Pública de Navarra-Gobierno de Navarra) Mutilva Baja. 4. Inst. Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario (NEIKER). Derio. Vizcaya. 5. Dpto. Agricultura y Alimentación. Serv. de Producción y Sanidad animal. Gobierno de Aragón. 6. Dpto. de Sanidad animal. Fac. de Vet. Campus de Espinardo. Murcia.

### INTRODUCCIÓN

La enfermedad del Maedi-Visna (MV) es una lentivirusosis de distribución universal, que en España está presente en la inmensa mayoría de rebaños analizados. En Aragón, estudios previos (Luján et al., 1993), han demostrado que casi la totalidad de rebaños sufren la infección y que la clínica asociada a dicha infección es muy importante. En este marco, en el año 2002, el Gobierno de Aragón, en colaboración con la Universidad de Zaragoza comenzó a financiar una campaña de control del MV a nivel autonómico, a través de un estudio voluntario, mediante una técnica ELISA (Elitest®). Tras el análisis de 132 rebaños y más de 63.000 animales durante el primer año, se pudo observar que el 100 % de rebaños presentaba la infección con un 54,6% de seroprevalencia media en Aragón. Dada la importancia de los resultados, la campaña se amplió durante cuatro años más (2002-2006), analizándose un total de 527 rebaños y un total de 370.256 muestras de suero. Tras establecer tres categorías diferentes de seroprevalencias, (baja, <25%; media, 25-50% y alta, > 50%), se realizó un estudio epidemiológico basado en encuestas (Leginagoikoa et al., 2006) en 25 explotaciones seleccionadas.

### MATERIAL Y MÉTODOS

*Rebaños y animales estudiados.* El número de rebaños y de animales analizados durante el período 2002-2006, se expresa en las Tablas 1 y 2. En el primer análisis la selección de los rebaños fue realizada por el Gobierno de Aragón en base a la inscripción en libros genealógicos; posteriormente la decisión de incluir nuevos rebaños o mantener los que ya habían sido analizados recayó en los veterinarios responsables, en función de las medidas tomadas y del interés mostrado por los ganaderos.

Tabla 1. Número de rebaños anuales analizados por primera vez, en la campaña de Maedi-Visna

	2002	2003	2004	2005	2006	Total
<b>Zaragoza</b>	41	97	40	27	10	215
<b>Teruel</b>	77	39	38	25	7	186
<b>Huesca</b>	14	50	35	17	10	126
<b>Total</b>	132	186	113	69	27	<b>527</b>

Tabla 2. Muestras séricas totales analizadas a lo largo del periodo 2002-2006

	2002	2003	2004	2005	2006	Total
<b>Zaragoza</b>	28.680	37.286	35.518	48.735	29.893	180.112
<b>Teruel</b>	27.096	16.523	34.055	24.336	15.362	117.372
<b>Huesca</b>	7.594	22.847	19.563	9.587	13.191	72.782
<b>Total</b>	63.370	76.656	89.136	82.658	58.446	<b>370.256</b>

De los 370.256 sueros analizados, 260.954 corresponden a muestras de animales analizados por primera vez (Tabla 3).

*Programa de control.* Tras un primer análisis de los animales mayores de 6 meses del rebaño, se procedió a clasificar a los rebaños en tres categorías diferentes según su seroprevalencia: baja, <25%; media, 26-50% y alta, > 51%. Los rebaños de

“seroprevalencia baja” pasaban a formar parte del “Programa de control voluntario A” (Fig. 1), en el cual se debía obtener la reposición a partir de madres seronegativas y centrar el desvieje en las ovejas seropositivas; como medidas adicionales y optativas se recomendaba el sacrificio de los animales positivos y la separación, en caso de que fuera posible, en dos rebaños de animales seropositivos y seronegativos. A estos rebaños se les realizó un análisis anual de los animales seronegativos y de la reposición mayor de 6 meses. Al alcanzar un nivel de seroprevalencia inferior al 5% (“rebaño controlado”), se procedió al sacrificio de los animales positivos, el cual fue compensado económicamente por el Gobierno de Aragón. A partir de entonces, el rebaño pasaba a considerarse “libre” manteniéndose el estatus si la seroprevalencia era 0% o “indemne” si se mantenía libre durante tres años consecutivos. Los rebaños de “seroprevalencia media” pasaban a formar parte del “Programa de control voluntario B”, adoptando las mismas medidas que el “Programa de control voluntario A”, al que pasaban a pertenecer cuando su seroprevalencia bajaba del 25%. En el caso de rebaños de “seroprevalencia alta”, sólo se analizaron los animales de los ganaderos que solicitaron formar parte de la campaña y tomaron medidas de control como en las otras categorías.

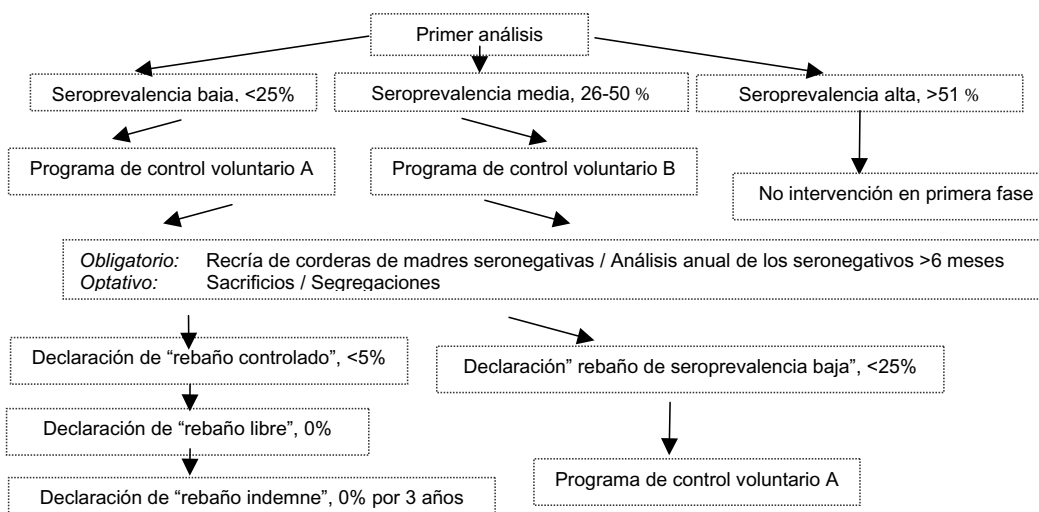


Figura 1. Esquema de clasificación de los rebaños componentes del programa de control.

*Estudio epidemiológico* Se llevó a cabo mediante la realización de encuestas basadas en las realizadas en el País Vasco en un total de 25 explotaciones de diferentes seroprevalencias: baja (n=8), media (n=8) y alta (n=9) con el objetivo de tratar de identificar aquellos factores de manejo y características propias de la explotación que pudieran estar relacionados con una mayor presencia y transmisión del virus del MV en el ganado ovino.

*Análisis estadístico.* Los análisis estadísticos se llevaron a cabo con el paquete informático STATISTICA 6.0. Las posibles diferencias existentes entre los valores de seroprevalencia en las distintas provincias, zonas veterinarias y modelos de manejo de la explotación se testaron usando tests no paramétricos, entre ellos: test de Kruskal-Wallis, test de U de Mann-Whitney, test de correlaciones de Spearman, y test de rangos de Wilcoxon.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El porcentaje de animales seropositivos encontrados tras el primer análisis de los animales de la explotación, aparece resumido por provincias en la Tabla 3.



Las seroprevalencias de las provincias de Zaragoza y Teruel demostraron estar cerca del 50% mientras que la provincia de Huesca se acercaba al 70 %. Esto resultó en una diferencia estadísticamente significativa para esta provincia. Además el número de rebaños con seroprevalencias altas o muy altas también era significativamente mayor en la provincia de Huesca, como se aprecia en la Tabla 4.

Tabla 3. Número de animales analizados\* y % de positivos

	<b>Animales analizados*</b>	<b>N<sup>a</sup> animales positivos</b>	<b>% animales positivos</b>
<b>Zaragoza</b>	117.862	58.574	49,7
<b>Teruel</b>	81.378	37.589	46
<b>Huesca</b>	61.714	41.681	67,5
<b>Total</b>	260.954	137.845	52,82

\* Solamente analizados por primera vez.

Tabla 4. Número de rebaños distribuidos según su seroprevalencia

	<b>0-25%</b>	<b>26-50%</b>	<b>51-75%</b>	<b>76-100%</b>	<b>TOTAL</b>
<b>Zaragoza</b>	46	65	59	45	215
<b>Teruel</b>	52	52	47	35	186
<b>Huesca</b>	21	19	28	58	126
<b>Total</b>	119	136	134	138	527

En cuanto a la evolución de las seroprevalencias en aquellos rebaños analizados más de una vez y que tomaron algún tipo de medida de control, se observaron diferencias estadísticamente significativas entre la seroprevalencia inicial y la final (test de rangos de Wilcoxon) en aquellas explotaciones cuyas medidas de control fueron dejar reposición de madres seronegativas y/o centrar el desvío en animales seropositivos. En las explotaciones cuyo control fue dejar reposición de madres seronegativas y sacrificio de los animales positivos, se observó una tendencia a la disminución de la seroprevalencia, aunque no fue estadísticamente significativa ya que las explotaciones partían de una seroprevalencia inicial baja o muy baja y su número no fue elevado. En el caso de las explotaciones que no tomaron ninguna medida de control se apreció una tendencia al aumento de la seroprevalencia, aunque ésta no fue estadísticamente significativa. Al analizar los resultados de las encuestas epidemiológicas se observó una correlación positiva y estadísticamente significativa entre la seroprevalencia y el censo del rebaño. Otros parámetros que mostraron una tendencia a la correlación, aunque no estadísticamente significativa, fueron: área abierta disponible y m<sup>2</sup> totales por animal (mayor seroprevalencia cuanto menor disponibilidad de espacio y ventilación), la edad de destete (mayor seroprevalencia en destetes más tempranos) y apreciación de sintomatología clínica asociada a maedi (mayor sintomatología en explotaciones con mayor seroprevalencia). Finalmente, como resultado del seguimiento serológico y de las medidas tomadas por los ganaderos interesados, se han calificado en Diciembre de 2006 los primeros rebaños frente a MV: “rebaños controlados” (n=14); “rebaños libres” (n=3); “rebaños indemnes” (n=4). Estos son las primeras calificaciones otorgadas oficialmente con respecto a la prevalencia del MV en Aragón y España.

#### **AGRADECIMIENTOS**

Al Gobierno de Aragón por la financiación de la campaña de control, así como a todos los veterinarios y ganaderos que han participado

#### **REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

- Luján L, Badiola JJ, García Marín JF, et al. 1993. Preventive Veterinary Medicine, 15:181-90.
- Leginagoikoa I, Juste RA, Barandika J, et al. 2006. Veterinary Research, 37 (6): 767-778.

## CORRESPONDENCIA ENTRE LAS CARACTERÍSTICAS GENÉTICAS DEL VIRUS Y LA PATOLOGÍA OVINA ENCONTRADA EN INFECCIONES POR LENTIVIRUS DE PEQUEÑOS RUMIANTES ESPAÑOLES

Reina, R.<sup>1</sup>, Glaria, I.<sup>1</sup>, Benavides, J.<sup>2</sup>, Biescas, E.<sup>3</sup>, Crespo, H.<sup>1</sup>, Lucas, N.<sup>1</sup>, de Andrés, X.<sup>1</sup>, Ramírez, H.<sup>1</sup>, Pérez, M.M.<sup>3</sup>, Ciriza, J.<sup>1</sup>, Contreras, A.<sup>4</sup>, Pérez, V.<sup>2</sup>, Luján, L.<sup>3</sup>, Badiola, J.J.<sup>3</sup>, Amorena, B.<sup>1</sup>, de Andrés, D.<sup>1</sup>

1. Instituto de Agrobiotecnología. Campus de Arrosadía. 31192 Mutilva Baja. Navarra. 2. Dpto. de Patología Animal. Facultad de Veterinaria. Campus de Vegazana s/n. Universidad de León. 24071 León. 3. Dpto. de Patología Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad de Zaragoza. Miguel Servet, 177. 50013 Zaragoza. 4. Dpto. de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria. Campus de Espinardo. Universidad de Murcia. 30071 Espinardo. Murcia.

### INTRODUCCIÓN

En el ganado ovino español afectado por la enfermedad causada por los lentivirus de pequeños rumiantes (LVPR), las formas clínicas más frecuentemente encontradas han sido hasta hace pocos años la mamaria, la pulmonar o ambas conjuntamente, que constituyen la afección conocida como Maedi. Más recientemente, han aparecido dos brotes con formas diferentes de la enfermedad. Uno de ellos, afectando a un elevado número de ovinos Assaf de Castilla y León, presenta la forma nerviosa, o Visna (Benavides *et al.*, 2006), poco frecuente en Europa, y que de forma esporádica se ha detectado en caprinos jóvenes infectados por LVPR. El segundo brote, restringido a un rebaño Rasa Aragonesa de Aragón (Luján *et al.*, 2005), presenta una afección articular, más frecuente en ganado caprino. El objeto de este estudio es determinar si los virus implicados en las distintas patologías encontradas en España, incluyendo las de ambos brotes, presentan unas características genéticas diferentes entre sí y si se hallan genéticamente más cercanos a los LVPR prototipo aislados de caprinos (virus de la artritis encefalitis caprina, VAEC) o a los procedentes de ovino (virus del Maedi Visna, VMV), en el contexto de la clasificación general en clados (A - D) propuesta por Shah *et al.* (2004).

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se llevó a cabo una amplificación de secuencias de LVPR de ovinos con las formas clínicas nerviosa (de raza Assaf, aislado 698) y artrítica (de raza Rasa Aragonesa, aislado 496), así como de ovinos de raza Latxa Navarra (aislados Ov1, Ov5 y Ov8) y caprinos de raza Murciano-Granadina (aislados C1, C3 y C4), seropositivos sin cuadro clínico. Las condiciones generales de la PCR fueron: 1 µg de DNA por reacción, tampón 1X (Biotools), 2 mM de Cl<sub>2</sub> Mg (Biotools), 225 µM de cada dNTP (Biotools), 20 pmol de cada cebador y 0,8 U Pfu de Taq DNA polimerasa (Invitrogen) en un volumen final de 20 µl. Se amplificaron las regiones: pol (~1200 nucleótidos, nt) utilizando la metodología de PCR anidada y los cebadores descritos por Shah *et al.* (2004); LTR (~300 nt), según el procedimiento descrito por Extramiana *et al.* (2002) con cebadores de Sonigo *et al.* (1985); y gag-p25 (~550 nt) según el procedimiento y cebadores descrito en Reina *et al.* (2006).

Además de las secuencias de aislados españoles obtenidos en este trabajo, se utilizaron en los alineamientos secuencias procedentes del GenBank tales como EV1 (S51392, del Reino Unido), KV1514 (M60610, de Islandia), SA-OMVV (M31646, de Sudáfrica) y USA85-34 (AY101611, de USA) como secuencias completas de SRLV ovinos; CAEV-Co (M33677, de USA), CAEV-Gansu (AY900630, de China) y CAEV1GA (AF322109, de Noruega) como secuencias completas de SRLV caprinos, y secuencias de SRLV de ovinos y caprinos suizos utilizadas por Shah *et al.* (2004) para establecer la actual clasificación de LVPR en clados (A<sub>1</sub>–A<sub>7</sub>, B<sub>1</sub>, B<sub>2</sub>, C y D).

Las secuencias de nt se analizaron y editaron con el programa BioEdit (Hall, 1999). Los alineamientos múltiples y la matriz de distancia de nt para los estudios filogenéticos se realizaron con el programa bioinformático ClustalX (Thompson *et al.*, 1994). Los árboles filogenéticos (cladogramas) se produjeron a continuación por el método de Neighbour

Joining, con la corrección de Kimura's (Saitou y Nei, 1987). Los límites de confianza estadística de la topología del cladograma se determinaron con 1000 bootstraps. Para editar y visualizar los cladogramas se utilizó el programa TREEVIEW 1.3 (Page, 1996).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis genético de las regiones *pol* y LTR (Fig. 1) y *gag-pol* y *gag-p25* (resultados no mostrados) demostró una coherencia entre los hallazgos de estas tres regiones del genoma vírico. Así, el aislado 496, incluido en el clado B<sub>2</sub>, se situaba más cercano a la estirpe tipo de VAEC (CAEV-Co, clado B<sub>1</sub>) responsable de cuadros artríticos (en caprinos), como correspondería al hecho de proceder de un individuo con patología artrítica (aunque se trate de un ovino), que a las secuencias de SRLV de ovinos españoles con patología nerviosa (698) o procedentes de rebaños con patología pulmonar y mamaria (Ov1, Ov5 y Ov8). Por otra parte todas las restantes secuencias utilizadas en los alineamientos, exceptuando las de los clados B y C (incluida la de 496), presentaban una delección de 6 nucleótidos (correspondientes a dos glicinas) en *gag-p25* (resultados no mostrados), confirmando la naturaleza VAEC del aislado 496.

En cambio, las secuencias *pol* del aislado español del brote nervioso, 698, se asociaban al clado A<sub>5</sub>, junto con Ov8, C1 y C3. Los árboles filogenéticos a partir de las secuencias *gag-pol* y *gag-p25* (resultados no mostrados), no producían una asociación tan precisa del aislado 698, situándolo únicamente dentro de lo clados A. Conviene señalar que hasta ahora, las secuencias de LVPR formando los clados A incluyen todas las estirpes tipo Maedi Visna (EV1, KV1514, SAOMVV, USA85-34, ...) procedentes de ovinos, junto a aislados de origen ovino o caprino (Shah *et al.*, 2004).

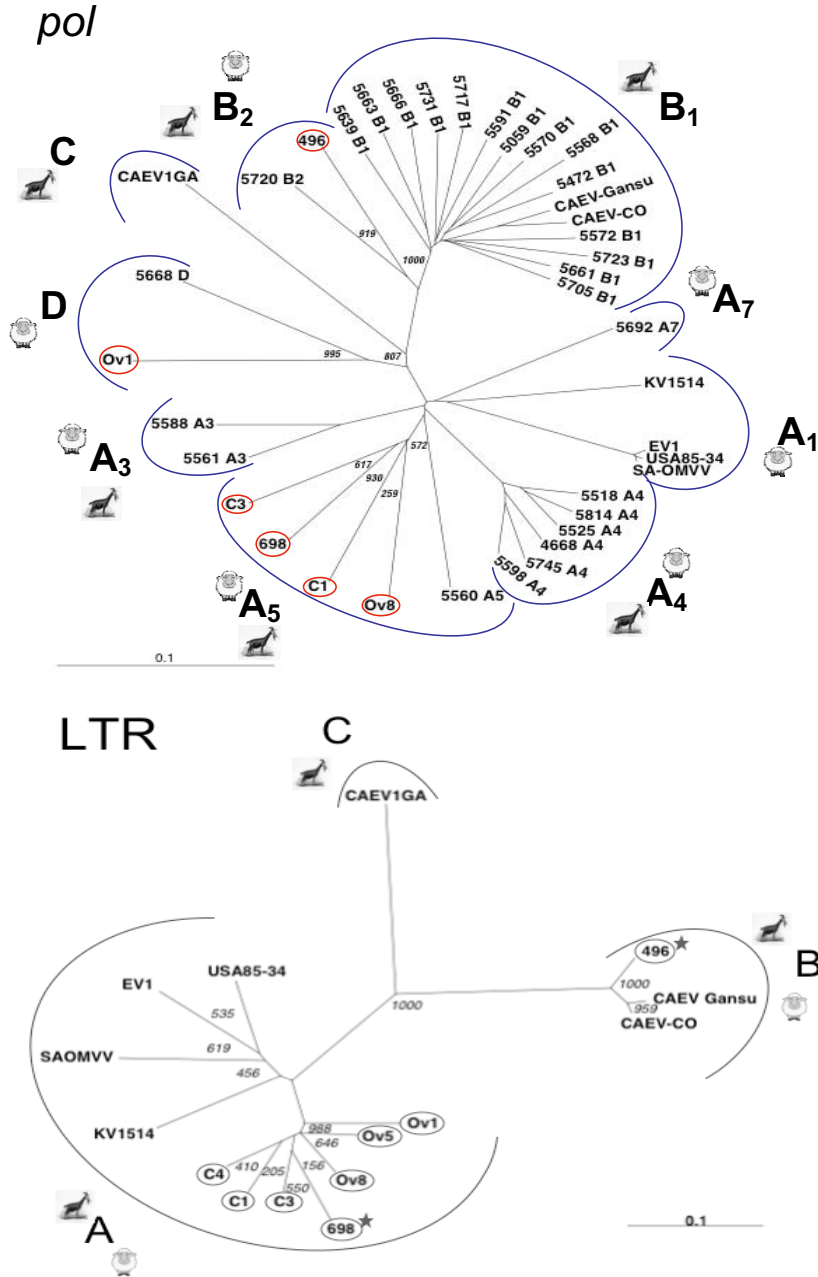
Además, la secuencia de nucleótidos en la región LTR en ambos aislados confirma los hallazgos anteriores: 496 agrupado con CAEV-Co y CAEV-Gansu, mientras que 698, junto a Ov1, Ov5, Ov8, C1, C3 y C4, agrupado con los prototipos de Maedi Visna.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Benavides *et al.* 2006. *Veterinary Record*, 158: 230-35.
- Luján *et al.* 2005. Proc.23 Meeting ESVP p112 .
- Shah *et al.* 2004. *Virology*, 319: 12–26.
- Extramiana *et al.* 2002. *Small Ruminant Research*, 44: 109-17.
- Sonigo *et al.* 1985. *Cell*, 42: 369-82.
- Reina *et al.* 2006. *Virus Research*, 121(2):189-98.
- Hall.1999. *Nucleic Acids Symposium Ser.* 41: 95-98.
- Thompson *et al.* 1994. *Nucleic Acids Research*, 22: 4673-80.
- Saitou y Nei. 1987. *Molecular Biology and Evolution*, 4: 406-25.
- Page. 1996. *Computer Applications in the Biosciences*, 12: 357-8.

### AGRADECIMIENTOS

Financiado por CICYT AGL2006-13410-C06-01/GAN y Consejería de Industria del Gobierno de Navarra IIQ010449.RI1. R. Reina es becario Posdoctoral de la UPNA; J. Benavides es becario FPI; E. Biescas ha sido becaria FPI; H. Crespo es becaria I3P de Posgrado; X. de Andrés es becaria FPI; H. Ramírez es becario Predoctoral de la UPNA.



**Figura 1.** Cladogramas mostrando la distribución de los aislados españoles entre los distintos clados reconocidos. Se emplearon las secuencias de nucleótidos de las regiones *pol* y LTR de: aislados españoles de LVPR procedentes de ovinos con cuadro nervioso (698) o articular (496) y de ovinos (Ov1, Ov5, Ov8) y caprinos (C1, C3, C4) seropositivos asintomáticos; estirpes prototipo (GenBank) de LVPR ovinos (EV1, SAOMVV, KV1514, USA85-34) y caprinos (CAEV-CO, CAEV-Gansu y CAEV1GA); y aislados de LVPR de ovinos y caprinos suizos (Shah *et al.*, 2004). Los números en cursiva indican los “bootstraps”.

## **DETECCIÓN DE ANIMALES AFECTADOS DE SCRAPIE EN FOCOS DE ERRADICACIÓN MEDIANTE BIOPSIAS DE TEJIDO LINFOIDE**

Monleón, E., Acín, C., Bolea, R., Monzón, M., Galindo, I., Vargas, M.A., Badiola, J.J. Unidad de Histología y Anatomía Patológica. Universidad de Zaragoza. C/ Miguel Servet 177. 50013 Zaragoza. emonleon@unizar.es

### **INTRODUCCIÓN**

El scrapie es una enfermedad neurodegenerativa, incluida en el grupo de las encefalopatías espongiiformes transmisibles, que afecta al ganado ovino y caprino. Esta enfermedad es endémica en diversas regiones europeas (Hagenaars *et al.*, 2001) y de EEUU (O'Rourke *et al.*, 2002). El control y erradicación del scrapie se ha visto obstaculizado en gran medida por la ausencia de tests de diagnóstico prácticos, sensibles y que se puedan realizar *in vivo*. Actualmente el diagnóstico del scrapie se basa en la observación de las lesiones mediante microscopía óptica o en la detección de la proteína PrPsc en muestras del sistema nervioso central (SNC) obtenidas *post mortem* (Organización Internacional de Epizootias, 2005)

Los estudios realizados sobre la patogenia de la enfermedad muestran que la proteína patológica PrPsc se puede detectar en el tejido linfoide de animales afectados de scrapie incluso antes de que se desarrollen los síntomas clínicos de la enfermedad y de que la PrPsc alcance el SNC. En la mayoría de los animales con genotipos susceptibles la PrPsc se puede detectar inicialmente en la placa de Peyer ileal y en los ganglios linfáticos mesentéricos y, posteriormente, en el tejido linfoide asociado al tracto gastrointestinal y en otros tejidos del sistema linforreticular (van Keulen *et al.*, 2002). En algunos trabajos se han propuesto tests de diagnóstico *in vivo* basados en la detección de la PrPsc en tejido linfoide obtenido mediante biopsia de tonsilas (Schreuder *et al.*, 1998), tercer párpado (O'Rourke *et al.*, 2000) o mucosa rectal (González *et al.*, 2005).

El objetivo de este trabajo es valorar y comparar en condiciones de campo las técnicas de diagnóstico *in vivo* basadas en la detección de PrPsc en biopsias de tejido linfoide de tercer párpado y de mucosa rectal.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

En el presente estudio se han incluido un total de 268 ovinos y 42 caprinos procedentes de dos rebaños diferentes. Del primero, un rebaño monitorizado compuesto por individuos procedentes de diferentes focos de erradicación de scrapie, se analizaron 201 animales (167 ovinos y 34 caprinos). Del segundo, un foco de erradicación detectado en el programa de vigilancia del scrapie, se estudiaron 109 animales (con haplotipos VRQ y ARQ) seleccionados aleatoriamente.

De cada animal se obtuvo una biopsia de mucosa rectal (Espanes *et al.*, 2006) y una biopsia de tercer párpado (O'Rourke *et al.*, 2002) las muestras se fijaron en formol al 10% y se procesaron para el examen histológico e inmunohistoquímico. Mediante microscopía óptica se determinó el número de folículos linfoides obtenidos en la biopsia y el número de folículos linfoides inmunoteñidos en cada muestra positiva. Durante los seis meses posteriores a la realización de las biopsias, se sacrificaron o murieron 75 animales (63 ovejas y 12 cabras) de los incluidos en el estudio; de estos animales se tomaron muestras del SNC y del sistema linforreticular (SLR) para la confirmación de la enfermedad mediante las técnicas reconocidas por la Organización Internacional de Epizootias (examen histológico e inmunohistoquímico del SNC).

Para el examen inmunohistoquímico se realizaron los siguientes pretratamientos: inmersión en ácido fórmico al 98%, tratamiento con proteinasa K (Roche, Suiza; 4 µg/ml) y autoclavado hidratado. En la inmunotinción se utilizó el anticuerpo L42 (R-Biopharm, Alemania; dilución 1:500; incubación 30 minutos a temperatura ambiente), el sistema de visualización Envision (DAKO, Dinamarca) y el cromógeno diaminobencidina.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se detectó la proteína PrPsc en el tejido linfóide obtenido mediante biopsias de tercer párpado y/o mucosa rectal procedente de 2 caprinos y 39 ovinos, 14 de los cuales pertenecían al foco de erradicación. El número de muestras positivas fue mayor cuando se utilizó la biopsia de tercer párpado (Tabla 1), debido a que mediante esta técnica se obtuvo un menor número de muestras inadecuadas (ausencia de folículos linfoides;  $p < 0,001$ ). La media de folículos linfoides por muestra obtenidos mediante biopsia de tercer párpado fue de 8,7, y de 8,4 en el caso de la biopsia de recto. El porcentaje de folículos linfoides positivos en las muestras varió entre un 8 (1 folículo positivo de 12 obtenidos en la biopsia) y un 100%. En 3 casos, se pudo diagnosticar la enfermedad con un único folículo linfóide en la muestra.

Tabla 1. Comparación de los resultados de la detección de PrPsc en tejido linfóide obtenido mediante biopsia de tercer párpado y de mucosa rectal.

BIOPSIA DE LA MUCOSA RECTAL	BIOPSIA DE TERCER PÁRPADO				TOTAL
	Positiva	Negativa	Inadecuada		
Positiva	25	5	1	31	
Negativa	4	206	12	222	
Inadecuada	6	37	15	58	
<b>TOTAL</b>	<b>35</b>	<b>248</b>	<b>28</b>	<b>311</b>	

La especificidad de la técnica de diagnóstico del scrapie mediante la detección de la PrPsc utilizando tejido obtenido por biopsia, tanto de tercer párpado como de mucosa rectal, fue de un 100% respecto a las técnicas de confirmación *post mortem* reconocidas por la OIE. Sin embargo, la sensibilidad de la técnica fue menor, siendo del 72% cuando se utilizó la biopsia de tercer párpado y del 65% cuando se analizó la muestra obtenida mediante biopsia rectal. Los falsos negativos se pueden deber a diferentes causas, como la ausencia o poca presencia de la PrPsc en el SLR de algunos animales infectados, la distribución no homogénea de la proteína patológica en el SLR o al tamaño inadecuado de la muestra (con escasos folículos linfoides). En 2 de los animales estudiados mediante las técnicas de confirmación *post mortem*, sólo se detectó PrPsc en el SNC (no en el SLR). Por otro lado, mediante la técnica de diagnóstico *in vivo* se detectó un caso preclínico en el que la PrPsc todavía no había alcanzado el sistema nervioso central (Tabla 2).

Tabla 2. Detección de PrPsc en tejido linfóide obtenido mediante biopsia y en muestras del sistema nervioso central (SNC) y sistema linforreticular (SLR) obtenidas *post mortem*.

BIOPSIA	SNC	SLR	Nº ANIMALES
+	+	+	18
-	-	-	45
-	+	+	5
-	+	-	2
+	-	+	1
Inadecuada	+	+	1
Inadecuada	-	-	3

Los resultados de este estudio de campo muestran que tanto las muestras obtenidas mediante biopsia de tercer párpado como de mucosa rectal son adecuadas para el diagnóstico *in vivo* del scrapie. Las muestras obtenidas mediante biopsia de tercer párpado dieron mejores resultados, sin embargo su toma presenta una mayor dificultad ya que provoca más estrés al animal por lo que dificulta la inmovilización del animal y se invierte más tiempo en su realización.

El programa de control de scrapie se basa principalmente en la detección de los animales infectados mediante el análisis *post mortem* de los animales sospechosos y de una muestra aleatoria de la población, la consiguiente eliminación de los rebaños afectados o de los animales con genotipos susceptibles de los mismos y en un programa de selección genética, que consiste en el incremento de la frecuencia del haplotipo ARR y la disminución

o eliminación del VRQ. Tras más de 4 años de aplicación de este programa, se han detectado algunos problemas. Así, por ejemplo, se han diagnosticado animales que presentan el genotipo ARR/ARR. Por otro lado, no se disponen de animales con garantías para repoblar los rebaños objetos de sacrificio. El diagnóstico del scrapie utilizando biopsias puede suponer una importante herramienta en el control y erradicación del scrapie, aunque debido a que la sensibilidad de la técnica no es del 100%, no puede utilizarse exclusivamente. La actuación directa en rebaños infectados o de riesgo y en zonas con elevada incidencia utilizando conjuntamente la técnica de diagnóstico *in vivo* del scrapie mediante biopsias y el programa de selección genética podría reducir el elevado coste económico y social que el programa de control de la enfermedad supone en la actualidad.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Espanes, A., Press McL.C., Landsverk, T., Tranulis, M.A., Aleksandersen, M., Gunnes, G., Benestad, S.L., Fuglesteit, R., Ulvund, M.J. 2006. Deterction of PrPsc in rectal biopsy and necropsy simples from sheep with experimental scrapie. Journal of Comparative Pathology, 134: 115-125.
- Gonzalez, L., Jeffrey, M., Siso, S., Martin, S., Bellworthy, S.J., Snack, M.J., Chaplin, M.J., Davis, L., Dagleish, M.P., Reid, H.W. 2005. Diagnosis of preclinical scrapie in samples of rectal mucosa. Veterinary Record, 156(26):846-7.
- Hagenaars, T.J., Ferguson, N.M., Donnelly. C.A., Anderson, R.M. 2001. Persistence patterns of scrapie in a sheep flock. Epidemiology and Infection, 127: 157-167.
- Organización Internacional de Epizootías. 2004. Manual of standards for diagnostic tests and vaccines. 5ª Edición.
- O'Rourke, K.I., Baszler, T.V., Besser, T.E., Miller, J.M., Cutlip, R.C., Wells, G.A.H., Ryder, S.J., Parish, S.M., Hamir, A.N., Cockett, N.E., Jenny, A., Knowles, D.P. 2000. Preclinical diagnosis of scrapie by immunohistochemistry of third eyelid lymphoid tissue. Journal of Clinical Microbiology, 38:3254-3259.
- O'Rourke, K.I., Duncan, J.V., Logan, J.R., Anderson, A.K., Norden, D.K., Williams, E.S., Combs, B.A., Stobart, R.H., Moss, G.E., Sutton, D.L. 2002. Active surveillance for scrapie by third eyelid biopsy and genetic susceptibility testing of flocks of sheep in Wyoming. Clinical Diagnostic Laboratory Immunology, 2002;9(5):966-71.
- Schreuder, B.E., van Keulen, L.J., Vromans, M.E., Langeveld, J.P., Smits, M.A. 1998. Tonsillar biopsy and PrPSc detection in the preclinical diagnosis of scrapie. Veterinary Record, 142(21):564-8.
- van Keulen, L.J., Vromans, M.E., van Zijderveld, F.G. 2002. Early and late pathogenesis of natural scrapie infection in sheep. APMIS. 110(1):23-32.

## EVALUACIÓN DE DOS ELISAS COMERCIALES PARA LA DETECCIÓN DE ANTICUERPOS ESPECÍFICOS FRENTE A *SALMONELLA* SPP EN CERDOS DE MATADERO

Mainar Jaime, R.C<sup>1</sup>., Atashparvar, N<sup>2</sup>. Chirino-Trejo, M<sup>3</sup>

1. Unidad Sanidad Animal, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria –CITA-, Gobierno de Aragón. Apdo. Correos 727. 50080 Zaragoza, España. 2. Dept. of Microbiology, School of Veterinary Medicine, Lorestan University Khorram-Abad, Iran P.O. BOX:465. 3. Dept. of Veterinary Microbiology, WCVU, University of Saskatchewan, 52 Campus Drive, Saskatoon, S7N 5B4 Saskatchewan, Canada. E-mail: rmainar@aragon.es

### INTRODUCCIÓN

En los países industrializados la salmonelosis es una de las infecciones con mayor prevalencia de entre las transmitidas al hombre por alimentos contaminados y una de las principales causas de mortalidad (Mead *et al.*, 1999). La carne de cerdo se considera la segunda fuente de salmonelosis humana (Steinbach y Hartung, 1999) y supone del 10% al 23% de la incidencia total (Hald and Wegener, 1999). Los programas de control de salmonelosis porcina se basan en la monitorización del status de infección de los rebaños mediante el uso de pruebas serológicas (ELISAs) que sólo han sido validadas con respecto al cultivo bacteriológico de heces o ganglios mesentéricos, una técnica muy poco sensible que no se relaciona necesariamente con la presencia de anticuerpos (Ac) específicos de *Salmonella* a nivel individual (Casey *et al.*, 2004; Funk *et al.*, 2005; Nollet *et al.*, 2005). La evaluación del rendimiento diagnóstico de la serología para salmonelosis porcina es complicada por la ausencia de adecuadas pruebas de referencia.

Recientemente se han desarrollado diferentes aproximaciones estadísticas, entre las que cabe destacar las basadas en la teoría bayesiana, que permiten evaluar la precisión de las pruebas de diagnóstico en ausencia de pruebas de referencia (Enoe *et al.*, 2000). Estos métodos se basan en la utilización de 2 o más pruebas diagnósticas que se aplican sobre individuos de 2 o más poblaciones y requieren que, para enfermedades infecciosas agudas como salmonelosis, las pruebas midan la misma condición (p. ej. anticuerpos). Otro requisito es que la precisión diagnóstica de las pruebas que se utilizan también debe ser constante en las poblaciones estudiadas. Los resultados se obtienen a partir de la combinación de información previa disponible sobre la precisión de las pruebas y de la prevalencia esperada en las poblaciones analizadas y los propios resultados obtenidos a partir de las pruebas. En este estudio utilizamos la estadística bayesiana para estudiar la sensibilidad (Se) y especificidad (Es) de 2 ELISAs para la detección de Ac específicos frente a *Salmonella* spp en cerdos sacrificados en matadero.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se recogieron muestras de jugo muscular (JM) y ganglios ileocecales (GI) de 232 cerdos sacrificados en 3 mataderos de Saskatchewan (Canadá). Mediante bacteriología convencional de GI se identificaron los cerdos infectados por *Salmonella* spp (Mainar-Jaime *et al.*, 2007). Los animales fueron entonces divididos en 2 poblaciones de 116 animales de forma que el número de cerdos infectados y la distribución de serotipos/serogrupos fuera similar en cada población.

Los ELISAs utilizados fueron Svanovir™ (Svanova Biotech AB, Suecia -ELISA A-) y HerdCheck™ (Idexx, EE.UU -ELISA B-). Ambos se desarrollaron de acuerdo con las instrucciones de los fabricantes. Para el ELISA A se utilizó como umbral de positividad un porcentaje de densidad óptica (DO%)  $\geq 20\%$  y para el ELISA B  $\geq 10\%$ .

El análisis bayesiano para la determinación de la Se y Es de los dos ELISAs se realizó con el software Winbugs (<http://www.mrc-bsu.cam.ac.uk/bugs/>) y utilizando el modelo "2 poblaciones, 2 pruebas condicionalmente relacionadas" desarrollado por Branscum *et al.*, 2005. La información previa disponible sobre la Se y Es de los ELISAs se obtuvo a partir de estudios experimentales (van der Heijden, 2001). La prevalencia de Ac esperada en las 2 poblaciones se estimó a partir de los resultados bacteriológicos obtenidos.



## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De los 232 JM, 14.6% (95%CI=10, 19) fueron positivos con el ELISA A y 8.6% (5, 12) con el B (Tabla 1). Los resultados de Se y Es para ambas pruebas se presentan en la Tabla 2. Cuando se utilizó la información previamente publicada sobre estas 2 pruebas serológicas y sobre la posible prevalencia de anticuerpos en las dos poblaciones (modelo 1, Tabla 2) los resultados de Se y Es para el ELISA A y B fueron, respectivamente, 62% (95% intervalo de probabilidad (IP)=41, 80), 89% (84, 94), 72% (60, 83), 96% (91, 98). Las prevalencias estimadas fueron 6% (1, 14) y 11% (4, 21). Cuando no se utilizó información previa sobre la prevalencia de las poblaciones (modelo 2, Tabla 2) o sobre el ELISA A (modelo 3, Tabla 2) se obtuvieron unos resultados similares, aunque en este último caso la Se del ELISA A subió al 71%. El modelo que no utilizaba información para el ELISA B (modelo 4) se descartó al no alcanzar adecuada convergencia estadística (diferentes resultados eran posibles). En general, la Se y la Es del ELISA A se mantuvo por debajo de la del ELISA B en los tres modelos válidos. La mayor Se del ELISA B podría deberse al uso de un antígeno de mayor espectro (frente a serogrupos B, C<sub>1</sub> and D de *Salmonella*) comparado con el del ELISA A (únicamente frente a B and C<sub>1</sub>). Así el ELISA B podría haber detectado animales con anticuerpos circulantes que no eran reconocidos por el A, tales como el serotipo Give (Tabla 3). La falta de Es mostrada por ambas pruebas podría explicarse por reacciones cruzadas con otras bacterias que presentan determinantes antigénicos comunes a nivel del lipopolisacárido. La mayor seroprevalencia observada con el ELISA A (Tabla 1) podría así explicarse por su menor Sp (89%) cuando se compara con el B (96%). La detección de anticuerpos no se asoció con la presencia de bacterias en GI.

A pesar de que ambos ELISAs estaban diseñados para detectar anticuerpos específicos frente a *S. Typhimurium*, éstos sólo identificaron el 20% de los cerdos infectados con este serotipo (Tabla 3). Estos animales pertenecía a lotes que pasaron más de 12 horas en los corrales de espera del matadero. Este tiempo podría haber sido suficiente para infectar a los animales sin que éstos llegaran a desarrollar una respuesta inmune (Gray et al, 1996; Hurd et al 2001).

Los resultados también sugieren que la Se de las pruebas varía de forma importante en función de los serotipos involucrados (Tabla 3). Por ello, el conocimiento de los serotipos de *Salmonella* presentes en una región es necesario para determinar la precisión de las pruebas serológicas.

Tabla 1. Resultados de los dos ELISAs (A y B) en las dos poblaciones creadas.

	Población 1		Población 2		TOTAL	
	ELISA B		ELISA B			
	+	-	+	-		
ELISA A	+	6	10	7	11	34
	-	1	99	6	92	198
TOTAL		7	109	13	103	232

Tabla 2. Resultados de sensibilidad (Se) y especificidad (Es) de los dos ELISAs y de la prevalencia de anticuerpos en las dos poblaciones (P<sub>1</sub> y P<sub>2</sub>) según los diferentes modelos bayesianos utilizados.

	Mediana (%)					
	Se <sub>A</sub>	Es <sub>A</sub>	Se <sub>B</sub>	Esp <sub>B</sub>	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>
Modelo 1 <sup>a</sup>	62 (41,80)	89 (84, 94)	72 (60, 83)	96 (91, 98)	6 (1, 14)	11 (4, 21)
Modelo 2 <sup>b</sup>	61 (39, 80)	88 (83, 94)	73 (61, 83)	95 (90, 98)	4 (0, 12)	10 (1, 20)
Modelo 3 <sup>c</sup>	71 (22, 98)	90 (83, 96)	72 (58, 83)	95 (91, 98)	6 (1, 14)	11 (4, 20)
Modelo 4 <sup>d</sup>	57 (34, 77)	91 (84, 97)	38 (10, 78)	95 (89, 99)	10 (2, 24)	16 (5, 32)

<sup>a</sup>Utilizó información previa para todos los parámetros; <sup>b</sup>No utilizó información previa para P<sub>1</sub> y P<sub>2</sub>; <sup>c</sup>No utilizó información previa sobre el ELISA A; <sup>d</sup>Este modelo no utilizó información previa sobre el ELISA B pero fue desechado por no alcanzar convergencia.

Tabla 3. Cerdos infectados con *Salmonella* spp en ganglios ileocecales y sensibilidad relativa (Se%) de los ELISAs estudiados.

Serotipos	Nº. de cerdos	ELISA A (Se%)	ELISA B (Se%)
Typhimurium	5	1 (20)	1 (20)
Mbandaka	1	1 (100)	0
Litchfield	1	0	0
Give	1	0	1 (100)
Enteritidis	2	2 (100)	2 (100)
Derby	2	1 (50)	0
TOTAL	12	5 (41.6)	4 (33.3)

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Branscum AJ, Gardner IA, Johnson WO. 2005. Estimation of diagnostic-test sensitivity and specificity through Bayesian modeling. *Preventive Veterinary Medicine*, 68:145-163.
- Casey PG, Butler D, Gardiner GE, Tangney M, Simpson P, Lawlor PG, Stanton C, Ross RP, Hill C, Fitzgerald GF. 2004. *Salmonella* carriage in an Irish pig herd: correlation between serological and bacteriological detection methods. *Journal of Food Protection*, 67: 2797-800.
- Enøe C, Georgiadis MP, Johnson WO. 2000. Estimation of sensitivity and specificity of diagnostic tests and disease prevalence when the true disease state is unknown. *Preventive Veterinary Medicine*, 45:61-81.
- Funk JA, Harris IT, Davies PR. 2005. Comparison of fecal culture and Danish Mix-ELISA for determination of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* prevalence in growing swine. *Veterinary Microbiology*, 107: 115-26.
- Gray JT, Stabel TJ, Fedorka-Cray PJ. 1996. Effect of dose on the immune response and persistence of *Salmonella choleraesuis* infection in swine. *American Journal of Veterinary Research*, 57: 313-19.
- Hald T, Vose D, Wegener HC and Koupeev TA. 2004. Bayesian approach to quantify the contribution of animal-food sources to human salmonellosis. *Risk Analysis*, 24: 255-69.
- Hurd HS, McKean JD, Wesley IV, Karriker LA. 2001. The effect of lairage on *Salmonella* isolation from market swine. *Journal of Food Protection*, 64: 939-944.
- Mainar-Jaime RC, Atashparvar N, Chirino-Trejo M, Rahn K. 2007a. Survey on *Salmonella* spp infection in slaughter pigs in Saskatchewan by culture and PCR. *Canadian Veterinary Journal* (submitted).
- Mead PS, Slutsker L, Dietz V, McCaig LF, Bresee JS, Shapiro C, Griffin PM and Tauxe RV. 1999. Food-related illness and death in the United States. *Emerging Infectious Diseases*, 5: 840-842.
- Nollet N, Maes D, Duchateau L, Hautekiet V, Houf K, Van Hoof J, De Zutera L, De Kruif A, Geers R. 2005. Discrepancies between the isolation of *Salmonella* from mesenteric lymph nodes and the results of serological screening in slaughter pigs. *Veterinary Research*, 36: 545-55.
- Steinbach G, Hartung M. 1999. Attempt to estimate the share of human *Salmonella* infections, which are attributable to *Salmonella* originating from swine. *Berliner und Munchener Tierärztliche Wochenschrift*, 112: 296-300.
- van der Heijden HM. 2001. First international ring trial of ELISAs for *Salmonella*-antibody detection in swine. *Berliner und Munchener Tierärztliche Wochenschrift*, 114: 389-92.

## **EL milQ<sup>®</sup> PROGRAM IMPLEMENTADO EN 165 EXPLOTACIONES DE VACUNO LECHERO EN LA PROVINCIA DE GIRONA (CATALUÑA) DURANTE LOS AÑOS 2005-2006.**

Iglesias, C.<sup>1</sup>. y Casas M.<sup>2</sup>

1. SEMEGA Servicio de Mejora y Expansión Ganadera y Genética Aplicada de la Diputació de Girona, Finca Camps i Armet s/n Moneús. [cristina.iglesias@irta.es](mailto:cristina.iglesias@irta.es)
2. OVISLAB S.L., Avda/Comas y Masferrer, 31 Llinars del Vallés. [mcasas@ovislab.com](mailto:mcasas@ovislab.com) ,

### **INTRODUCCIÓN**

En Biomedicina se llama Monitoring al conjunto de técnicas de control y vigilancia de enfermos graves basadas en la utilización de instrumentos electrónicos (sondas y monitores) que fiscalizan de un modo continuo el curso de las variables fisiológicas de un enfermo y dan aviso inmediato de cualquier anomalía que puede presentarse. Una herramienta sectorial capaz de monitorizar la calidad higiénica de la leche y el estado sanitario de las explotaciones que la producen sería de mucha utilidad. Con este objetivo se ha proyectado el milQ<sup>®</sup> Program (milk improvement limitless quality).

El milQ<sup>®</sup> Program es un sistema de rastreo y alerta sanitaria que aplica el concepto de monitorización a las explotaciones de vacuno lechero y a la leche como producto final. El milQ<sup>®</sup> Program puede implementarse en cualquier punto de la cadena productiva, transformadora y/o distribuidora de la leche de vaca. Un laboratorio que dispone de una batería de técnicas moleculares de alta sensibilidad reemplaza funcionalmente a las sondas electrónicas y a los monitores. La vigilancia continua se consigue con una metodología de muestreo adecuada. El sistema no es sólo informativo, el milQ<sup>®</sup> Program también se ocupa del seguimiento y utilización de los resultados analíticos. El objetivo es la implementación de las medidas correspondientes a los datos puntuales obtenidos y al histórico acumulado. Las actuaciones no se improvisan, están protocolizadas y permanentemente actualizadas.

El milQ<sup>®</sup> Program es la herramienta que hace posible una sanidad preventiva, activa y anticipada. Vigila la salud de los establos, se ocupa de la seguridad alimentaria y gestiona la calidad de la leche. Y todo esto se consigue con una única muestra de leche del tanque de la explotación.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

El milQ<sup>®</sup> Program se implementa a lo largo de los años 2005-2006 en 165 explotaciones de vacuno lechero de la provincia de Girona (Cataluña). Las explotaciones monitorizadas pertenecen a AFRIGI (Asociación de la Frisona de Girona) y se enmarcan dentro del marco de las explotaciones controladas por la Diputació de Girona. La recogida de las muestras (muestra de leche del tanque de explotación) de las 165 explotaciones se organiza de forma cuatrimestral. El muestreo sistemático del tanque de leche debe ser inteligente, frecuente, suficiente y rutinario. Las muestras son recogidas por los controladores del control lechero y se mandan al laboratorio según protocolos de envío de muestras. El muestreo se organiza por rondas. Una ronda es una toma y envío de muestras en general que se organiza de un modo programado. En cada una de estas rondas se analizan unas determinadas sondas; cada sonda tiene su periodicidad decidida en función de varias características y cualidades del patógeno a detectar. Durante los años 2005-2006 se analizaron las siguientes sondas: BVD Ag (PCR) y Ac(ELISA), Mycobacterium Paratuberculosis Ag (PCR) y Ac(ELISA), Aflatoxina M1 (ELISA) Mycoplasma Bovis Ag (PCR) y también se realizó un estudio de la flora mamílica que incluye la detección de diversos patógenos que influyen en este tipo de patologías (recuento de Staphylococcus totales, recuento de Streptococcus totales, etc.). El asesoramiento y la información necesarios para conseguir las actuales características del milQ<sup>®</sup> Program se han obtenido mediante consultas puntuales realizadas a expertos. Todos los servicios y actuaciones realizadas durante cada una de las rondas quedan registradas en la base de datos del milQ<sup>®</sup> Program. De esta manera es posible seguir y disponer de toda la información de la evolución del estado sanitario de las explotaciones.

### **RESULTADOS**

Durante los años 2005 y 2006 se hicieron tres rondas de determinaciones por año. Cada explotación recibió el resultado de su analítica individual pero en este trabajo los resultados se presentan como una media de las 165 explotaciones analizadas en la provincia de

Girona. Los resultados se han representado gráficamente de forma individual para cada agente analizado comparando los resultados del año 2005 con los del año 2006. De este modo los gráficos hacen referencia a *Mycoplasma Bovis* (fig.1), *Mycobacterium paratuberculosis* (fig.1), Aflatoxina M1 (fig.2), BVD (fig.2) y diferentes microorganismos patógenos capaces de producir mamitis (fig.3 y fig. 4).

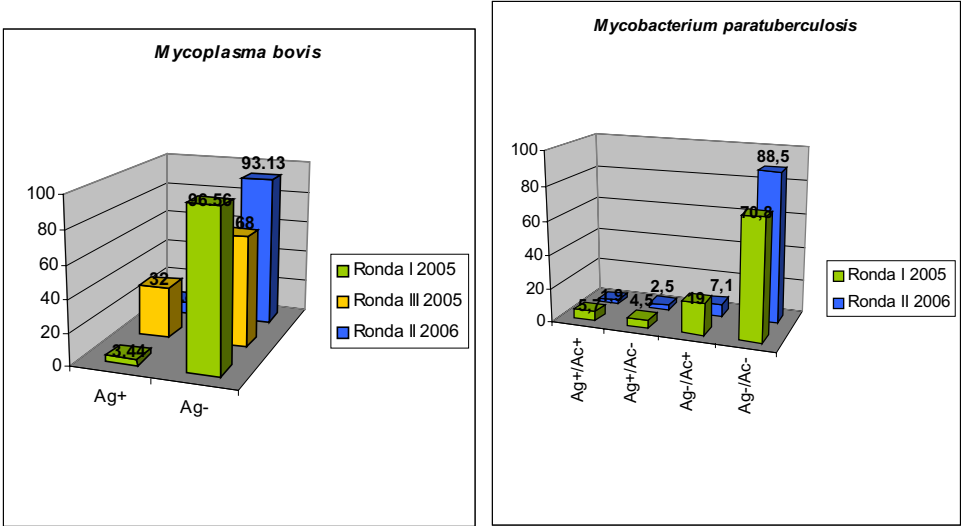


Figura 1. Determinación de la presencia o ausencia de Antígeno (Ag) para *Mycoplasma bovis* (izquierda). Relación de las cantidades de Antígeno (Ag) y Anticuerpo (Ac) para *Mycobacterium paratuberculosis* (derecha).

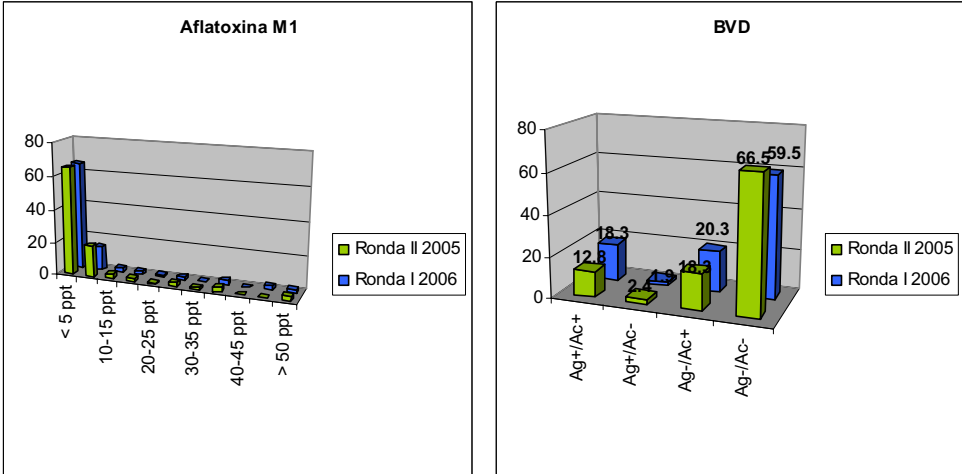


Figura 2. Cantidad de aflatoxina M1 determinada en ppt (izquierda). Relación de las cantidades de Antígeno (Ag) y Anticuerpo (Ac) para BVD (derecha).

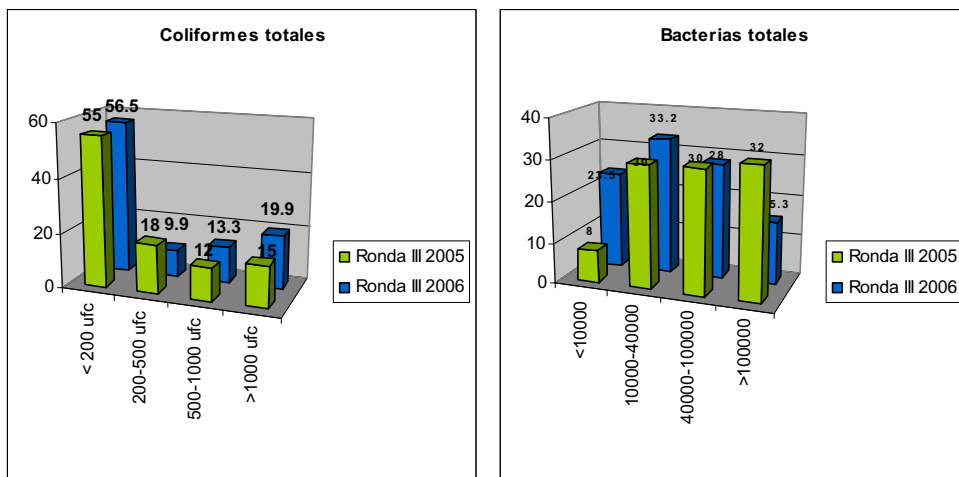


Figura 3. Recuento de Coliformes totales (izquierda). Recuento de Bacterias totales (derecha).

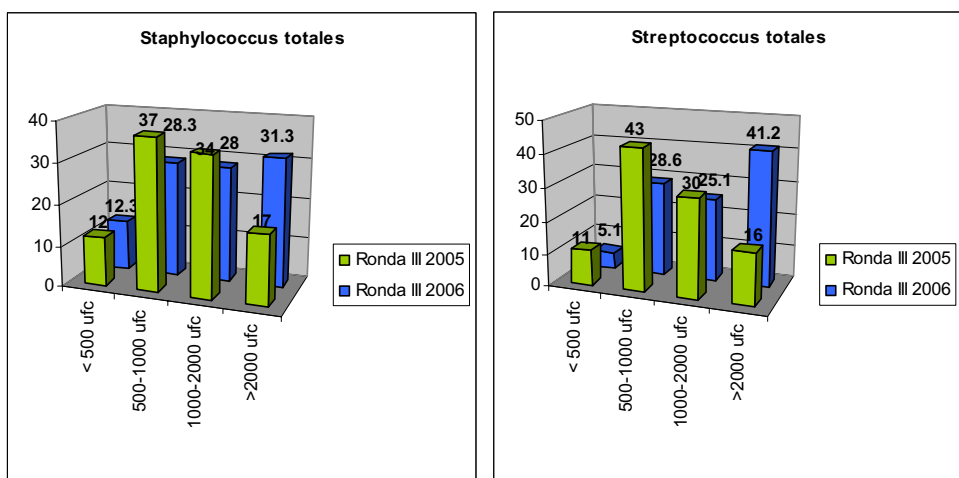


Figura 4. Recuento de Staphylococcus totales (izquierda). Recuento de Streptococcus totales (derecha).

### DISCUSIÓN

La utilización de este programa permite al ganadero conocer el status sanitario de su rebaño de una forma sencilla y rápida. Es suficiente una muestra de leche de tanque para tener una visión general de su situación sanitaria y así poder actuar en consecuencia. De esta manera no es necesario tomar muestras individuales por cada animal hasta que no se confirme que realmente tenemos un problema y queramos localizar a los animales afectados. Esto supondrá un ahorro de tiempo y de material. A su vez el bienestar animal se ve favorecido ya que no se han de atrapar a los animales en la cornadiza ni es necesario pincharlos. El Bienestar Animal aumenta en las explotaciones que siguen el milQ® Program. Tal y como se muestra en las gráficas el nivel sanitario y la calidad sanitaria de la leche aumenta en las explotaciones milQ® Program.

## EL USO DE LA HAPTOGLOBINA COMO INDICADOR DE LA SALUD GANADO BOVINO Y OVINO DE VOCACIÓN LECHERA

Vieira e Brito, A.N., Cerqueira Oliveira, E., Costa Soares, M. L., Martinez Candeias, M.G., Oliveira Lopes, J.C.

Escola Superior Agrária de Ponte de Lima. Refóios do Lima. 4990-706 Ponte de Lima Portugal. nunobrito@esa.ipvc.pt

### INTRODUCCIÓN

Las proteínas de fase aguda son componentes orgánicos innatos y no específicos, conectadas con el restablecimiento de la homeostasia y la restricción del crecimiento microbiano, actuando en el organismo antes de los mecanismos de defensa inmunitaria adquirida, como respuesta a una agresión, siendo su concentración reflejo de la severidad de la referida agresión (Murata *et al.*, 2003). Haptoglobina (Hp) es una proteína de fase aguda, que establece la conexión con la hemoglobina libre venenosa y para-inflamatoria en el plasma y que reduce los daños oxidativos y otros daños asociados a hemólisis (Yang *et al.*, 2003, mencionados por Murata *et al.*, 2003). Actualmente, la Haptoglobina se presenta clínicamente como un evaluador del parámetro de la ocurrencia y severidad de patologías y podrá ser una prueba complementaria ó substituta de los exámenes actuales para la determinación del grado de salud y bienestar en los animales de producción. Aunque el recuento de células somáticas sea hoy una realidad en la moderna producción lechera, se necesitan nuevos indicadores de la calidad de la leche. Åkerstedt *et al.*, (2006) encontraron fuertes evidencias de que la presencia de Hp se observa y destaca en las ubres afectadas de animales enfermos. Así, el objetivo del presente estudio es la reproducción de un método simple y eficaz de diagnóstico, a través de la medición de Hp en leche de ganado vacuno y ovino, que permita evaluar la salud de la ubre y consecuentemente la calidad de la leche.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se recogieron un total de 95 muestras de leche, 45 en bovinos de raza Holstein-Frisona y 40 en ovinos de la raza autóctona portuguesa Bordaleira da Serra da Estrela, en distintos momentos. Los animales eran provenientes de diferentes productores y se presentaban con distintas edades y fases de lactación. Las muestras fueron analizadas por el método Fossomatic para el recuento de las células somáticas. Para la evaluación de la concentración de Hp se usó un kit comercial "Phase Haptoglobin Assay" de Tridelta Development Ltd. Para el tratamiento estadístico de los datos se recurrió a los programas Excel para Windows y SPSS versión 13 para Windows. Las medidas de estadísticas descriptivas usadas fueron la media, desviación estándar y coeficiente de dispersión, usándose el procedimiento ANOVA para el estudio de la varianza. Se analizó también la correlación entre la Haptoglobina y distintas variables, particularmente el recuento de células somáticas.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos indicaron una concentración media de Haptoglobina en bovinos de 10.577,49 ng/ml y en ovinos se presentaron valores con una media de 6.218,02 ng/ml. En bovinos, la Haptoglobina se reveló específica para clases de células somáticas por mililitro inferiores a 300.000, punto relevante en la producción lechera de los bovinos y su calidad (Cuadro 1).

En los ovinos, no fue posible confirmar su especificidad, revelando todavía la Haptoglobina sensibilidad en la detección de patologías a partir de 500.000 células somáticas por mililitro (Cuadro 2)

Se encontraron correlaciones entre Haptoglobina/CS general de 0,235 ( $P \leq 0,05$ ) y de 0,389 ( $P \leq 0,01$ ) en bovinos y de -0,333 ( $P \leq 0,05$ ), en ovinos, por lo que el comportamiento de esta proteína se presentó distinto en las dos especies estudiadas (Figura 1).

Es posible concluir, que en bovinos, la medición de Haptoglobina puede ser usada como un diagnóstico eficaz, durante toda la lactación, independiente del valor productivo de los animales, de su edad ó momento fisiológico. En ovinos, se podrá considerar que los valores de Haptoglobina y su relación con las CS se pueden deber a estadios que no sea apenas de tipo inflamatorio.

La relación calidad/seguridad alimentaria y bienestar animal es hoy reconocida universalmente, siendo cada vez mas imperioso el empeño de la comunidad científica para la validación de nuevas técnicas de monitorización del bienestar animal, contribuyendo para la viabilidad y mantenimiento de la ganadería en el siglo XXI. Así, nuestro trabajo nos permite indicar o uso de Haptoglobina como posible herramienta de diagnóstico, siendo sin embargo, necesarios más estudios que indiquen y estandaricen valores de referencia para la leche, permitiendo su uso regular en rebaños lecheros.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

•Åkerstedt, M., Persson Waller,K., Sternesjö,A. 2006. Acute phase proteins – alternative markers for milk quality in relation to udder health? Proceedings book p.69 of the 6<sup>th</sup> European Colloquium on Animal Acute Phase Proteins. Copenhagen. Agosto 2006. • Candeias, M.G. 2006. Estudo das Proteínas de Fase Aguda como indicadores de stress para a produção de leite de ovinos da raça Bordaleira da Serra da Estrela. Relatório final de curso. Escola Superior Agrária de Ponte de Lima. Portugal. • Murata, H., Shimada N., Yoshioka M., 2003. Current research on acute phase proteins in Veterinary diagnosis: an overview. The Veterinary Journal, 168 (2004) 28-40 em www.sciencedirect.com, consultada en Septiembre 2006. Oliveira, E. 2006. Estudo das Proteínas de Fase Aguda como indicadores de stress para a produção de leite em bovinos da região de Entre Douro e Minho. Relatório final de curso. Escola Superior Agrária de Ponte de Lima. Portugal.

**Cuadro 1** – Concentración de células somáticas (CS) y valores respectivos medios de Haptoglobina (Hp) en bovinos

Recuento de CS (x1000 células/ml)	N	Concentración media de Hp (ng/ml)	Desviación estándar (ng/ml)	CD (%) Coeficiente de dispersión	Mediana (ng/ml)	Mínimo (ng/ml)	Máximo (ng/ml)
<40	14	6 877,24 <sup>a</sup>	872,27	12,68	6 608	6 009,30	9 276,74
40-80	9	7 012,53 <sup>a</sup>	258,10	3,68	6 899	6 741,86	7 538,37
80-150	6	11 240,89 <sup>a,b</sup>	9 628,63	85,66	7 512	6 474,42	30 811,63
150-300	6	11 835,85 <sup>a,b</sup>	8 838,99	74,68	7 846,5	6 753,49	29 584,88
300-1000	5	15 197,67 <sup>b,c</sup>	8 636,41	56,83	12 236	7 544,19	29 724,42
>1000	5	20 419,77 <sup>c</sup>	12 065,61	59,09	28 312	7 009,30	30 323,26

Valores con superíndices diferentes muestran diferencias significativas ( $P \leq 0,05$ )

**Cuadro 2** – Concentración de células somáticas (CS) y valores respectivos medios de Haptoglobina (Hp) en ovinos

Recuento de CS (x1000 células/ml)	N	Concentración media de Hp (ng/ml)	Desviación estándar (ng/ml)	CD (%) Coeficiente de dispersión	Mediana (ng/ml)	Mínimo (ng/ml)	Máximo (ng/ml)
<100	30	6 262,02 <sup>a</sup>	222,946	3,56	6 265,12	5 858	6 730
100-300	4	6 108,14 <sup>a,b</sup>	319,961	5,24	6 206,98	5 649	6 370
300-500	2	6 433,72 <sup>a</sup>	394,664	6,13	6 433,72	6 155	6 713
≥ 500	4	5 890,12 <sup>b</sup>	363,717	6,18	5 907,56	5 428	6 317

Valores con superíndices diferentes muestran diferencias significativas (P≤0,05)

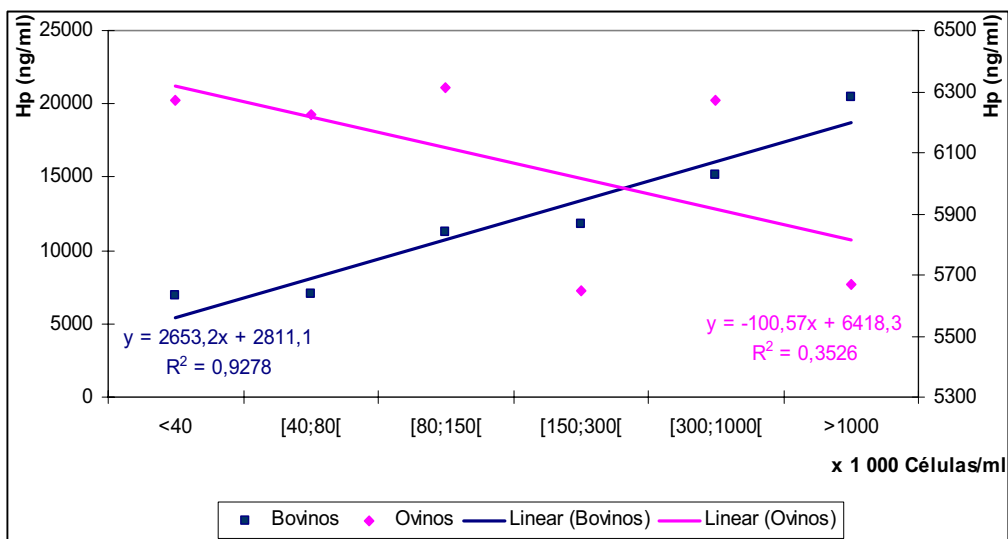


Figura 1- Regresión lineal de los resultados de Haptoglobina (ng/ml) en bovinos y ovinos con respecto al número de células somáticas.



## **LESIONES MACROSCOPICAS RELACIONADAS CON LA ACIDOSIS RUMINAL EN TOROS DE LIDIA.**

García, J.J.<sup>1</sup>, Alonso, M.E.<sup>2</sup>, Bartolomé; D.J.<sup>2</sup>, Posado, R.<sup>1</sup>, Gaudioso, V.<sup>2</sup>

1. Centro de Investigación del Toro de Lidia, Paseo de Canalejas, nº 77, 2º A.  
37001, Salamanca. E-mail: [gargarji@itacyl.es](mailto:gargarji@itacyl.es)

2. Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León.  
24071, León.

### **INTRODUCCION**

En la actualidad, los problemas y patologías más comunes en el toro de lidia aparecen o están relacionados con la instauración de modernos sistemas de alimentación y engorde (Vaz Alonso-Moreno, 2002). La observación del cuadro clínico y sintomático, así como la investigación de las lesiones macroscópicas y microscópicas suelen coincidir con el diagnóstico patológico de una acidosis ruminal (Arriola, 1998; Gómez Peinado, 2001).

La acidosis se define como un estado patológico de acidez elevada de la sangre, que en los rumiantes se amplía para incluir situaciones de acidez en el rumen (Owens *et al.*, 1998). Suele presentarse con una primera fase de consumo brusco de carbohidratos de fácil fermentación, seguido de una fermentación rápida; y una segunda de absorción de ácidos a través de las papilas ruminales hacia la corriente sanguínea (Calsamiglia *et al.*, 2003).

Esta patología, muy frecuente en terneros de aptitud cárnica sometidos a cebo intensivo, puede presentarse de forma aguda y esporádica en un número limitado de animales, o de forma crónica. En la actualidad, esta forma crónica o subaguda supone un enorme problema económico en los cebaderos de terneros, ya que afecta a un gran número de individuos del rebaño y, a largo plazo, los efectos de la enfermedad repercuten de forma severa sobre los índices productivos (Vázquez *et al.*, 2005)

La acidosis ruminal es la responsable de la aparición de numerosas patologías en aquellos rumiantes que la padecen: abscesos hepáticos, úlceras gastrointestinales, laminitis, etc. (Arriola, 1998; Gómez Peinado, 2001; Calsamiglia *et al.*, 2003).

### **MATERIAL Y METODOS**

La muestra del estudio esta formada por 212 reses de lidia, toros y novillos, lidiadas en ocho de las principales plazas de toros de Castilla y León. A la finalización del festejo, en el matadero al que eran trasladadas las reses, se realizaba una inspección visual de toda la canal y las vísceras, prestando especial atención a la posible existencia de signos clínicos macroscópicos relacionados con el padecimiento de una acidosis ruminal.

Las lesiones encontradas fueron agrupadas en las siguientes categorías:

- Lesiones hepáticas: únicamente lesiones macroscópicas: hepatitis purulenta y adherencias.
- Lesiones podales: fundamentalmente laminitis, manifestado por el sobrecrecimiento de pezuñas.
- Lesiones en la mucosa ruminal: ruminitis y úlceras gastrointestinales.

### **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

#### Lesiones hepáticas.

Un 25% de las reses (N=53) presentaron alteraciones macroscópicas a nivel hepático, diferenciándose, por un lado, la presencia de hepatitis purulenta con abscesos múltiples, en un 4% de las reses (N=8); y por otro, las adherencias de hígado con diafragma y de ambos

con los pulmones, que presentaron un 21% de los animales (N=45). La aparición de adherencias entre diafragma e hígado está relacionada con la aparición de alteraciones sobre la superficie del hígado. Además de por un absceso, dicha alteración también puede deberse a cicatrices de trayectos parasitarios antiguos.

De los abscesos encontrados se tomaron muestras para su posterior estudio microbiológico, confirmándose el *Fusobacterium necrophorum* como principal causante de dicha patología en cinco de ellos.

#### Lesiones podales.

Del total de reses muestreadas, un 28% mostraron sobrecrecimiento del casco (N=58). Esta lesión es la manifestación clínica de una laminitis crónica, que se asocia al padecimiento de acidosis ruminales subclínicas.

#### Lesiones en la mucosa ruminal.

No encontramos ninguna úlcera a nivel del rumen, aunque si constatamos la separación y pérdida de la mucosa ruminal de la lámina propia de las papilas en varios casos. Un 82% de las reses (N=173) presentaron ruminitis caracterizada por una mucosa de tonalidad oscura, síntoma inequívoco de la existencia de una inflamación de la mucosa que recubre la pared ruminal y la consiguiente reparación del daño con tejido fibroso, todo ello con aumento del espesor de la capa cornea del epitelio estratificado ruminal (paraqueratosis).

Se dispone de poca información científica sobre las necesidades y manejo de la alimentación del toro de lidia en nuestro país, por ello suelen adaptarse los conocimientos existentes de otras razas, generalmente mejoradas para la producción de carne, a la hora de planificar las pautas alimenticias de una raza rústica cuya principal finalidad no es la producción de carne.

En los sistemas de cebo intensivo de terneros predominan las dietas basadas en piensos con un elevado porcentaje de cereales y un escaso aporte de productos fibrosos, lo cual implica la acumulación de almidones y azúcares altamente fermentables en el rumen. El único complemento forrajero que reciben los animales en las raciones habitualmente utilizadas en España es paja, pero el consumo es tan limitado que no puede contrarrestar los efectos de la administración de cantidades tan elevadas de alimento concentrado. Esta práctica nutricional no siempre es compatible con el fisiologismo ruminal, ya que la abundancia de carbohidratos no estructurales en el rumen se traduce en la síntesis de ácidos resultantes de la fermentación y de mucopolisacáridos de origen bacteriano que alteran la función normal del mismo. Por todo ello, la acidosis láctica ruminal ha de considerarse como una enfermedad productiva, que adquiere entidad a partir de la introducción de cereales en la ración (Vázquez *et al.*, 2005).

De los resultados obtenidos podría inferirse que actualmente, el manejo de la alimentación en las explotaciones de toro de lidia es muy similar al realizado en una explotación de vacuno de carne. Así, una vez separados en lotes de 8-10 animales, los toros de saca son alojados en cercados pequeños y sometidos a un proceso de engorde a base de dietas ricas en carbohidratos, que suele iniciarse en los meses de verano u otoño del año anterior a su lidia (Compan *et al.*, 1998). Si a esto añadimos la escasa movilidad del animal durante esta fase o una planificación incorrecta de la gimnástica funcional a realizar por las reses, comprenderemos el origen del problema de acidosis ruminal con que el animal llega a la plaza en demasiadas ocasiones. En el caso del toro bravo, además de la indudable merma productiva, estas patologías pueden provocar una disminución de su aptitud para la lidia, léase falta de fuerza, caídas, etc. que redundaría en una pérdida de calidad del espectáculo.

### REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Arriola, J. 1998. Acidosis ruminal en el toro de lidia (I). Toro Bravo, 13:30-33.
- Calsamiglia, S., Ferret, A. 2003. Fisiología ruminal relacionada con la patología digestiva: acidosis y meteorismo. Producción Animal, 192:2-23.
- Compan, H., Arriola, J. 1998. Acidosis ruminal en el toro de lidia (III). Toro Bravo, 15:30-33.
- Gómez Peinado, A. 2001. Acidosis ruminal y su incidencia en la lidia. Libro de ponencias de las "II Jornadas sobre Ganado de Lidia", 137-147. Universidad Pública de Navarra.
- Owens, F.N., Secrist, D.S., Hill, W.J., Gill, D.R. 1998. Acidosis in cattle: a review. Journal Animal Science, 76:275-286.
- Vaz Alonso-Moreno, F. 2002. La alimentación y su influencia en las caídas de los toros. Libro de ponencias del "IV Congreso Mundial Taurino de Veterinaria", pp. 53-61.
- Vázquez, P., Pereira, V., Hernández, J., Castillo, C., Méndez, J., López-Alonso, M., Benedito, J.L. 2005. Acidosis crónica en terneros: nuevas pautas de prevención. Producción Animal, 216: 4-15.



# *Calidad de los productos*

## ANÁLISIS DE LA RELACION ENTRE EL ESPESOR DE LA GRASA DORSAL Y EL TAMAÑO DE LOS ADIPOCITOS EN CERDAS REPRODUCTORAS

\*Mendizabal, J.A., Abadía, S., Abaurrea, E., Alfonso, L.  
Dpto. Producción Agraria, Universidad Pública de Navarra, 31006 Pamplona  
\*jamendi@unavarra.es

### INTRODUCCIÓN

La correcta gestión de las reservas grasas durante el ciclo productivo de las cerdas reproductoras es un factor clave para la obtención de unos buenos resultados productivos. El principal depósito de grasa en las cerdas lo constituye el tejido graso subcutáneo, por lo que la medición del espesor de grasa dorsal es un buen indicador del estado de las reservas corporales. Aunque existen diversos puntos para la medición del espesor, se recomienda hacerlo a nivel de la última costilla flotante, punto que se conoce como P2 (Quiniou, 2004). En esta localización se pueden distinguir hasta tres capas distintas de grasa subcutánea (Moody y Zobrisky, 1966). Distintos trabajos han observado un desarrollo diferencial de las tres capas durante el crecimiento de los animales (Alfonso, 2004; Fortin, 1986), así como diferencias en su actividad lipogénica (Cámara *et al.*, 1996). Por tanto, el estudio de las características de cada capa considerada como distinto depósito de grasa puede ser importante para conocer los mecanismos de acumulación y movilización de las reservas grasas. En este sentido, en el presente trabajo se estudia la relación entre el espesor de la grasa y el tamaño de los adipocitos de cada una de las capas descritas en la grasa subcutánea dorsal.

### MATERIAL Y MÉTODOS

En 16 cerdas de desvieje de dos líneas genéticas diferentes se midió, tras su sacrificio, el espesor de grasa de cada una de las tres capas (externa, media e interna) que constituyen la grasa subcutánea dorsal. Dicha medida se realizó mediante un calibre o pie de rey a la altura de la última costilla en la línea media de división de la canal. Además se realizó una fotografía digital en ese mismo punto y posteriormente mediante un programa de análisis de imagen se realizó esa misma determinación (Figura 1). De esta manera, con objeto de aleatorizar los inevitables errores de medición, se consideró el espesor de cada una de las capas de grasa como la semisuma de los valores obtenidos con calibre y mediante análisis de imagen.

En los mismos puntos en que se realizó la medida del espesor de grasa dorsal se tomó una muestra de grasa de 2 g para la medida del tamaño de sus adipocitos. Para ello se utilizó la técnica de la digestión con colagenasa y posterior medida del diámetro de los adipocitos con el programa de análisis de imagen Image Pro Plus 5.1. (Alfonso *et al.*, 2005) (Figura 2). De cada muestra se midieron aproximadamente 200 adipocitos sumando un total de 9430 (3143 en la capa externa, 3400 en la media y 2887 en la interna).

La relación entre el diámetro de los adipocitos y el espesor de la capa de grasa a la que pertenecían los mismos se analizó mediante el siguiente modelo lineal (tras comprobar la no significación del efecto de la línea genética de las cerdas):

$$y_{ijk} = \mu + ani_i + capa_j + b \cdot (egd_{ij} - egd_j) (capa_j) + e_{ijk}$$

donde:  $y_{ijk}$  es el diámetro del adipocito  $k$  que pertenece a la capa  $j$  ( $capa_j$ , con un espesor medio  $egd_j$ ), de la cerda  $i$  ( $ani_i$ ) que tiene un espesor  $egd_{ij}$ , considerándose  $capa$  como factor fijo,  $ani$  como aleatorio y  $egd$  como covariable. En este modelo, el factor  $capa$  representa las diferencias existentes entre el diámetro medio de los adipocitos de las capas de grasa (corregidos por el posible efecto del animal) y el coeficiente  $b$  la relación lineal existente entre el diámetro de los adipocitos de cada capa con la dispersión del grosor de su capa respecto al valor medio. Se empleó el paquete estadístico SPSS.PC\* (2005).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se presentan las medias de los valores estimados para el espesor graso y el diámetro y volumen de los adipocitos de cada una de las tres capas de grasa subcutánea dorsal en el punto P2. Se observa que el mayor grosor de grasa, junto con el mayor tamaño de los adipocitos correspondió a la capa media. Mersmann y MacNeil (1986) también observaron, aunque en cerdos en crecimiento de 88 kg de peso vivo, mayor tamaño de los adipocitos de la capa media ( $4.38 \mu\text{m}^3 \cdot 10^{-5}$ ), siendo intermedios los de la capa externa ( $3.55 \mu\text{m}^3 \cdot 10^{-5}$ ) y menores los de la interna ( $3.14 \mu\text{m}^3 \cdot 10^{-5}$ ). El mayor tamaño de los adipocitos en este estudio se debe atribuir, entre otras razones, al peso de los animales analizados, en nuestro caso con una media de 179 kg, dado el aumento que se produce en el tamaño de los adipocitos con el peso de los animales (Mourou *et al.*, 1999).

En la Tabla 2 se presentan las estimaciones para la relación entre el tamaño de los adipocitos y el grosor de cada una de las capas de la grasa subcutánea. En ella se muestra que únicamente existió una relación significativa entre estos dos parámetros en la capa media ( $P < 0,001$ ), de manera que al aumentar uno de los parámetros también lo hacía el otro. Estos resultados sugieren que las variaciones en el espesor de la grasa de la capa media estarían ligadas a cambios en el tamaño de sus adipocitos, mientras que en las capas externa e interna tendrían que estar ligados fundamentalmente al número de los mismos.

Tabla 1.- Valores (medias  $\pm$  error típico) del espesor graso y del diámetro y volumen de los adipocitos de las diferentes capas de la grasa subcutánea dorsal.

	Externa	Media	Interna	Significación
Espesor (mm)	7,8 $\pm$ 0,8 <sup>b</sup>	18,5 $\pm$ 1,9 <sup>a</sup>	4,9 $\pm$ 0,9 <sup>b</sup>	***
Diámetro adipocitos ( $\mu\text{m}$ )	90,4 $\pm$ 0,5 <sup>b</sup>	96,9 $\pm$ 0,5 <sup>a</sup>	85,8 $\pm$ 0,4 <sup>c</sup>	***
Volumen adipocitos ( $\mu\text{m}^3 \cdot 10^{-5}$ )	4,93 $\pm$ 0,08	5,95 $\pm$ 0,08	4,05 $\pm$ 0,06	***

Tabla 2.- Relación lineal entre el diámetro de los adipocitos de cada capa con el espesor de la misma [ $y_{ijk} = \mu + an_i + capa_j + b \cdot (egd_{ij} - egd_i) (capa_j) + e_{ijk}$ ].

	Estimación <i>b</i>	Error típico	<i>P</i>	Intervalo confianza (95%)	
Externa	0,16	0,21	0,44	-0,24	0,57
Media	0,91	0,09	<0,001	0,73	1,08
Interna	0,14	0,22	0,52	-0,29	0,58

Teniendo en cuenta el mayor espesor de la capa media, el mayor tamaño de sus adipocitos y, sobre todo, la relación positiva existente entre ambos caracteres podría sustentarse el principio de que es esta capa media la que interviene más activamente en los procesos de acumulación y movilización de reservas en las cerdas reproductoras.

Si se considera la comparación entre la capa externa y la media, algunos resultados publicados previamente avalan esta hipótesis. Así, Mersmann y Leymaster (1984) observaron, en cerdas jóvenes con dos capas de grasa diferenciadas, que la utilización de las reservas durante periodos de subnutrición era principalmente de la capa interna y acabaron especulando que la capa externa era la más estable, asignándole un papel primordial en la regulación térmica del animal, frente a las capas media e interna a las que asignaron un papel de tipo metabólico más importante. Por su parte, Camara *et al.* (1996) observaron importantes diferencias en la actividad enzimática de tipo lipogénico entre capas, inferior en la capa externa, que les llevaron a sugerir el considerar el tejido adiposo subcutáneo como un conjunto de distintos tejidos.

No obstante, al considerar la comparación entre la capa media y la interna, los resultados son más difíciles de interpretar, pues se considera que en porcino existe un gradiente de síntesis de lípidos que va de cabeza a cola y de exterior a interior, y que evoluciona en sentido opuesto al del tamaño de los adipocitos (Mourot *et al.*, 1999). En consecuencia, cabía esperar una relación significativa entre el tamaño de los adipocitos y el espesor de grasa en la capa interna. Varias son las causas que pueden explicar la falta de relación observada en este trabajo, pero fundamentalmente dos. En primer lugar, la dificultad de identificar, medir y muestrear sin error la tercera capa de grasa en las medias canales de algunas cerdas en matadero. En segundo lugar, el diámetro mínimo establecido en este trabajo (40  $\mu\text{m}$ ) para considerar las partículas observadas como adipocitos, que fue más conservador que el considerado en otros trabajos (p.ej. Mersmann y MacNeil, 1986 –20 $\mu\text{m}$ -). Por ello, las consideraciones relativas a la capa interna consideramos que se deben interpretar, hasta el momento, con cierta cautela.

En definitiva, las diferencias observadas en las distintas capas de la grasa subcutánea dorsal estarían indicando una diferente funcionalidad de cada una de ellas. Los resultados indican que la capa media parece tener un papel más activo que la capa externa en los procesos de deposición y movilización de reservas en cerdas reproductoras, dado que presenta una variación significativa del tamaño de sus adipocitos en relación a las reservas acumuladas.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alfonso, L. (2004). Arch. Zootec. 53, 415-418.  
Alfonso, L., Mourot, J., Insausti, K., Mendizábal, J.A., Arana, A. (2005). Anim. Res. 54, 33-42.  
Camara, M., Mourot, J., Février, C. (1996). Ann. Nutr. Metab. 40, 287-295.  
Fortin, A. (1986). Meat Science 18, 255-270.  
Mersmann, H.J., Leymaster, K.A. (1984). Growth 48, 321-330.  
Mersmann, H.J., MacNeil, M.D. (1986). J. Anim. Sci. 62:980-991.  
Moody, W.G., Zobrisky, S.E. (1966). J. Anim. Sci. 25, 809-813.  
Mourot, J., Kouba, M., Salvatori, G. (1999). INRA Prod. Anim. 12(4), 311-318.  
Quiniou, N. (2004). Techniporc 27(2), 15-17  
SPSS.PC+. (2005). SPSS Trends 14.0. SPSS Inc., Chicago, EEUU.

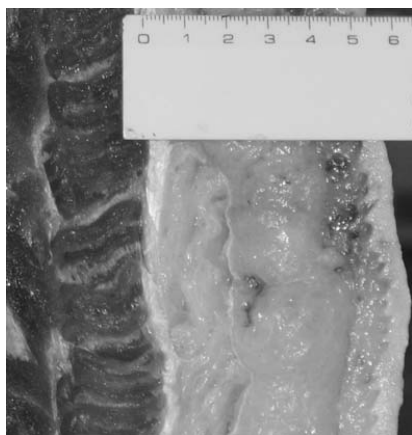


Figura 1. Imagen de las tres capas de grasa subcutánea dorsal

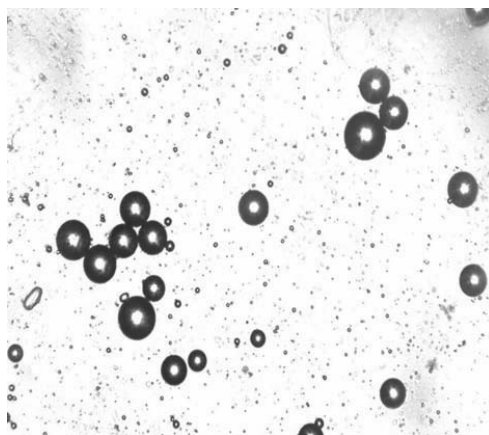


Figura 2. Imagen de adipocitos subcutáneos porcinos



## EFFECTO DE LA SATURACIÓN DE LA GRASA DEL PIENSO SOBRE LA COMPOSICIÓN DE ACIDOS GRASOS DE LA GRASA DORSAL DEL CERDO

Cordero G<sup>1</sup>., Olivares A<sup>1</sup>., Daza A<sup>2</sup>., Sanz E<sup>3</sup>., Gómez E<sup>3</sup>., Isabel B<sup>1</sup>., López Bote C<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Nutrición Animal. Dpto. Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM.

Av. Puerta de Hierro s/n 28040 Madrid

<sup>2</sup>Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos. Universidad Politécnica de Madrid

<sup>3</sup>Centro de Pruebas de Porcino. ITACYL. Hontalbilla, Segovia

[gcordero@vet.ucm.es](mailto:gcordero@vet.ucm.es)

### INTRODUCCIÓN

Los ácidos grasos de los triglicéridos de la grasa subcutánea e intramuscular del cerdo, guardan relación con la composición de la grasa de los alimentos (Miller *et al.*, 1990). La cantidad y el tipo de grasa del alimento afectan a la actividad lipogénica. En este sentido, Allee *et al.* (1971), observaron que altos niveles de grasa en la ración disminuían la síntesis endógena. Sin embargo, los animales son capaces de mantener la concentración de ácidos grasos en un rango de valores más o menos constantes, aunque se alimenten con piensos con diferente nivel de saturación de la grasa (Sanz, 2000). Esto sugiere que existe una regulación endógena que modula la composición corporal y que posiblemente se basa en la regulación del grado de consistencia de la grasa por la síntesis de ácidos grasos o por la acción de enzimas desaturadas. El objetivo de este trabajo es observar el efecto de la saturación de la grasa sobre los mecanismos de regulación de la consistencia de la grasa.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se dispuso de 160 cerdos que se repartieron en grupos de 4 animales por corral con un peso medio de 23 kg. Los animales se distribuyeron al azar en cinco tratamiento con ocho replicas por tratamiento. Todos los animales se alimentaron con un pienso preexperimental hasta que alcanzaron un peso medio próximo a los 60 kg. Luego se dividieron en 5 grupos y cada grupo recibió un pienso experimental con un 4% de grasa añadida, constituida por cinco combinaciones de grasa de palma (0, 25, 50, 75 y 100% de la grasa añadida) y de grasa hidrogenada (100, 75, 50, 25 y 0%). En la Tabla 1 se puede ver el contenido en ácidos grasos tanto del pienso preexperimental como de los piensos experimentales.

Tabla 1. Contenido en ácidos grasos de los piensos (expresados en %).

	PREEXP %	PALMA 0 %	PALMA 25 %	PALMA 50 %	PALMA 75 %	PALMA 100 %
C16:0	19,82	43,14	40,27	38,43	36,72	32,92
C16:1N7	1,54	0,00	0,00	0,10	0,12	0,00
C18:0	6,44	21,14	18,69	14,27	9,62	4,29
C18:1N9	27,85	10,49	12,59	17,29	22,71	28,44
C18:1N7	1,63	0,42	0,46	0,56	0,67	0,82
C18:2	32,30	19,41	20,07	22,03	24,52	25,75
C18:3	2,64	1,54	1,48	1,66	1,75	1,77
C20:0	0,00	0,45	0,43	0,42	0,42	0,42

Durante el sacrificio y posterior faenado de los animales se recogieron muestras de tocino, de la región de la babilla, posteriormente se congelaron a  $-20^{\circ}\text{C}$  y se mantuvieron a esta temperatura hasta su análisis. Para la extracción de la fracción lipídica en las muestras de grasa subcutánea se empleó el método Bligh y Dyer (1959). Una vez obtenida la grasa se procedió a su metilación con metilato sódico. La composición de los ácidos grasos de la grasa se determinó por Cromatografía en fase gaseosa (modelo 6890 de Hewlett Packard) y

su identificación se llevó a cabo por comparación de los tiempos de retención de los ésteres metílicos de los ácidos grasos de la muestra con los de patrones sometidos a las mismas condiciones cromatográficas que las muestras. Los análisis se realizaron mediante el procedimiento GLM del paquete estadístico SAS (1999). La separación de medias se llevó a cabo mediante el test de Tukey.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La concentración de ácido palmítico en la grasa dorsal no experimenta variaciones al modificarse la proporción de ácidos grasos saturados (AGS) en el pienso. El contenido en ácido esteárico en el tejido adiposo también se mantiene inalterable durante un rango amplio de saturación de la grasa del pienso. Sólo cuando esta alcanza una proporción extrema la concentración de ácido esteárico es superior. El oleico muestra una evolución similar a la del esteárico (Tabla 2).

Tabla 2. Resultados del contenido de ácidos grasos en la grasa subcutánea dorsal del cerdo con diferente nivel de saturación de grasa en el pienso.

	PALMA 100	PALMA 75	PALMA 50	PALMA 25	PALMA 0	SEM	P
C16:0	24.03	24.18	24.25	24.96	24.74	0.16	0.1851
C18 :0	12.99 <sup>b</sup>	13.88 <sup>b</sup>	13.70 <sup>b</sup>	14.55 <sup>ab</sup>	16.04 <sup>a</sup>	0.27	0.0003
C18 :1	41.89 <sup>b</sup>	40.38 <sup>ab</sup>	41.53 <sup>ab</sup>	41.12 <sup>ab</sup>	40.10 <sup>a</sup>	0.22	0.0112

Letras diferentes en la misma línea implican diferencias significativas.  
SEM: error estándar de la media. P: significación.

Este mismo comportamiento se observa de un modo más claro en la Figura 1, donde se muestra la concentración de cada ácido graso, en términos relativos, respecto a la concentración del grupo que recibe pienso con aceite de palma (valor 100). Resulta interesante observar que el rango de variación del ácido palmítico y oleico es muy reducido, mientras que los mecanismos de regulación de la concentración de ácido esteárico a partir de una concentración de AGS en el pienso próxima al 60% parecen rebasarse. Algunos trabajos han sugerido que existe una regulación de la actividad desaturasa a través de la composición en ácidos grasos de la ración (Fontanillas *et al.*, 1998; López Bote *et al.*, 1997). Además resulta interesante observar que el comportamiento del C18:1 no es uniforme en todo el rango estudiado, lo que sugiere una regulación compleja.

Al observar la evolución del conjunto de los AGS del tejido adiposo dorsal del cerdo y la de los ácidos grasos monoinsaturados (AGM) (Figura 2), se puede comprobar un aumento marcado de la concentración de AGS a partir de un nivel próximo a 59% de AGS en la ración, debido al crecimiento exponencial del ácido esteárico. La concentración en el pienso de AGS en concentraciones próximas a un 59% puede afectar a la capacidad de insaturar del tejido adiposo provocando al mismo tiempo un descenso en los AGM. Este efecto ha sido descrito por Sanz (2000) en pollos.

En resumen, puede existir un mecanismo por el cual, a partir de una cierta concentración de ácidos grasos saturados en el pienso, se provoque una reducción dramática de la actividad desaturasa.

Figura 1. Efecto de concentración de ácidos grasos saturados en el pienso en la concentración relativa de ácido esteárico (C18:0), palmítico (C16:0) y oleico (C18:1) en la grasa dorsal del cerdo expresada sobre un valor inicial de 100 para el grupo que recibe grasa de palma.

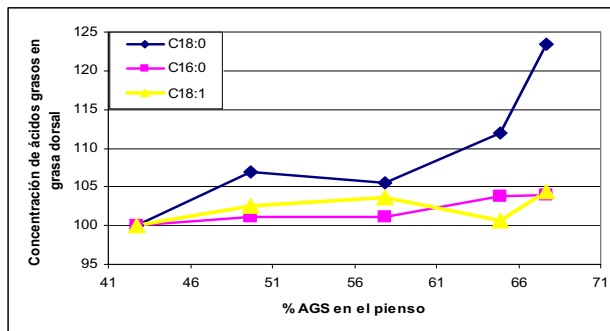
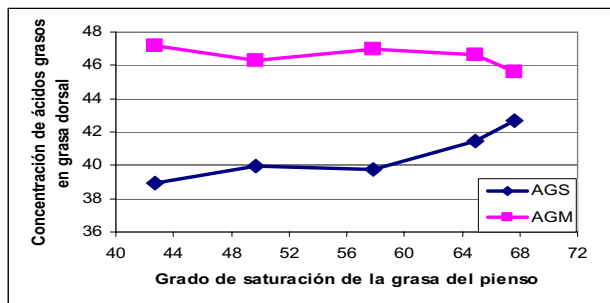


Figura 2. Concentración de ácidos grasos (saturados y monoinsaturados) en la grasa dorsal del cerdo según el grado de saturación de grasa en el pienso.



## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Allee, G.L., Baker, D.H., Leville, G.A. (1971) Influence of level of dietary fat on adipose tissue lipogenesis and enzymatic activity in the pig. *J. Anim. Sci.* 33,1248-1254.
- Bligh, E.G. y Dyer, W.J. (1959). A rapid method of total lipid extraction and purification. *Can. J. Biochem. Physiol.* 37, 911.
- Fontanillas, R., Barroeta, A., Baucells, M.D. y Codony, R. (1998). Backfat fatty acid evolution in swine fed diets high in either cis-monounsaturated, trans, or (n-3) fats. *J. Anim. Sic.* 76,1045-1055.
- López Bote C, Rey A, Ruiz J, Isabel B, Arias RS (1997). Effect of feeding diets high in monounsaturated fatty acids and alpha-tocopheryl acetate to rabbits on resulting carcass fatty acid profile and lipid oxidation. *Anim. Sci.* 64, 177-186 Part 1.
- Miller, M.F., Shackelford, S.D., Hayden, K.D., Reagan, J.O. (1990). Determination of the alteration in fatty profiles, sensory characteristics and carcass traits of swine fed elevated levels of monounsaturated fats in the diet. *J. Anim. Sci.* 68, 1624-1631.
- Sanz, M. (2000). Efecto de la saturación de la grasa del alimento sobre la cantidad y la calidad de la grasa depuesta en pollos de aptitud cárnica. Tesis Doctoral.
- SAS. (1999). Statistics. In SAS user's guide. Cary, NC: Statistical Analysis System Inst. Inc.

## EFFECTO DE LA GENÉTICA Y GRASA DEL ALIMENTO SOBRE LAS CARACTERÍSTICAS DE LA CANAL Y DE LA CARNE EN EL CERDO

A. Olivares<sup>1\*</sup>, G. Cordero<sup>1</sup>, A. Rodríguez<sup>2</sup>, A. Rey<sup>1</sup>, E. Mercado<sup>2</sup>, C. López Bote<sup>1</sup> y A. Daza<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Dpto. Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM. 28040 Madrid

<sup>2</sup>Centro de Pruebas de Porcino. ITACYL. Hontalbilla, Segovia

<sup>3</sup>Dpto. Producción Animal. ETS Ingenieros Agrónomos. UPM. 28040 Madrid.

[\\*alolivares@vet.ucm.es](mailto:alolivares@vet.ucm.es)

### INTRODUCCIÓN

Está ampliamente documentado que la genética porcina tiene un marcado efecto en el engrasamiento de la canal y contenido en grasa intramuscular de la carne (Ramírez, 2006). Sin embargo, el efecto de la grasa del pienso en estos mismos caracteres es mucho menos claro. Algunos autores han señalado que la grasa saturada aumenta el engrasamiento de la canal e incluso el contenido en grasa intramuscular (Sanz *et al.*, 1999), pero la información es poco consistente. El objetivo del presente trabajo es comprobar si existe un efecto de la grasa del pienso en las características de engrasamiento de la canal y en la grasa intramuscular en dos híbridos comerciales porcinos.

### MATERIAL Y MÉTODOS

En el presente experimento se utilizaron 165 machos castrados de 50 kg repartidos al azar en 55 réplicas (3 cerdos/corral). El estudio se desarrolló de acuerdo con un diseño factorial 2 x 2 con dos tipos de pienso (que sólo difieren en el contenido en el tipo de grasa) y dos genéticas: GEN1 (LDxLW) y GEN2 (Duroc x (LDxLW)). Uno de los piensos contenía un 2.5% de aceite de palma (mayor contenido en ácidos grasos saturados) y el otro la misma cantidad de aceite de girasol (alto contenido en ácidos grasos poliinsaturados). En todos los casos el contenido analizado de extracto etéreo del pienso fue de 45 g/kg. Los animales se sacrificaron con un peso de 120 kg.

Tras el sacrificio se tomaron los pesos de la canal, del lomo y del jamón, se midió el tocino dorsal, la longitud de la canal interna, y de la canal externa, la longitud del jamón y la anchura del jamón. También se registró el pH con un pHmetro crison modelo pH 25 y la temperatura del lomo. Se tomaron muestras de músculo, hígado y grasa subcutánea para su posterior análisis. Para la determinación de la grasa intramuscular en el músculo *Longissimus dorsi* se ha empleado el método de Bligh y Dyer (1959). Los resultados obtenidos se sometieron a un análisis de la varianza que incluía el tipo genético y el tipo de grasa como efectos fijos así como la interacción entre ambos factores. Los análisis se realizaron mediante el procedimiento GLM del paquete estadístico SAS (1999). La separación de medias se llevó a cabo mediante el test de Duncan.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se pueden observar los distintos resultados obtenidos para las distintas características de la canal. En las variables peso de la canal, pH del lomo, temperatura del lomo, longitud del jamón, peso del lomo, peso del jamón y área del jamón no se observaron diferencias significativas entre los distintos grupos experimentales. ( $P > 0.05$ ). El espesor de tocino dorsal de los animales de GEN2 ( $D^*(LD^*LW)$ ) fue significativamente mayor ( $P < 0.05$ ) que los pertenecientes al grupo GEN1 ( $LD^*LW$ ), debido a un carácter adipogénico mayor del genotipo Duroc (Suzuki *et al.*, 2002). El perímetro del jamón fue significativamente mayor en los animales GEN2. La longitud de la canal externa fue mayor en el grupo GEN1, debido al carácter longilíneo de este tipo genético (Whittemane, 1993).

Se dio una marcada tendencia ( $P < 0.068$ ) en los animales de grupo GEN2 alimentados con palma a presentar un mayor espesor de tocino dorsal que los GEN2 alimentados con aceite de soja. Sin embargo, en los cerdos GEN1, prácticamente no se evidenciaron diferencias

significativas según el tipo de grasa utilizada. Este resultado, tal vez pueda explicarse en base a que la presencia de ácidos grasos saturados (pienso rico en palma) tiene una relación directa con la deposición de grasa subcutánea, mientras que la presencia de ácidos grasos poliinsaturados (pienso rico en aceite de soja) tiene una relación negativa con el espesor de grasa subcutánea (Wood *et al.*, 1989; Cameron, 1990). Por ello, en animales de genética Duroc es posible incrementar el espesor de tocino dorsal mediante la inclusión en el pienso de grasas saturadas.

Resultados estadísticamente significativos se obtuvieron al analizar el contenido en grasa intramuscular, observándose un valor significativamente mayor en los animales que incorporaron en su genotipo a la raza Duroc (GEN2) con respecto a los Large White (GEN1), resultado que coincide con los obtenidos por Suzuki *et al.* (2002). Sin embargo, se dio una tendencia marcada ( $P < 0.064$ ) en acumular mayor grasa intramuscular en aquellos cerdos pertenecientes al GEN1 alimentados con pienso rico en aceite de palma con respecto a los alimentados con aceite de soja mientras que, en los animales del GEN2, el valor de grasa intramuscular obtenido no varió según el tipo de grasa incluido en el pienso en función de la inclusión en la dieta de aceite de soja o aceite de palma. A este respecto, las referencias bibliográficas son prácticamente inexistentes, aunque existen evidencias que hacen pensar que un pienso con mayor aporte de ácidos grasos saturados aumenta el contenido en grasa intramuscular, a diferencia de lo que ocurre cuando se alimenta a los animales con un alto contenido en ácidos grasos poliinsaturados.

A tenor de los resultados obtenidos en el presente experimento, el tipo de grasa incluido en el pienso puede tener influencia sobre el estado de engrasamiento de los animales, aspecto de especial interés en lo que se refiere a consideraciones productivas y de calidad de la carne

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bligh, E.G., Dyer, W.J. (1959). A rapid method of total lipid extraction and purification. *Canadian Journal of Biochemistry and Physiology* 37 (8), 911-917.
- Cameron, N.D. (1990). Genetic and phenotypic parameters for carcass traits, meat and eating quality traits in pigs. *Livestock Production Science* 26, 119-135.
- Ramírez, R. (2006). Evaluación de la calidad y aptitud tecnológica de la carne y productos curados de cerdos ibéricos procedentes de distintos cruces con líneas genéticas de cerdo duroc. Universidad de Extremadura. Tesis doctoral.
- Sanz, M, Flores A, Pérez de Ayala P, López-Bote C.J.1(999). Higher lipid accumulation in broiler fed on saturated fats than in those fed on unsaturated fats. *British Poultry Science* 40, 95-101
- SAS. (1999). *Statistics. In SAS user's guide.* Cary, NC: Statistical Analysis System Inst. Inc.
- Suzuki, k., Shibata, T., Kadowaki, H., Abe, H., Toyoshima, T. (2002). Meat quality comparison of Berkshire, Duroc and crossbred pigs sired by Berkshire and Duroc. *Meat Science* 64, 35-42.
- Whittemore C. (1993). *The science and practice of pig production.* Ed. Logman Scientific and Technical Group. UK Limited. 661 pp
- Wood, J. D., Enser, M., Whittington, F. M., Moncrief, C. B., Kempster, A. J. (1989). Backfat composition in pigs: differences between fat thickness groups and sexes. *Livestock Production Science* 22, 351-363.

Tabla 1.- Efecto de la genética (Genotipo 1= LDxLW, Genotipo 2= LDxLWx(Duroc)) y del tipo de grasa del pienso (aceite de palma o soja) en las características de la canal.

	Peso canal (kg)	Espesor tocino dorsal (cm)	Longitud Canal Interna (cm)	Longitud Canal Externa (cm)	pH Lomo	Temperatura Lomo (°C)	Longitud jamón (cm)	Perímetro Jamón (cm)	Peso Lomo (kg)	Peso Jamón (cm)	Anchura Jamón (cm)	Grasa Intramuscular (%)
GENOTIPO1												
PALMA	88,4	16,8	85,3	108,0	6,1	37,1	34,3	72,8	3,2	12,5	20,6	3,4
SOJA	88,6	17,1	82,6	107,4	6,2	33,0	34,2	72,4	3,1	12,4	20,3	2,6
GENOTIPO2												
PALMA	89,5	24,7	82,1	103,8	6,3	39,3	34,0	74,8	3,1	12,6	21,3	3,7
SOJA	91,7	20,9	83,9	106,3	6,2	37,0	34,0	74,0	3,3	13,0	20,5	3,7
SEM	2,1	1,11	1,3	1,43	0,1	2,55	0,42	0,79	0,09	0,26	0,63	0,22
Valor P												
Efecto Genotipo	0,2917	<0,0001	0,4553	0,0666	0,3641	0,224	0,6048	0,0208	0,6292	0,2	0,5054	0,0108
Efecto Pienso	0,5121	0,1248	0,7386	0,4367	0,5579	0,212	0,9758	0,4554	0,7269	0,612	0,3995	0,1761
Genética x Pienso	0,6341	0,0686	0,0722	0,2893	0,3538	0,7199	0,8387	0,8821	0,234	0,3682	0,745	0,0644

## EFFECTO DE LA GENÉTICA CHINA Y DEL SEXO SOBRE LA PRODUCTIVIDAD Y CALIDAD DE LA CANAL DEL CERDO BLANCO

J. Viguera<sup>1\*</sup>, F. Flamarique<sup>2</sup>, J.C. Ezpeleta<sup>3</sup>, L. Alfonso<sup>4</sup>, E. de Mercado<sup>5</sup>, E. Sanz<sup>5</sup>, J. Peinado<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Imasde Agropecuaria, S.L., C/ Nápoles 3, 28224 Pozuelo, Madrid

<sup>2</sup> Gene+ Ibérica, S.L., Campo de Tajonar s/n, 31192 Tajonar, Navarra

<sup>3</sup> Grupo AN, Campo de Tajonar s/n, 31192 Tajonar, Navarra

<sup>4</sup> Universidad Pública de Navarra, Campus Arrosadía s/n, 31006 Pamplona, Navarra

<sup>5</sup> Centro de Pruebas de Porcino del ITACyL, 40353 Hontalbilla, Segovia

\*[jviguera@e-imasde.com](mailto:jviguera@e-imasde.com)

### INTRODUCCIÓN

El principal interés de la introducción de las razas chinas en Europa reside en su carácter maternal, la alta prolificidad y precocidad sexual de estos animales. Asimismo, las razas chinas puras o cruzadas producen carnes con atributos sensoriales deseables por el consumidor, con buenas calidades en relación a ternura, jugosidad, sabor (Touraille *et al.*, 1989) y capacidad de retención de agua (Suzuki *et al.*, 1991). Por contra, estas razas muestran menor crecimiento magro e incrementos del contenido graso de la canal (Legault *et al.*, 1985; Young 1995, 1998). Sin embargo, este impacto es muy variable en función de la línea china elegida y de su porcentaje en el producto final, por lo que es necesario evaluar nuevos cruzamientos de las razas chinas con las europeas con el objetivo de estudiar su efecto sobre la productividad, calidad de la canal y de la carne.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 96 cerdos (50 % machos castrados y 50 % hembras) con 68 d de vida y un peso vivo medio de  $25,3 \pm 0,3$  kg para evaluar el efecto del sexo y la genética sobre la productividad y la calidad de la canal. Hubo 4 tratamientos ordenados factorialmente, con dos genéticas maternas: Alfa+ -100% europea, Landrace x Large White- vs Youna - $\frac{1}{8}$  china, Landrace x Large White x Mehisán- cruzadas con machos Duroc, y dos sexos: machos vs hembras. Los lechones procedentes de las reproductoras Youna procedían de camadas de primer o segundo parto, mientras que los lechones de las reproductoras Alfa+ procedían en un 50% de primer o segundo parto y un 50% de tercer parto o superior. La prueba se llevó a cabo en las instalaciones del Centro de Pruebas de Porcino del Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León, y los cerdos fueron distribuidos en función del peso vivo y del sexo. Cada tratamiento fue replicado 6 veces y la unidad experimental estuvo formada por 4 cerdos alojados conjuntamente. Todos los cerdos recibieron las mismas dietas experimentales en gránulo y *ad libitum* a lo largo del ensayo.

A los 174 d de vida se sacrificaron 20 cerdos por tratamiento en el matadero de Laguna de Duero, desechando los animales más pequeños de cada tratamiento. Tras el desangrado y eviscerado se tomó el peso de la canal y el espesor graso entre la 3ª y 4ª últimas costillas (P2) y a nivel del *Gluteus medius* (GM), y tras el despiece se pesaron todos los jamones, paletas y lomos perfilados para el cálculo del rendimiento de las piezas nobles sobre el peso de la canal, siendo cada cerdo la unidad experimental. Los datos fueron analizados mediante el procedimiento GLM de SAS (SAS Institute, 1990). El modelo incluyó el cruce genético, el sexo y su interacción como efectos principales y la sala de cebo se incluyó como efecto fijo en el análisis de los parámetros productivos. Todos los datos se presentan como medias corregidas por mínimos cuadrados.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El efecto del tratamiento sobre la productividad se muestra en la Tabla 1. No se encontraron diferencias significativas entre las líneas genéticas sobre el peso vivo final (PVf) y la productividad a lo largo del cebo, al contrario de lo observado por Young (1995, 1998) en cerdos con un  $\frac{1}{4}$  y  $\frac{1}{8}$  de sangre china. Asimismo, las hembras mostraron menor PVf, ganancia media diaria (GMD) y consumo medio diario (CMD) que los machos (118,9 vs 124,5 kg, 881 vs 934 y 2.182 g/d vs 2.361 g/d, respectivamente;  $P<0,05$ ). Además, se observó una interacción entre la línea genética y el sexo para la GMD y PVf: los machos con sangre china obtuvieron mayor PVf y GMD que las hembras, diferencia que no se encontró entre ambos sexos de la genética europea ( $P<0,05$ ).

Tabla 1. Efecto de la genética china (Alfa+ vs Youna) y el sexo (machos vs hembras) sobre el peso vivo (kg) a 68 y 174 días de vida (d/v) y la productividad de los cerdos.

	Peso vivo, kg		Parámetros productivos		
	68 d/v	174 d/v	GMD <sup>1</sup> , g/d	CMD <sup>1</sup> , g/d	IC <sup>1</sup> , g/g
Genética ♀					
Alfa+	25,1	121,0	904	2.270	2,51
Youna	25,4	122,5	911	2.273	2,50
Sexo					
Hembras	25,4	118,9	881	2.182	2,48
Machos	25,1	124,5	934	2.361	2,53
EEM <sup>2</sup> (n=12)	-	1,5	13	32	0,03
Interacción					
Alfa+ * Hembra	25,2	120,8 <sup>b</sup>	899 <sup>b</sup>	2.221	2,47
Alfa+ * Macho	25,0	121,3 <sup>ab</sup>	909 <sup>ab</sup>	2.319	2,55
Youna * Hembra	25,7	117,1 <sup>b</sup>	862 <sup>b</sup>	2.143	2,49
Youna * Macho	25,2	127,8 <sup>a</sup>	959 <sup>a</sup>	2.404	2,51
EEM (n=6)	-	2,1	18	45	0,05
Probabilidad					
Genética	-	0,51	0,74	0,95	0,73
Sexo	-	0,02	0,01	<0,01	0,28
Interacción	-	0,04	0,04	0,11	0,54

<sup>1</sup> GMD: Ganancia media diaria; CMD: Consumo medio diario; IC: Índice de conversión.

<sup>2</sup> EEM = Error estándar de la media (n = nº de réplicas por tratamiento).

<sup>a, b</sup> Diferente superíndice dentro de la misma columna indica diferencias significativas ( $P<0,05$ ).

No se encontraron diferencias significativas entre ambos cruces genéticos para el engrasamiento de la canal y el rendimiento de los jamones y paletas (Tabla 2). Sin embargo, los cerdos con componente genético chino obtuvieron menor rendimiento de la canal y de los lomos que los cerdos de línea europea (76,79 vs 77,34 y 6,69 vs 7,02 %, respectivamente;  $P<0,05$ ). Por otro lado, las cerdas obtuvieron menor espesor graso al nivel del P2 y del GM (3,00 vs 3,62 y 1,75 vs 2,17 mm, respectivamente;  $P<0,05$ ) y mayor rendimiento de los jamones y lomos que los machos (25,77 vs 24,98 y 7,15 vs 6,56 %, respectivamente;  $P<0,05$ ).

En base a los resultados obtenidos se puede concluir que los cerdos de línea china-europea mostraron resultados productivos similares a los cerdos de la línea europea testada, pero menor rendimiento de la canal y de los lomos. Sin embargo, en el futuro será necesario evaluar el impacto de la inclusión de la genética china en la calidad de la carne, en relación con el potencial impacto positivo por el incremento del contenido graso en la misma. El destino final de los cerdos determinará la posibilidad y adecuación de su uso; siendo



necesario considerar estos factores a la hora de incrementar el porcentaje de la línea china incluido en el producto final.

Tabla 2. Efecto de la genética china (Alfa+ vs Youna) y el sexo (machos vs hembras) sobre el espesor graso entre la 3ª y 4ª últimas costillas (P2) y a nivel del Gluteus medius (GM) y el rendimiento de la canal y de las piezas nobles de los cerdos sacrificados.

Parámetro	Genética ♀		Sexo		EEM <sup>1</sup> (n=80)	Probabilidad		
	Alfa+	Youna	♀	♂		Genética	Sexo	Interacc.
Espesor graso, mm								
P2	3,20	3,42	3,00	3,62	0,11	0,17	<0,01	0,74
GM	1,88	2,04	1,75	2,17	0,10	0,25	<0,01	0,33
Rendimiento, %								
Canal	77,34	76,79	77,17	76,96	0,18	0,03	0,42	0,10
Jamones	25,55	25,20	25,77	24,98	0,16	0,12	<0,01	0,65
Paletas	14,65	14,80	14,84	14,61	0,13	0,41	0,20	0,29
Lomos	7,02	6,69	7,15	6,56	0,09	0,01	<0,01	0,44

<sup>1</sup> EEM = Error estándar de la media (n = nº de animales por tratamiento).

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Legault, C., Sellier, P., Caritez, J.C., Dando, P., Gruand, J. 1985. L'experimentation sur le porc chinois en France. II. Performances de production en croisement avec les races européennes: Genet. Sel. Evol. 17: 133-152.
- SAS Institute. 1990. SAS<sup>®</sup> User's Guide: Statistics v. 6.12. SAS Institute. Cary, NC, EE.UU.
- Suzuki, A., Kojima, N., Ikeuchi, Y., Ikarashi, S., Moriyama, N., Ishizuka, T., Tokushige, H. 1991. Carcass composition and meat quality of Chinese purebred and European x Chinese crossbred pigs. Meat Sci. 29: 31-41.
- Touraille, C., Monin, G., Legault, C. 1989. Eating quality of meat from European x Chinese crossbred pigs. Meat Sci. 25: 177-186.
- Young, L.D. 1995. Survival, body weights, feed efficiency, and carcass traits of  $\frac{3}{4}$  White composite and  $\frac{1}{4}$  Duroc,  $\frac{1}{4}$  Meishan,  $\frac{1}{4}$  Fengjing, or  $\frac{1}{4}$  Minzhu pigs. J. Anim. Sci. 73: 3534-3542.
- Young, L.D. 1998. Survival, body weights, feed efficiency, and carcass traits of  $\frac{7}{8}$  White composite and  $\frac{1}{8}$  Duroc,  $\frac{1}{8}$  Meishan,  $\frac{1}{8}$  Fengjing, or  $\frac{1}{8}$  Minzhu pigs. J. Anim. Sci. 76: 1550-1558.

Ensayo ejecutado dentro de un Proyecto de Investigación Industrial Concertado financiado por el Ministerio de Industria, Comercio y Turismo (FIT-060000-2006-52).

## CONTROL INDIVIDUALIZADO DE CERDOS IBÉRICOS “IN VIVO” EN CAMPO Y SOBRE LA CANAL EN MATADERO MEDIANTE TECNOLOGÍA NIRS

E. De Pedro, A. Garrido, D. Pérez Marín, J.E. Guerrero y A. López López  
Dpto. Producción Animal, ETSIAM, Universidad de Córdoba  
Apdo.3048, 14080 Córdoba

### INTRODUCCIÓN

La industria del cerdo Ibérico ha establecido programas de control de calidad para determinar el régimen alimenticio de los animales, especialmente durante el período final de crecimiento. Estos programas incluyen inspección de los animales en campo y análisis de la composición de ácidos grasos en grasa subcutánea. Varios años de investigación (De Pedro *et al.*, 1992; Hervás *et al.*, 1994; De Pedro *et al.*, 1997; García-Olmo *et al.*, 2000, 2001, 2004; Pérez-Marín *et al.*, 2001, 2007; Garrido *et al.*, 2004) han mostrado el potencial de la tecnología de Espectroscopia de Infrarrojo Cercano (NIRS) en laboratorio, aplicada al análisis de tocino y grasa fundida para la clasificación de canales de cerdo Ibérico dentro de las categorías comerciales, de acuerdo con su régimen alimenticio. A pesar de la rapidez de análisis de esta tecnología, la toma de muestras, su traslado y manipulación suponen que los resultados no estén disponibles con la inmediatez que sería deseable. La incorporación de la tecnología NIRS en distintos puntos del proceso productivo del cerdo Ibérico supondría disponer de una huella espectral única de cada animal y/o canal de enorme utilidad para la trazabilidad y control de las especificaciones de calidad de los mismos. La puesta a punto de un sistema en línea de control de procesos basado en la tecnología NIRS requiere la selección y optimización de distintos parámetros (por ejemplo tipo de instrumento, accesorios de medida, localización, condiciones de trabajo, optimización de métodos de tratamiento de la señal, etc.) que permitan obtener una respuesta espectral adecuada que posibilite rescatar la información requerida sobre el producto. El objetivo de este trabajo es la puesta a punto y optimización de la tecnología NIRS para el control del cerdo Ibérico tanto en campo sobre el animal vivo, ya que es una técnica completamente inocua para el animal, como sobre la canal en el matadero, lo cual permitirá consolidar un sistema de trazabilidad basado en sensores no destructivos y rápidos.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se han analizado un total de 162 animales vivos y 265 canales de cerdo ibérico, durante la presente campaña 2006-07, pertenecientes a diferentes empresas, localizaciones geográficas y regímenes alimenticios (cebo, recebo y bellota), para tratar de recoger la máxima variabilidad.

Figura 1. Recogida de los espectros NIRS sobre el animal vivo y sobre la canal.



Para la recogida de los espectros NIRS, se ha utilizado un espectrofotómetro LabSpec®Pro A108310 (Analytical Spectral Device, Inc.) que trabaja en reflectancia en la región del espectro comprendida entre 350 y 2500 nm (cada 1 nm). El equipo estaba dotado de una sonda de fibra óptica de contacto, de 1,5 m de longitud (Figura 1). Para evaluar la

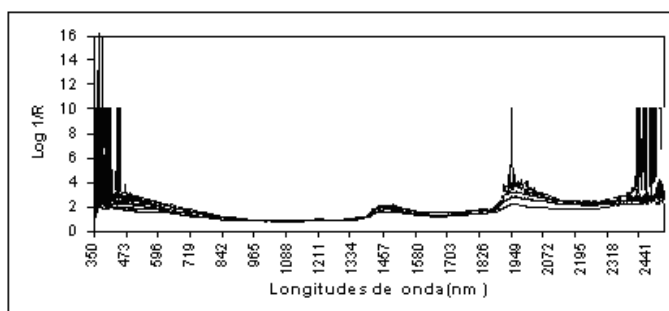
repetibilidad espectral de los datos se ha utilizado el estadístico RMS (Root Mean Squared Error).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La elección de la instrumentación y los accesorios de medida es uno de los aspectos más importantes a estudiar para establecer las condiciones óptimas (tamaño de la superficie irradiada, ratio señal/ruido, profundidad de penetración de la luz, velocidad de análisis, etc.) para la recogida de espectros de alta calidad, tanto en animales vivos en campo durante etapas intermedias del periodo de engorde como en canales enteras después del escaldado. Este aspecto es crítico para garantizar el desarrollo posterior de modelos y calibraciones para la estima de las características que permitan clasificar a los animales y canales en las diferentes categorías comerciales (bellota, cebo y pienso).

En el presente estudio, se iniciaron los análisis “*in vivo*” utilizando una sonda diseñada para medir productos pulverulentos, que era la disponible en ese momento, observándose que los espectros obtenidos tenían importantes zonas de ruido que era necesario eliminar (Figura 2). Ello se traducía asimismo en valores inaceptables del estadístico RMS, indicador de la repetibilidad de la medida espectroscópica, el cual alcanzó valores superiores a 600.000  $\mu\log$  1/R cuando se compararon espectros de un mismo animal y localización para todo el rango espectral de medida (350-2500 nm). Dicho estadístico se reducía de forma importante (79.000  $\mu\log$  1/R) cuando se recortaba el espectro al rango 800-1750 nm. Por tal razón, se adaptó una sonda de alta intensidad y mayor superficie de irradiación, reforzada en su conexión al instrumento para evitar problemas de rotura por tracción cuando se realiza la medida en campo y matadero. Ello posibilitó obtener una calidad de espectros muy superior (Figura 3), lo que a su vez se tradujo en valores del estadístico RMS muy inferiores: en torno a 46.000  $\mu\log$  1/R para el rango espectral completo y a 41.000  $\mu\log$  1/R para el rango espectral recortado, en este caso, a 600-1900 nm. Para el caso de medida sobre la canal, los resultados han sido análogos, obteniéndose con la forma de medida seleccionada valores de RMS de 41.000 y 30.000  $\mu\log$  1/R para el rango completo y recortado, respectivamente. Se observa que en este caso la repetibilidad espectral es mayor, ya que se eliminan fuentes de variación importantes presentes en el animal vivo como son las distintas coloraciones, el pelo, la presencia de suciedad, etc. De cualquier forma, si observamos la Figura 4, correspondiente a espectros recogidos sobre la canal, y la comparamos con los espectros mostrados en la Figura 3, correspondientes al animal vivo, se observan analogías importantes entre las formas de los mismos, con bandas de absorción marcadas en ambos casos en 1200, 1400, 1800 y 1900 nm, que se identifican con zonas de absorción de grasa y agua (Garrido et al. 2004).

Figura 2. Espectros recogidos sobre el animal vivo con una sonda no adaptada al producto.



Los espectros recogidos con esta modalidad de análisis reúnen la calidad requerida para poder ser utilizados en el desarrollo de modelos NIRS de predicción del perfil ácido y del régimen alimenticio, así como en la evaluación de los ya existentes, desarrollados en equipos de sobremesa de mayor coste. En la actualidad el proyecto en el que se enmarca

este trabajo está en pleno desarrollo, tratando de abarcar toda la campaña de sacrificio 2006-2007, para recoger variabilidad de los tres regimenes alimenticios,

Figura 3. Espectros recogidos sobre el animal vivo con una sonda adaptada al producto.

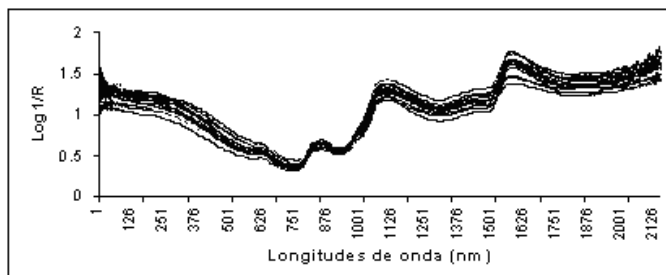
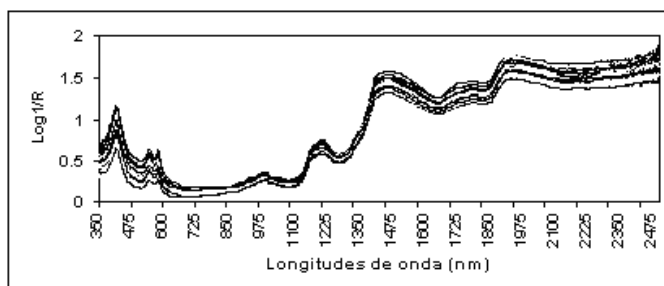


Figura 4. Espectros recogidos sobre canales de cerdo ibérico con una sonda adaptada al producto.



### AGRADECIMIENTOS

El presente trabajo se ha desarrollado en el marco del Proyecto Seguridad y Trazabilidad en la Cadena Alimentaria usando NIRS (Nº 3713), financiado por la Consejería de Innovación, Ciencia y empresa de la Junta de Andalucía. Los autores quieren agradecer la colaboración técnica de Manuel Sánchez Calderón y Mª Carmen Fernández Fernández del Dpto. de Producción Animal.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- De Pedro, E., Garrido, A., Bares, I., Casillas, M., Murray, I. (1992). Near infrared spectroscopy Bridging the Gap between Data Analysis and NIR Applications, Ellis Horwood, Chichester, GB, p. 341.
- De Pedro, E., Garrido, A., Martínez, M.L., Angulo, F., García, J. (1997). ITEA, Vol. Ex.18(II) 661-663
- García-Olmo, J., Garrido, A., De Pedro, E. (2000). NIRS: Proceedings of the 9th International Conference. NIR Publications, Chichester, GB, pp. 253-258.
- García-Olmo, J., Garrido, A., De Pedro, E., J. (2001). Near Infrared Spectrosc. 9, 49-62.
- García-Olmo, J., Garrido-Varo, A., De Pedro, E., Muñoz, F., Andueza, D., Puigdomenech, A. (2004). NIRS: Proceedings of the 11th International Conference, NIR Publications, Chichester, GB, pp. 295-300.
- Garrido-Varo, A., García-Olmo, J., Pérez-Marín D. (2004). Near Infrared Spectroscopy in Agriculture, N. 44 Series Agronomy, ASA-CSSA-SSSA, Madison, Wisconsin, EEUU, p. 487.
- Hervás C., Garrido A., Lucena B., García N., De Pedro E. (1994). J. Near Infrared Spectrosc. 2, 177-184.
- Pérez-Marín, D., De Pedro, E., García, J., Garrido, A. (2001). ITEA Vol. Extra 22, Tomo II, 610-612.
- Pérez-Marín, D., Garrido-Varo, A., De Pedro, E., Guerrero-Ginel, J.E. (2007). Chem. Intell. Lab. Systems (en prensa).

## VALIDEZ DE LA ANALÍTICA DE ÁCIDOS GRASOS EN CERDO IBÉRICO

\*Porras Tejeiro, C.J., Pérez Almero, J.L., Brun Esquiliche, P. y Casas Millán, C.  
IFAPA Centro Las Torres. Apdo. Oficial. 41200 Alcalá del Río, Sevilla  
\*carlosj.porras@juntadeandalucia.es

### INTRODUCCIÓN

La norma de calidad para el jamón ibérico, paleta ibérica y caña de lomo ibérico elaborados en España, da una prioridad absoluta a la analítica de los ácidos grasos de los cerdos para su clasificación en las distintas categorías establecidas. Desde 1998 existen trabajos y publicaciones (Benito et al., 1998; De Pedro et al., 2002; Diéguez; 2003; Espárrago et al., 2005; Molina et al., 2005; Porras, 2001) que ponen en entredicho la validez de la citada analítica como paradigma en la asignación de categorías según alimentación del cerdo ibérico. Nuestro trabajo ha querido abundar en esos mismos derroteros.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Este estudio se ha realizado en una dehesa de 200 hectáreas de la Sierra Norte de Sevilla que disponía para la montanera 2003-2004 de 152 cerdos Ibéricos puros, en régimen totalmente extensivo y nacidos en la propia finca. Ver manejo y distribución en Cuadro 1.

Cuadro 1: Distribución y manejo de los lotes de cerdos ibéricos estudiados

	Lote1	Lote2	Lote3	Lote4
Nº de cerdos /lote	80	40	23	9
Días premontanera	168	168	168	168
Pienso premontanera	P1	P1	P1	P2
Días montanera solo bellota	90	90	90	90
Días de recebo	0	42	70	70
Pienso recebo		P3	P3	P3
Fecha sacrificio	14/01/2004	25/02/2004	24/03/2004	24/03/2004
Peso sacrificio @	15,0	15,2	15,6	15,6

P1 Pienso alto oleico: cereales 72%, harina soja 14%, productos alto oleico 11% y corrector 3%

P2 Pienso tradicional: cereales 77%, harina soja 20% y corrector 3%

P3 Pienso recebo: cereales 77%, leguminosas 15%, manteca de cerdo 5 % y corrector 3%

#### Alimentación en premontanera (desde el 30/04/03)

Los 152 cerdos se distribuyeron así:

A) 143 cerdos recibieron una media de 2 kg/cabeza y día de un pienso especial de premontanera (P1) con (en %): 42 cebada, 10 trigo, 10 maíz, 10 salvado, 14 harina de soja, 8 pipa de girasol alto oleico, 3 aceite de girasol alto oleico y 3 corrector minero-vitaminico.

B) 9 cerdos recibieron la misma cantidad de un pienso tradicional (P2), cuya composición era (en %): 40 cebada, 37 maíz, 20 harina de soja y 3 de corrector minero-vitaminico. Es decir, sin adicionar ningún tipo de producto alto oleico.

#### Alimentación en montanera (desde el 15/10/03)

En el comienzo de la montanera se les suprimió el pienso y se juntaron los 152 animales recibiendo el mismo manejo. La idea era aprovechar la bellota al máximo y, cuando empezara a escasear, se pesaría el lote de cerdos de mayor tamaño, de forma que la media del lote fuese de unas 15 @ (172,5 Kg) de peso vivo. Así, el 14/01/04 se pesó una primera partida, compuesta por 80 cerdos, al que llamamos lote 1, que solo habían comido bellota.

#### Alimentación postmontanera (desde el 14/01/04)

A los 72 cerdos restantes, que siguieron sueltos en el campo, se les empezó a echar *ad libitum* un pienso de recebo (P3) cuya composición era (en %): 37 trigo, 25 cebada, 15 maíz, 15 guisantes, 5 manteca de cerdo y 3 corrector minero-vitaminico. El 25/02/04 se sacrificó 40 animales, al que llamamos lote 2 que, por tanto, además de la montanera pura, habían tenido 42 días de recebo. El 24/03/04 se llevan a matadero los 32 cerdos restantes: 23 cerdos que habían consumido pienso especial de premontanera (P1) y al que llamamos lote 3. Y los 9 que en premontanera habían consumido un pienso tradicional (P2) al que llamamos lote 4. Por consiguiente los lotes 3 y 4 solo difieren en el pienso usado en premontanera, y han estado 70 días de recebo tras la montanera pura.

La primera parte del estudio consistió en cuantificar la influencia de la alimentación de los cerdos en los resultados analíticos de la grasa subcutánea, según establece la norma de calidad, para lo que se analizaron las muestras correspondientes a los 4 lotes descritos. La segunda parte trató de cuantificar la variabilidad de los resultados de la analítica del perfil de los ácidos grasos de forma individual, en 28 de los 40 cerdos del lote 2, en los 23 del lote 3 y en 8 de los 9 del lote 4. Del lote 1, solo se dispone del resultado de la mezcla de las muestras individuales que marca la norma.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el Cuadro 2 vemos los porcentajes alcanzados por los ácidos grasos indicados por la norma de calidad y en el Cuadro 3 reflejamos los límites establecidos por la norma de calidad en las campañas 2003/04 y 2006/07 para los 4 ácidos grasos tenidos en cuenta. Observamos que se han suavizado tales límites como consecuencia de los problemas detectados. Solo analizaremos la campaña 2003/4, en la que se sacrificaron los cerdos.

Cuadro 2: Resultado de los ácidos grasos en los lotes de cerdos Ibéricos estudiados.

	Lote 1	Lote 2	Lote 3	Lote 4
% Palmítico (C16:0)	21.0	20.5	20.7	21.7
% Esteárico (C18:0)	9.8	9.6	9.2	9.7
% Oleico (C18:1)	54.4	55.4	55.9	53.9
% Linoleico (C18:2)	8.5	8.2	7.8	7.7

Cuadro 3: Límites de los ácidos grasos para asignaciones "bellota" y "recebo" según norma.

	campaña 2003/4		campaña 2006/7	
	"bellota"	"recebo"	"bellota"	"recebo"
% Palmítico (C16:0)	<=21,0	<=23,0	<=22,0	<=24,0
% Esteárico (C18:0)	<=9,8	<=10,8	<=10,5	<=11,5
% Oleico (C18:1)	>=54,0	>=52,0	>=53,0	>=51,0
% Linoleico (C18:2)	<=9,5	<=10,5	<=10,5	<=11,5

De los Cuadros 2 y 3 se deduce que el lote 1, que solo ha comido bellota, cumple el límite para el **palmítico** muy ajustadamente, mientras que los lotes 2 y 3, que han tenido 42 y 70 días de recebo respectivamente, lo cumplen con holgura. El lote 4, cuya única diferencia con el lote 3 es que no han comido en premontanera pienso especial preparado, sino uno tradicional, ha sobrepasado el límite para ser considerado "bellota" a diferencia del lote 3 que sí lo cumple. Quiere esto decir que si no se preparan los cerdos, antes de entrar en montanera, no pueden cumplir los límites establecidos en la campaña en que se sacrificaron estos animales. En el caso del **esteárico**, todos los lotes cumplen la norma; pero el que más difícil lo ha tenido ha sido el lote 1, que precisamente solo ha comido bellota. Para el porcentaje de **oleico**, el lote 1, que solo consume bellota, cumple tal categoría con muy poca holgura. Los lotes 2 y 3 van mejorando el porcentaje de oleico conforme comen más pienso, y cumplen sobradamente la categoría "bellota". El lote 4, como no se preparó con pienso especial para entrar en montanera, no llega a la categoría "bellota", pero por muy poco: si hubiese estado más tiempo consumiendo pienso, hubiera cumplido la categoría "bellota" desde el punto de vista del oleico. En el caso del **linoleico**, todos los lotes están muy por debajo del umbral máximo permitido para ser considerados "bellota". Se observa que el porcentaje de dicho ácido va disminuyendo conforme los animales comen más pienso de recebo, o más tarde es el sacrificio.

Para la segunda parte de este estudio, en el Cuadro 4, aparecen las medias, para cada ácido graso y los estadísticos cuantificadores de la variabilidad de los ácidos grasos, la cual no es excesivamente alta, ya que solo, en el caso del esteárico del lote 4, el coeficiente de variación supera el 10 %. A pesar de ello esa variabilidad influye en la clasificación de los animales. Así por ejemplo, los lotes 2, 3 y 4, según la norma, serían de calidad "recebo", al haber consumido pienso tras la montanera. Y, sin embargo, al aplicar los límites de los perfiles de ácidos grasos (Cuadro 3), en el lote 2 hay un 60,7% de cerdos que cumplirían la calidad "bellota". Y en el lote 3, que ha estado recebándose casi un mes más que el lote 2, el % de cerdos que alcanzaría, por su analítica, la calidad "bellota", sube al 87%. Es decir, a

más pienso de recebo, más posibilidad de encajar en la calidad "bellota". Todavía es más grave que, en el lote 4, cuya única diferencia con el lote 3 es no haber sido preparado con pienso especial en premontanera, hay un 25 % que no llega a alcanzar la calidad "recebo" y que el % que cumplirían con la calidad "bellota" desciende al 25% frente al 87% del lote 3.

**Cuadro 4: Variabilidad ácidos grasos y % cerdos cumplen calidad "bellota" o "recebo"**

Lote v nº análisis	Estadísticos	% Palmítico	% Esteárico	% Oleico	% Linoleico	con 4 ácidos
Lote 1: según norma	media	21.0	9.8	54.4	8.50	
	media	20.6	9.2	54.4	8.9	
	Desv. típica	0.5	0.5	1.0	0.3	
	Coef. variación	2.5	5.1	1.8	3.5	
	máximo	21.5	9.9	56.8	9.6	
	mínimo	19.3	8.2	52.3	8.3	
	% cumple "bellota"	68.9	92.9	64.3	96.4	60.7
	% cumple "recebo"	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0
Lote 2: 28 de 40	media	20.4	8.8	55.1	8.9	
	Desv. típica	0.4	0.5	0.9	0.3	
	Coef. variación	2.0	6.2	1.6	3.9	
	máximo	21.4	10.0	56.7	9.5	
	mínimo	19.7	7.8	53.6	8.2	
	% cumple "bellota"	95.7	95.7	91.3	95.7	87.0
	% cumple "recebo"	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0
	Lote 3: 23 de 23	media	21.1	9.1	53.5	9.0
Desv. típica		1.4	1.4	2.4	0.7	
Coef. variación		6.4	15.5	4.4	8.3	
máximo		23.1	11.3	56.7	9.7	
mínimo		19.2	7.5	49.4	7.5	
% cumple "bellota"		62.50	75.00	50.00	62.50	25.0
% cumple "recebo"		75.0	75.0	75.0	100.0	75.0
Lote 4: 8 de 9		media	21.1	9.1	53.5	9.0
	Desv. típica	1.4	1.4	2.4	0.7	
	Coef. variación	6.4	15.5	4.4	8.3	
	máximo	23.1	11.3	56.7	9.7	
	mínimo	19.2	7.5	49.4	7.5	
	% cumple "bellota"	62.50	75.00	50.00	62.50	25.0
	% cumple "recebo"	75.0	75.0	75.0	100.0	75.0

Se deduce que un ganadero que haya tenido los cerdos durante los seis meses anteriores a la montanera con un manejo clásico (aprovechamiento de rastrojeras, suministro de cereales y leguminosas, etc.), encontrará las máximas dificultades para alcanzar los perfiles de ácidos grasos que la norma exige, por mucha bellota que los animales consuman en la montanera. Esto ha quedado patente por lo sucedido al lote 4, cuya única diferencia con el lote 3 es no haber sido preparado en premontanera con un pienso especial alto oleico.

Concluimos que, para cumplir con los perfiles de ácidos grasos que exige la norma de calidad, lo más importante no es que los cerdos sean engordados con solo bellota en una montanera pura, lo primordial es facilitarles piensos preparados con productos de alto oleico antes de entrar en la citada montanera y rematarlos con piensos adecuadamente fabricados con materias primas especiales para conseguir el perfil de ácidos grasos que la norma establece. Hay más seguridad en obtener el perfil "bellota" con cerdos que consuman piensos especiales que aquellos animales cebados en montanera solo con bellotas. Y es prácticamente imposible que den categoría "bellota" si no van previamente preparados, antes de entrar en montanera, con piensos que lleven ingredientes de alto contenido en oleico. Por tanto ponemos en entredicho la validez de la analítica de los ácidos grasos para asignar categorías de calidad. Así lo ha considerado la Administración no exigiéndola a los ganaderos pertenecientes a las Denominaciones de Origen, que dan el máximo valor a las inspecciones en campo. Así debería ser para todos.

#### AGRADECIMIENTOS

Al INIA y fondos FEDER, Proyecto CAL02-025-C4-2, base de esta Comunicación.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Benito, J., Vázquez, C., Menaya, C., Ferrera, J.L., García, J.M. (1998). Solo Cerdo Ibérico 1, 93-101.
- De Pedro, E., Rodríguez, C., Núñez, N., Garrido, A., García, J., Diéguez, E., García, J. (2002). Solo Cerdo Ibérico 8, 7-16.
- Diéguez, E. (2003). Cárnica 2000 sept. 67-73
- Espárrago, F., Rueda, L., Cervini, M.L., Guijarro, J.L. (2005). Solo Cerdo Ibérico 15, 113-122.
- Molina, M.R., Cabeza de Vaca, J.F. (2005). Solo Cerdo Ibérico 13, 123-129.
- Porras, C. (2001). Ganadería 4, 25-26.

## VALORACIÓN SENSORIAL POR LOS CONSUMIDORES DE PALETAS PROCEDENTES DE CERDOS IBÉRICOS CON DISTINTOS MANEJOS

Pérez Almero, J.L., Porras Tejeiro, C.J., Brun Esquiliche, P., Casas Millán, C.  
IFAPA Centro Las Torres. Apdo. Oficial. 41200 Alcalá del Río (Sevilla)  
josel.perez.almero@juntadeandalucia.es

### INTRODUCCIÓN

En Porras Tejeiro *et al.* (2007) se presentan los resultados obtenidos en cuanto a perfiles de los ácidos grasos según lo estipulado en la norma de calidad, esto es, con la utilización de una sola muestra de grasa subcutánea para cada lote de animales en una primera parte y, en una segunda, cuantificando la variabilidad de los resultados analíticos al haber realizado los análisis individualmente y no de una mezcla. Al igual que otros autores (Benito *et al.*, 1999; Ventanas *et al.*, 2005, 2006), en este estudio intentamos averiguar si los consumidores son capaces de distinguir y de valorar las calidades de productos procedentes de cerdos ibéricos sometidos a diferentes tipos de manejo. Para ello usamos paletas de los cerdos estudiados en la Comunicación arriba reseñada.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Al no disponerse de finca experimental del propio Organismo, se ha realizado este estudio en una dehesa de 200 hectáreas de la Sierra Norte de Sevilla, cuyo propietario se prestó a colaborar. Dicha explotación disponía para la montanera 2003-2004 de 152 cerdos ibéricos puros, en régimen totalmente extensivo y nacidos en la propia finca. La composición de los lotes y su manejo alimenticio es el reflejado en el Cuadro 1, a saber: Lote 1, que consumió solo bellota; Lote 2, que además, tras la montanera, estuvo 42 días consumiendo pienso de cebeo; Lote 3, igual que el anterior pero con 70 días recibiendo y Lote 4, exactamente igual al 3, pero que en premontanera fue el único que consumió un pienso tradicional en lugar de uno preparado con productos alto oleico, como lo hicieron los lotes 1, 2 y 3.

Cuadro 1: Distribución y manejo de los lotes de cerdos ibéricos estudiados.

	Lote1	Lote2	Lote3	Lote4
Nº de cerdos /lote	80	40	23	9
Días premontanera	168	168	168	168
Pienso premontanera	P1	P1	P1	P2
Días montanera solo bellota	90	90	90	90
Días de cebeo	0	42	70	70
Pienso cebeo		P3	P3	P3
Fecha sacrificio	14/01/2004	25/02/2004	24/03/2004	24/03/2004
Peso sacrificio @	15,0	15,2	15,6	15,6

P1 Pienso alto oleico: cereales 72%, harina soja 14%, productos alto oleico 11% y corrector 3%

P2 Pienso tradicional: cereales 77%, harina soja 20% y corrector 3%

P3 Pienso cebeo: cereales 77%, leguminosas 15%, manteca de cerdo 5 % y corrector 3%.

Para la valoración sensorial de productos procedentes de los animales en estudio, se curaron un total de nueve paletas, tres del lote 1, tres del lote 2 y tres del lote 4. En el Cuadro 2 vienen las características de estas paletas.

Cuadro 2: Características de las paletas utilizadas en el análisis sensorial

Lote	paleta 1	paleta 2	paleta 3	paleta 4	paleta 5	paleta 6	paleta 7	paleta 8	paleta 9
Lote	4	1	2	4	1	2	4	1	2
Fecha sacrificio	24-3-04	14-1-04	25-2-04	24-3-04	14-1-04	25-2-04	24-3-04	14-1-04	25-2-04
Peso paleta (g)	6375	5100	5200	5265	5000	4700	5920	5000	4800
Maduración (meses)	26	28	27	26	28	27	26	28	27
Lugar curación	Aracena	Jabugo	Jabugo	Aracena	Jabugo	Jabugo	Aracena	Jabugo	Jabugo



La metodología empleada (Pérez Almero *et al.*, 2003, 2004a, 2004b; Porras *et al.*, 2005; 2005) ha sido la de cata ciega en familias, de forma individualizada por cada miembro de la misma. Las paletas fueron loncheadas y envasadas al vacío en bolsas de unos 50 g cada una. Cada bolsa llevaba una etiqueta con una letra diferente para cada paleta y numeradas siempre en el mismo orden de corte, para poder entregar a cada familia muestras procedentes de la misma zona de cada paleta. Para que al menos hubiese 3 paletas representando a cada lote, se hicieron 3 catas correlativas por el mismo grupo de 35-40 familias (105 a 132 catadores). En una primera cata se entregaron a cada familia participante una bolsa procedente de una primera paleta de cada lote 1, 2 y 4 y etiquetadas con las letras A, B y C y con el mismo número de orden de obtención. En una segunda cata se entregaron 3 muestras, etiquetas como D, E y F y en una tercera cata las muestras G, H e I procedentes respectivamente de la segunda y tercera paleta cada lote de manejo.

Cada catador de cada familia hizo una la valoración del aspecto visual, del aroma y del sabor, calificando entre un 0 al pésimo y un 9 al óptimo. Se ha calculado para cada uno de esos tres parámetros sensoriales el número de valoraciones, media de las mismas, desviación típica y coeficiente de variación para cada uno de los 3 lotes de manejo alimenticio comparados. Para ver la significación estadística entre lotes se ha aplicado un ANOVA y el test de Duncan.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el Cuadro 3 se exponen las calificaciones alcanzadas por las paletas estudiadas de los lotes 1, 2 y 4. Dichos datos proceden de 350 valoraciones para cada lote. En la valoración del aspecto visual, las paletas procedentes del lote 1 son significativamente mejor valoradas que las del lote 4. Las del lote 2 quedan en una situación intermedia y sin diferencias significativas (10 %) con las otras.

Cuadro 3 : Valoraciones sensoriales de las paletas estudiadas

Variable	lote	nº valoraciones	media	des. típica	coef. variación	SIG. 10% *
Aspecto visual	1	350	6,09	1,74	29	a
	2	349	6,04	1,74	29	a b
	4	350	5,83	1,89	32	b
	Total	1049	5,99	1,79	30	
Aroma	1	350	6,14	1,68	27	a
	2	350	5,88	1,79	30	b
	4	350	6,11	1,94	32	a
	Total	1050	6,05	1,81	30	
Sabor	1	350	6,73	1,66	25	a
	2	350	6,24	1,78	29	c
	4	350	6,49	1,87	29	b
	Total	1050	6,49	1,78	28	

\* No hay diferencias significativas al 10 % entre lotes que tengan igual letra.

La valoración del aroma del lote 2 es significativamente inferior a la de los otros dos lotes, entre los que no hay diferencias significativas. En la valoración del sabor sí hay diferencias significativas entre los tres lotes. El mejor valorado es el lote 1, seguido del lote 4 y el último lugar lo ocupa el lote 2. De lo anterior se deduce que, en los atributos más importantes (sabor y aroma), los consumidores han valorado más las paletas procedentes de cerdos que solo comieron bellotas (lote 1). La mejor valoración de las paletas del lote 4 respecto a las del lote 2, procedentes ambas de cerdos de recebo, podría deberse a la diferente alimentación en premontanera o al distinto lugar de curación.

En el Cuadro 4 puede observarse la falta de correspondencia entre las valoraciones de los consumidores y los perfiles de los ácidos grasos. El límite superior exigido por la norma para el palmítico (21 %), solo es superado por el lote 4, que sin embargo, es mejor valorado por los consumidores en aroma y sabor que el lote 2, que es el que tiene el valor de palmítico más bajo de todos. El esteárico tiene porcentajes muy parecidos en los tres lotes, por lo que lo obviaamos. El lote 2, con más oleico que los restantes lotes, es el peor valorado por los consumidores en aroma y sabor, incluso que el lote 4, que ni siquiera alcanza el mínimo exigido por la norma (54%). En cuanto al linoleico, el lote 1 presenta el porcentaje más desfavorable, lo cual no es óbice para alcanzar la puntuación máxima en los tres parámetros valorados.

**Cuadro 4 : Contenido en ácidos grasos frente a las valoraciones sensoriales**

	Lote1	Lote2	Lote4
% Palmítico (C16:0)	21,0	20,5	21,7
% Esteárico (C18:0)	9,8	9,6	9,7
% Oleico (C18:1)	54,4	55,4	53,9
% Linoleico (C18:2)	8,5	8,2	7,7
Nota media A. Visual	6,09	6,04	5,83
Nota media Aroma	6,14	5,88	6,11
Nota media Sabor	6,73	6,24	6,49

Ante la falta de correspondencia, en este ensayo, entre la analítica de ácidos grasos y las valoraciones sensoriales por los consumidores, creemos prudente, por un lado confirmarlo con más ensayos y por otro que se tome conciencia de que los perfiles de ácidos grasos no son tan determinantes para medir la calidad de los productos derivados del cerdo ibérico.

### **AGRADECIMIENTOS**

Al INIA y fondos FEDER, Proyecto CAL02-025-C4-2, base de esta Comunicación.

### **REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

- Benito, J., García, J.M., Ferrera, J.L. (1999). Solo Cerdo Ibérico 3, 13-18.
- Pérez Almero, J.L., Porras, C., Brun, P., Casas, C., Copete, J., Pérez, R. (2003). II Jornadas Ibéricas de Razas Autóctonas y sus Productos Tradicionales. Universidad de Sevilla.
- Pérez Almero, J.L., Porras, C., Brun, P., Casas, C., Copete, J., Pérez, R. (2004). Solo Cerdo Ibérico 13, 101-105.
- Pérez Almero, J.L., Porras, C., Brun, P., Casas, C., Copete, J., Pérez, R. (2004). Solo Cerdo Ibérico 13, 106-109.
- Porras, C. (2001). Ganadería 4, 25-26.
- Porras, C., Pérez Almero, J.L., Brun, P., Casas, C. (2005). Solo Cerdo Ibérico 15, 109-111.
- Porras, C., Pérez Almero, J.L., Brun, P., Casas, C. (2005). Solo Cerdo Ibérico 16, 71-75.
- Porras, C. (2007). XII Jornadas sobre Producción Animal (AIDA). En prensa.
- Ventanas, J., Tejeda, J.F., González, E., Estévez, M., Ventanas, S., Ruiz, J. (2005). Solo Cerdo Ibérico 15, 101-107.
- Ventanas, J. (2006). Solo Cerdo Ibérico 15, 85-89.
- Ventanas, J. (2006). VI Encuentro sobre porcino Ibérico". Sevilla 27 septiembre 2006.Caja de Ahorros El Monte.

## EFFECTO DEL SISTEMA DE ALIMENTACIÓN SOBRE EL PERFIL DE ÁCIDOS GRASOS DE LA GRASA SUBCUTÁNEA DE CERDOS IBÉRICOS DE PIENSO

Daza A.<sup>1\*</sup>, Álvarez D.<sup>1</sup>, Rey A.I.<sup>2</sup>, Olivares, A.<sup>2</sup>, Cordero G.<sup>2</sup>, López-Bote C.J.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Dpto. Producción Animal. ETSI Agrónomos. UPM. Ciudad Universitaria, 28040 Madrid

<sup>2</sup>Dpto. Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM. Ciudad Universitaria, 28040 Madrid. \*argimiro.daza@upm.es

### INTRODUCCIÓN

El perfil de ácidos grasos de la grasa subcutánea del cerdo Ibérico es un indicador de la calidad de la grasa (López-Bote, 2001) de manera que los cerdos que se acaban con pienso en estabulación tiene proporciones más elevadas de ácidos palmítico, esteárico y linoleico y más baja de ácido oleico que los cerdos que se acaban en montanera o mediante variadas fórmulas de recebo (Daza *et al.*, 2007a).

Con el fin de aproximar la composición en ácidos grasos de la grasa subcutánea e intramuscular de los cerdos cebados con pienso a la de los cerdos de montanera se viene utilizando, desde hace algunos años, la estrategia de incluir en el pienso materias primas ricas en ácido oleico (manteca de cerdo Ibérico, girasol alto oleico, colza, etc.) (López-Bote, 2001). Pero no conocemos que exista información que relacione el modo de suministrar el pienso a cerdos Ibéricos durante la fase de acabado sobre el perfil de ácidos grasos de la grasa subcutánea, por lo que el objetivo fundamental de este experimento ha sido estudiar la posible influencia del modelo de alimentación sobre el perfil de ácidos grasos de las capas externa, interna y subinterna de la grasa dorsal subcutánea de cerdos Ibéricos acabados con pienso en estabulación.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se han utilizado 24 cerdos Ibéricos, machos castrados, de la estirpe Torbiscal pertenecientes a la CIA “El Dehesón del Encinar” (Junta de Comunidades de Castilla la Mancha, Oropesa, Toledo). Los animales, previa corrección del efecto camada, se distribuyeron en tres grupos, constituidos cada uno por ocho cerdos, y se sometieron a tres modelos de alimentación, con un pienso único que incluía el 14% de girasol alto oleico y contenía 3200 kcal de EM/kg, 13% de proteína bruta y 0,6% de lisina, que respondían al diseño experimental previamente indicado en Daza *et al.* (2007c). Se realizaron dos biopsias, una al principio de la fase de acabado y otra 43 días después mediante una pistola checa provista de una cánula adaptable que permitió alcanzar la profundidad necesaria para la extracción de la grasa de las capas externa, interna y subinterna del tejido adiposo dorsal subcutáneo.

Después del sacrificio, una muestra de grasa dorsal subcutánea a nivel de la última costilla fue tomada de cada cerdo y posteriormente separada en las fracciones de capa externa, interna y subinterna para analizarlas separadamente. Las muestras de grasa obtenidas se conservaron a -20 °C hasta el análisis posterior en el laboratorio. Los lípidos de la grasa dorsal subcutánea se extrajeron según el método propuesto por Bligh y Dyer (1959). El análisis de los ácidos grasos se llevo a cabo mediante un cromatógrafo Hewlett-Packard 6890 equipado con un inyector de “split” (1/50), un detector de ionización de llama (FID) y una columna capilar Innowax con fase estacionaria polietilén-glicol Hewlett-Packard (30 m x 0,32 mm x 0,25µm). Los datos obtenidos fueron analizados mediante un análisis de varianza que consideró el modelo de alimentación como factor principal utilizando el procedimiento GLM del paquete estadístico SAS (1999). Se llevó a cabo un análisis de regresión simple con el fin de relacionar el efecto de la proporción inicial de ácidos grasos principales en la capa de grasa externa subcutánea sobre la variación de tales ácidos grasos durante el periodo de acabado.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El sistema de alimentación sólo tuvo influencia estadísticamente significativa ( $P < 0,05$ ) sobre la proporción de ácido esteárico (C18:0) y sobre la suma de ácidos grasos monoinsaturados (MONO) de las capas externa e interna de grasa subcutánea. Como puede observarse en la Tabla I el tratamiento 1 (2,5 kg de pienso al día durante 43 días y alimentación *ad libitum* durante 34 días) generó proporciones significativamente superiores de C18:0 en las capas externa e interna de grasa dorsal subcutánea que los tratamientos 2 y 3. En la capa externa se detectó mayor proporción total de MONO en los cerdos que recibieron el tratamiento 3 frente a los cerdos que recibieron el tratamiento 1 mientras que entre los tratamientos 2 y 3 no se evidenciaron diferencias significativas. Sin embargo, el tratamiento 2 (alimentación *ad libitum* durante 43 días y restringido a 2,5 kg al día durante 34 días) produjo una mayor proporción de MONO totales que el tratamiento 1 en la capa interna de grasa subcutánea, lo cual podría sugerir la existencia de diferencias de actividad enzimática entre las diferentes capas de grasa dorsal subcutánea. Parece, asimismo, que una reducción del nivel de alimentación al final del periodo de acabado (tratamiento 2) tiende a aumentar ( $P < 0,08$ ) la proporción de ácido oleico en la capa interna de grasa subcutánea y a reducir ( $P < 0,08$ ) la de linoléico (C18:3 n-3) en la capa subinterna.

Tabla I. Influencia del modelo de alimentación sobre el perfil de los ácidos grasos principales en la grasa subcutánea.

	Capa	Tratamientos			SEM	P<
		1	2	3		
C16 : 0	Externa	20,03	20,21	19,94	0,215	0,66
	Interna	21,74	21,87	22,40	0,256	0,17
	Subinterna	23,03	23,65	23,45	0,248	0,22
C18 : 0	Externa	9,91 <sup>a</sup>	9,06 <sup>b</sup>	8,98 <sup>b</sup>	0,209	0,008
	Interna	13,73 <sup>a</sup>	12,08 <sup>b</sup>	12,42 <sup>b</sup>	0,365	0,010
	Subinterna	14,02	13,38	12,60	0,476	0,13
C18 :1 n-9	Externa	49,05	49,82	50,10	0,403	0,18
	Interna	46,92	48,36	47,65	0,433	0,08
	Subinterna	46,83	46,57	46,93	0,364	0,77
C18 : 2 n-6	Externa	10,96	10,64	10,63	0,189	0,36
	Interna	9,12	8,62	8,64	0,180	0,10
	Subinterna	7,89	7,23	7,86	0,283	0,20
C18 : 3 n-3	Externa	0,65	0,64	0,62	0,016	0,30
	Interna	0,53	0,50	0,51	0,018	0,67
	Subinterna	0,46	0,40	0,47	0,020	0,078
Σ SAT	Externa	31,73	31,18	30,78	0,367	0,20
	Interna	37,20	35,66	36,67	0,550	0,19
	Subinterna	38,83	38,86	37,91	0,496	0,32
Σ MONO	Externa	55,24 <sup>a</sup>	56,13 <sup>ab</sup>	56,54 <sup>b</sup>	0,360	0,050
	Interna	52,04 <sup>a</sup>	54,06 <sup>b</sup>	53,14 <sup>ab</sup>	0,468	0,021
	Subinterna	51,94	52,65	52,89	0,500	0,39
Σ POLI	Externa	13,03	12,70	12,68	0,228	0,49
	Interna	10,75	10,19	10,18	0,222	0,14
	Subinterna	9,23	8,49	9,21	0,319	0,20

Medias con letras distintas difieren  $P < 0,05$ , 1= alimentación restringida inicial (2,5 kg durante 43 días y *ad libitum* hasta el sacrificio (77 días), 2 = alimentación *ad libitum* durante 43 días y restringida (2,5 kg) hasta el sacrificio (77 días), 3= alimentación constante (4 kg/día) durante 77 días, N (nº de cerdos/tratamiento) = 8.

De la Tabla I puede inferirse la existencia de un incremento de la saturación desde la capa externa a la subinterna de grasa subcutánea (C16:0. C18:0 y total de ácidos grasos saturados (SAT)) y un gradiente de insaturación positivo desde el centro de la canal (capa subinterna ) hacia la periferia (capa externa) (C18:1n-9, total de MONO, C18:2 n-6, C18:3 n-

3 y total de ácidos grasos poliinsaturados (POLI)), resultados que concuerdan con los encontrados por López-Bote *et al.* (2002).

En la Tabla II puede observarse cómo a medida que aumenta la proporción de ácidos grasos C16:0, C18:0, C18:2 n-6, n-6, n-3, total de SAT y total de POLI al principio del periodo de acabado la reducción de los mismos durante dicha fase se incrementa, mientras que conforme aumenta la proporción de C18:1 n-9 y del total de MONO se reduce el aumento experimentado por estos ácidos grasos durante el acabado resultados acordes con Daza *et al.* (2007b).

Tabla II. Ecuaciones de regresión entre la variación de las proporciones (Y en %) de los ácidos grasos principales de la capa externa subcutánea durante el periodo de acabado y la proporción inicial (X en %).

Variable	Ecuación de regresión	R <sup>2</sup>	RSD	P<
Esteárico (2)	Y = 4,1660 - 0,512817 X	0,35	0,69	0,0022
Palmitico (2)	Y = 11,4781 - 0,604983 X	0,68	0,42	0,0000
Oleico (1)	Y = 38,1461 - 0,710157 X	0,32	1,05	0,0039
Linoleico (2)	Y = 7,20855 - 0,843239 X	0,57	0,71	0,0000
SAT (2)	Y = 19,4381 - 0,658594 X	0,63	0,87	0,0000
MONO (1)	Y = 36,0489 - 0,571856 X	0,34	1,08	0,0029
POLI(2)	Y = 10,4046 - 0,960485 X	0,69	0,90	0,0000
N6(2)	Y = 7,46082 - 0,854545 X	0,57	0,73	0,0000

(1) aumento de la proporción durante la fase de acabado, (2) reducción durante la fase de acabado

SAT: total de ácidos grasos saturados; MONO: total de ácidos grasos monoinsaturados; POLI: total de ácidos grasos poliinsaturados.

Se concluye que la restricción del nivel de alimentación al principio o al final de periodo de acabado tiene poca influencia sobre la composición en ácidos grasos de la grasa dorsal subcutánea. Es interesante que los productores conozcan el perfil de ácidos grasos principales al comienzo de la fase de acabado ya que el perfil final de los mismos está estrechamente relacionado con el perfil inicial.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bligh, E.G., Dyer, W.J. (1959). *Can. J. Biochem. Phys.* 37, 911-917.
- Daza, A., Mateos, A., Rey, A.I., Ovejero, I., López-Bote, C.J. (2007a). *Meat Science* (in press).
- Daza, A., Rey, A.I., Menoyo, D., Bautista, J.M., Olivares, A., López-Bote, C.J. (2007b). *Animal Feed Science and Technology* (in press).
- Daza, A., Álvarez, D., Olivares, A., Cordero, G., Rey, A.I., López-Bote, C.J. (2007c). XII Jornadas sobre Producción Animal. Zaragoza. Mayo 2007.
- López-Bote, C.J. (2001). En: *Porcino Ibérico: Aspectos claves* 247-272 (C. Buxadé y A. Daza) Ed. Mundi Prensa.
- López-Bote, C.J., Isabel, B., Daza, A. (2002). *Animal Science* 75, 349-358.
- SAS. (1999). SAS Institute, Cary, NC, EEUU.

## **PREDICCIÓN DE LA PROPORCIÓN DE ÁCIDOS GRASOS PRINCIPALES EN LA CAPA EXTERNA DORSAL SUBCUTÁNEA DE CERDOS IBÉRICOS AL FINAL DE LA MONTANERA**

Daza A.<sup>1\*</sup>, Olivares A.<sup>2</sup>, Cordero G.<sup>2</sup>, López-Bote C.J.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Dpto. Producción Animal. ETSI Agrónomos. UPM. Ciudad Universitaria, 28040 Madrid

<sup>2</sup> Dpto. Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM. Ciudad Universitaria, 28040 Madrid. \*argimiro.daza@upm.es

### **INTRODUCCIÓN**

El precio de los cerdos Ibéricos al sacrificio depende de la proporción de los ácidos palmítico (C16:0), esteárico (C18:0), oleico (C18:1 n-9) y linoleico (C18:1 n-6) de la capa externa de grasa dorsal subcutánea (López-Bote *et al.*, 2001). Anualmente, la ASICI y el MAPA consensúan los valores de los citados ácidos grasos según las distintas calidades de mercado que observa la Norma de Calidad vigente desde 2001 (bellota, recebo y cebo) y la fecha de sacrificio de los animales. Las proporciones finales de los principales ácidos grasos aludidos dependen de un conjunto amplio de factores: tipo genético de los animales, sexo, sistema de alimentación adoptado durante el periodo de acabado, peso y edad de los animales al inicio de la montanera, duración de la montanera, peso repuesto por los cerdos durante la misma, etc.

La proporción de ácidos grasos de la capa externa dorsal subcutánea al comienzo de la montanera es una variable que depende del modelo de alimentación utilizado durante las fases de recría y de premontanera y tal proporción tiene una influencia relevante en el perfil final de los mismos (Daza *et al.*, 2005), por el que cobran los productores. Este aspecto de la producción porcina, sin duda de interés comercial, ha sido poco tratado en el ámbito de la investigación del porcino Ibérico, por lo que en el presente experimento se establecen unas ecuaciones de predicción, que relacionan la variación de los principales ácidos grasos (palmítico, esteárico, oleico y linoleico) de la capa externa dorsal subcutánea por kg de incremento de peso acontecido durante el periodo de montanera, con las proporciones iniciales de los mismos, con el fin de que los productores puedan estimar, según sean las proporciones iniciales de ácidos grasos al comienzo de la montanera, la reposición ponderal que deben tener los cerdos durante la misma para que respondan a la calidad coyuntural requerida por el mercado, a lograr mediante la proporción final en la capa externa de grasa dorsal subcutánea de los cuatro ácidos grasos principales.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

Se han utilizado un total de 54 cerdos Ibéricos, machos castrados, de la estirpe Torbiscal pertenecientes a la CIA "El Dehesón del Encinar" de la Junta de Comunidades de Castilla-La Mancha, Oropesa (Toledo), correspondientes a dos montaneras sucesivas (campañas 2002-2003 y 2003-2004), que durante los periodos de recría y premontanera (marzo-octubre) fueron alimentados con un pienso convencional de 3.000 kcal de EM por kg, 17% de PB y 0,8% de lisina, recibiendo como media 2,1 kg de pienso por día. Los cerdos se pesaron al comienzo y al final de la montanera y se recabaron muestras individuales de grasa dorsal subcutánea, en el sitio de la rabadilla, mediante biopsia realizada con pistola al inicio de la montanera y en el matadero después de concluida la misma. Las muestras de grasa obtenidas se conservaron a -20 °C hasta el análisis posterior de laboratorio. Los lípidos de la grasa dorsal subcutánea se extrajeron según el método propuesto por Bligh y Dyer (1959). El análisis de los ácidos grasos se llevo a cabo mediante un cromatógrafo Hewlett-Packard 6890 equipado con un inyector de split (1/50), un detector de ionización de llama (FID) y una columna capilar Innowax con fase estacionaria polietilen-glicol Hewlett-Packard (30 m x 0,32 mm x 0,25µm).

Se calcularon ecuaciones de regresión simple entre la proporción inicial (%) de ácidos grasos principales (X) y la variación de tales ácidos grasos (%) dividida por el aumento de peso en kg ocurrido durante la montanera (Y) mediante la ayuda del paquete estadístico SAS (1999). Diez cerdos de la montanera de la campaña de 2004-2005, también machos castrados, de la estirpe Torbiscal pertenecientes al mismo centro de investigación y tratados de la misma manera que los anteriores en lo referente a explotación y toma y análisis de muestras, fueron utilizados para la validación de las ecuaciones de regresión calculadas. La validación de las ecuaciones de regresión calculadas se llevó a cabo mediante un test "t" pareado y análisis de correlación entre los valores reales y los predichos.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las ecuaciones de regresión que relacionan las proporciones observadas de C16:0, C18:0, C18:1 n-9 y C18:2 n-6 al comienzo de la montanera (X) con la variación acontecida de tales ácidos grasos dividida por el aumento de peso vivo de los cerdos durante la montanera (Y) aparecen reflejadas en la Tabla 1. Las regresiones han sido significativas para los cuatro ácidos grasos estudiados ( $P < 0,05$ ). Los valores obtenidos de los coeficientes de determinación y errores estándar de la estimación han sido variables, según ácido graso, obteniéndose los valores más favorables de tales parámetros para el ácido linoleico y los más desfavorables para el oleico. Estos resultados concuerdan con los obtenidos por Daza *et al.* (2005), aunque en este experimento tales autores obtuvieron un coeficiente de determinación más elevado para el ácido oleico ( $R^2 = 0,46$ ).

Tabla 1. Ecuaciones de regresión entre la variación de las proporciones de los principales ácidos grasos en la capa externa de grasa subcutánea respecto al incremento de peso durante la montanera (Y) y la proporción de ácidos grasos al comienzo de la montanera (X).

Ácido graso	Ecuaciones de Regresión	R <sup>2</sup>	RSD	P<
C:16:0	$Y = (-0,458 \pm 0,0975) + (0,0245 \pm 0,00445) X$	0,47	0,023	0,0001
C18:0	$Y = (-0,276 \pm 0,0489) + (0,0299 \pm 0,00451) X$	0,56	0,019	0,0001
C18:1 n-9	$Y = (0,932 \pm 0,251) - (0,0164 \pm 0,00576) X$	0,20	0,061	0,022
C18:2 n-6	$Y = (-0,154 \pm 0,0142) + (0,0173 \pm 0,00112) X$	0,88	0,013	0,0001

R<sup>2</sup> = coeficiente de determinación, RSD = error estándar de la estimación. N = 56

La Tabla 2 muestra los resultados derivados del test t pareado y del análisis de correlación realizado para cada ácido graso. Tales resultados validan las ecuaciones de regresión calculadas, especialmente para los ácidos palmítico (C16:0) y linoleico (C18:2 n-6). Así, si las proporciones finales requeridas de C16:0, C18:0, C18:1 n-9 y C18:2 n-6 para los cerdos de bellota fueran del 21, 9,5, 54 y 9,5%, respectivamente, dado que las proporciones de C16:0, C18:0, C18:1 n-9 y C18:2 n-6 al comienzo de la montanera fueron 21,62, 10,57, 44,79 y 11,58% respectivamente, según las ecuaciones de la Tabla 1 el incremento de peso de los cerdos en montanera tendría que ser de 8,6, 26,8, 46,7 y 45,2 kg respectivamente, es decir, en definitiva, el valor más elevado de ellos (46,7 kg).

Tabla 2. Validación de las ecuaciones de regresión de la Tabla 1 mediante la utilización de los datos de una muestra de 10 cerdos de la campaña 2004-2005.

Ácido graso	Valores reales	Valores predichos	Diferencia	Valor de t	P	r	P<
C16:0	0,0969±0,040	0,0912±0,015	0,0057	0,57	>0,1	0,64	0,05
C18:0	0,0528±0,022	0,580±0,013	0,052	0,82	>0,1	0,45	NS
C18:1 n-9	0,243±0,0784	0,216±0,0301	0,027	1,29	>0,1	0,58	0,1
C18:2 n-6	0,0537±0,0466	0,0568±0,0335	0,0031	0,48	>0,1	0,93	0,001

r = coeficiente de correlación entre los valores reales y los predichos. N =10.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bligh E.G., Dyer W.J. (1959). A rapid method of total lipid extraction and purification Can. J. Biochem. Phys 37, 911-917.
- Daza, A., Mateos A., Rey A.I., López-Bote C.J. (2005). Feeding level in the period previous to the late fattening phase influences fat composition at slaughter in free-ranged Iberian pigs. Archives of Animal Nutrition 59, 227-236.
- Lopez Bote, C.J., Isabel B., Rey A.I. (2001). Alimentación del cerdo Ibérico en la Dehesa. En: Porcino Ibérico: Aspectos claves 215-246 (C. Buxadé y A. Daza) Ed. Mundi Prensa.
- SAS Institute (1999). Cary, NC, USA.



## **ESTUDIO DE LAS PROPIEDADES CONTRACTILES DEL MUSCULO TRICEPS BRAQUIAL DE TOROS DE LIDIA DE DIFERENTES ENCASTES**

<sup>1</sup>Bartolomé, D.J., <sup>1</sup>Alonso, M.E., <sup>2</sup>García, J.J., <sup>2</sup>Posado, R., <sup>3</sup>Picard, B., <sup>1</sup>Gaudioso, V.  
<sup>1</sup>Dpto. Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León, 24071 León  
<sup>2</sup>Centro de Investigación del Toro de Lidia, Pº de Canalejas, 77 2º A, 37001 Salamanca  
<sup>3</sup>INRA, Equipo C2M, Theix, 63122 Saint-Genès-Champanelle, Francia  
[dp2dbr@unileon.es](mailto:dp2dbr@unileon.es)

### **INTRODUCCIÓN**

El músculo esquelético es el eslabón final de una cadena funcional encargada de transformar la energía química de los nutrientes en energía cinética. Para ello, debe contraerse con la fuerza y velocidad requerida y transmitirla a los tendones para que realice la actividad deseada (Córdova y Navas, 2000). Sus características contráctiles y metabólicas están supeditadas a su funcionalidad, viéndose modificadas por factores de tan diversa índole como la genética, edad, rusticidad de la raza, alimentación, actividad física diaria o influencia hormonal (Micol y Picard, 1997; Cassar-Malek et al., 1998; Hocquette et al., 2000; Ortigues-Marty et al., 2002)

En las especies denominadas "atléticas" como el caballo, el perro o el camello, el estudio de la funcionalidad del músculo esquelético se ha realizado basándose en técnicas histoquímicas, bioquímicas y electroforéticas, que permiten caracterizar a los individuos en función del tipo de ejercicio para el que son más adecuados (Armstrong et al., 1982; Essén-Gustavsson y Lindholm, 1985). Sin embargo, a pesar del importante esfuerzo físico que los animales deben desarrollar durante la lidia, son muy escasas las incursiones científicas (Agüera et al., 1998, 2001; Picard et al., 2006) en la fisiología del ejercicio en esta raza. Por ello, el objetivo de este trabajo fue establecer los porcentajes de las diversas poblaciones fibrilares, esto es, I (lentas oxidativas), IIA (rápidas oxido-glicolíticas) y IIX (rápidas glicolíticas) en el músculo tríceps braquial del tercio anterior del toro bravo y, ya que el músculo tiene una fuerte determinación genética, comprobar la influencia del encaste al que pertenecen los animales sobre el porcentaje de cada uno de los tipos fibrilares antes descritos.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

Se obtuvieron biopsias musculares en los mataderos a los que eran trasladadas las reses una vez finalizado el espectáculo en la plaza de toros. Las muestras fueron troceadas e introducidas en crioviales que, inmediatamente, eran conservados en nitrógeno líquido a -196 °C. Posteriormente, fueron transportadas hasta el laboratorio del equipo Crecimiento y Metabolismo Muscular de la Unidad de Investigación sobre Herbívoros del INRA de Clermont-Ferrand (Francia), procediéndose a su análisis. Las isoformas de la cadena pesada de miosina (MyHC), indicativas de las propiedades contráctiles: MyHC I, IIA y IIX, fueron separadas en función de su peso molecular por electroforesis SDS-PAGE según el protocolo descrito por Picard et al. (1999) y cuantificadas por densitometría.

Se han estudiado un total de 131 toros de lidia, machos, con edades comprendidas entre 3 y 5 años, pertenecientes a catorce ganaderías y seis encastes diferentes, y lidiados en las plazas de Salamanca, Valladolid y Palencia. En la Tabla 1 se exponen las ganaderías muestreadas, agrupadas por su encaste de procedencia (según RD 60/2001, de 26 de enero, sobre prototipo racial de la raza bovina de lidia). Los resultados obtenidos se procesaron empleando el programa informático SPSS® versión 13.0 para Windows. Se consideraron significativas las diferencias con un valor de  $P < 0,05$ . Se aplicó el test de Newman-Keuls para estudiar los efectos de la ganadería, el encaste y la plaza.

Tabla 1. Encaste de procedencia de las ganaderías muestreadas.

Ganaderías	Encaste
VA, PSL, LB, AT	ATANASIO
CA, AS	MURUBE
DH, MO, EP, GJ,	DOMECQ
FU, GU	TORRESTRELLA
NU	NUÑEZ
MI	MIURA

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados medios, obtenidos de la separación por electroforesis SDS-PAGE, de las tres isoformas de MyHC presentes en el músculo de toro de lidia, expresados en porcentaje, son representados en las Tablas 2, 3 y 4.

Tabla 2. Resultados obtenidos por ganaderías.

Ganadería	Nº animales	IIX	IIA	I
VA	19	5.27 ± 2.00 <b>b</b>	75.28 ± 2.56 <b>abc</b>	19.46 ± 2.7 <b>ab</b>
PSL	16	2.99 ± 1.06 <b>b</b>	79.01 ± 1.56 <b>ab</b>	18.00 ± 2.06 <b>ab</b>
CA	14	8.26 ± 3.18 <b>b</b>	80.36 ± 2.48 <b>ab</b>	11.38 ± 1.60 <b>b</b>
DH	13	5.70 ± 2.05 <b>b</b>	81.01 ± 3.23 <b>ab</b>	13.29 ± 2.04 <b>b</b>
FU	12	5.95 ± 1.33 <b>b</b>	74.04 ± 2.28 <b>abc</b>	20.01 ± 2.07 <b>ab</b>
MO	8	20.46 ± 6.84 <b>a</b>	65.42 ± 6.55 <b>bc</b>	14.12 ± 1.17 <b>b</b>
NU	7	3.00 ± 0.93 <b>b</b>	82.65 ± 1.75 <b>a</b>	14.35 ± 2.05 <b>b</b>
EP	6	8.97 ± 2.90 <b>b</b>	72.46 ± 2.85 <b>abc</b>	18.57 ± 3.43 <b>ab</b>
AS	6	6.57 ± 1.32 <b>b</b>	77.00 ± 1.62 <b>abc</b>	16.43 ± 1.76 <b>b</b>
GU	6	4.82 ± 1.32 <b>b</b>	74.56 ± 2.88 <b>abc</b>	20.62 ± 2.79 <b>ab</b>
LB	6	6.76 ± 2.73 <b>b</b>	63.07 ± 1.92 <b>c</b>	30.17 ± 2.65 <b>a</b>
MI	6	2.29 ± 1.97 <b>b</b>	77.01 ± 4.69 <b>abc</b>	20.7 ± 3.96 <b>ab</b>
AT	6	1.06 ± 0.42 <b>b</b>	81.96 ± 3.42 <b>a</b>	16.99 ± 3.39 <b>b</b>
GJ	6	8.23 ± 3.97 <b>b</b>	68.48 ± 3.54 <b>abc</b>	23.29 ± 3.04 <b>ab</b>
Efecto ganadería	-	<b>0,0047</b>	<b>0,0007</b>	<b>0,0013</b>

<sup>1</sup>**abc**: letras distintas representan diferencias significativas dentro de cada columna

Los resultados referentes al porcentaje de fibras oxidativas coinciden con los apuntados por Picard et al. (2006), pero se alejan de los señalados por Agüera et al. (2001) y Martínez Gomariz et al. (1997). Altos porcentajes de dichas fibras indican una buena adaptación para la realización de ejercicios prolongados de baja intensidad. No obstante, la lidia es una actividad intermitente que requiere un importante desarrollo de esfuerzo en momentos variados. Por ello, podría sugerirse la intervención de las fibras IIX durante la lidia, población fibrilar con escasa representación en el músculo del toro bravo. Existe un importante efecto de la ganadería de origen sobre el porcentaje de cada uno de los tipos de fibras, así como, también, diferencias significativas entre las ganaderías muestreadas, aún perteneciendo al mismo encaste.

Tabla 3. Resultados obtenidos por encastes.

Encaste	Nº animales	IIX	IIA	I
ATANASIO	47	4.15 ± 0.97	75.84 ± 1.47	20.01 ± 1.49
MURUBE	20	7.75 ± 2.24	79.35 ± 1.81	12.90 ± 1.32
DOMECQ	33	10.33 ± 2.21	73.4 ± 2.40	16.27 ± 1.32
TORRESTRELLA	18	5.57 ± 0.98	74.21 ± 1.75	20.22 ± 1.62
NUÑEZ	7	3 ± 0.93	82.65 ± 1.75	14.35 ± 2.05
MIURA	6	2.29 ± 1.97	77.01 ± 4.69	20.70 ± 3.96
Efecto encaste	-	0,0295	0,1941	0,0154

Tabla 4. Resultados obtenidos por plazas.

Plaza de Toros	Nº animales	IIX	IIA	I
VALLADOLID	54	5.84 ± 1.39	76.51 ± 1.43	17.66 ± 0.91
PALENCIA	30	4.52 ± 1.21	75.01 ± 1.97	20.47 ± 1.46
SALAMANCA	47	7.98 ± 1.26	75.93 ± 1.56	16.09 ± 1.55
Efecto plaza	-	0,2287	0,8257	0,0959

El encaste de procedencia y la plaza donde se lidiaron las reses no tuvieron efectos significativos sobre el porcentaje de cada uno de los tipos fibrilares del músculo.

En las ganaderías de lidia no existen pautas de manejo estandarizadas referentes a la preparación del toro para la lidia. Así, cada ganadero, durante el último año de estancia del toro en su explotación, realiza aquellas prácticas de manejo, referentes sobretudo a alimentación y entrenamiento físico, que, según su criterio, considera más adecuadas para obtener un toro apto para soportar el esfuerzo requerido durante la lidia.

Los resultados obtenidos parecen indicar que las diferencias existentes en cuanto al manejo de la alimentación y el ejercicio físico de los animales en las ganaderías de lidia, tendrían más influencia sobre el porcentaje final de cada uno de los diferentes tipos de fibras musculares que el encaste de procedencia.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agüera, E.I., Rubio, M.D., Vivo, D., Escribano, B., Muñoz, A., Villafuerte, J.L., Castejón, F. (1998). Adaptaciones fisiológicas a la lidia en el toro bravo. Parámetros plasmáticos y musculares. *Vet. Mex.* 29(4), 399-403.
- Agüera, E.I., Muñoz, A., Castejón, F.M., Essén-Gustavsson, B. (2001). Skeletal muscle fibre characteristics in young and old bulls and metabolic response alter a bullfight. *J. Vet. Med. A* 48, 313-319.
- Armstrong, R.B., Saubert IV, C.W., Seeherman, H.J., Taylor, C.R. (1982). Distribution of fiber types in locomotory muscles of dogs. *Am. J. Anat.* 163, 87-98.
- Cassar-Malek, I., Listrat, A., Picard, B. (1998). Contrôle hormonal des caractéristiques des fibres musculaires après la naissance. *INRA Prod. Anim.* 11, 34-45.
- Córdova, A.; Navas, F. (2000). Fisiología deportiva. Editorial Gymnos. Madrid. 227 pp.
- Essén-Gustavsson, B., Lindholm, A. (1985). Muscle fibre characteristics of active and inactive Standardbred horses. *Equine vet. J.* 17(6), 434-438.
- Hocquette, J.F., Ortigues-Marty, I., Damon, M., Herpin, P., Geay, Y. (2000) Régulation nutritionnelle et hormonale du métabolisme énergétique des muscles squelettiques des animaux producteurs de viande. *INRA Prod. Anim.* 13, 185-200.
- Martínez Gomariz, J.M., Vázquez, J.M., Moreno, F., Gil, F., Ramírez Zarzosa, G., Latorre, R., Albors, O. (1997). Tipos de fibras en el músculo esquelético del toro de lidia (*Bos taurus ibericus*). Estudio histoquímico y morfométrico. *Anales de la facultad de Veterinaria de Murcia* 13-14, 35-44.
- Micol, D., Picard, B. (1997). Production de viande bovine à l'herbe et qualité. *Fourrages* 152, 417-428.
- Ortigues-Marty, I., Jurie, C., Hocquette, J.F., Picard, B., Cassar-Malek, I., Listrat, A., Jailler, R., Bauchart, D., Dozias, D., Micol, D. (2002). The use of principal component analysis (PCA) to characterize beef steers. In: "Multi-Function grasslands. Quality forages, animal products and landscapes", Durand J.L., Emile J.C., Huyghe C, Lemaire C. (Ed.) 2002. EGF, Volume 7, pages 584-585, *Grassland Science in Europe*.
- Picard, B., Barboiron, C., Duris, M.P., Gagnire, H., Jurie, C., Geay, Y. (1999). Electrophoretic separation of bovine muscle myosin heavy chain isoforms. *Meat Sci.* 53, 1-7.
- Picard, B., Santé-Lhoutellier, V., Ameslant, C., Micol, D., Boissy, A., Hocquette, J.F., Compan, H., Durand, D. (2006). Caractéristiques physiologiques de taureaux de la race Brave à l'issue de la corrida. *Revue Méd. Vét.* 157 (5), 293-301.

## ASOCIACIÓN ENTRE FACTORES PRE-SACRIFICIO Y LA FRECUENCIA DE EXPURGOS EN LA CANAL DE TERNEROS DE CEBO

N. Mach<sup>1\*</sup>, A. Bach<sup>2,1</sup>, A. Velarde<sup>3</sup>, M. Devant<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Grupo de Alimentación, Manejo y Bienestar Animal, IRTA-Unitat de Remugants, 08140 Barcelona. \*[nuria.mach@irta.es](mailto:nuria.mach@irta.es)

<sup>2</sup> ICREA (Institució Catalana de Recerca i Estudis Avançats), 08010 Barcelona.

<sup>3</sup> Grupo de Bienestar Animal. IRTA-Monells, 17121 Girona.

### INTRODUCCIÓN

Actualmente, los expurgos en la canal de ternero representan un impacto económico importante debido a la pérdida de partes nobles, al coste adicional de retirada de los expurgos y a la consecuente devaluación de la canal. Algunos estudios han demostrado que los expurgos pueden reducirse mediante buenas prácticas de manejo (Nanni Costa *et al.*, 2006), que abarcan desde unas adecuadas instalaciones en granja (Nanni Costa *et al.*, 2006), hasta una adecuada densidad de animales durante el transporte (Eldridge y Winfield, 1988) y un tiempo de espera en matadero óptimo (McNally y Warriss, 1996; Honkavaara *et al.*, 2003). No obstante, no hay ningún estudio que describa el efecto de la interacción entre estos factores presacrificio sobre la incidencia de expurgos en la canal. El objetivo del presente estudio fue evaluar el efecto de variables relacionadas con el animal, la granja, el transporte y el manejo en matadero, así como sus interacciones, sobre la presencia de expurgos en las canales.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Catorce variables pre-sacrificio de 3.864 terneros de cebo ( $341 \pm 49$  d de edad) procedentes de 181 granjas diferentes fueron registradas durante tres períodos (primavera, verano e invierno). Los expurgos retirados de la canal se evaluaron a las 24 h *post-mortem*. Después de un procedimiento de selección de variables, se utilizó un modelo mixto de regresión logística con 8 variables (1 aleatoria y 7 fijas), para evaluar el efecto de los diferentes factores pre-sacrificio y sus interacciones sobre la frecuencia de expurgos en la canal. Las variables del modelo fueron el camión, cómo efecto aleatorio y el sexo del animal, la mezcla de más de una granja en el camión, la densidad animal en el camión, la distancia recorrida desde la granja al matadero, las horas de espera en el matadero, la densidad animal en el matadero y el peso canal de los animales, como efectos fijos.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La incidencia media de expurgos en la canal fue de 2.43% y la frecuencia de expurgos en función de las diferentes variables estudiadas se presentan en la Tabla 1. Los resultados de la regresión logística indicaron que la frecuencia de expurgos de la canal en hembras fue 56% menor ( $P < 0.001$ ) que en machos (Odds Ratio (OR)= 0.44), contrariamente a los resultados observados por Yeh *et al.* (1978). La densidad de los animales en el camión afectó ( $P < 0.01$ ) la frecuencia de expurgos en la canal; al aumentar la densidad por encima de 1.29 m<sup>2</sup> por animal disminuyó la presencia de expurgos en un 56% (OR = 0.44). Estos resultados coinciden con los obtenidos por Eldridge y Winfield (1988), que obtuvieron un 50% de reducción de expurgos en la canal cuando aumentaron la densidad a 1.39 los m<sup>2</sup> por animal en el camión. Sorprendentemente, el transportar animales de diferentes granjas

en el mismo camión disminuyó ( $P < 0.01$ ) la presencia de expurgos en la canal (Odds Ratio= 0.54), probablemente porque en estos casos el 80% de los camiones mantuvieron los animales separados en diferentes compartimientos. Sin embargo, la distancia recorrida desde la granja al matadero no tuvo ningún efecto, tal y como anteriormente habían descrito Honkavaara *et al.* (2003) y Wythes *et al.* (1985).

En el matadero, la densidad animal en las cuadras no afectó la presencia de expurgos, pero sí las horas de espera antes del sacrificio ( $P = 0.05$ ). Cuando los terneros esperaron más de 11 horas esperando en mataderos antes del sacrificio, la frecuencia de expurgos en la canal se redujo, al contrario de lo descrito por McNally y Warriss (1996). Además, el peso canal de los animales tuvo un efecto importante ( $P < 0.001$ ) sobre la frecuencia de expurgos en la canal, siendo hasta un 63% superior en los animales de pesos inferiores a 222.5 kg. Ninguna de las interacciones entre los factores principales afectó significativamente la presencia de expurgos. A pesar del número de datos del presente estudio y el efecto estadísticamente significativo de varios factores pre-sacrificio, la totalidad de la variabilidad de la presencia de expurgos explicada por el modelo de regresión logística, realizada con todos los factores que afectaban estadísticamente la incidencia de expurgos, tan sólo fue del 13%.

Podemos concluir que la incidencia de expurgos en la canal fue de 2.43%, representando un impacto económico importante en las industrias cárnicas españolas. Factores como el sexo del animal, la densidad animal en el camión, la mezcla de animales de diferentes granjas en el mismo camión, las horas de espera antes del sacrificio y el peso de la canal, afectaron significativamente la presencia de expurgos en la canal. Sin embargo, el conjunto de variables estudiadas sólo explicaron el 13% del total de la variación observada en la incidencia de expurgos, dificultando proponer recomendaciones prácticas para mejorar la calidad de la canal y disminuir las pérdidas económicas.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Eldridge, G. A., y C. G. Winfield. (1988). The behaviour and bruising of cattle during transport at different space allowances. *Aust. J. Exp. Agric.* 28(6), 695-698.
- Honkavaara, M., E. Rintasalo, J. Ylonen, y T. Pudas. (2003). Meat quality and transport stress of cattle. *Dtsch Tierarztl Wochenschr* 110 (3), 125-128.
- McNally, P. W., y P. D. Warriss. 1996. Recent bruising in cattle at abattoirs. *Vet. Rec.* 138 (6), 126-128.
- Nanni Costa, L., D. P. Lo Fiego, F. Tassone, y V. Russo. (2006). The relationship between carcass bruising in bulls and behaviour observed during pre-slaughter phases. *Vet. Res. Communications*, 30 (Suppl.1).
- Wythes, J. R., R. K. Kaus, y G. A. Newman. (1985). Bruising in beef cattle slaughtered at an abattoir in southern Queensland. *Aust. J. Exp. Agric.* 25(4), 127-733.
- Yeh, E., B. Anderson, P. N. Jones, F. D. Shaw. (1978). Bruising in cattle transported over long distances. *Vet. Rec.* 103 (6), 117-119.

Tabla 1. Relación entre las variables estudiadas y la frecuencia de expurgos en la canal

Variables	Total de observaciones	Expurgos	Frecuencia (%)
Animal			
Sexo			
Macho	2467	75	3.04
Hebra	1383	19	1.37
Raza			
Holstein	1518	57	3.75
Otras	2346	37	1.58
Transporte			
Más de una granja en el camión			
No	1786	53	2.97
Si	1637	27	1.65
Más de un sexo en el camión			
No	2582	62	2.40
Si	803	17	2.12
Distancia (km)			
<100	882	16	1.81
100-135	819	26	3.17
135-150	788	25	3.17
>150	880	24	2.73
Densidad animal (m <sup>2</sup> / animal)			
<1.29	713	25	3.51
>1.29	633	10	1.58
Duración (h)			
< 2.1	357	7	1.96
2.1-2.75	328	1	0.30
2.75-3.45	505	20	3.96
>3.45	376	8	2.13
Matadero			
Hora de llegada (h)			
0700-1800	1589	32	2.01
1900-0600	2260	62	2.74
Densidad animal (m <sup>2</sup> / animal)			
1.80-2.70	930	20	2.15
2.70-3.27	1019	31	3.04
3.27-3.85	953	22	2.31
>3.85	889	19	2.14
Horas de espera (h)			
<8.16	1004	26	2.59
8.16-11.86	943	34	3.61
11.86-15.80	960	17	1.77
>15.80	957	17	1.78
Características de la canal			
pH <sub>24</sub> de la canal			
pH < 5.8	3357	77	2.29
pH ≥ 5.8	507	17	3.35
pH < 6.0	3699	86	2.32
pH ≥ 6.0	165	8	4.85
Conformación	3847		
P	70	13	18.57
O	1770	50	2.82
R	1749	26	1.49
U	246	2	0.81
E	12	0	0.00
Engrasamiento de la canal	3847		
1	27	3	11.11
2	772	336	4.66
3	3048	52	1.71
Peso canal caliente (kg)	3862		
<222.5	1035	44	4.25
222.5-245	1021	17	1.67
245-269.5	918	18	1.96
>269.5	888	15	1.69

## **ANÁLISIS SENSORIAL DE TRES TIPOS DE CARNE DE VACUNO POR UN PANEL DE CONSUMIDORES**

Indurain, G.<sup>1</sup>, Beriain, M. J.<sup>1\*</sup>, Insausti, K.<sup>2</sup>, Sarriés, V.<sup>1</sup>  
 E.T.S. Ingenieros Agrónomos, Dpto. Ciencias del Medio Natural<sup>1</sup>; Dpto. Producción Agraria<sup>2</sup>.  
 Universidad Pública de Navarra, Campus de Arrosadía s/n, 31006 Pamplona  
 \*mjberiaín@unavarra.es

### **INTRODUCCIÓN**

El sabor, la jugosidad y la ternereza son los principales atributos que determinan la aceptabilidad sensorial de la carne de vacuno por el consumidor (Boleman *et al.*, 1997). Un estudio realizado sobre las características de consumo de carne por parte de los consumidores europeos (Dransfield *et al.*, 1984) concluyó que la dureza es el factor crítico en la apreciación de la calidad de la carne de vacuno y que el sabor puede llegar a ser importante sólo cuando se ha alcanzado un cierto umbral de ternereza. Además, se ha demostrado que los consumidores están dispuestos a pagar un sobreprecio por aquellas carnes que tengan una ternereza garantizada (Shackelford *et al.*, 2001).

El sector del ganado vacuno de carne en España se ha enfrentado en los últimos años a no pocos problemas originados por la idea de que es un producto de baja calidad, duro y potencialmente peligroso. Para corregir esta imagen e incrementar el consumo actual de carne de vacuno (11,5 kg/habitante/año, Faostat, 2007), se han realizado una serie de mejoras en el sector, como el desarrollo de marcas de calidad con sus correspondientes reglamentos, el mantenimiento de una base genética estable, la utilización de materias primas de calidad o el control del proceso de pre y post-sacrificio. Sin embargo, sigue siendo necesario diferenciar y garantizar la calidad de la carne en el momento del consumo, de acuerdo a las expectativas del consumidor. El objetivo del presente trabajo fue comparar con un panel de consumidores la textura, el aroma y el sabor de tres tipos de carne de vacuno: carne de ternera madurada 4 días, carne de ternera madurada 7 días y carne de vacuno mayor madurada 3 semanas.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

Se realizó una cata de carne de vacuno entre 23 consumidores. Estos consumidores se presentaron voluntariamente en respuesta a un anuncio publicado en prensa. A los catadores se les dio a evaluar muestras del músculo *longissimus dorsi* de tres tipos de carne de vacuno: carne de ternera madurada 4 días, carne de ternera madurada 7 días y carne de vacuno mayor madurada 3 semanas. Se les explicaron las características productivas y sensoriales de los distintos tipos de carne de vacuno que pueden encontrar en el mercado, así como una definición de los atributos que determinan la calidad organoléptica de la carne de vacuno. También se les instruyó en la manera de realizar una cata de productos cárnicos. La carne de vacuno procedía de animales de raza Limusina y estaba amparada por la IGP "Ternera de Navarra". Los filetes (25mm de grosor) fueron cocinados a la plancha hasta alcanzar una temperatura interna de 70C°.

Los catadores degustaron los tres tipos de carne en el siguiente orden: ternera madurada 4 días, ternera madurada 7 días y vacuno mayor. Los catadores evaluaron el olor, la jugosidad, la dureza, el sabor, la grasosidad y la aceptabilidad general en una escala hedónica de cinco puntos, siendo el extremo izquierdo "me desagrada mucho" y el extremo derecho "me gusta mucho". Para el tratamiento estadístico de los datos se ha empleado el programa SPSS versión 12.0. El modelo lineal general, utilizando el tipo de carne como factor fijo, la correlación de Pearson y el análisis factorial utilizando el análisis de componentes principales, fueron empleados para comprobar cuáles de las variables sensoriales contribuyen a la diferenciación entre tipos de carne.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Tabla 1 muestra las diferencias existentes entre los tres tipos de carne en su valoración sensorial. La carne de ternera fue mejor valorada en el olor, jugosidad, dureza y aceptabilidad general que la carne de vacuno mayor. También la carne de ternera madurada 7 días tuvo mejor nota de grasosidad que la carne de vacuno mayor. Aunque la carne de vacuno mayor experimentó una maduración más larga, no presentó mejor valoración de las propiedades de textura. Esto podría relacionarse con el mayor contenido en colágeno de los animales de mayor edad y su menor solubilidad (McCornick, 1994), por lo que hacen falta periodos de maduración largos, más de 3 semanas, para que comience un proceso de degradación del mismo (Campo *et al.*, 2000). Aunque sería esperable un mayor engrasamiento en aquellos animales de mayor edad, esto no parece que haya ocurrido en el presente trabajo, por lo que la similar o inferior grasosidad de las muestras de vacuno mayor, tampoco contribuiría a mejorar su textura y dureza en comparación con los animales más jóvenes. El peor olor de la carne de vacuno mayor pudo deberse a su mayor tiempo de maduración (Jeremiah *et al.*, 1991), aunque este peor olor no coincidió con notas de sabor significativamente peores. La ausencia de diferencias entre los dos tipos de ternera, tanto en los parámetros de textura como de aroma y sabor, se deberían a la escasa diferencia en el tiempo de maduración, ya que los principales cambios en el aroma, el sabor y la textura ocurrieron alrededor del cuarto día de maduración (Gorraiz *et al.*, 2002; Goñi *et al.*, 2007), siendo necesarios periodos más largos para que comiencen a darse procesos significativos que modifiquen el aroma, el sabor y la textura (Jeremiah *et al.*, 1991; Campo *et al.*, 2000).

Tabla 1. Medias mínimo cuadráticas y error estándar obtenidos para los parámetros sensoriales: olor, jugosidad, dureza, sabor, grasosidad y aceptabilidad general de la carne de vacuno.

	1	2	3	n
Olor	4,304 (0,178)a	4,318 (0,182)a	3,435 (0,178)b	***
Jugosidad	4,522 (0,156)a	4,227 (0,160)a	3,727 (0,160)b	**
Dureza	4,375 (0,158)a	4,458 (0,158)a	3,583 (0,158)b	***
Sabor	4,500 (0,148)	4,417 (0,148)	4,000 (0,151)	ns
Grasosidad	3,737 (0,232)ab	4,238 (0,220)b	3,435 (0,210)a	*
Aceptabilidad	4,591 (0,176)a	4,545 (0,176)a	3,870 (0,172)b	**

Comparación entre tipos de carne de vacuno: letras iguales  $p > 0,05$ ; letras diferentes  $p \leq 0,05$ . Significación: \*:  $p \leq 0,05$ ; \*\*:  $p \leq 0,01$ ; \*\*\*:  $p \leq 0,001$ ; ns:  $p > 0,05$ .

El olor, la jugosidad y la ternera serían las variables que más influirían en aceptabilidad general de la carne de vacuno (Tabla 2). El primer componente principal extraído del análisis factorial explicó casi el 65% de la variabilidad total obtenida y estuvo positivamente relacionado con la evaluación hedónica de las muestras de vacuno (Tabla 3). Sin embargo, la Figura 1 muestra que dicho factor no separó claramente los distintos tipos de carne, aunque de nuevo, el olor, la jugosidad y la ternera parecen contribuir de forma destacada a la diferenciación de los tipos de carne de vacuno.

Tabla 2. Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables sensoriales evaluadas por el panel de consumidores.

	Jugosidad	Terneza	Sabor	Grasosidad	Aceptabilidad general
olor	0,735(***)	0,526(***)	0,477(***)	0,636(***)	0,790(***)
jugosidad		0,615(***)	0,561(***)	0,425(***)	0,718(***)
terneza			0,437(***)	0,347(**)	0,699(***)
sabor				0,243	0,557(***)
grasosidad					0,584(***)

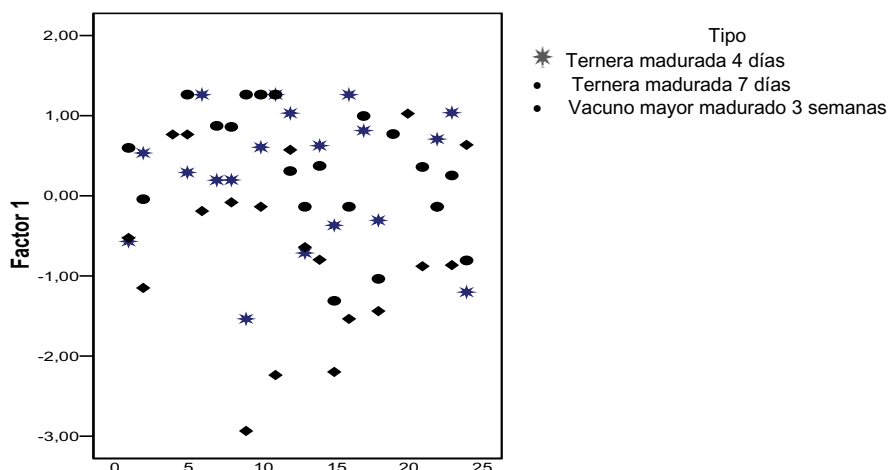
\*\* : correlación a nivel del 0,01 (bilateral); \*\*\*: correlación a nivel de 0,001 (bilateral)



Tabla 3. Coeficientes de correlación entre el factor rotado obtenido del análisis por componentes principales de las variables sensoriales evaluadas por un panel de consumidores.

	Componente1
Olor	0,871
Jugosidad	0,856
Terneza	0,758
Sabor	0,682
Grasosidad	0,673
Aceptabilidad general	0,930

Figura 1. Diagrama de dispersión de los tipos de carne de vacuno en el espacio unidimensional formado por el factor 1 obtenido por análisis de componentes principales de las variables sensoriales evaluadas por un panel de consumidores



Como conclusión, puede afirmarse que los consumidores prefieren la carne de ternera que la de vacuno mayor, siendo el olor, la textura y la jugosidad las variables que más diferenciaron la carne de ternera de la de vacuno mayor.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Boleman, S.J., Boleman, S.L., Miller, R.K., Taylor, J.F., Cross, H.R., Wheeler, T.L., Koohmarie, M., Shackeldord, S.D., Miller, M.F., West, R.L., Jonson, D.D., Savell, J.W. (1997). *Journal of Animal Science* 75, 1521-1524
- Campo, M.M., Santolaria, P., Sañudo, C., Lepetit, J., Olleta, J.L. (2000). *Meat Science* 55, 371-378
- Dransfield, E. (1984). *Tenderness of meat poultry and fish in: Quality attributes and their measurements in meat, poultry and fish products*. Blackie Academic & Professional. Londres, RU. pp: 289-231
- Faostat (Fao Statistics) (2007). <http://faostat.fao.org> (consulta, 5 de febrero de 2007)
- Goñi, V., Beriain, M.J., Indurain, G., Insausti, K. (2007). *Meat Science* 76, 38-45
- Jeremiah, L.E., Greer, G.G., Gibson, L.L. (1991). *Journal of Muscle Foods* 2, 191-231.
- McCornick, R. (1994). *Meat Science* 36, 79-91
- Shackelford, S.D., Wheeler, T.L., Meade, M.K., Reagan, J.O., Byrnes, B.L., Koohmarie, M. (2001). *Journal of Animal Science* 79, 2605-2614

## APLICACIÓN DE LA TECNOLOGÍA NIRS PARA ESTIMAR PARÁMETROS FÍSICOS INDICATIVOS DE LA CALIDAD DE LA CARNE DE VACUNO

N. Prieto<sup>1\*</sup>, S. Andrés<sup>2,3</sup>, F.J. Giráldez<sup>1,3</sup>, A.R. Mantecón<sup>1,3</sup>, P. Lavín<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> Estación Agrícola Experimental. CSIC. Finca Marzanas, 24346 Grulleros, León  
[\\*n.prieto@eae.csic.es](mailto:n.prieto@eae.csic.es)

<sup>2</sup> Departamento de Producción Animal, Universidad de León, E-24071 León

<sup>3</sup> Unidad Asociada al CSIC del Grupo de Nutrición-Practicultura del Dpto. Producción Animal de la Universidad de León a través de la Estación Agrícola Experimental de León

### INTRODUCCIÓN

La carne se caracteriza por un alto grado de heterogeneidad ya que puede verse influenciada por múltiples factores que afectan al pH, al color, a la capacidad de retención de agua y a la dureza, determinantes primarios de su calidad (Kinsman *et al.*, 1994). Esta variabilidad en las características físicas de la carne supone un problema en el momento de la comercialización (Dransfield, 1994), ocasionando al consumidor una cierta incertidumbre sobre la calidad de la misma. Por ello, es recomendable establecer programas basados en la evaluación y control de las características de la carne que aseguren su calidad y homogeneidad (Leroy *et al.*, 2003). Estas características pueden ser valoradas mediante diferentes pruebas analíticas (Grau y Hamm, 1953; Hönikel, 1998) que requieren una gran cantidad de material y de tiempo por lo que, en general, resultan costosas e inadecuadas para su aplicación rutinaria y a tiempo real (on-line) (Liu *et al.*, 2004). Ante esta situación, sería muy útil el desarrollo de técnicas alternativas, más rápidas y menos costosas, que puedan aplicarse sobre la carne fresca. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la capacidad de la tecnología Espectroscopia de infrarrojo Cercano (NIRS) para estimar parámetros físicos indicativos de la calidad de la carne de bueyes y de terneros.

### MATERIAL Y MÉTODOS

En el presente estudio se emplearon muestras de carne procedentes de un total de 53 bueyes y 67 terneros, comercializados ambos tipos de animales bajo la marca de calidad "Valles del Esla". Una vez sacrificados dichos animales, las canales se mantuvieron en refrigeración a 2° C durante 3 días en el caso de los terneros, y durante 7 días en el caso de los bueyes. Transcurrido este periodo de tiempo, de la media canal izquierda se extrajeron las chuletas correspondientes a la región comprendida entre la 5ª y 7ª costilla. A continuación, se separó la 6ª costilla del resto del costillar y se midió, en el músculo *longissimus thoracis* de dicha costilla, el pH mediante un pHmetro portátil (Metrohm 704 pHMeter, Metrohm, Suiza) y las coordenadas de color del espacio CIE L\*a\*b\* (CIE, 1978), tras un tiempo de exposición de 1 hora a temperatura ambiente después del corte, con la ayuda de un espectrofotómetro portátil Minolta® CM-2002 (Konica-Minolta Sensing, Inc., Alemania). La capacidad de retención de agua se determinó mediante la aplicación de tres técnicas diferentes: pérdidas por presión (Grau y Hamm, 1953), pérdidas por goteo y pérdidas por cocción (Hönikel, 1998). La medida instrumental de textura se valoró de manera objetiva siguiendo las recomendaciones de Hönikel (1998). El método mecánico empleado fue el de corte o cizalla utilizando un texturómetro Texture Analyzer® QTS 25 (CNS Farnell, Inglaterra) equipado con una sonda de corte Warner-Bratzler.

Por otro lado, una parte del músculo *longissimus thoracis* de la chuleta correspondiente a la 6ª costilla se picó y a continuación se recogió el espectro de reflectancia en el infrarrojo cercano (NIR). Para ello se empleó un espectrofotómetro InfraAlyzer 500 (Bran+Luebbe GmbH, Norderstedt, Alemania) utilizando cápsulas circulares abiertas. Las muestras se irradiaron con luz infrarroja a longitudes de onda comprendidas entre los 1100 y 2500 nm, con el fin de obtener una medida de absorbancia cada 2 nm. De cada muestra se recogieron

4 espectros, empleándose para las calibraciones el promedio de los mismos. Los espectros de las muestras se utilizaron para estimar las ecuaciones de predicción de los parámetros de interés con el programa *SESAME* versión 1, proporcionado por Bran+Luebbe®. Previamente se aplicaron distintos tratamientos matemáticos de los espectros [(derivadas con diferentes tamaños de gap y segmento de suavizado, con y sin la utilización previa de la transformación MSC (Multiplicative Scatter Correction)] con el fin de optimizar la extracción de información útil a partir de ellos. Las ecuaciones se obtuvieron mediante regresión sobre mínimos cuadrados parciales tipo I (RMCP 1) y finalmente se validaron con las muestras restantes. En este trabajo sólo se presentan los estadísticos de las ecuaciones de predicción que tuvieron los errores estándar de validación cruzada ( $EE_{VC}$ ) más bajos.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se presentan los datos de los diferentes parámetros estudiados, correspondientes a la carne de buey y de ternero, y en la Tabla 2 se recogen los estadísticos de las mejores ecuaciones de predicción de los mismos.

Tabla 1. Rango, media y desviación estándar de los parámetros de las muestras de carne utilizadas para obtener las ecuaciones de predicción

Parámetro	Bueyes				Terneros			
	n	Rango	Media	DE	n	Rango	Media	DE
pH	50	5,52-5,88	5,69	0,073	61	5,41-5,89	5,71	0,098
Color L*	50	32,13-40,68	35,85	1,865	60	30,97-48,02	39,74	3,387
Color a*	51	17,52-23,67	20,73	1,543	62	11,05-18,25	14,57	1,813
Color b*	52	3,01-9,98	5,86	1,694	61	-1,36-10,51	5,40	2,725
Pérdidas cocción*	48	20,90-27,58	24,16	1,669	60	21,15-30,45	25,37	2,387
Pérdidas presión*	50	19,01-28,70	23,64	2,302	65	12,97-31,14	24,41	3,257
Pérdidas goteo*	53	1,25-2,99	1,95	0,378	65	1,61-4,30	2,65	0,563
Textura ( $F_{max}$ : kg)	49	4,42-9,23	6,62	1,205	61	5,03-13,20	8,73	1,727

n: número de muestras; DE: desviación estándar; \*: % agua liberada;  $F_{max}$ : fuerza máxima al corte

Tabla 2. Estadísticos de calibración y validación de las ecuaciones de predicción desarrolladas a partir de los espectros NIR de las muestras del músculo *longissimus thoracis*

Parámetro	Bueyes					Terneros				
	Trat	p	R <sup>2</sup>	$EE_{VC}$	RPD	Trat	p	R <sup>2</sup>	$EE_{VC}$	RPD
pH	2,5,5	5	0,410	0,06	1,12	Absorbancia	3	0,472	0,08	1,26
Color L*	MSC+1,15,5	7	0,585	1,50	1,24	1,20,5	7	0,869	1,56	2,17
Color a*	MSC+2,20,5	1	0,008	1,58	0,98	1,4,4	6	0,707	1,15	1,58
Color b*	MSC+1,10,5	5	0,345	1,46	1,16	Absorbancia	6	0,901	1,08	2,51
Pérdidas cocción*	Absorbancia	1	0,138	1,61	1,03	MSC+2,15,5	1	0,001	2,45	0,97
Pérdidas presión*	MSC+1,5,5	6	0,476	2,08	1,11	MSC+1,10,5	7	0,576	2,25	1,30
Pérdidas goteo*	MSC+2,5,5	4	0,258	0,36	1,04	MSC+2,20,5	4	0,195	0,55	1,02
Textura ( $F_{max}$ : kg)	MSC	5	0,448	1,02	1,18	2,20,5	2	0,167	1,62	1,07

\*: % agua liberada; Trat: tratamiento; MSC: Multiplicative Scatter Correction; p: número de términos en la ecuación; R<sup>2</sup>: coeficiente de determinación;  $EE_{VC}$ : error estándar de validación cruzada; RPD: cociente entre la desviación estándar del grupo de calibración y el  $EE_{VC}$

Los coeficientes de determinación más altos se obtuvieron para el índice de amarillo (b\*) y el índice de luminosidad (L\*) en muestras de carne de ternero, siendo considerablemente mayor al obtenido en las muestras de carne de buey. Si observamos estas ecuaciones en

términos de su capacidad de predicción, podemos apreciar cómo el índice de amarillo y el índice de luminosidad de la carne de ternero presentaron los estadísticos RPD más altos, siendo en el caso del índice de amarillo superior a 2,5, valor mínimo establecido por Williams y Sobering (1993) para considerar aceptable la capacidad de predicción de una ecuación. Los bajos coeficientes de determinación y estadísticos RPD obtenidos para estos dos parámetros en la carne de buey pudieron deberse a un rango más estrecho de los valores de referencia en este tipo de carne (Tabla 1). No obstante, quizás una baja correlación de estos parámetros con el contenido de grasa intramuscular, parámetro químico mejor predicho por NIRS en estas muestras (Prieto *et al.*, 2006) pudo perjudicar las estimaciones en las muestras de carne de buey.

Las ecuaciones de predicción del resto de los parámetros estudiados presentaron coeficientes de determinación y estadísticos RPD con valores inferiores a 0,7 y 1,58, respectivamente, para ambos tipos de carne. Posiblemente, esta escasa capacidad de predicción fue debida a que los métodos de referencia son poco precisos y a que el rango de valores de las variables estimadas fue relativamente estrecho. Además, en el caso de la dureza y de la capacidad de retención de agua, también pudo haber influido el hecho de haber recogido los espectros de muestras de carne picada.

A partir de estos resultados se puede concluir que la tecnología NIRS permitió estimar, con exactitud, el valor del índice de amarillo ( $b^*$ ) en carne de ternero. En cuanto al valor del índice de luminosidad ( $L^*$ ) en este tipo de carne, la tecnología NIRS no permitió obtener estimaciones tan exactas como para el índice de amarillo, sin embargo, sí que aportó valores aproximados que podrían ser útiles en monitorizaciones de calidad o controles en línea. Finalmente, cabe destacar que este procedimiento analítico no resultó adecuado para estimar el valor de pH, índice de rojo ( $a^*$ ), capacidad de retención de agua y textura en los tipos de muestras de carne estudiadas.

#### AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido realizado como parte del contrato de investigación entre el CSIC y la empresa "Núcleo de Explotaciones Agropecuarias de León, NEAL, S.A." (Proyecto CDTI nº 03-0347). N. Prieto disfrutó de una beca predoctoral del CSIC - UNIDADES ASOCIADAS UNIVERSIDADES.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CIE. (1978). International Commission on Illumination, recommendations on uniform color spaces, color, difference equations, psychometric color terms. CIE publication. Bureau Central de la CIE, Paris, Francia.
- Dransfield, E. (1994). Optimisation of tenderisation, ageing and tenderness. *Meat Science* 36, 105-121.
- Grau, R., Hamm, R. (1953). Eine einfache methode zur bestimmung der wasserbindung im muskel. *Naturwissenschaften* 40, 29-30.
- Honikel, K.O. (1998). Reference methods for the assessment of physical characteristics of meat. *Meat Science* 49, 447-457.
- Kinsman, D.M., Kotula, A.W., Breidemstein, B.C. (1994). *Muscle foods*. Chapman & Hall, New York, EEUU.
- Leroy, B., Lambotte, S., Dotreppe, O., Lecocq, H., Istasse, L., Clinquart, A. (2003). Prediction of technological and organoleptic properties of beef longissimus thoracis from near-infrared reflectance and transmission spectra. *Meat Science* 66, 45-54.
- Liu, Y., Lyon, B.G., Windham, W.R., Lyon, C.E., Savage, E.M. (2004). Prediction of physical, color, and sensory characteristics of broiler breasts by visible/near infrared reflectance spectroscopy. *Poultry Science* 83, 1467-1474.
- Prieto, N., Andrés, S., Giráldez, F.J., Mantecón, A.R., Lavín, P. (2006). Potential use of near infrared reflectance spectroscopy (NIRS) for the estimation of chemical composition of oxen meat samples. *Meat Science* 74, 487-496.
- Williams, P.C., Sobering, D.C. (1993). Comparison of commercial near infrared transmittance and reflectance instruments for analysis of whole grains and seeds. *Journal of Near Infrared Spectroscopy* 1, 25-32.

## PRIMEROS RESULTADOS SOBRE LA CARACTERIZACIÓN DE LA GRASA DE LA RAZA BOVINA PAJUNA

Horcada A.<sup>1</sup>, Polvillo O.<sup>2</sup>, Juárez M.<sup>1</sup>, Alcalde M.J.<sup>1</sup>, Valera M.<sup>1</sup>, Luque A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Dpto. Ciencias Agroforestales, Escuela de Ingeniería Técnica Agrícola. Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera km1, 41013 Sevilla. albertohi@us.es

<sup>2</sup> Servicio de Investigación Agraria. Universidad de Sevilla

<sup>3</sup> Asociación de Criadores de Ganado Vacuno de Raza Pajuna

### INTRODUCCIÓN

Con un censo muy reducido (550 hembras reproductoras en el año 2006) la raza bovina Pajuna Serrana se localiza muy irregularmente por las provincias de Córdoba, Granada, Cádiz y Jaén. Esta raza, caracterizada por su gran rusticidad, se ha venido explotando fundamentalmente de forma extensiva como animal de trabajo y, en menor medida, para la obtención de carne. Entre las estrategias para el desarrollo y la expansión de la raza, la Asociación de Criadores de Ganado Vacuno de Raza Pajuna está orientando sus esfuerzos hacia la caracterización de las particularidades organolépticas de su carne que actualmente se encuentra en amenaza de extinción (RD 1682/1997 de noviembre de 1977).

Recientes estudios han demostrado que la flora microbiana de los rumiantes es capaz de biohidrogenar determinados ácidos grasos presentes en los pastos y que en este proceso se producen determinados isómeros geométricos y posicionales del ácido linoleico (CLA) (Pariza et al., 2001) reconocidos por su importante actividad anticarcinogénica, antiaterosclerótica e hipocolesterolemica, entre otras (Miller et al., 2001). Por ello, caracterizar la grasa de esta raza puede contribuir al desarrollo de la raza ya que estos animales se producen en condiciones naturales aprovechando los recursos naturales de la dehesa y de montaña.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se han empleado 5 terneros machos de raza Pajuna que han sido sacrificados con 14 meses de edad. Los terneros fueron destetados con ocho meses y hasta ese momento fueron alimentados con leche materna y con los recursos pascícolas de la Sierra de Córdoba. Después del destete, durante cinco meses, los terneros consumieron además, pienso comercial (15,0% proteína bruta, 3,7% grasas brutas, 7,3% cenizas brutas y 7,6 % de fibra bruta) y paja administrados *ad libitum*. La composición cualitativa del pienso fue la siguiente: trigo (21,3%), salvado de trigo (20,0%), maíz (10,0%), cascarilla de soja (5,5%), residuos de destilería de maíz (10%), harinilla de maíz (9,6%), semilla de girasol (5,5%) cáscara de soja (5,0%), pulpa de remolacha azucarera (5,0%), harina de soja (3,5%), gluten de maíz (3,1%), melaza de remolacha azucarera (3,1%) y correctores (1,64%).

Instantes después del sacrificio de los terneros se tomaron muestras de grasa subcutánea (SC) en la base de la cola y pelviorrenal (PVR) que fueron envasadas a vacío y congeladas a -20°C. Transcurridas 24 horas desde el sacrificio de los terneros se extrajo una porción del músculo *longissimus dorsi pars thoracis* para la extracción de grasa intramuscular (IM). Esta porción se envasó a vacío y se congeló a -20°C.

El perfil de ácidos grasos de los depósitos de grasa SC, PVR e IM se determinó mediante cromatografía gaseosa en un cromatógrafo de gases Agilent 6890 provisto de un inyector automático HP 7683 y una columna capilar de 100 m, 0.25 mm i.d., 0.2 µm. La detección de los ácidos grasos se ha realizado con un detector de ionización de llama FID. El total de

ácidos grasos fue extraído, metilado y analizado mediante el método propuesto por Aldai et al. (2006). El patrón interno utilizado fue el ácido C19:0. El perfil de ácidos grasos ha sido expresado como el porcentaje relativo del total de ácidos grasos detectados. También se han detallado las relaciones  $\Sigma$  saturados (SFA),  $\Sigma$  monoinsaturados (MUFA),  $\Sigma$  polinsaturados (PUFA) y total de isómeros conjugados del ácido linoléico (CLA). Se ha realizado un análisis de varianza para estudiar las diferencias entre los distintos depósitos de grasa y un test de Tukey de contraste de medias con el paquete estadístico SPSS.PC<sup>+</sup> (2006).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las canales frías presentaron un peso medio de 265,34 kg y fueron clasificadas de acuerdo a su conformación (Reglamento CEE nº 461/93) en la clase R y 2 de estado de engrasamiento. Este tipo comercial de canal bovina se corresponde con el modelo ampliamente difundido en el mercado español (Piedrafita et al., 2003). En la Tabla 1 se detallan las medias de valores de los ácidos grasos mayoritarios en los depósitos de grasa SC, PVR e IM de los terneros de raza Pajuna de este estudio. El perfil lipídico de los terneros de raza Pajuna está dentro de lo observado por otros autores en animales sacrificados con pesos similares (Nuremberg et al., 2002; Indurain et al., 2006). La suma de ácidos grasos mirístico (C14:0), palmítico (C16:0), palmitoleico (C16:1), esteárico (C18:0), oleico (C18:1) y linoleico (C18:2) suponen más del 80% del total de ácidos grasos constituyentes de la grasa de esta raza. El ácido graso mayoritario en todos los depósitos de grasa ha sido el C18:1 como corresponde a la especie bovina (Lawrie, 1988).

El menor contenido de SFA se ha observado en el depósito de grasa SC ( $p < 0,001$ ) debido a que la menor temperatura corporal observada en la superficie del animal debe estimular la actividad de desaturación de los ácidos grasos saturados (Terrell y Bray, 1969). El mayor contenido de MUFA se ha observado en el depósito de grasa SC ( $p < 0,001$ ) debido fundamentalmente a que este depósito de grasa presenta valores de C18:1 superiores al resto de depósitos estudiados ( $p < 0,001$ ). Este hecho también ha sido observado por Indurain et al. (2006) en terneros de la raza Pirenaica. La grasa IM ha presentado mayor contenido de PUFA (fundamentalmente C18:2) que el resto de depósitos de grasa debido a que este depósito presenta gran cantidad de fosfolípidos en las membranas celulares de los miocitos y de los adipocitos constituyentes.

En todos los depósitos de grasa estudiados se han observado cantidades importantes de CLA, como corresponde a los rumiantes que aprovechan el pasto con elevado contenido de ácido graso C18:2 (Yurawecz et al., 1998). El mayor contenido de CLA se ha observado en el depósito de grasa SC, donde también el contenido de C18:1 ha sido superior al resto de depósitos de grasa. Parece obvia esta observación ya que los CLA son sintetizados como productos intermedios durante los procesos de desaturación y transformación del ácido C18:2 (procedente de la ración forrajera) en C18:1. El contenido de ácidos grasos deseables para la salud humana, descritos por Huerta-Léindez et al. (1996) como el conjunto de MUFA+PUFA+C18:0 ha sido elevado en todos los depósitos de grasa, destacando que el depósito de grasa IM presenta los mayores valores de dicha relación ( $p < 0,001$ ). Este hecho se debe fundamentalmente a que el depósito de grasa IM presenta mayores valores de PUFA que el resto de depósitos de grasa ( $p < 0,001$ ).

En conclusión se puede considerar que la grasa de los terneros de raza Pajuna presenta una grasa de características aceptables para su consumo, debidas fundamentalmente al particular sistema de producción de la raza y a la propia actividad metabólica ruminal. La consecución de más trabajos sobre este particular puede redundar en el mejor aprovechamiento y difusión de la raza.

Tabla 1.- Perfil lipídico (expresado en porcentaje respecto al total de ácidos grasos detectados) de los depósitos de grasa subcutáneo, pelviorrenal e intramuscular de cinco terneros machos de raza Pajuna.

	subcutáneo	pelviorrenal	intramuscular	sig
C14:0	5,99±0,90 <sup>a</sup>	6,28±1,49 <sup>b</sup>	2,69±1,15 <sup>c</sup>	***
C16:0	17,69±1,57 <sup>a</sup>	19,29±1,96 <sup>b</sup>	20,52±3,32 <sup>c</sup>	**
C16:1	11,57±1,63 <sup>a</sup>	9,39±0,50 <sup>b</sup>	5,20±2,56 <sup>c</sup>	***
C18:0	6,22±0,80 <sup>a</sup>	13,07±1,71 <sup>b</sup>	13,71±2,19 <sup>b</sup>	***
C18:1	35,52±1,59 <sup>a</sup>	31,52±2,44 <sup>b</sup>	30,64±4,52 <sup>b</sup>	**
C18:2	5,57±1,32 <sup>a</sup>	5,48±0,92 <sup>a</sup>	13,88±3,90 <sup>b</sup>	***
SFA	35,35±1,98 <sup>a</sup>	43,57±3,69 <sup>b</sup>	39,74±2,51 <sup>c</sup>	***
MUFA	50,51±2,46 <sup>a</sup>	43,08±2,00 <sup>b</sup>	37,42±4,58 <sup>c</sup>	***
PUFA	14,14±3,20 <sup>a</sup>	13,34±3,97 <sup>a</sup>	22,84±4,56 <sup>b</sup>	***
Total CLA	5,44±2,21 <sup>a</sup>	3,82±1,85 <sup>b</sup>	3,93±0,90 <sup>b</sup>	***
Deseables	70,37±2,14 <sup>a</sup>	68,71±3,86 <sup>b</sup>	72,75±4,30 <sup>c</sup>	***

\*\* p<0,01; \*\*\* p<0,001.

CLA: ácidos grasos conjugados del ácido linoléico; SFA:  $\Sigma$ ácidos grasos saturdos; MUFA:  $\Sigma$ ácidos grasos monoinsaturados; PUFA:  $\Sigma$ ácidos grasos poiinsaturdos; Deseables: $\Sigma$  MUFA+PUFA+C18:0.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aldai N, Osoro K, Barron L.J.R, Najera A.I. (2006). Gas-liquid chromatographic method for analysing complex mixtures of fatty acids including conjugated linoleic acids (cis9trans11 and trans10cis12 isomers) and long-chain (n-3 or n-6) polyunsaturated fatty acids - Application to the intramuscular fat of beef meat. *J. Chromatogr. A* 1110(1-2), 133-139.
- Huerta-Leindez, N.O., Cross H.R., Sawell J.W., Lunt D.K., Baker J.F. and Smith S.B. (1996). Fatty acid composition of subcutaneous adipose tissue from male calves at different stages of growth. *Journal Animal Science* 74, 1256-1264.
- Indurain G., Beriain M.J., Goñi M.V., Arana A., Purroy A. (2006). Composition and estimation of intramuscular and subcutaneous fatty acid composition in Spanish young bulls. *Meat Science* 73, 326-334.
- Lawrie R.A., (1988). En: *Meat science*. Pergamon press. New York. 267 pp
- Miller A., Stanton C. and Devery R. (2001). Modulation of arachidonic acid distribution by conjugated linoleic acid isomers and linoleic acid in MCF-7 and SW480 cancer cells. *Lipids* 36, 1161-1168.
- Nuremberg, K., Nurenberg G., Ender K., Lornenz S., Winkler K., Rickert R., Steinhart H. (2002). *European Journal Lipid Science Technology* 104, 463-471.
- Pariza M. W., Park Y. and Cook M. E. (2001). The biologically active isomers of conjugated linoleic acid. *Progress in Lipid Research* 40, 283-298.
- Piedrafita J., Quintanilla R., Sañudo C., Olleta J.L., Campo M.M., Panea B., Renand G., Turín F., Jabet S., Osoro K., Oliván M.C., Noval G., García P., García M.D., Oliver M.A., Gispert M., Serra X., Espejo M., García S., López M., Izquierdo M. (2003). Carcass quality of 10 beef cattle breeds of the Southwest of Europe in their typical production system. *Livestock Production Science* 82, 1-13.
- Terrell R.N., Bray R.W. (1969). Influence of sex, live weight and anatomical location on bovine lipids. III. Fatty acid composition of the neutral and phospholipids fraction from three muscles. *Journal of Animal Science* 29, 288-293.
- Yurawecz M.P., Roach J.A., Sehat N., Mossoba M.M., Kramer J.K., Frisetsche J., Steinhart H. and Ku K. (1998). A new conjugated linoleic acid isomers, 7 trans, 9 cis-octadecadienoic acid, in cow milk, cheese, beef and human milk and adipose tissue. *Lipids* 33, 803-809.
- SPSS.PC+(2006). SPSS Trends 14.0. SPSS Inc., Chicago, EEUU.

## ESTUDIO COMPARATIVO DEL PERFIL DE ACIDOS GRASOS DE LA CARNE DE TERNERA Y AÑOJO DE LA RAZA TUDANCA ACOGIBLE A LA IGP “CARNE DE CANTABRIA”

A. Martínez Penagos<sup>1\*</sup>, L. Sanchez García<sup>2</sup>, T. Moreno López<sup>3</sup>, L. Calderón Díaz<sup>1</sup>, C. Cimadevilla López<sup>1</sup>, M.J. Humada Macho<sup>1</sup>, B. San Miguel Fernández<sup>1</sup>, E. Fernández Celis<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Área de la Calidad de los Alimentos. Centro de Investigación y Formación Agraria (C.I.F.A.), Gobierno de Cantabria. C/Héroes 2 de Mayo, 27. 39600 Muriedas. Cantabria  
<sup>2</sup>Dpto. Anatomía y Producción Animal. Universidad de Santiago de Compostela. Facultad de Veterinaria. Avda. Carballo Calero s/n. 27002. Lugo  
<sup>3</sup> Dpto. Producción Animal. Centro de Investigaciones Agrarias-Mabegondo (C.I.A.M.). Ctra. Betanzos a Santiago, km 7,5. La Coruña  
[\\*ameliamartinez@cifacantabria.org](mailto:ameliamartinez@cifacantabria.org)

### INTRODUCCIÓN

La Tudanca es una raza bovina autóctona de Cantabria productora de carne amparada bajo la Indicación Geográfica Protegida (I.G.P.) “Carne de Cantabria”. Según el Anuario de Estadística Agraria Pesquera de Cantabria (2005), el número de cabezas de raza Tudanca en esta comunidad fue de 11.358, representando el 4,5 % en la distribución de bovinos por razas. Es una raza rústica, resistente y con una alimentación basada en el pasto.

Las grasas de la carne no son sólo uno de los principales determinantes en la palatabilidad, determinando en parte la textura, jugosidad y el flavor del producto (Cañeque y Sañudo, 2005), sino que el perfil de los ácidos grasos que la componen afectan a la salud del consumidor. En la calidad dietética de las grasas se consideran los siguientes ácidos grasos y sus relaciones: el contenido en ácidos grasos saturados (SFA), monoinsaturados (MUFA) y poliinsaturados (PUFA), la relación PUFA/SFA, el ácido linoleico conjugado (CLA: C18:2 c9,t11) y la relación  $\Omega 6/\Omega 3$ . El incremento de grasas poliinsaturadas, una relación  $\Omega 6/\Omega 3$  inferior a cinco y un incremento en CLAs lleva a un producto más saludable, desde el punto de vista de la salud cardiovascular, anticancerígena, antiobesidad e inmunológica (Wong *et al.*, 1997). Algo que está muy evidenciado en muchos estudios es que la relación  $\Omega 6/\Omega 3$  disminuye a medida que aumenta el consumo de pasto en los animales (Wood y Enser, 1997; French, 2000; Dios Moreno, 2000; Calvo Santalla, 2001; Noci *et al.*, 2003; Varela *et al.*, 2004). Las grasas insaturadas ingeridas por los bovinos se biohidrogenan en el rumen originando el ácido trans-vaccenico (C18:1 11t), que posteriormente en el tejido adiposo y debido a la enzima  $\Delta^9$  desaturasa se transforma en CLAs, de los cuales el que se encuentra en mayor porcentaje es el isómero C18:2 cis9 trans11, siendo éste el de mayor importancia biológica. La National Academy of Sciences of USA reconoce propiedades antitumorales a los CLAs. En este trabajo se trata de comparar si existe diferencia significativa en los parámetros anteriormente considerados en dos categorías de ganado tudanco (añojos y terneros) para optimizar su manejo.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se han utilizado 8 animales bovinos Tudancos para cada categoría (8 añojos y 8 terneros), criados en Coa (Finca “La Jerrizuela”). El destete de los animales se realizó a los 6 meses y el manejo posterior fue de cebo semiintensivo en el caso de ternera (10 meses) y cebo intensivo en el caso de añojo (14 meses). La alimentación suministrada a los añojos fue de heno y paja ad-libitum, concentrado de 717 kg, cebada 299 kg y a los terneros, heno 93 kg, silo 197,5 kg, cebada 161kg y pienso 297 kg (expresados en ambos casos por animal), que junto al sacrificio de los animales cumplieron las normas de la I.G.P. “Carne de Cantabria”.

La determinación del perfil de ácidos grasos de la grasa intramuscular se centró en el músculo *L. Thoracis*, cuyos parámetros de calidad dietética, según Johnson (1975), tienen buena correlación con la de otros músculos. La extracción de la grasa intramuscular se realizó según el método Bligh y Dyer (1959) descrito para la determinación del perfil de los



ácidos grasos y posterior metilación según el método de Morrison y Smith (1964). Para la separación de los ácidos grasos se empleó un equipo de cromatografía de gases Varian 3900 (Varian Instruments) equipado con una columna capilar CP-Sil 88 (Varian CP7489) de 100m x 0.25mm y un autosampler de Varian 8410.

Estadísticamente, para cada grupo se trabaja con dos muestras independientes de tamaño  $n=8$  (una para añojos y otra para terneros) y se analizó si las medias de estas muestras presentan diferencias significativas. Se empleó el análisis estadístico estándar para comparar la diferencia de medias es un test t de Student para muestras independientes, hallando el nivel de significación en cada uno de los casos. Para cada uno de los parámetros se considera la igualdad o no de varianzas muestrales según los resultados del test de Levene. Se considerarán los diferentes niveles de significación, según el valor sea \*\*\* ( $p<0,001$ ); \*\* ( $p<0,01$ ); \* ( $p<0,05$ ); n.s. ( $p\geq 0,1$ ), respectivamente. Se empleó el paquete estadístico SPSS.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se muestran, en las dos primeras columnas, los estadísticos descriptivos (las medias y desviaciones típicas) de las ocho medidas de ácidos grasos para cada una de las categorías. En la última columna muestra el nivel de significación de la comparación de las medias para los parámetros relativos a los ácidos grasos de la carne de añejo y ternera.

No se encontraron diferencias estadísticamente significativas en los SFA, MUFA, PUFA, n-6, n-3 y PUFA/SFA ( $p\geq 0,1$ ), pero sí aparecieron diferencias significativas en la relación de omega 6/omega 3 ( $p<0,01$ ) siendo inferior para la ternera con un manejo semiintensivo, lo cual ratifica que en sistemas de alimentación basados en forrajes se produce un aumento de ácidos grasos poliinsaturados del tipo omega 3 disminuyendo la relación con los omega 6 y situándose ésta relación en los valores considerados como beneficiosos para la salud humana (según la OMS se recomienda una relación omega6/omega3 $<5$  ). Por el contrario en el sistema de manejo intensivo (añejo), la relación de omega 6/omega 3 fue superior por la mayor presencia en la dieta de pienso. A su vez, la diferencia entre los CLA ( $p<0,05$ ) esta muy próxima a la significación siendo superiores para en manejo semiintensivo de la ternera debido a el mayor contenido de ácidos grasos poliinsaturados n-3 en la dieta asociado a una mayor biohidrogenación en el rumen que incrementa CLA en la carne.

Señalar el antagonismo entre el bajo valor de ácido linoléico C18:3 n-3 (altamente significativo) y alto valor de ácido linoleico C18:2 n-6 (significativo) en el añejo y la ternera. Siendo en este último caso mayor el valor de ácido linoléico debido a su manejo semiintensivo.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Anuario de Estadística Agraria Pesquera de Cantabria. (2005). Gobierno de Cantabria.
- Bligh, E.G., Dyer, W.J. (1959). Can. J. Biochem. Phys. 37, 911-917.
- Calvo Santalla, C. (2001). Tesis Doctoral. Facultad Veterinaria Universidad. Santiago de Compostela.
- Cañeque V. y Sañudo C. (2005) Monografía INIA nº 3
- Dios Moreno, A. (2000). Tesis Doctoral, Facultad Veterinaria, Universidad Santiago de Compostela.
- French, P. (2000). Meat .Sci. 56, 173-180.
- García, A. (2001). Determinación de la calidad de la carne vacuna. Mundo Ganadero 26-31.
- Johnson, E. R. (1975). Aust. J. Agric. Res. 26, 777-82.
- Morrison y Smith (1964) Preparation of fatty acid methyl esters and dimethylacetals from lipids with boron fluoride—methanol. Journal of Lipid Research, Vol. 5, 600-608
- Noci, F., Moloney, A.P., French, P., Monahan, F.J. (2003). Proceedings of the British Society of Animal Science. Published by BSAS.
- Varela, A., Oliete, B., Moreno, T., Portela, C., Monserrat, L., Carballo, J.A., Sánchez, L. (2004). Edit. Meat Science Vol. (67), 515-522

Wong, M.W., Chef, B.P., Wong, T.S., Hosick, H.L., Boylston, T.D., Shultz, T.D. (1997).  
 Anticancer Res. Vol 17, 987-993.  
 Wood, J.D., Enser, M. (1997). British Journal of Nutrition 78(1), 549-560.

Tabla1.- Medias, desviación típica y nivel de significación del análisis de varianza de los ácidos grasos de la carne de añejo y ternero.

	<b>Añojos</b>	<b>Terneros</b>	<b>Significación</b>
C6:0	0,04 ± 0,04	0,07 ± 0,02	n.s.
C11:0	0,02 ± 0,01	0,02 ± 0,01	n.s.
C13:0	0,08 ± 0,09	0,04 ± 0,02	n.s.
C14:0	13,71 ± 6,87	6,72 ± 5,42	n.s.
C15:0	0,22 ± 0,05	0,21 ± 0,04	n.s.
C16:0	35,29 ± 3,51	38,2 ± 3,35	n.s.
C17:0	1,32 ± 0,5	0,93 ± 0,54	n.s.
C18:0	12,5 ± 2,28	14,62 ± 1	n.s.
C20:0	0,06 ± 0,04	0,09 ± 0,02	+
C22:0	0,08 ± 0,02	0,07 ± 0,03	n.s.
C23:0	0,01 ± 0,02	0 ± 0,01	n.s.
C24:0	0,05 ± 0,05	0,01 ± 0,02	n.s.
<b>SFA</b>	<b>63,37 ± 2,7</b>	<b>60,97 ± 4,13</b>	<b>n.s.</b>
C15:1	0,27 ± 0,08	0,23 ± 0,05	n.s.
C17:1	0,29 ± 0,34	0,67 ± 0,79	n.s.
C18:1 n-9t	1,32 ± 0,43	0,56 ± 0,18	**
C18:1 n-9c	28,52 ± 3,14	30,64 ± 2,96	n.s.
TVA t11	1,32 ± 1,3	0,29 ± 0,2	n.s.
<b>MUFA</b>	<b>31,72 ± 3,73</b>	<b>32,38 ± 3,02</b>	<b>n.s.</b>
C18:2 n-6t	0,02 ± 0,01	0,03 ± 0,01	n.s.
C18:2 n-6c	3,18 ± 0,72	2,24 ± 0,57	*
C18:3 n-6	0,01 ± 0,01	0 ± 0	n.s.
C20:3 n-6	0,02 ± 0,01	0,02 ± 0,02	n.s.
C20:4 n-6	0,26 ± 0,27	0,35 ± 0,27	n.s.
<b>n6</b>	<b>3,49 ± 0,83</b>	<b>2,64 ± 0,78</b>	<b>n.s.</b>
C18:3 n-3	0,19 ± 0,02	0,34 ± 0,06	***
C20:3 n-3	0,15 ± 0,14	0,14 ± 0,1	n.s.
C20:5 n-3	0,04 ± 0,02	0,05 ± 0,01	n.s.
C22:6 n-3	0,08 ± 0,14	0 ± 0	n.s.
<b>n3</b>	<b>0,45 ± 0,14</b>	<b>0,53 ± 0,15</b>	<b>n.s.</b>
<b>CLA c9 t11</b>	<b>0,1 ± 0,02</b>	<b>0,13 ± 0,03</b>	<b>+</b>
<b>PUFA</b>	<b>4,04 ± 0,92</b>	<b>3,3 ± 0,93</b>	<b>n.s.</b>
<b>n6/n3</b>	<b>8,16 ± 2,24</b>	<b>4,96 ± 0,63</b>	<b>*</b>
<b>PUFA/SFA</b>	<b>0,06 ± 0,01</b>	<b>0,05 ± 0,01</b>	<b>n.s.</b>

\*\*\* (p<0,001); \*\* (p<0,01); \* (p<0,05); + (p<0,1); n.s. (p≥ 0,1)

## EFFECTO DEL CRUCE DE HEMBRAS DE RAZA MORUCHA CON MACHOS CHAROLÉS Y LIMUSÍN SOBRE LA CALIDAD DE LA CARNE Y SU COMPOSICIÓN EN ÁCIDOS GRASOS

Vieira, C., Martínez, B., González-Fernández, C., García-Cachán, M.D.  
Estación Tecnológica de la Carne. Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León.  
Avda. Filiberto Villalobos s/n. 37770-Guijuelo, Salamanca.

### INTRODUCCIÓN

En los últimos años, se ha incrementado la demanda de carne de vacuno procedente de razas rústicas autóctonas, que hayan sido criadas bajo sistemas de producción respetuosos con el medio ambiente y el bienestar animal. Una de las razas rústicas más arraigadas y adaptadas al medio es la Morucha, presente mayoritariamente en las dehesas salmantinas. Aunque la calidad de su carne es sobradamente conocida (Albertí *et al.*, 1998, Sañudo *et al.*, 1998; Piedrafita *et al.*, 2003), los actuales sistemas de valoración de canales, hacen que las razas rústicas en pureza, se encuentren en clara desventaja frente a razas cárnicas. Por ello, es frecuente que las hembras de raza Morucha sean cruzadas con machos de razas especializadas en la producción de carne. Sin embargo, es preciso conocer el efecto que estos cruces pueden tener sobre las características de la carne y de la grasa. El objetivo del estudio fue valorar el efecto del cruce con machos de las razas Limusín y Charolés, frente a la raza Morucha, sobre las características de la carne y de la grasa.

### MATERIAL Y MÉTODOS

#### *Animales.*

Se utilizaron muestras de *M. longissimus thoracis* de 30 machos pertenecientes a 3 genotipos diferentes (Morucha, Morucha x Charolés y Morucha x Limusín), criados con sus madres hasta los 7-8 meses de edad, y posteriormente cebados hasta el sacrificio, a los 13-14 meses. El promedio de peso de las canales para Morucha fue 238,9 kg y para sus cruces con Charolés y Limusín 287,0 y 275,5 kg, respectivamente.

#### *Parámetros analizados.*

Las muestras fueron maduradas 7 días, ya que es lo más habitual en la comercialización de esta carne. Tras la maduración, se realizaron los siguientes análisis. Se midió el pH con un pH-metro, provisto de electrodo de penetración. Para analizar la composición química proximal (acreditación ENAC -Norma UNE EN ISO/IEC17025-) se realizaron las siguientes determinaciones: contenido en humedad por gravimetría (deseccación en estufa), grasa bruta por gravimetría con hidrólisis (método Soxhlet), proteína bruta (nitrógeno total) por volumetría (método Kjeldahl) e hidroxiprolina por espectrometría. La composición en ácidos grasos de la grasa intramuscular se analizó por cromatografía de gases (Perkin-Elmer Auto syst-X.L) sobre la grasa intramuscular una vez extraída (Bligh & Dyer, 1959) y tras la obtención de los ésteres metílicos (Morrison y Smith, 1964). Los resultados se expresaron como porcentaje sobre el total de ácidos grasos identificados (% en peso), agrupándose por su grado de saturación.

El color del músculo (luminosidad -L\*, índice de rojo -a\* e índice de amarillo -b\*, del sistema CIE-LAB -10°, D65-) se valoró una vez transcurridos 90 minutos tras el corte, para permitir la oxigenación de la mioglobina, utilizando un espectrofotómetro Minolta CM-2002. La medida de la textura de forma instrumental se realizó utilizando un texturómetro TA-XT2 -Stable Micro Systems Ltd.-, valorando la resistencia al corte en carne cocinada, por medio de la sonda Warner-Bratzler (Honickel, 1998). Las muestras utilizadas en el test Warner-Bratzler, fueron empleadas para la determinación de las pérdidas por cocinado (capacidad de retención de agua -CRA (Honickel, 1998). El análisis sensorial (UNE 87-008-92) se realizó sobre carne cocinada en un horno a 220°C, hasta alcanzar una temperatura interna de 70°C. La valoración sensorial se realizó mediante un panel entrenado de 8 catadores que evaluaron el olor, la ternura, la jugosidad, el flavor y la aceptabilidad de las muestras en una escala creciente del 1 al 10.

El análisis estadístico de los resultados se llevó a cabo por el procedimiento ANOVA, y las medias fueron separadas por el test Tukey. El paquete estadístico utilizado fue Statistica 6.0.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se recogen los datos obtenidos para el pH, la composición proximal y la composición en ácidos grasos de la grasa intramuscular, agrupados por su grado de saturación. Los valores de pH se encuentran dentro del intervalo considerado normal, no encontrándose diferencias significativas entre los genotipos ( $p > 0,05$ ). Como se puede apreciar en la tabla, el cruce con razas cárnicas no supuso una modificación significativa ( $p > 0,05$ ) de la composición proximal del músculo. Los valores obtenidos son similares a los encontrados por Vieira *et al.* (2006) en añajos de raza Morucha. En relación con el perfil de ácidos grasos, únicamente se encontraron diferencias estadísticamente significativas en porcentaje de ácidos grasos poliinsaturados, correspondiendo a los animales de raza Morucha, valores significativamente mayores que los del cruce Morucha x Charolés ( $p < 0,05$ ), estando los del cruce Morucha x Limusín en una situación intermedia. Estas diferencias son consecuencia de las diferencias encontradas en el porcentaje de ácidos grasos  $\omega 6$ , ya que no se detectaron diferencias estadísticamente significativas en el contenido en ácidos grasos  $\omega 3$ . De acuerdo con Perry *et al.* (1998), las diferencias interraciales en la composición de ácidos grasos, responden a la diferente precocidad de las razas y a las diferencias interraciales en la actividad de las enzimas desaturasas.

Tabla 1.- Valor medio  $\pm$  SD obtenido en la evaluación del pH, de la composición proximal y de la composición en ácidos grasos, en función del genotipo.

Parámetro	Morucha	Morucha x Charolés	Morucha x Limusín
pH	5,7 $\pm$ 0,1	5,6 $\pm$ 0,1	5,6 $\pm$ 0,1
Humedad (%)	75,9 $\pm$ 1,0	74,7 $\pm$ 1,5	75,1 $\pm$ 0,8
Proteína bruta (%MF)	22,6 $\pm$ 1,1	22,6 $\pm$ 1,1	23,3 $\pm$ 0,8
Grasa bruta (%MF)	1,5 $\pm$ 0,5	1,8 $\pm$ 0,8	1,8 $\pm$ 1,1
<sup>1</sup> AG saturados	43,5 $\pm$ 2,4	44,7 $\pm$ 3,3	44,0 $\pm$ 2,1
<sup>1</sup> AG monosaturados	35,3 $\pm$ 4,6	36,6 $\pm$ 7,3	33,7 $\pm$ 6,5
<sup>1</sup> AG poliinsaturados	12,0 $\pm$ 1,9 <sup>b</sup>	6,6 $\pm$ 1,0 <sup>a</sup>	10,2 $\pm$ 3,2 <sup>ab</sup>
<sup>2</sup> AG $\omega 3$	1,1 $\pm$ 0,4	1,0 $\pm$ 0,4	0,9 $\pm$ 0,2
<sup>2</sup> AG $\omega 6$	10,6 $\pm$ 1,8 <sup>b</sup>	5,4 $\pm$ 0,6 <sup>a</sup>	9,5 $\pm$ 2,8 <sup>b</sup>

<sup>1</sup> Porcentaje sobre el total de ácidos grasos. <sup>2</sup> Porcentaje sobre el total de ácidos grasos insaturados.

<sup>a, b</sup> Medias con diferentes superíndices indican diferencias ( $p < 0,05$ ).

En la Tabla 2, se muestran los datos correspondientes a la CRA, estimada mediante las pérdidas por cocinado, los parámetros colorimétricos y la textura mediante la sonda Warner-Bratzler. No se encontró un efecto significativo del genotipo sobre la capacidad de retención de agua ( $p > 0,05$ ). Asimismo, tampoco se observó un efecto significativo del genotipo sobre los parámetros colorimétricos ( $p > 0,05$ ). No obstante, en trabajos anteriores de nuestro grupo, Vieira *et al.*, (2006) constataron un color más intenso en la carne de razas rústicas, respecto a sus cruces con razas cárnicas.

Tabla 2.- Valor medio  $\pm$  SD obtenido en la evaluación de la CRA (pérdidas por cocinado) color y textura, en función del genotipo.

Parámetro	Morucha	Morucha x Charolés	Morucha x Limusín
CRA (%)	14,4 $\pm$ 3,2	13,1 $\pm$ 5,5	12,3 $\pm$ 3,1
L*	33,0 $\pm$ 3,0	33,4 $\pm$ 4,2	31,6 $\pm$ 3,0
a*	15,2 $\pm$ 1,9	14,9 $\pm$ 2,2	14,1 $\pm$ 1,5
b*	11,5 $\pm$ 1,6	11,7 $\pm$ 2,4	9,7 $\pm$ 0,6
Warner-Bratzler (Kg)	8,8 $\pm$ 2,1	9,6 $\pm$ 2,8	9,0 $\pm$ 1,2

<sup>a, b</sup> Medias con diferentes superíndices indican diferencias ( $p < 0,05$ ).

Tampoco se encontró un efecto significativo de la raza, en lo referente a la resistencia al corte mediante la sonda Warner-Bratzler ( $p>0,05$ ). No obstante, cabe indicar que, los valores son elevados en todos los casos y, de acuerdo con la clasificación realizada por Bruce *et al.* (2004), que establece que, para que la carne sea tierna, no debe superar los 6 kg en el test Warner-Bratzler, esta carne podría clasificarse como dura. Esta relativa dureza de la carne de los animales estudiados, puede ser consecuencia del escaso periodo de maduración al que fueron sometidas las muestras. En este sentido, si bien en este trabajo se han establecido 7 días de maduración, ya que, de acuerdo con los productores, es lo más habitual en la comercialización de esta carne, en el trabajo de Vieira *et al.* (2006), se propone, al menos, un periodo de maduración de 14 días para añejos de raza Morucha.

El análisis sensorial, cuyos resultados se muestran en la Tabla 3, tampoco reveló diferencias estadísticamente significativas entre los genotipos estudiados ( $p<0,05$ ). La ausencia de diferencias en la ternura, se encuentra en consonancia con la ausencia de diferencias en la textura valorada instrumentalmente. Diferentes autores (Scheeder *et al.*, 1999; Maltin *et al.*, 1998).han constatado este comportamiento similar de la ternura valorada sensorialmente y la resistencia al corte mediante la sonda Warner-Bratzler.

Tabla 3.- Valor medio  $\pm$  SD obtenido en la evaluación de las características sensoriales, con un panel de catadores, en función del genotipo.

Parámetro	Morucha	Morucha x Charolés	Morucha x Limusín
Olor	5,7 $\pm$ 0,3	5,5 $\pm$ 0,7	5,6 $\pm$ 0,3
Ternura	4,8 $\pm$ 1,1	4,4 $\pm$ 1,4	3,9 $\pm$ 0,9
Jugosidad	4,1 $\pm$ 0,8	4,2 $\pm$ 0,6	3,8 $\pm$ 0,8
Flavor	5,2 $\pm$ 0,6	5,1 $\pm$ 0,6	4,9 $\pm$ 0,6
Aceptabilidad	4,3 $\pm$ 0,7	4,4 $\pm$ 0,9	3,8 $\pm$ 0,6

1= ausencia o mínima percepción de la característica y 10= máxima percepción de la característica.

a, b. Medias con diferentes superíndices indican diferencias ( $p<0,05$ ).

A la luz de los resultados obtenidos, se puede concluir que, el cruce de la raza Morucha con machos de razas cárnicas, como Charolés y Limousín, únicamente afectó a la composición de la grasa intramuscular, sin verse afectados los parámetros relacionados con las características sensoriales de la carne.

### AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la I.G.P. Carne de Morucha de Salamanca, la cesión de los datos utilizados en este estudio. Asimismo, agradecen la colaboración prestada por el personal del laboratorio de la Estación Tecnológica de la Carne y por Jorge Ampudia Mum.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Albertí, P., Sañudo, C., Olleta, J.L., Lahoz, F., Campo, M.M., Panea, B., Franco, J. (1998). En Proceedings of the 44th International Congress of Meat Science and Technology 350-351.
- Bruce, H.L., Stark, J.L., Beilken, S.L. (2004). Meat Science 67, 261-268
- Honikel, K.O. (1998). Meat Science 49 (4), 447-457.
- Maltin, C.A., Sinclair, K.D., Warriss, P.D., Grant, C.M., Porter, A.D., Delday, M.I., Warkup, C.C. (1998). Animal Science 66, 341-348.
- Morrison y Smith (1964). Preparation of fatty acid methyl esters and dimethyl acetal from lipids with boron fluoride-methanol. *Journal of Lipid Research*, 5, 600-608.
- Perry, D., Nicholls, P.J., Thompson, J.M. (1998). Journal of Animal Science 76, 87-95.
- Piedrafiata, J., Quintanilla, R., Sañudo, C., Olleta, J.L., Campo, M.M., Panea, B., Renand, G., Turin, F., Jabet, S., Osoro, K., Olivan, M.C., Noval, G., García, P., García, M.D., Oliver, M.A., Gispert, M., Serra, X., Espejo, M., García, S., López, M. Izquierdo, M. (2003). Livestock Production Science 82, 1-3.
- Sañudo, C., Albertí, P., Campo, M.M., Olleta, J.L., Panea, B. (1998). Archivos de Zootecnia 48, 397-40.
- Vieira, C., García-Cachán, M.D., Recio, M.D., Domínguez, M., Sañudo, C. (2006). Spanish Journal of Agricultural Research 4 (3), 225-234.

## EFFECTO DE LA CASTRACIÓN Y DEL ACABADO SOBRE LA CALIDAD SENSORIAL DE LA CARNE DE TERNEROS DE RAZA PARDA DE MONTAÑA

Panea, B.\*, Joy, M., Abidi W., Carrasco S., Albertí, P., Ripoll, G., Blanco, M., Casasús. I.  
Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón.  
Crta. Montañana, 930; 50059. Zaragoza \*bpaneaa@aragon.es

### INTRODUCCIÓN

En el marco de la Producción Ecológica, el cebo de terneros en pastoreo puede suponer una alternativa para producir carne de calidad con un óptimo aprovechamiento de los recursos forrajeros. Sin embargo, un cambio en la estrategia de manejo puede implicar cambios en la calidad sensorial de la carne que pueden afectar a su aceptación por parte del consumidor. El objetivo del presente trabajo fue comparar la calidad sensorial de la carne de animales castrados alimentados con una alta proporción de forrajes con la carne de terneros enteros cebados con pienso.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 24 animales de raza Parda de Montaña, distribuidos en tres lotes y sacrificados a 500 kg: lote TESTIGO (animales enteros criados con cebo intensivo hasta el sacrificio), lote CEBONES SIN ACABADO (animales castrados; durante la invernada recibieron una mezcla unifeed 60:40 de heno de alfalfa:harina de maíz, se subieron a puerto en primavera y estuvieron pastando en una pradera polifita del Pirineo Oscense hasta el sacrificio) y lote CEBONES CON ACABADO (castrados y sometidos al mismo manejo que el lote anterior con la salvedad de que los dos meses previos al sacrificio fueron estabulados y terminados con la mezcla unifeed antes descrita). Tras el sacrificio se obtuvieron 2 filetes por animal de la parte lumbar del *L.dorsi*. La carne se maduró a 4°C durante 8 ó 15 días y se congeló. El día del análisis se descongeló en agua corriente, se cocinó en un grill de doble placa precalentado a 200°C hasta alcanzar una temperatura interna de 70°C y fue evaluada por un panel sensorial entrenado de 7 miembros, que valoró los atributos de olor a vacuno, terneza, jugosidad, flavor a vacuno, flavor a hígado, sabores anormales y apreciación global utilizando una escala estructurada de 10 puntos, en la que 1 representaba el valor más bajo y 10 el más alto para cada atributo. El estudio estadístico se realizó con el paquete SPSS 13.0. Se realizó un ANOVA con el lote como efecto fijo, se calcularon las medias y desviaciones típicas para cada atributo y se llevó a cabo un análisis de correlaciones bivariadas de Pearson.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se muestra la significación de los efectos estudiados y las medias y desviaciones típicas para los atributos evaluados. El lote tuvo un efecto significativo sobre la terneza, la intensidad a flavor vacuno y la apreciación global. El lote TESTIGO resultó más tierno que los otros dos lotes, independientemente del tiempo de maduración, lo cual podría deberse al mayor estado de engrasamiento de las canales (Fishell *et al.*, 1985; Vestergaard *et al.*, 1999). Las diferencias en la intensidad de flavor a vacuno sólo son apreciables a los 15 días de maduración, siendo mayor en el lote TESTIGO ( $p < 0.05$ ). Larick y Turner (1990) demostraron que el flavor a vacuno es mayor en la carne de los animales que reciben concentrado, mientras que la carne de los animales criados a hierba presenta un flavor definido como dulce. El hecho de que sólo se detecten a los 15 días podría estar indicando que este tipo de carne madura lentamente, por lo que los sabores naturales de la carne aumentan tardíamente como consecuencia de la proteólisis registrada durante la maduración. Por otra parte, Campo (1999) demostró que la raza Parda de Montaña presenta valores bajos para la intensidad de olor a carne, en comparación con otras razas españolas. A pesar de que las diferencias en apreciación global sólo se detectan a los 8 días de

maduración, cabe señalar que la tendencia es la misma a los 15 días, de modo que el lote testigo presentó notas de apreciación global más altas que los otros dos lotes. Por lo tanto, el lote testigo, más tierno y de flavor menos intenso, fue el mejor valorado en su conjunto.

La maduración sólo afectó significativamente a la intensidad de sabores anormales en el lote TESTIGO ( $p < 0.01$ ), que se incrementó con los días de maduración. En ambos lotes de CEBONES se observó que la intensidad de sabores anormales también aumentaba con el tiempo de maduración aunque no de forma significativa ( $p > 0.05$ ). Aunque la terneza tendió a aumentar con el tiempo de maduración, esto no supuso ninguna mejora en el caso del lote TESTIGO, pero sí en los otros dos, especialmente en el lote CEBONES CON ACABADO. Es sabido que la realimentación tras un periodo de restricción se traduce en una mejora de la terneza, debida al incremento de fibras glicolíticas, al incremento del contenido en lípidos y/o al aumento de colágeno de nueva síntesis, que es más soluble (Geay *et al.*, 2002). Sin embargo, como se ha dicho, esta carne parece necesitar tiempos largos de maduración, lo que podría explicar que el efecto de esta realimentación sólo sea perceptible a los 15 días. Por lo tanto, y a la vista de los resultados tanto de terneza como de flavor, se podría pensar que el tiempo óptimo de maduración de este tipo de carne estaría entre los 8 y los 15 días.

Se ha encontrado una interacción entre lote y maduración para la intensidad de olor a vacuno. Así, tanto en el lote TESTIGO como en el lote CEBONES CON ACABADO, el olor a vacuno disminuyó al aumentar el tiempo de maduración, mientras que en el lote CEBONES SIN ACABADO, ocurrió lo contrario, aunque en ningún caso las diferencias fueron significativas. La discriminación del olor es más difícil para un degustador que la del flavor (Campo *et al.*, 1999).

Tabla 1. Efecto del manejo sobre la valoración sensorial de la carne de terneros de raza Parda de Montaña. Medias y desviaciones típicas para los atributos estudiados.

	TESTIGO		CEBONES SIN ACABADO		CEBONES CON ACABADO		Valor de p		
	8 días	15 días	8 días	15 días	8 días	15 días	Lote	Mad	Lote*Mad
Intensidad de olor a vacuno	5.1	4.8	4.7	5.2	5.2	4.5	0.693	0.244	0.003
Terneza	5.9 <b>a</b>	5.9 <b>a</b>	4.8 <b>b</b>	5.1 <b>b</b>	4.5 <b>b</b>	5.0 <b>b</b>	0.000	0.081	0.424
Jugosidad	5.2	5.4	5.0	5.0	5.0	5.3	0.362	0.320	0.503
Intensidad de flavor a vacuno	5.8	6.0 <b>a</b>	5.5	5.6 <b>b</b>	5.5	5.5 <b>b</b>	0.027	0.289	0.745
Intensidad de flavor a hígado	3.2	3.5	2.9	3.2	2.9	2.9	0.138	0.271	0.691
Intensidad de sabores anormales	3.4 <b>y</b>	4.1 <b>x</b>	3.6	3.9	3.3	3.6	0.244	0.013	0.697
Apreciación global	5.3 <b>a</b>	5.0	4.3 <b>b</b>	4.5	4.5 <b>b</b>	4.6	0.001	0.997	0.412

a,b. diferencias entre lotes dentro de maduración.

x, y. diferencias entre maduraciones dentro de lote.

Las correlaciones entre variables se muestran en la Tabla 2. La apreciación global se correlacionó positiva y estrechamente con la terneza, la jugosidad y el flavor a vacuno, pero se correlacionó negativamente las notas de flavor a hígado y los sabores anormales. La aparición de correlaciones positivas entre flavor a vacuno, jugosidad y terneza es frecuente en las pruebas sensoriales (Campo *et al.*, 1999; Goodson *et al.*, 2002). Puede observarse que la intensidad de flavor a vacuno estuvo correlacionada con la intensidad de flavor a

hígado, lo cual es esperable en carne bien madurada. Sin embargo, el flavor a hígado también se correlacionó positivamente con la intensidad de sabores anormales, lo que indicaría que se ha considerado como una nota negativa.

Tabla 2. Correlaciones bivariadas de Pearson. Sólo se muestran las correlaciones significativas.

	Terneza	Jugosidad	Flavor a vacuno	Flavor a hígado	Flavores anormales	Apreciación global
Intensidad de olor a vacuno			0.33**	0.16**		
Terneza		0.53**	0.25**	-0.17**	-0.15**	0.62**
Jugosidad			0.25**	-0.10*		0.43**
Intensidad de flavor a vacuno						0.30**
Intensidad de flavor a hígado					0.54**	-0.42**
Intensidad de sabores anormales						-0.39**

\*\* La correlación es significativa al nivel 0,01 (bilateral).

\* La correlación es significante al nivel 0,05 (bilateral).

Como conclusión, se puede decir que la carne de CEBONES criados a pasto no presenta defectos de olor ni sabor, pero es ligeramente menos tierna que la de los animales enteros. Por lo tanto, para que resulte una alternativa viable a la producción tradicional de terneros debe mejorarse la terneza mediante cambios en la dieta o en el tiempo de maduración, lo cual debería ser la base de futuros estudios.

*Agradecimientos: Este trabajo ha sido realizado con financiación procedente del Proyecto INIA RTA 03-031 y del Proyecto MCYT AGL 2002-00027*

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Campo, M.M. (1999). Influencia de la raza sobre la textura y las características sensoriales de la carne bovina a lo largo de la maduración. Tesis Doctoral. Universidad de Zaragoza. pp. 255.
- Campo, M. M., Sañudo, C., Guerrero, L., Serra, X., Panea, B., Olleta, J. L., Piedrafitra, J. (1999). Variabilidad intrarracial en el análisis sensorial de siete razas-sistemas de producción españoles. ITEA 20, 83-85.
- Fishell, V. K., Aberle, E. D., Judge, M. D., Perry, T. W. (1985). Palatability and muscle properties of beef as influenced by preslaughter growth-rate. Journal of Animal Science 61, 151-157.
- Geay, Y., Bauchart, D., Hocquette, J.F., Culioli, J. (2002). Valeur diététique et qualités sensorielles des viandes de ruminants. Incidence de l'alimentation des animaux. INRA Productions Animales 15, 37-52.
- Goodson, K. J., Morgan, W. W., Reagan, J. O., Gwartney, B. L., Courington, S. M., Wise, J. W., Savell, J. W. (2002). Beef Customer Satisfaction: Factors affecting consumer evaluations of clod steaks. Journal of Animal Science 80, 401-408.
- ISO. (1993). Sensory analysis-General guidance for the selection, training and monitoring of assessors. Part 1: Selected assessors. International Organization for Standardization, ISO 8586-1, Genève, Switzerland, pp. 26.
- Larick, D. K., Turner, B. E. (1990). Flavor characteristics of forage and grain-fed beef as Influenced by phospholipid and fatty-acid compositional differences. Journal of Food Science 55, 312-317.
- Vestergaard, M., Oksbjerg, N., Henckel, P. (1999). 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.



## **PRODUCCIÓN DE CEBONES DE RAZA PARDA DE MONTAÑA: EFECTO DE DISTINTAS ALTERNATIVAS DE MANEJO SOBRE LA CALIDAD DE LA CANAL Y DE LA CARNE<sup>1</sup>**

Abidi, W., Joy, M.\*, Ripoll, G., Albertí, P., Blanco, M., Casasús, I.  
 Unidad de Tecnología en Producción Animal, CITA-Gobierno de Aragón.  
 Apdo. 727-50.080-Zaragoza. \* [mjoy@aragon.es](mailto:mjoy@aragon.es)

### **INTRODUCCION**

La producción de animales castrados mediante el aprovechamiento de los recursos forrajeros tiene repercusiones positivas sobre la conservación del medio, a la vez que produce un tipo de carne ligado al territorio, aspecto muy relacionado con la percepción de "calidad" por parte de los consumidores. Dicho tipo de producción podría englobarse dentro de las condiciones de alimentación que la ganadería ecológica exige y a la que los sistemas intensivos no cumplen. El desarrollo de esta importante parcela de la producción pasa por encontrar técnicas que aseguren una alimentación esencialmente forrajera a lo largo del ciclo productivo y la obtención de un producto adaptado a las características del mercado. Por ello, es necesario el estudio de las condiciones en que podría realizarse dicha producción, destacando la influencia del manejo alimenticio sobre los rendimientos de los cebones a lo largo del ciclo productivo y la calidad del producto final. El objetivo del presente trabajo fue estudiar las características de la canal y de la carne de animales cebones de raza Parda de Montaña sometidos a pastoreo con o sin acabado en relación a los terneros enteros cebados de forma convencional.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

Se utilizaron 24 terneros de raza Parda de Montaña, nacidos en la primavera del 2005, procedentes de la Finca Experimental "La Garcipollera", destetados tras la bajada de puerto a 8 meses de edad y trasladados a las instalaciones del CITA en Montañana (Zaragoza). Dieciséis terneros fueron castrados y tras su recuperación se procedió a la realización de dos lotes experimentales, mientras que los restantes animales enteros formaban un tercer lote (peso medio de  $213.3 \pm 7.07$  kg). Se evaluaron tres manejos diferenciados. El lote TESTIGO, formado por los 8 animales enteros que estuvieron en establo recibiendo una dieta de pienso comercial y paja a voluntad hasta el sacrificio (TESTIGO). Los animales castrados fueron divididos en dos lotes de 8 animales, cebones sin acabado (CB) y cebones con acabado (CB+ACB). Durante el invierno (diciembre-abril) los animales recibieron una dieta constituida por mezcla unifeed 60:40 de heno de alfalfa y harina de maíz. A partir del mes de abril los animales retornaron a la Finca "La Garcipollera" y pastaron una pradera polifita (80% gramíneas, 4% leguminosas y 16% de otras familias) con una carga ganadera de 6.6 animales/ha. Diariamente se les aportó 2 kg de harina de maíz por animal y día. Dos meses antes del sacrificio, el lote CB+ACB se retiró de la pradera y se le ofreció una dieta de acabado igual que la recibida durante la alimentación invernal en establo.

Los pesos de los animales se registraron semanalmente y cuando alcanzaron los 500 kg se trasladaron al matadero de Mercazaragoza para su sacrificio. Los canales se evaluaron tras 24 horas de oreo a 4°C. Seguidamente, se obtuvo el peso canal fría y se procedió a la clasificación subjetiva de las canales para la conformación (escala SEUROP, expandida a 18 puntos) y el grado de engrasamiento (escala del 1 al 5; expandida a 15 puntos), siguiendo la normativa de la U.E. (Reglamento CEE N° 1208/81).

En la zona lumbar de la media canal izquierda se midió el color de la grasa subcutánea, mediante el sistema CIE  $L^*a^*b^*$  con un espectrofotómetro Minolta CM-2006d, a partir de estos valores se calcularon el tono ( $h_{ab}$ ) y saturación (C). A las 24 horas tras el sacrificio se tomaron, de la media canal izquierda, muestras de la región correspondiente a *M. longissimus thoracis* y *lumborum* (entre la 9ª vértebra torácica y 3ª lumbar) y se obtuvieron

<sup>1</sup> Financiación procedente de MCyT (AGL 2002-00027, INIA RTA-30-031) y fondos FEDER.

filetes de 2 cm de espesor, para los distintos análisis instrumentales. El pH último de la carne se midió 24 horas postmortem con un pH-metro portátil CRISON provisto de un electrodo de vidrio en la 10ª costilla. La evolución del color del músculo se midió en el momento del corte, 24 y 48 horas, y 8 días de oxigenación, para lo cual los filetes se pusieron en una bandeja de poliespán, cerrada con un film transparente y permeable al oxígeno a 4°C, en condiciones de oscuridad. La textura de la carne se determinó mediante la máquina de ensayo universal INSTRON serie 5543 determinando mediante la célula Warner-Bratzler. Se determinó el esfuerzo máximo con carne madurada 1, 9 y 16 días a 4°C. La medida se realizó en filetes envasados al vacío (-900 mbar de presión) y cocidos en baño maría (75°C por 45 min) que se cortaron en tacos de 1cmx1cm de sección

Los datos se analizaron haciendo uso del paquete estadístico SAS (versión 9.1), mediante un análisis de varianza, considerando el manejo como efecto fijo. Cuando se incluyó la maduración de la carnes se utilizó el análisis de medidas repetidas PROC MIXED, siendo el modelo  $Y_{ijk} = \mu + \text{Manejo}_i + \text{Tiempo}_j + \text{Manejo}_i * \text{Tiempo}_j + e_{ijk}$ .

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las características de las canales producidas se presentan en la Tabla 1. No se observaron diferencias significativas en el peso al sacrificio ni en el peso de la canal fría ( $p > 0.05$ ). El sistema de alimentación tampoco tuvo efecto en el grado de engrasamiento de las canales, con una clasificación de 2, 2- y 2 para los animales de los tratamientos TESTIGO, CB y CB+ACB, respectivamente. La escasa influencia del tratamiento sobre el grado de engrasamiento pudo ser consecuencia del efecto de la castración de los cebones, la cual favorece un mayor depósito de grasa en comparación al observado en animales enteros sacrificados más jóvenes y que puede contradecir la premisa de que las dietas forrajeras producen canales menos engrasadas (Mandell *et al.*, 1998), aunque Blanco *et al.* (2005a) en terneros de la misma raza y pastando alfalfa observaron solo una tendencia a un menor engrasamiento en las canales procedentes del pasto. El rendimiento de la canal y la conformación estuvieron afectados significativamente ( $p < 0.05$ ) por el sistema de alimentación. El grupo de animales pertenecientes al tratamiento CB+ACB presentaron un menor rendimiento y una menor conformación ( $p < 0.05$ ). El mayor contenido digestivo como consecuencia de la alimentación seca (heno alfalfa: maíz, 60:40) recibida en los dos meses previos al sacrificio pudo ser responsable del menor rendimiento. La conformación que presentó dicho tratamiento fue de R, mientras que los otros tratamientos fueron clasificados como U.. La nota de conformación de estos animales coincide con los resultados de Blanco *et al.* (2005a) en terneros pastando alfalfa y Carrasco *et al.* (2007) con cebones en la misma raza utilizada en el presente estudio. La posible causa de la menor conformación del lote CB+ACB pudo ser la variabilidad genética entre los animales del presente estudio.

Tabla 1. Características de la canal.

	TESTIGO	CB	CB + ACB	e.e.	Sign.
Peso final <sup>1</sup> , kg	494.5	502.4	500.6	16.57	n.s
Peso canal fría	285.0	287.2	274.6	11.12	n.s
Rto. canal <sup>2</sup> , %	57.56 <sup>a</sup>	57.06 <sup>a</sup>	54.85 <sup>b</sup>	0.640	*
Conformación	10.5 <sup>a</sup> (U)	10.5 <sup>a</sup> (U)	8.25 <sup>b</sup> (R)	0.54	**
Engrasamiento	5.0 (2)	4.1 (2)	5.0 (2)	0.37	n.s

<sup>1</sup>Peso vivo el día antes del sacrificio. <sup>2</sup>Rendimiento en porcentaje de la canal fría a partir del peso final

La alimentación recibida por los animales afectó de forma significativa al índice de amarillo (b\*) y a la saturación (C\*) de la grasa subcutánea ( $p < 0.001$ ; Tabla 2). Los animales del lote TESTIGO presentaron menores valores de a\*, b\* y saturación que los cebones de pasto. Ello es debido a la mayor concentración de pigmentos carotenoides depositados en la grasa como consecuencia de la mayor ingestión de dichos pigmentos en animales en pastoreo. Blanco *et al.* (2005b) trabajando con tres sistemas de alimentación similares a los estudiados en el presente estudio y con terneros de la misma raza encontraron que el pastoreo afecta al color de la grasa de cobertura de las canales, observándose tonalidades más crema o amarillentas que en los animales cebados con concentrado. Los mayores

valores del índice de amarillo no fueron suficientes para penalizar la comercialización de la canal.

Los tres tratamientos presentaron valores normales de pH, 5.52, 5.59 y 5.58 para los lotes TESTIGO, CB y AB+ACB, respectivamente, sin diferencias significativas entre ellos ( $p>0.05$ ). La luminosidad ( $L^*$ ), y el índice rojo ( $a^*$ ) no estuvieron afectados por el tratamiento ( $p>0.05$ ). Se observa que los tratamientos con pastoreo presentaron unos valores superiores en índice de amarillo (Figura 1), saturación y tono al de la carne de los animales TESTIGO. Por lo que la carne de terneros en pasto resultó más pálida. Esto puede deberse al aporte de flavonoides y antioxidantes del pasto, que además estabilizó el color y por tanto favoreció la vida útil del producto.

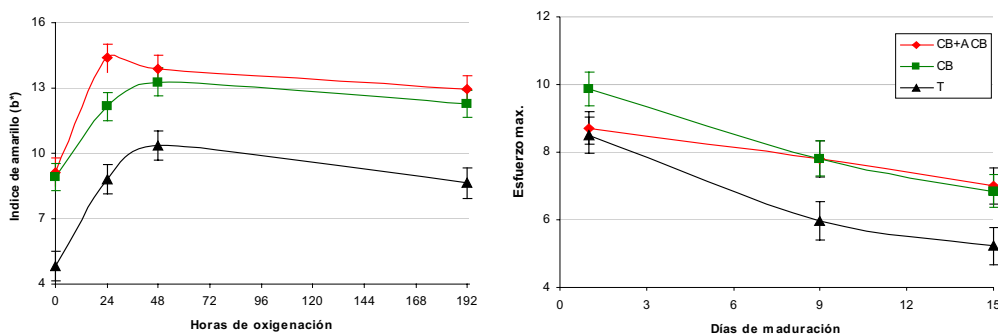
Tanto la alimentación como la maduración afectaron significativamente ( $p<0.001$ ) al esfuerzo máximo. Se observa como el lote CB tiene mayores valores de esfuerzo el primer día, mientras que los restantes tratamientos presentaron valores semejantes (Figura 1). El lote TESTIGO tanto a los 9 como a los 16 días presentó una menor dureza que los lotes de pastoreo. Varela et al. (2001) también observaron que los terneros criados en sistema extensivo presentaban una carne más dura que la presentada por terneros cebados con pienso.

En conclusión, la producción de cebones en pastoreo produce unas canales con engrasamientos similares a las de cebo convencional. Su grasa subcutánea fue algo más amarilla, mientras que su carne fue más pálida. Sin embargo, la carne de este tipo de animales criados en pasto, tiene una dureza inicial superior a la de terneros cebados con pienso, por lo que se recomienda consumir este tipo de carne después de un tiempo de maduración más largo, de al menos 15 días.

Tabla 2. Color instrumental de la grasa subcutánea.

	TESTIGO	CB	CB + ACB	e.e.	Sign.
$L^*$	72.82 <sup>a</sup>	68.30	71.16 <sup>ab</sup>	1.112	*
$a^*$	1.37 <sup>b</sup>	2.78 <sup>a</sup>	2.68 <sup>a</sup>	0.370	*
$b^*$	9.22 <sup>b</sup>	18.13 <sup>a</sup>	16.27 <sup>b</sup>	0.507	***
$C^*$	9.38 <sup>c</sup>	18.38 <sup>a</sup>	16.53 <sup>b</sup>	0.513	***
$h^*$	82.16	81.40	80.80	1.731	n.s

Figura 1. Evolución del color y el esfuerzo máximo del músculo en el tiempo.



## REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Blanco et al., 2005a. ITEA, Volumen Extra, 26: 216-219  
 Blanco et al., 2005b ITEA, Volumen Extra, 26: 2771-773  
 Carrasco et al. 2007. XII Jornadas sobre producción animal de AIDA.  
 Mandell et al., 1998. J. Anim. Sci 76: 2619-2630.  
 Varela et al., 2002. ITEA, Volumen Extra 22: 562-564.

## EFFECTO DEL TIEMPO Y LA FORMA DE MADURACIÓN EN LA CALIDAD DE LA CARNE DE TERNERA EN TRES PIEZAS COMERCIALES

García-Torres, S.\*, López Parra, M.M., Blanco Martín, M.T., Osorio Membrillo, C.,  
Tejerina Barrado, D.  
Centro de Investigación La Orden-Valdesequera. Apdo. correos, 22. 06080 Badajoz  
\*susana.garcia@juntaextremadura.net

### INTRODUCCIÓN

Obtener una carne con determinados parámetros de calidad (color, textura, capacidad de retención de agua, jugosidad, etc.), tiene gran importancia económica puesto que para el consumidor algunas de ellas son determinantes a la hora de la compra y en el consumo de la misma. Estas características son el resultado de un largo proceso que se produce en el músculo, tanto pre-sacrificio como post-sacrificio.

El tiempo que transcurre desde que se produce post-*rigor mortis* se denomina periodo de maduración de la carne. Se trata de un proceso complejo que varía según las especies y durante el cual transcurren diferentes procesos bioquímicos que tienen como consecuencia la ruptura de las fibras musculares y los procesos de proteólisis muscular que determinan las características finales de la carne, principalmente el grado de terneza final de la misma. Como es ampliamente conocido, la terneza es el parámetro más valorado por los consumidores, principalmente de carne de vacuno (Campo *et al.*, 1999; Macie *et al.*, 2000). Por esta razón, y con el fin de obtener que una terneza óptima, se recurre a un periodo de maduración más o menos largo, que Campo *et al.* (1999) recomienda que sea de 7 días. El color de la carne es la otra característica que más importancia tiene en el consumidor de carne de vacuno, sobre todo en el momento de la compra (Carpenter *et al.*, 2001).

Se planteó este estudio con el fin de determinar la influencia del tipo de maduración de la carne de ternera, variando el tiempo y la forma en que se realiza la misma, en tres piezas cárnicas: lomo (*Longissimus dorsi*), babilla (*Cuadriceps femoral*) y redondo (*Semitendinosus*).

### MATERIAL Y MÉTODOS

Para este estudio se utilizaron 42 terneros engordados hasta 480 kg. Una vez sacrificados, y tras 24 horas de oreo, se procedió a aplicar cuatro tratamientos diferentes a las canales. El tratamiento 1 (T1) se aplicó a la media canal izquierda, que se mantuvo en una cámara frigorífica del matadero por un periodo de 7 días. Transcurrido éste tiempo se despiezó y se retiraron las piezas de estudio que fueron: *Longissimus dorsi*, *Cuadriceps femoral* y *Semitendinosus*, trasladándose éstas refrigeradas al laboratorio para su análisis. El tratamiento 2 (T2) se procedió de la misma forma que en T1 pero se mantuvo en cámara frigorífica del matadero por un periodo de 14 días. Tras este tiempo, se despiezó y se retiraron las piezas de estudio ya mencionadas para su análisis. El tratamiento 3 (T3) se aplicó sobre la media canal derecha y consistió en el despiece a las 24 horas del sacrificio de la media canal, donde se retiraron las piezas de estudio antes mencionadas, que fueron envasadas al vacío y se mantuvieron en frigorífico durante 7 días, el mismo periodo de tiempo que en T1. Tras este tiempo se realizaron los análisis de calidad. El tratamiento 4 (T4) se repitió el procedimiento T3 pero las piezas envasadas se mantuvieron en frigorífico el mismo tiempo que T2, 14 días. Posteriormente se llevaron a cabo los análisis de calidad propuestos.

Se determinó el pH de cada pieza y el color mediante un colorímetro Minolta Chroma Meter CR-200 utilizando el sistema de coordenadas cromáticas CIELab (1976), se calculó la capacidad de retención de agua (CRA) por el método de presión (Grau y Hamm, 1953), se determinaron los pigmentos hemínicos como  $\mu\text{g}$  de hematina/g de músculo (Hornsey, 1956). Se calcularon las pérdidas por cocinado (%Pérd) y la materia seca (MS) siguiendo los métodos descritos en Cañeque y Sañudo (2005). El análisis de textura se realizó utilizando

un texturómetro Instron 6021 con la célula Warner-Bratzler en carne cocinada al “baño maría” a 75°C durante 45 minutos. Se cortaron no menos de 10 paralelepípedos siguiendo la dirección de las fibras musculares y con una sección transversal de 1 cm<sup>2</sup>. La medida se expresó como Carga máxima en kg. Los datos fueron analizados utilizando el procedimiento GLM (SAS, 1998). En el modelo se analizó el efecto del tratamiento sobre los parámetros de calidad propuestos en cada una de las piezas cárnicas comerciales.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos en el músculo *Cuadriceps femoral* se pueden observar en la Tabla 1. Los parámetros que no estuvieron afectados por el tratamiento utilizado son el pH, la CRA, la materia seca y el porcentaje de las pérdidas de cocinado. En cuanto al color, aunque la luminosidad (L\*) no se afectó por los diferentes tratamientos aplicados, no sucedió lo mismo con el índice de amarillo (b\*), que mostró en la babilla un valor más elevado en T4, cuando se maduró al vacío en frigorífico durante 14 días (p<0,05). Este hecho lo pone también de manifiesto Velasco *et al.* (2005a) que observa un aumento del índice de amarillo (b\*) a medida que se aumenta el tiempo de maduración. Los valores de las coordenadas de color L\*, a\*,b\* observados en la babilla en este estudio son inferiores a los mostrados para el mismo músculo por Portela *et al.* (2005). En la cantidad de pigmentos hemínicos se observaron diferencias entre los valores de las piezas con tratamiento 2 y 3 (p<0,05) que mostraron el mayor y el menor valor respectivamente. Aunque no hay diferencias significativas en cuanto a la textura, se observa una tendencia a la tenderización de la babilla en los tratamientos de 14 días de maduración, tal como observó Velasco *et al.*, (2005b).

Para el músculo *Semitendinosus*, los resultados están indicados en la Tabla 2. Las diferencias encontradas son similares a las observadas para el *Cuadriceps femoral*. No se vieron afectados por el tratamiento los parámetros de pH, CRA, materia seca ni pérdidas por cocinado. Los parámetros de color para este músculo descritos por Portela *et al.*, (2005) para la Rubia gallega son menores que los que aquí se presentan. Se trata, por lo tanto, de un músculo de mayor luminosidad e intensidad de color. Tal y como se observa en el caso de la babilla, en el redondo la luminosidad tampoco se vio afectada por el tratamiento de maduración. Por el contrario el índice de rojo (a\*) mostró diferencias significativas entre los tratamientos 2 y 4 debido, principalmente, a la forma de maduración del músculo (canal o frigorífico), siendo más roja la carne de redondo en T2 que en T4 (p<0,05). El mismo comportamiento se observa en la cantidad de pigmentos hemínicos con valores superiores en las piezas con tratamiento T2 frente a T4. Los resultados de la textura fueron mayores en los tratamientos T1 y T3 frente a los T2 y T4 como era esperable aunque las diferencias fueron significativas únicamente entre la carne con T2 y T3 (p<0,05).

El músculo más estudiado y de referencia en los estudios de calidad de carne es el *Longissimus dorsi*. Los resultados obtenidos en este trabajo se recogen en la tabla 3. El lomo fue la pieza cárnica más afectada por los tratamientos aplicados aunque no hubo incidencia en los mismos parámetros señalados para las piezas anteriores excepto la CRA. El índice de rojo (a\*) fue superior cuando el lomo maduró en canal frente a la maduración de la pieza envasada (p<0,01). Por otra parte, también fue mayor cuando la maduración fue por un periodo de 7 frente a 14 días, hecho que se puso de manifiesto significativamente en los tratamientos T2 frente a T3 (p<0,001). Estos resultados son contrarios a los observados por Velasco *et al.* (2005a) para el lomo, en cuyo caso el índice de rojo desciende con el tiempo de maduración. Los resultados obtenidos en cuanto a la cantidad de pigmentos hemínicos muestran el mismo comportamiento que el índice de rojo frente a los diferentes tratamientos. En cuanto a los resultados observados en el índice de amarillo (b\*), el comportamiento de este parámetro frente a los diferentes tipos de tratamientos es el mismo que para a\* pero con diferencias estadísticamente mayores (p<0,001). Con respecto a la CRA, en el caso del lomo, se observaron diferencias por el tipo de tratamiento. Así, la tendencia en los resultados es que los lomos madurados en canal, tuvieron valores de CRA mayores que cuando las piezas se maduraron en frigorífico. Por otra parte, el menor valor se observó cuando el lomo fue madurado envasado durante 14 días, este resultado estaría relacionado

con la desnaturalización proteica miofibrilar *post mortem* que se produce con la maduración (Offer, 1991; Velasco *et al.*, 2005a). En los resultados de terneza en el lomo continua la tendencia ya mencionada del aumento de la misma en función del incremento del tiempo de maduración. También se observa que el T3 aumenta el valor de carga máxima frente a T1 ( $p < 0,05$ ), cuando se envasó y se maduró durante 7 días.

Podemos concluir que el músculo afectado en un mayor número de parámetros por los tratamientos fue el lomo. Los parámetros de mayor importancia para los consumidores como son el color y la textura se vieron afectados por los tratamientos, en general, la carne fue más roja cuando las piezas se maduraron en canal y por menos tiempo y la terneza mejoró con el tiempo de maduración.

Tabla 1. Medias y desviación estándar del efecto del tratamiento el m. *Cuadriceps femoral*.

	pH	L*	a*	b*	CRA	MS	µg/g	%Perd.	Carga Máx
T1	5.68±0.14	36.76±3.32	22.25±2.19	7.57±1.82 <sup>a</sup>	18.59±2.94	23.6±0.7	173.2±49.1 <sup>a</sup>	30.5±6.5	4.49±0.7 <sup>bc</sup>
T2	5.6±0.19	37.4±4.42	22.48±2.7	8.9±2.64 <sup>ab</sup>	18.47±3.05	25.9±3.9	209.2±69.7 <sup>b</sup>	30.8±4.0	3.7±0.8 <sup>b</sup>
T3	5.58±0.10	36.94±2.72	21.76±2.26	7.58±2.01 <sup>ab</sup>	18.86±2.97	23.6±1.8	172.3±64.2 <sup>a</sup>	28.5±3.9	4.46±0.9 <sup>a</sup>
T4	5.56±0.18	38.73±4.16	22.93±3.0	9.0±2.4 <sup>b</sup>	18.38±3.77	23.7±1.0	189.7±55.0 <sup>ab</sup>	29.2±7.0	3.58±0.5 <sup>bc</sup>

Tabla 2. Medias y desviación estándar del efecto del tratamiento el m. *Semitendinosus*.

	pH	L*	a*	b*	CRA	MS	µg/g	%Perd.	Carga Máx
T1	5.56±0.21	41.15±3.58	20.74±3.29	9.52±3.49	18.73±3.60	24.8±2.68	121.4±33.6 <sup>abc</sup>	32.9±4.2	6.24±0.89 <sup>bc</sup>
T2	5.61±0.24	41.89±3.57	21.71±1.97	10.17±2.56	18.43±2.38	39.6±3.04	145.8±69.2 <sup>b</sup>	31.3±3.9	4.89±0.91 <sup>bc</sup>
T3	5.62±0.25	41.52±4.12	20.23±2.65	8.74±2.94	18.86±4.73	24.7±1.52	112.8±33.8 <sup>bc</sup>	32.4±5.3	9.32±1.01 <sup>a</sup>
T4	5.64±0.27	41.14±4.9	19.91±2.36	9.74±3.19	17.81±2.96	24.9±3.92	114.1±29.6 <sup>bc</sup>	33.6±2.8	4.84±1.03 <sup>bc</sup>

Tabla 3. Medias y desviación estándar del efecto del tratamiento el m. *Longissimus dorsi*.

	pH	L*	a*	b*	CRA	MS	µg/g	%Perd.	Carga Máx
T1	5.58±0.19	37.97±2.61	21.42±3.76 <sup>bc</sup>	9.79±2.31 <sup>a</sup>	18.5±3.74 <sup>bc</sup>	24.4±1.23	137.7±33.0 <sup>a</sup>	25.92±3.5	6.38±1.92 <sup>bc</sup>
T2	5.62±0.18	38.15±2.35	22.87±3.80 <sup>a</sup>	10.53±2.6 <sup>a</sup>	18.5±4.23 <sup>a</sup>	24.0±0.79	150.4±33.5 <sup>ab</sup>	23.96±3.2	5.86±1.96 <sup>a</sup>
T3	5.61±0.18	38.38±2.99	18.48±2.62 <sup>b</sup>	5.97±2.01 <sup>b</sup>	17.4±4.66 <sup>bc</sup>	24.5±1.60	138.1±30.2 <sup>a</sup>	22.79±3.9	13.0±2.03 <sup>bc</sup>
T4	5.62±0.18	38.39±2.64	19.77±3.26 <sup>bc</sup>	7.3±2.05 <sup>b</sup>	16.0±2.81 <sup>bc</sup>	26.8±1.45	157.1±27.4 <sup>b</sup>	23.45±3.9	5.91±1.04 <sup>bc</sup>

T1: Maduración en canal durante 7 días; T2: Maduración en canal durante 14 días; T3: Maduración en pieza durante 7 días;

T4: Maduración en piezas durante 14 días.

a, b, c: letras diferentes, indican diferencias significativas entre los tratamientos ;letras iguales o ausencia de letras, indican diferencias no significativas.

CRA: Capacidad de retención de agua; MS: Materia seca; µg/g: Pigmentos hemínicos; %Perd: Pérdidas por cocinado; Carga máx: Textura

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Campo, M.M., Sañudo, C., Panea, B., Alberti, P., Santolaria, P. (1999). Meat Science, 51:383-390.
- Cañeque, V. y Sañudo, C. (2005). Monografías INIA: Serie Ganadera, nº3 Ed. INIA.
- Carpenter, C.E., Cornforth, D.P. Whittier, D. (2001). Meat Science, vol. 57, issues 4, 359-363.
- CIE. (1976). Supplement nº2 to CIE, publication nº. 15 (E-1.3.1), CIE, Paris.
- Grau, R., Hamm, R. (1953). En: Muscle as food, Ed by Bechtel PJ. Food Science and Technology. Die Noturwissenschaften 40(1), 29-30.
- Hornsey, H.C. (1956). J. Sci Food Agric 7, 534-540.
- Macíe, S.E., Sañudo, C., Olleta, J.L., Panea, B., Campo, M.M., Albertí, P. (2000). 46<sup>th</sup> ICoMST, 62-63.
- Offer, G. (1991). Meat Science, 30, 157-184.
- Portela, C., Moreno, T., Pérez, N., Monserrat, L. (2005). ITEA, vol. Extra nº 26, Tomo II, 849-851.
- Velasco, S., Ruiz de Huidobro, F., Miguel, E., Blázquez, B. (2005a). ITEA, vol. Extra, nº 26, 822-824.
- Velasco, S., Ruiz de Huidobro, F., Miguel, E., Blázquez, B. (2005b). ITEA, vol. Extra, nº 26, 843-845.

## AGRADECIMIENTOS

El presente trabajo se encuentra encuadrado en el proyecto de investigación SC00-082 financiado por INIA.

## PREDICCIÓN DE LA CANTIDAD DE GRASA INTRAMUSCULAR DE LA CARNE DE CEBONES MEDIANTE ECOGRAFÍA Y ANÁLISIS DE IMAGEN

Delfa, R.<sup>1</sup>, Mendizabal, J.A.<sup>2\*</sup>, Fernández, A.<sup>2</sup>, Ripoll, G.<sup>1</sup>, Blanco, M.<sup>1</sup>, Casasús, I.<sup>1</sup>, Joy, M.<sup>1</sup>, Purroy, A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>CITA. Avda. Montañana, 930. 50059 Zaragoza.

<sup>2</sup>ETSIA. Universidad Pública de Navarra. Campus de Arrosadía, 31006 Pamplona.

\*jamendi@unavarra.es

### INTRODUCCIÓN

La cantidad de grasa intramuscular o de infiltración, reflejada en el grado de veteado o marmoreado de la carne, es uno de los factores determinantes de la jugosidad y de la palatabilidad de la misma (Savell *et al.*, 1986). Para poder predecir el grado de veteado en el animal *in vivo*, con objeto de establecer el momento óptimo de sacrificio en función del grado de infiltración grasa que se quiera obtener en la carne, se está desarrollando estos últimos años la combinación de las técnicas de ecografía y análisis de imagen (Sakowski *et al.*, 2002). En el presente trabajo se aplican dichas técnicas para la predicción *in vivo* del grado de infiltración grasa de cebones de raza Parda de Montaña criados de acuerdo con el sistema de producción ecológica.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se han utilizado 18 cebones de raza Parda de Montaña, criados siguiendo la normativa de la producción agraria ecológica (Reglamento CEE N° 2092/91). Los terneros fueron destetados con 8 meses de edad en el mes de noviembre, castrados a continuación, y estabulados durante la invernada distribuidos en dos grupos (n=9) según el aporte energético de la ración que ingirieron: únicamente heno de alfalfa a voluntad (*lote bajo*) o heno de alfalfa (60%) y cebada molida (40%) (*lote alto*). Al inicio del verano, los 18 bueyes pasaron a pastar en praderas de montaña siendo además suplementados con una media de 4 kg de cebada molida por animal y día, hasta su sacrificio que tuvo lugar a finales de septiembre y principios de octubre con aproximadamente 18 meses de edad. Los pesos, los crecimientos y las características de la canal de estos bueyes se muestran en la Tabla 1.

El día previo a su sacrificio, se realizaron dos ecografías a cada animal utilizando un ecógrafo Aloka SSD provisto de una sonda VST-5044-7,5Mhz/172mm. Las ecografías fueron realizadas a la altura de la última vértebra torácica y de la 4ª vértebra lumbar. La primera de ellas se efectuó colocando la sonda en sentido perpendicular a la columna vertebral al objeto de visualizar todo el ojo del músculo *Longissimus dorsi* (LD) y la segunda en sentido longitudinal al músculo (Delfa *et al.*, 2005). A continuación, en las imágenes obtenidas con el ecógrafo se midió el nivel de gris (escala 0-255; 0: negro total, 255: blanco total) en la zona correspondiente al músculo LD mediante el programa Optimas 6.5 de análisis de imagen, ya que esta medida guarda relación con el grado de veteado de la carne (Mendizabal y Goñi, 2001). La medida del nivel de gris se realizó sobre todo el área del músculo LD presente en la ecografía y sobre una zona de interés (ROI; 100x100 píxeles) seleccionada dentro de la imagen por su uniformidad, siguiendo las recomendaciones de Amin *et al.* (1997).

Tras el sacrificio se clasificaron las canales según la escala de clasificación SEUROP y se calculó el rendimiento de la canal. A continuación, se extrajo la 10ª costilla de la canal. En ella se separó la porción correspondiente al músculo LD con objeto de medir mediante análisis de imagen la superficie de grasa intramuscular (IM) (Mendizabal *et al.*, 2005). Por último, mediante análisis de regresión se relacionaron los valores de nivel de gris de las ecografías y los valores de contenido en grasa intramuscular del músculo LD.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los valores de nivel de gris en las ecografías fueron más elevados en los cebones del *lote alto*, tanto si se consideraba el músculo LD en su totalidad ( $36\pm 15,3$  vs  $24\pm 9,1$ ;  $P=0,05$  en la ecografía perpendicular;  $26\pm 7,3$  vs.  $16\pm 5,8$ ;  $P=0,005$  en la ecografía longitudinal), como si se consideraba la región seleccionada por su mayor uniformidad (ROI) ( $42\pm 14,0$  vs.  $30\pm 11,8$ ;  $P<0,10$  en la ecografía perpendicular;  $29\pm 8,1$  vs.  $16\pm 5,3$ ;  $P<0,01$  en la ecografía longitudinal).

Al comparar los porcentajes de grasa intramuscular en el músculo LD de la 10ª costilla entre el *lote alto* y el *lote bajo* los valores de engrasamiento fueron superiores en el *lote alto* ( $1,3\pm 0,46$  vs.  $0,4\pm 0,36$ , respectivamente;  $P<0,001$ ). No obstante, hay que destacar que estos valores de infiltración de grasa mostrados por los dos lotes se corresponden con carnes excesivamente magras. Si comparamos estos datos con los obtenidos en terneros de la misma raza, cebados de forma convencional y sin castrar, los porcentajes de grasa intramuscular en estos últimos son significativamente superiores, oscilando los valores medios alrededor del 3% (Goñi *et al.*, 1999).

Al relacionar entre sí los valores del nivel de gris de la ecografía, determinado en el animal en vivo, con el contenido en grasa intramuscular del músculo LD, la mejor ecuación de predicción se obtiene con las determinaciones realizadas en la ecografía longitudinal y considerando únicamente la zona de tonalidad uniforme o ROI. En la Figura 1 se muestra la recta de regresión obtenida con ambas variables, que mostraron un valor de correlación ( $r$ ) de 0,77 ( $P<0,001$ ). Si comparamos estos valores con los obtenidos en otros trabajos realizados en ganado vacuno (p.e. Brethour (2000) que obtuvo valores de  $r^2$  comprendidos entre 0,77 y 0,85 o Hassen *et al.* (2001) con valores comprendidos entre 0,69 y 0,91) pueden parecer algo bajos, pero hay que tener en cuenta que en el presente estudio se ha trabajado con un rango de valores de porcentaje de grasa IM comprendido entre 0,2 y 1,9%, mientras que en los trabajos referidos el rango osciló entre 1,6 y 7,2%, lo que favorece la obtención de mejores ajustes en las rectas de regresión.

En definitiva, se puede afirmar que la utilización de la ecografía y el análisis de imagen constituyen una combinación adecuada para predecir *in vivo* el contenido en grasa de infiltración de la carne, si bien en animales excesivamente magros resulta difícil obtener coeficientes de determinación próximos a 1 en las ecuaciones de predicción.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido realizado con financiación procedente de Proyecto INIA RTA 03-031 y del Proyecto MCYT AGL 2002-00027.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Amin, V., Wilson, D., Rouse, G. (1997). USOF: A.S. Leaflet R1437. Iowa State University, Ames, IA. EEUU.
- Brethour, J.R. (2000). J. Anim. Sci. 78, 2055-2061.
- Delfa, R., Teixeira, A., Cadavez, V., Sierra I. (2005). Monografías INIA: Serie Ganadera 3, 61-87.
- Goñi, V., Mendizábal, J.A., Beriain, M.J., Albertí, P., Arana, A., Eguinoa, P., Purroy, A. (1999). Renc. Rech. Ruminants (6), 278.
- Hassen, A., Wilson, D.E., Amin, V.R., Rouse, G.H., Hays, C.L. (2001). J. Anim. Sci. 79, 11-18.
- Mendizábal, J.A., Goñi, V. (2001). Investigación Agraria. Producción y Sanidad Animales 16(1), 99-108.



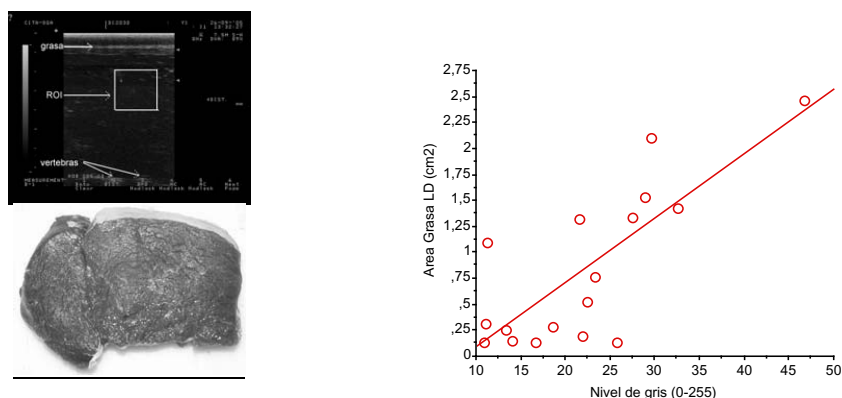
Mendizábal, J.A., Purroy, A., Indurain, G., Insausti, K. (2005). Monografías INIA: Serie Ganadera 3, 251-256.  
 Sakowski, T., Sloniewski, K., Reklewski, Z. (2002). Animal Science Paper and Reports 20(2), 11-123.  
 Savell, J.W., Cross, H.R., Smith, G.C. (1986). J. Food Sci. 51, 838-840.

**Tabla 1.** Características de crecimiento y de la canal de cebones de raza Parda de Montaña distribuidos en función del tipo de alimentación que tuvieron durante la invernada (*Lote Bajo*, alimentado con forraje; *Lote Alto*, suplementado con cebada).

	<i>Lote Alto</i> (n=9)	<i>Lote Bajo</i> (n=9)	e.e.	Significación
Peso inicial (kg)	361	361	15,14	ns
Peso final invierno (kg)	486	453	13,70	ns
Peso sacrificio (kg)	557	534	12,60	ns
GMD invierno (kg/d)	1,08	0,78	0,05	***
GMD pastoreo (kg/d)	0,73	0,76	0,05	ns
Peso canal fría (kg)	311,4	293,9	8,26	ns
Rendimiento canal (%)	55,9	55,0	0,42	ns
Conformación (1-18)	8,7(R+)	8,3(R)	0,31	ns
Engrasamiento (0-15)	5,0 (2)	4,9 (2)	0,38	ns

\*\*\*:  $P < 0,001$ ; ns: no significativo.

Figura 1. Imagen de la ecografía, del corte de *Longissimus dorsi* y gráfica de la regresión entre el nivel de gris de la ecografía y la superficie de veteado del músculo.



## INFLUENCIA DE LA DURACIÓN DEL AYUNO Y DE LA ESPERA ANTES DEL SACRIFICIO SOBRE LOS RENDIMIENTOS PRODUCTIVOS Y CARACTERÍSTICAS DE LA CANAL DE CERDOS DE CEBO

A. Rodríguez<sup>1\*</sup>, E. Sanz<sup>1</sup>, E. de Mercado<sup>1</sup>, E. Gómez<sup>1</sup>, A. Alevia<sup>2</sup>, M. Chico<sup>2</sup>, L. Flores<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Centro de Pruebas de Porcino del ITACyL. \*rodvelan@itacyl.es

<sup>2</sup>SAT322 Hnos. Chico-Galindo

<sup>3</sup>Trow Nutrition España

### INTRODUCCIÓN

Existen numerosos estudios donde se valora el efecto del ayuno sobre el rendimiento y la calidad de la carne. Se ha observado cómo en ayunos de más de 24 horas el rendimiento de la canal disminuye (Saffle y Cole, 1960, Warris, 1985). Sin embargo en periodos de menos de 24 horas esto no ocurre (Eikelenboom *et al.*, 1991, Kephart y Mills, 2005). Las ventajas del ayuno previo al sacrificio son varias, entre ellas la disminución de peso del tracto gastrointestinal y complicaciones en el momento de eviscerar, el ahorro en coste de alimentación y el incremento del rendimiento de la canal (Morrow *et al.*, 2002).

La calidad de la carne puede mejorarse si ha existido un ayuno previo al sacrificio (Gispert *et al.*, 2000). Después del sacrificio, a nivel del músculo, se acelera la glucólisis anaeróbica, produciéndose grandes cantidades de ácido láctico que harán disminuir el pH de la carne. Una menor reserva de glucógeno en el músculo, como causa de unas horas de ayuno, permite que este descenso de pH sea menor, obteniendo carnes de mayor calidad. El reposo de los animales antes del sacrificio permite una recuperación del transporte y, desde el punto de vista de la calidad de la carne, parece ser el factor previo al sacrificio que más afecta (Nanni Costa *et al.*, 2002). Se estima que cortos periodos de reposo, de 2 a 3 horas, pueden mejorar la calidad de la carne, observándose menor presencia de carnes PSE, pero periodos más largos incrementan el porcentaje de carnes DFD (Warris, 2003). El objetivo del presente estudio ha sido valorar el efecto de la duración del ayuno y de la espera antes del sacrificio sobre los rendimientos productivos y características de la canal de cerdos de cebo.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se llevaron a cabo dos experimentos en las naves de cebo del Centro de Pruebas de Porcino del Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León. Los animales experimentales eran de ambos sexos (machos castrados y hembras enteras) y fueron alojados en 4 salas de 14 departamentos cada una.

En el primer experimento se utilizaron un total de 88 animales de ambos sexos con un peso medio previo al sacrificio de  $129,58 \pm 8,27$  Kg. Los animales fueron asignados al azar a diferentes duraciones de ayuno (0, 12, 18 ó 24 horas) antes del sacrificio. El grupo de 0 horas de ayuno únicamente fue ayunado desde la carga hasta el sacrificio (2 horas). Dos horas antes del sacrificio (a las 6:00 h) los animales fueron trasladados en un camión a un matadero comercial. La T<sup>a</sup> exterior fue de -5°C y la duración del viaje fue de 1 hora.

En el segundo experimento se utilizaron 60 animales de ambos sexos, con un peso medio previo al sacrificio de  $130,65 \pm 10$  Kg. Los animales fueron asignados al azar a dos duraciones de ayuno (12 ó 24 horas) previas al sacrificio. En este caso, los animales fueron trasladados 14 horas antes del sacrificio (a las 18:00 h) en el mismo camión que en el experimento 1, con una T<sup>a</sup> exterior de 10°C y al mismo matadero. Una vez en el matadero, los animales esperaron durante toda la noche (13 horas) hasta el sacrificio con una T<sup>a</sup> de -4°C. Las condiciones de sacrificio fueron las mismas que en el experimento 1.

Los parámetros medidos fueron el peso al inicio del ayuno (Kg), el peso antes de la carga (Kg), el peso de la canal (Kg), el peso del tracto gastrointestinal (Kg) y el pH en el *Longissimus dorsi* a 45 minutos *postmortem* sobre la canal refrigerada. Los datos fueron analizados por el procedimiento GLM de SAS. Cada animal constituyó una unidad

experimental. La duración del ayuno fue introducido como efecto principal y el peso de los animales antes de iniciarse el ayuno como covariable.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Tabla 1 muestra los resultados del primer experimento. El porcentaje de pérdida de peso durante el ayuno fue significativamente mayor a medida que aumentaba la duración del ayuno, observándose diferencias entre los grupos de 0, 12 y 18 horas de ayuno (0,87% vs. 1,35% vs. 2,26%,  $P < 0,0001$ ). Sin embargo, no hubo diferencias entre los grupos de 18 y 24 horas de ayuno (2,26% vs. 2,41%). Estas pérdidas de peso debidas al ayuno no llegaron a afectar al peso de la canal. En el porcentaje de rendimiento, calculado respecto al peso de los animales antes de la carga en el camión, sí se observaron diferencias significativas siendo mayor en los grupos que ayunaron 18 y 24 horas respecto a los de 0 y 12 horas ( $p < 0,0001$ ). El peso del tracto gastrointestinal de los animales con 0 horas de ayuno resultó significativamente mayor que el del resto de grupos de ayuno ( $P < 0,0001$ ), siendo el de los animales con 24 horas de ayuno el de menor peso. El valor del pH a 45 minutos *postmortem* no fue diferente entre las diferentes duraciones del ayuno.

Tabla 1: Efecto de la duración del ayuno previo al sacrificio sobre los rendimientos productivos y pH de la carne.

VARIABLE <sup>1</sup>	DURACIÓN DEL AYUNO (horas)				EEM <sup>2</sup>	p-Ayuno
	0	12	18	24		
Peso inicio ayuno (Kg)	127.54	126.34	126.43	126.4	-	covariable
Peso antes de la carga (Kg)	125.57 <sup>a</sup>	124.96 <sup>b</sup>	123.82 <sup>c</sup>	123.62 <sup>c</sup>	0.18	<.0001
Pérdida peso ayuno (%)	0.87 <sup>a</sup>	1.35 <sup>b</sup>	2.26 <sup>c</sup>	2.41 <sup>c</sup>	0.14	<.0001
Peso canal (Kg)	99.46	99.90	100.25	100.31	0.37	0.3332
Rendimiento (%)	79.22 <sup>a</sup>	79.94 <sup>a</sup>	80.95 <sup>b</sup>	81.17 <sup>b</sup>	0.27	<.0001
Peso tracto digestivo (Kg)	11.16 <sup>a</sup>	9.35 <sup>b</sup>	8.62 <sup>b</sup>	7.63 <sup>c</sup>	0.35	0.0001
pH	6.42	6.33	6.33	6.21	0.099	0.5126

<sup>abc</sup> Letras diferentes en una misma fila, indican diferencias significativas ( $P < 0,05$ ).

<sup>1</sup> Para todas las variables el número de réplicas es  $n=22$  excepto para las variables pH y peso del tracto digestivo donde  $n=6$ .

Los valores medios de pH no están corregidos por el peso al inicio del ayuno. <sup>2</sup> EEM: Error Estándar de la Media.

Los resultados del segundo experimento no se muestran aunque corroboran los obtenidos en el primer ensayo entre el grupo de 12 y 24 horas de ayuno. La Tabla 2 muestra la comparación de resultados entre ambos experimentos, utilizando los datos de los animales con 12 y 24 horas de ayuno del experimento 1, y todos los datos del segundo ensayo, valorándose el efecto de las horas de espera en el matadero.

Tabla 2: Efecto de la duración del ayuno (12 y 24 horas) y de la duración de la espera en el matadero previa al sacrificio sobre los rendimientos productivos y pH de la carne.

VARIABLE <sup>1</sup>	<sup>2</sup> Espera en el matadero (horas)			EEM <sup>3</sup>
	P-lote	0	13	
peso inicio ayuno (Kg)	covariable	126.37	130.65	8.72
Peso canal (Kg)	0.5505	101.91	101.59	0.37
%Rendimiento bruto	0.438	79.12	78.80	0.28
pH	0.0194	6.27 <sup>a</sup>	6.56 <sup>b</sup>	0.08

<sup>ab</sup> Letras diferentes en una misma fila, indican diferencias significativas ( $P < 0,05$ ).

<sup>1</sup> Los valores medios de pH no están corregidos por el peso al inicio del ayuno. El rendimiento bruto está calculado según el peso al inicio del ayuno.

<sup>2</sup> El grupo de 0 horas corresponde a los animales del experimento 1 que se sacrifican al llegar al matadero. El grupo de 13 horas espera toda la noche en el matadero hasta el sacrificio (experimento 2).

<sup>3</sup> EEM: Error Estándar de la Media.

El peso de la canal no se vio afectado por la duración de la espera en el matadero. Al no tener los datos de peso 2 horas antes del sacrificio en el experimento 2 resultó imposible calcular el porcentaje de rendimiento como en el primer ensayo. Se calculó el rendimiento de la canal, a partir del peso de los animales antes del inicio del ayuno, y se observó cómo no existían diferencias significativas en el rendimiento según la duración (0-13 horas) de la espera en el matadero. Los valores de pH de la canal a los 45 minutos *postmortem* fueron significativamente mayores en los animales que esperaron mayor tiempo en el matadero antes del sacrificio (6,56 vs. 6,27,  $P < 0,02$ ).

Los resultados de este estudio sugieren que someter a los animales a ayunos de hasta 24 horas previo al sacrificio no repercute sobre el peso de la canal en comparación con animales no ayunados. Sin embargo, un ayuno de 18 a 24 horas podría ser lo más acertado en términos de obtener el mayor porcentaje de rendimiento sin llegar a producir mermas en el peso de canal. En cuanto a las horas de reposo previas al sacrificio, según este ensayo, no se observan diferencias en el peso de la canal. Sin embargo, en un estudio previo realizado por Warris *et al.* (1998) se veía como estancias de una noche en el matadero en comparación con esperas de tan sólo 1 a 3 horas antes del sacrificio hacían disminuir el peso de la canal. Leheska *et al.* (2003) observaron cómo en ayunos de hasta 48 horas las reservas de glucógeno en el músculo disminuían y el pH de la carne aumentaba. En nuestro caso, con ayunos máximos de 24 horas no se ha llegado a observar este efecto sobre el valor de pH a 45 minutos *postmortem*, probablemente por un número de réplicas escaso.

El tiempo de reposo previo al sacrificio permite a los animales recuperarse del estrés del transporte y normalizar las condiciones metabólicas. En un ensayo llevado a cabo con animales sometidos a una noche de espera en el matadero o a tan sólo dos horas se observaba cómo el pH de la carne era más elevado en el caso de animales que habían reposado (Nanni Costa *et al.*, 2002). Los resultados de este estudio confirman estos datos con valores de pH en el *Longissimus dorsi* mayores en animales que reposan toda la noche en el matadero a animales que son sacrificados tan sólo una hora después de su llegada al matadero, sin tiempo de recuperarse.

Los análisis de diferentes parámetros sanguíneos, así como de proteínas de fase aguda, que se realizarán a partir de muestras de sangre recogidas durante el ayuno y en el sacrificio, nos proporcionarán más datos que puedan explicar los cambios metabólicos que se puedan estar produciendo.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Eikelenboom, G., Bolink, A.H., Sybesma, W. (1991). Meat Sci. 29, 25-30.
- Gispert, M., Faucitano, L., Oliver M. A., Guàrdia, M. D., Coll, C., Siggins, K., Harvey, K., Diestre, A. (2000). Meat Sci. 55 (1), 97-106.
- Kephart, K.B, Mills, W. (2005). J. Anim. Sci. 83, 715-721.
- Lehesa, J.M., Wulf, D.M., Maddock, R.J. (2003). J. Anim. Sci. 81, 3194- 3202.
- Morrow, W.E., See, M.T., Eisemann, J.H., Davis, P.R., Zering, K. (2002). J. Am. Vet. Med. Assoc. 220, 497-502.
- Nanni Costa, I., Lo fiego, D.P., Dall'olio., Davoli, R., Russo, V. (2002). Meat Sci. 61, 41-47.
- Saffle, R.L., Cole, J.W. (1960). J. Anim. Sci. 19, 242-248.
- Warris, P.D. (1985). Anim. Prod. 40, 143-151.
- Warris, P.D., Brown, S.N., Edwaerds, J.E., Knowles, T.G. (1998). Anim. Sci. 66, 255-261.
- Warris, P.D. (2003). Vet. Rec. 153, 170-176.

## INFLUENCIA DE LA FUENTE DE GRASA Y DEL USO DE EMULSIONANTES EN LOS ÍNDICES PRODUCTIVOS DE LECHONES DESTETADOS PRECOZMENTE

E. Sanz<sup>1\*</sup>, E. de Mercado<sup>1</sup>, E. Gómez<sup>1</sup>, A. García<sup>2</sup>, E. Casado<sup>2</sup>, A. Rodríguez<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Pruebas de Porcino del ITACyL. \*ita-sanberel@itacyl.es

<sup>2</sup>Premix Ibérica S.A-INVE.

### INTRODUCCIÓN

En las dietas de lechones, la grasa constituye la principal fuente de energía por las limitaciones que tienen para digerir eficientemente los carbohidratos presentes en los alimentos. El éxito en el desarrollo de una dieta postdestete es suministrar aquella fuente de grasa que tenga mayor similitud a la grasa presente en la leche de la madre, la cual se encuentra en forma de pequeños glóbulos emulsificados que se combinan rápidamente con las sales biliares para su absorción (Fowler, 1995). Por ello, el uso de emulsionantes externos puede ser de interés en estas fases ya que pueden incrementar la digestibilidad de la grasa (Polin *et al.*, 1980).

Además de la importancia en el metabolismo energético que tienen las grasas presentes en la dieta también tienen influencia en otras funciones corporales, entre las que cabe destacar su incorporación en las membranas celulares o actuar como precursores en la producción de eicosanoides. Los eicosanoides, tales como las prostaglandinas y los leucotrienos, son importantes mediadores en la respuesta inmune humoral y celular (Goldyne y Stobo, 1982). Existen evidencias de que la grasa ingerida en la dieta puede influir en la respuesta inmune mediante la producción de eicosanoides (Trail y Wick, 1984), en este sentido la suplementación con ácidos grasos omega-3 (linoleico, eicosapentanoico (EPA) o ácido docosahexaenoico (DHA)) puede ser interesante en las primeras fases del lechón.

### MATERIAL Y MÉTODOS

El ensayo se llevó a cabo sobre un total de 195 lechones (mitad de cada sexo) con genética Large White-Pietrain X Large White-Landrace y fue realizado en la nave de transición del Centro de Pruebas de Porcino del Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León. Se utilizaron 2 salas, con 8 departamentos cada una. La unidad experimental consistió en un departamento con 13 animales y hubo 5 réplicas por tratamiento. Con 26 días de vida (d/v) se inició la prueba, momento en que se asignaron los diferentes tratamientos experimentales en función del sexo y peso corporal. El peso inicial (P0) de todos los tratamientos al inicio del ensayo fue similar.

Se suministraron tres dietas experimentales durante la fase de prestarter (26-40 d/v) y de estárter (40-61 d/v), de acuerdo con un diseño de bloques completos al azar: Dieta A: Control; Dieta B: Enriquecida con Omega 3 (DHA) y Dieta C: Control+Emulsionante (Globina). Se determinaron consumo diario (cd, g), ganancia media diaria (gmd, g) e índice de conversión (ic, g de pienso consumido/g de ganancia de peso), en cada departamento a los 26, 40 y 61 días de vida. Se realizó un seroperfil de 15 lechones del grupo control y de 15 del grupo Omega-3 para analizar Proteínas de Fase Aguda (PigMap) mediante ELISA (Kit comercial de PigCHAMP Pro Europa S.A.). Hubo tres extracciones: a las 24 horas de llegar al centro experimental (22 d/v), al cambio de prestarter a estárter (40 d/v) y al final de la prueba (61 d/v). Los datos se analizaron mediante el procedimiento GLM de SAS versión 9 (SAS Institute), para diseños de bloques al azar. Los datos se presentan como medias corregidas por mínimos cuadrados. En el modelo, el bloque (la sala) y el tratamiento fueron los efectos principales.

Tabla 1: Ingredientes de los piensos experimentales (%).

MATERIAS PRIMAS	PRESTÁRTER			ESTÁRTER		
	CONTROL	OMEGA3	EMULSI	CONTROL	OMEGA3	EMULSI
Trigo	47,14	46,33	47,19	13,84	13,69	13,89
Maiz	-	-	-	25,00	25,00	25,00
Cebada	-	-	-	20,00	20,00	20,00
Corrector Prestárter	30,00	30,00	30,00	-	-	-
Corrector Estárter	-	-	-	16,67	16,67	16,67
Soja Fullfat extrusionada	15,00	15,00	15,00	-	-	-
Soja 44%PB	-	-	-	16,50	16,50	16,50
Harina de pesacado	5,00	5,00	5,00	3,33	3,33	3,33
Manteca	2,00	-	2,00	3,80	3,30	3,80
Inve DHA + linseed dry	-	2,86	-	-	0,70	-

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El estado sanitario de los animales a lo largo del ensayo fue bueno, no existiendo diferencias entre los diferentes grupos experimentales. En la fase prestárter no aparecieron diferencias entre los distintos grupos experimentales en ninguno de los parámetros analizados. Sin embargo, los animales que consumieron el pienso enriquecido con Omega 3 tendieron a un mayor consumo y una conversión más eficiente, por lo que el peso a 40 d/v tendió a ser superior en este grupo (Tabla 2). En lo que respecta a la fase estándar, los animales que consumieron la dieta C (Emulsionante) presentaron un consumo medio diario y ganancia media diaria inferior al resto de tratamientos. Existen trabajos previos en los que la adición de determinados emulsionantes como es la lecitina puede empeorar los parámetros productivos en lechones (Jones *et al.*, 1992; Holzgraeffe *et al.*, 1983) que podrían explicar el efecto observado en el presente ensayo. Asimismo, en el caso de emulsiones deficientes y glóbulos grasos de diámetro elevado, la digestibilidad disminuye (Mateos *et al.*, 1996).

Tabla 2. Efecto del tratamiento sobre los parámetros productivos.

VARIABLES <sup>1</sup>	TRATAMIENTO			EEM <sup>2</sup>	P-valor
	CONTROL	OMEGA3	EMULSI		
Prestárter					
P0-26 días de vida (Kg)	7,31	7,28	7,29		
P1- 40 días de vida (Kg)	11,88	12,02	11,47	0,154	0,0697
Cd (26-40 días de vida)	0,417	0,398	0,379	0,015	0,2359
Gmd (26-40 días de vida)	0,328	0,338	0,298	0,011	0,0699
Ic (26-40 días de vida)	1,27	1,18	1,27	0,028	0,0609
Estárter					
P2 (61 días de vida)	23,05 <sup>a</sup>	23,52 <sup>a</sup>	22,06 <sup>b</sup>	0,227	0,003
Cd (40-61 días de vida)	0,850 <sup>a</sup>	0,840 <sup>a</sup>	0,808 <sup>b</sup>	0,010	0,0391
Gmd (40-61 días de vida)	0,531 <sup>a</sup>	0,548 <sup>b</sup>	0,504 <sup>c</sup>	0,005	0,0005
Ic (40-61 días de vida)	1,60 <sup>a</sup>	1,53 <sup>b</sup>	1,60 <sup>a</sup>	0,016	0,0272
Periodo Global					
Cd (26-61 días de vida)	0,633	0,620	0,593	0,011	0,0686
Gmd (26-61 días de vida)	0,450 <sup>a</sup>	0,464 <sup>a</sup>	0,422 <sup>b</sup>	0,006	0,003
Ic (26-61 días de vida)	1,41 <sup>a</sup>	1,33 <sup>b</sup>	1,40 <sup>a</sup>	0,010	0,0005

Letras diferentes en una misma fila indican diferencias significativas

<sup>1</sup>Variables: P: peso (Kg); Cd: Consumo medio diario (Kg); Gmd: Ganancia Media diaria (Kg); Ic: Índice de Conversión (Kg/Kg).

<sup>2</sup>EEM= Error estándar de la media.

En lo que respecta al grupo de animales que ingirieron una dieta enriquecida con ácidos grasos Omega-3 (DHA), en la fase estándar presentaron una ganancia media diaria superior y una conversión más eficiente que los otros dos grupos. En 1984, Millar *et al.* observaron que animales alimentados con dietas con aceite de pescado ricas en Omega 3 presentaron menor sintomatología frente a la sepsis por *E. coli* que aquellos animales que consumieron una dieta basada en maíz. Son muchos los estudios que demuestran los efectos beneficiosos de los ácidos omega 3 en humanos (Wu and Meydani, 1991) y en animales (Fritsche *et al.*, 1991). En este sentido el efecto de los ácidos omega-3 sobre el sistema inmune está ampliamente descrito, lo que podría explicar lo observado en el presente ensayo.

En lo que respecta al análisis de todo el periodo experimental, entre 26 y 61 d/v, los animales cuya dieta estaba suplementada con emulsionantes tuvieron una ganancia media diaria inferior que los restantes grupos experimentales ( $P < 0,01$ ). En lo que respecta al índice de conversión fue más eficiente en el grupo de animales que consumieron un pienso con ácidos grasos Omega 3 ( $P < 0,001$ ).

Estos datos de la concentración de PigMap en el suero descienden en función de la edad de los animales, lo que podría estar asociado con la adaptación de los animales al entorno y la dieta, sin embargo no se observan diferencias entre los grupos experimentales estudiados (Tabla 3). En un estudio previo desarrollado por Bazinet *et al.*, en el 2003, observaron que la incorporación de 18:3 $\omega$ 3 en dietas de lechones no redujeron la respuesta de proteínas de fase aguda, aunque la inclusión de otros ácidos grasos poliinsaturados afectó negativamente a los niveles de haptoglobulina y pigMap. Los análisis de los parámetros sanguíneos, así como la electroforesis de los sueros nos proporcionarán más datos que puedan explicar los cambios metabólicos e inmunológicos que se han producido.

Tabla 3. Efecto del tratamiento sobre las proteínas de fase aguda de los sueros en diferentes momentos de la fase experimental (expresado en mg/ml).

Momento Sangrado	TRATAMIENTO			P-valor
	CONTROL	OMEGA-3	EEM <sup>1</sup>	
21 d/v	1,313	1,191	0,149	0,5711
40 d/v	1,191	1,249	0,157	0,7966
61 d/v	0,816	0,676	0,077	0,2157

<sup>1</sup>EEM= Error estándar de la media.

## BIBLIOGRAFÍA

- Bazinet RP, McMillan EG, Seebarsingh R, Hayes AM, and Cunnane SC. 2003. Journal of Lipid Research Volume 44. 314-319.
- Fritsche, K.L., Cassity, N.A., Carmichael, S.L. (1991). Poult. Sci. 70, 1213-1222.
- Fowler, V. (1995). Proceedings of the Advance Swine Production Technology Course. University of Illinois. 9p.
- Goldyne, M.E., Stobo, J.D. (1981). CRD critical reviews in immunology. 2<sup>nd</sup> ed. 189-223.
- Holzgraefe, D.P., Grieb, S.L., Shields, G. Jr., Sasse, C.E. (1988). J. Anim. Sci. 83 (Suppl. 1), 282(Abstr.).
- Jones, D.B., Hancocks, J.D., Harmon, D.L., Walker, C.E. (1992). J. Anim. Sci. 70, 3473-3482.
- Mateos, G.G., Rebollar, P.G., Medel P. (1996). XII Curso de Especialización FEDNA.
- Polin, D. (1980). Poult. Sci. 59, 1852.
- Trail, K.N., Wick, G. (1984). Immunology today 5, 70-75.
- Wu, D., Meydani S.N. (1998). Proceedings of the Nutrition Society 57, 503-509.

## RELACIÓN ENTRE COMPONENTES DEL “QUINTO CUARTO” Y RENDIMIENTOS A LA CANAL DE CERDOS DE LA RAZA PORCINA CELTA

Carril, J.A., Vázquez Ferreño, M.A., Sánchez, L., Iglesias, A.\*

Dpto. Anatomía y Producción Animal. Universidad de Santiago de Compostela. 27002 Lugo.

\*anigbe@lugo.usc.es

### INTRODUCCIÓN

La carne de la raza porcina Celta autóctona de Galicia, con un sistema de explotación intensivo al aire libre, se está mostrando como una alternativa productiva viable y relevante desde el punto de vista económico. Después del sacrificio, aparte de los productos de la canal, se obtiene el "quinto cuarto", que debe ser tomado en consideración para su valorización con el objetivo de alcanzar una mayor eficacia productiva. Diversos trabajos ponen de manifiesto la importancia de la evaluación de componentes de "quinto cuarto" ya que parece existir una relación entre éstos y los requerimientos energéticos de los animales, principalmente de los relacionados con el mantenimiento (Owens *et al.*, 1995). Por otra parte existen diferencias en el desarrollo de los órganos vitales y del tracto gastrointestinal entre razas de porcino (Siler y Pribyl, 1980), además de ponerse en evidencia diferencias entre líneas seleccionadas por rendimiento del espesor de grasa dorsal (Davey y Bereskin, 1978), lo que podría estar relacionado con el potencial para el crecimiento de grasa corporal (McKay *et al.*, 1984). También se ha evaluado el efecto de diferentes dietas en el desarrollo de órganos vitales, tanto en híbridos comerciales como en diferentes razas porcinas (Figueredo *et al.*, 1981; Diéguez *et al.*, 1995; Diéguez *et al.*, 1996). El objetivo de este trabajo fue evaluar la relación entre los componentes de las partes del cuerpo no incluidas en la canal, con los rendimientos de la misma, expresados en relación al peso de sacrificio y de la canal, en porcinos de la raza Celta, en el momento del sacrificio a los 10 meses.

### MATERIAL Y MÉTODOS

La experiencia se desarrolló en la finca experimental de la Asociación de Criadores de la Raza Porcina Celta en Triacastela, del municipio de Lugo, Galicia. Se utilizaron un total de 60 animales, 30 machos y 30 hembras sacrificados con una edad media de 10 meses. Los animales fueron destetados a los dos meses durante los cuales consumieron leche de la madre y un pienso iniciador. Para el cebo se empleó una mezcla de cereales (40% trigo, 20% de maíz, 20% de soja, 15 % de cebada y corrector vitamino-mineral). Los animales fueron sometidos a un ayuno de sólidos antes de ser llevados a báscula para poder obtener el peso vivo. Una vez sacrificados, las canales fueron identificadas y pesadas obteniendo el peso de la canal caliente. Todas las partes del cuerpo fueron separadas y pesadas individualmente, obteniéndose los valores en kg, siendo: corazón, riñón derecho, riñón izquierdo, mollejas, hígado y bazo el conjunto de órganos vitales; el epiplón representación de parte de la grasa interna y tracto digestivo y estómago el conjunto del tracto gastrointestinal. Las canales se almacenaron en cámara frigorífica. Los datos fueron sometidos a estudio obteniendo los estadísticos básicos, posteriormente se realizó el análisis de correlación de Pearson, utilizando para el conjunto de los cálculos el programa estadístico jmp SAS 5.1 2003 SAS Institute.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Durante la experiencia no fueron verificados problemas de salud o alteraciones en el consumo de las raciones de los cerdos. Las estadísticas descriptivas de los órganos vitales, grasa y tracto gastrointestinal se muestran en la Tabla 1. El peso del hígado, glándula que interviene en el control del metabolismo, es mayor en las hembras; sin embargo, las diferencias no son significativas ( $P > 0,05$ ), cuestión que concuerda con las revisiones realizadas para otras razas en las que parece no existir un patrón definido en las diferencias



entre sexos (Diéguez *et al.*, 1995; Hurtado *et al.*, 2006). Respecto al peso del resto de los órganos vitales se puede afirmar que los valores absolutos resultaron ser mayores en las hembras que en los machos, coincidiendo con lo señalado por Hurtado *et al.* (2006). Tanto en grasa interna como en los órganos digestivos los promedios son muy similares con la excepción de tracto digestivo en el que las hembras presentan valores superiores a los machos, lo que podría ser debido a una mayor exigencia nutricional de estas últimas como consecuencia de su funcionalidad propia de gestación y lactación, tal y como explican Hurtado *et al.* (2006).

Tabla 1. Estadística descriptiva de los componentes del “quinto cuarto” en animales de la raza porcina Celta.

Componentes	Machos (media ± SD), Kg	Hembras (media ± SD), Kg
Órganos vitales		
Corazón	0,34±0,06	0,40±0,07
Riñón derecho	0,17±0,08	0,22±0,08
Riñón izquierdo	0,16±0,08	0,21±0,07
Mollejas	0,52±0,01	0,53±0,01
Hígado	1,29±0,32	1,46±0,46
Bazo	0,24±0,05	0,25±0,05
Grasa interna		
Epiplón	3,01 ± 0,6	2,99 ± 0,7
Tracto gastrointestinal		
Tracto digestivo	6,75±1,12a	7,45±1,82a
Estómago	1,62±0,42	1,66±0,63
a, las medias difieren significativamente entre sí (P<0,05)		

En la Tabla 2 se encuentran los coeficientes de correlación entre la canal y los distintos componentes analizados del “quinto cuarto”. Entre los componentes integrantes del conjunto de los órganos vitales observamos que la mayoría de ellos presentan correlación significativa tanto con el peso al sacrificio como con el peso a la canal, excepción hecha en el primer caso del corazón mollejas y bazo ( $r=0,76$ ,  $P=0,55$ ;  $r=0,31$ ,  $P=0,11$ ;  $r=0,28$ ,  $P=0,15$  respectivamente) y en el segundo con el bazo ( $r=0,26$ ,  $P=0,18$ ). El sentido de estas correlaciones es de particular importancia ya que, si bien McKay *et al.* (1984) concluyeron que no hay un patrón definido en las diferencias raciales en los pesos de los órganos vitales; el plano nutricional adoptado sí afecta significativamente la producción de calor de los animales, el cual está altamente correlacionado con el peso de los órganos metabólicamente activos de los suinos como hígado, riñones y corazón (Ferreira *et al.*, 1998).

Respecto a la grasa corporal, hubo correlación positiva y significativa entre el peso a la canal y el epiplón ( $r=0,24$ ,  $P=0,15$ ). El análisis del tracto digestivo muestra en todos los casos que las correlaciones son positivas y significativas, mientras que el peso a la canal con el estómago resulta con una correlación negativa ( $r=-0,33$ ,  $P=0,08$ ). Dado que McKay *et al.* (1984) muestran diferencias entre el intestino delgado de cerdos Minnesota, Yorkshire y Pietrain, conjuntamente con otros resultados de estudios fisiológicos que indican que el intestino delgado es mayor en cerdos con una mejor eficiencia en la utilización del alimento (Diéguez *et al.*, 1996; Hurtado *et al.*, 2006) hacen que estos datos tengan especial relevancia.

Tabla 2. Coeficientes de correlación de Pearson (r) y probabilidad F (P=F) entre los rendimientos del peso al sacrificio y de la canal con los diversos componentes del “quinto cuarto”.

Componentes	En relación al peso de sacrificio		En relación al peso de la canal	
	r	P=F	r	P=F
Órganos vitales				
Corazón	0,76	0,5557	0,70	0,0001
Riñón derecho	0,70	0,0001	0,63	0,0004
Riñón izquierdo	0,45	0,0185	0,44	0,0214
Mollejas	0,31	0,1115	0,34	0,0836
Hígado	0,50	0,0075	0,46	0,0148
Bazo	0,28	0,1512	0,26	0,1814
Grasa interna				
Epiplón	0,24	0,1553	0,28	0,0076
Tracto gastrointestinal				
Tracto digestivo	0,51	0,0067	0,53	0,0047
Estómago	-0,19	0,3391	-0,33	0,0812

Las diferencias en los pesos de los órganos también han sido asociadas al consumo de energía y proteína de los animales (Ferreira *et al.*, 1998), concretamente en el caso de la proteína bruta puede alterar el peso del tracto gastrointestinal de suinos en crecimiento (Oliveira *et al.*, 1996; McKay *et al.*, 1984), por lo que sería conveniente realizar estudios con distintas dietas a las utilizadas en este trabajo en el caso que se quisiera cambiar el sistema de explotación o realizar cruzamientos con otras razas.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Davey, R., J., Bereskin, B. (1978). Genetic and nutritional effects on carcass chemical composition and organ weights of market swine. *J. Anim. Sci.* 46, 992-1000.
- Diéguez, F.J., Ly, J., Maza, I., Savigni, F., Tosar, M. (1995). Morfometría de órganos vitales de cerdos Criollo y CC21. *Agric. Tropic.* Vol. 10.
- Diéguez F. J., Tosar, M., Santana, I. (1996). Morfometric of vital organs in three swine breeds which differ in their body composition. *Proc XIV Internation Pig Veterinary Society Congress.* p 55.
- Ferreira, R.A., Oliveira, R.F.M., Donzele, J.L., Zanusso, J.T., Valério, S.R. (1998). Efeito da temperatura sobre parâmetros fisiológicos de leitoas em fase inicial de crescimento. In: reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 35, 1998, Botucatu, SP. *Anais Botucatu: SBZ*, pp. 97-99.
- Figueredo, M.A, Rodríguez, J., Barrios, A., Maza, I. (1981). Morfometría de los principales órganos de cerdos alimentados con levadura torula en crema, miel y polvo de arroz. *Cienc. Tec. Agric. Ganado Porc.* 4 (3), 85-94.
- Hurtado, E., González, C., Vecchionacce, H. (2006). Morfometría de órganos vitales de cerdos Criollos en el estado Apure, Venezuela. *Zootecnia Trop.*, 24(3), 205-211.
- McKay, R.M., Rempel, W.E., Cornelius S.G., Allen, C. E. (1984). Visceral characteristics of three breeds of swine and their crosses. *Can. J. Anim. Sci.* 64, 9-19.
- Oliveira, V., Tadeu Fialho, E., Freitas Lima, J.A. Fonseca de Freitas, R.T., Bertechini, A.G., Santos Araujo, J. (1996). Características de carcaça e peso de vísceras em suínos alimentados com rações contendo baixos teores de proteína bruta. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.36, n.6, pp.1890-1895.
- Owens, F.N., Gill, D.R., Secrist, D.S. (1995). Review of some aspects of growth and development of feedlot cattle. *J. Anim. Sci.* 73, 3152-3172.
- Siler, R., Pribyl, J. (1980). The effect of breed on the weight and volume of the internal organs of pigs. *Sci. Agri. Bohemoslovaca* 12, 41-52.

## INFLUENCIA DEL CRUZAMIENTO SOBRE LA CALIDAD DE LA CANAL Y DE LA CARNE DE CERDOS BLANCOS CEBADOS EN EXTENSIVO

\*M.A. Latorre<sup>1</sup>, F. Iguacel<sup>2</sup>, L. Sanjoaquin<sup>3</sup>, J.L.G. Chapullé<sup>3</sup>, G. Ripoll<sup>1</sup> y R. Revilla<sup>2</sup>

<sup>1</sup>CITA. Avda. Montañana, 930, 50059 Zaragoza. \*malatorreg@aragon.es

<sup>2</sup>Centro de Trasferencia Agroalimentaria (CTA). Movera, Zaragoza

<sup>3</sup>Sociedad Cooperativa Limitada Agropecuaria del Sobrarbe. Aínsa, Huesca.

### INTRODUCCIÓN

La producción de cerdos en condiciones extensivas en la península Ibérica data de antes de la dominación romana. Durante milenios, la península estuvo poblada por el bosque mediterráneo, compuesto fundamentalmente por encinas (*Quercus ilex*), alcornoques (*Quercus suber*), quejigos (*Quercus lusitanica*), retamas y madroños. Además, las condiciones climáticas y orográficas de la cuenca mediterránea, con inviernos fríos y veranos cálidos y secos, propició el desarrollo de sistemas de conservación de la carne basados en la desecación y en la incorporación de sal (López Bote *et al.*, 2000). Actualmente, el engorde de cerdos en sistema extensivo en España se reduce exclusivamente a la raza Ibérica, localizada en la zona adhesionada del suroeste de la península. Sin embargo, la búsqueda de productos diferenciados para satisfacer distintos nichos de mercado, así como la necesidad de sostenibilidad con el medio ambiente, hace que cobre sentido experimentar en otras razas. Por otro lado, ha sido ampliamente demostrado que existen grandes diferencias entre razas porcinas, tanto en producción y calidad de carne como en adaptación al medio (Whittemore, 1993). Por todo ello, se llevó a cabo un ensayo para estudiar el efecto del cruzamiento sobre la calidad de la canal y de la carne de cerdos cebados en extensivo.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 14 cerdos procedentes del cruce de machos de dos razas (Duroc: D ó Pietrain: P) con cerdas Landrace x Large White (LRxLW). Los periodos de lactación, transición y parte del cebo transcurrieron en condiciones intensivas. La salida al campo se produjo a los 65 kg de peso vivo (PV) en el caso de la progenie de los cerdos D, y a los 35 kg PV, en el caso de la progenie de los cerdos P, alcanzando allí el peso al sacrificio (145 y 135 kg PV, respectivamente). Durante esta fase se alojaron en dos parcelas (La Fueva, Huesca), donde dispusieron de 250 m<sup>2</sup>/animal, cubiertas por superficie herbácea (lastón y gramen), arbustiva (aliaga y espliego) y arbórea (encina y roble quejigo), así como de cantidades limitadas (aunque no cuantificadas) de bellota. Adicionalmente, los animales recibieron una dieta comercial y agua *ad libitum* durante ese tiempo. La dieta, basada en maíz, cebada, trigo y harina de soja, se formuló (2355 kcal EN/kg, 15,5% proteína bruta y 0,75% lisina) para satisfacer o exceder los requerimientos del NRC (1998) para cerdos de esta edad.

Los animales fueron sacrificados mediante aturdimiento eléctrico y desangrado. A continuación, se pesaron las canales en caliente y se midió el espesor de grasa a nivel dorsal (EGD: entre la 3ª y 4ª últimas costillas) y a nivel del músculo *Gluteus medius* (EGGM: en el punto de menor espesor), la longitud de la canal (desde la sínfisis isquio-pubiana hasta el borde anterior de la primera costilla), la longitud del jamón (desde la sínfisis isquio-pubiana hasta la parte media interna del corvejón) y el perímetro del jamón (en su parte más ancha). Asimismo, se pesaron individualmente las principales piezas nobles (lomos, jamones, pancetas y paletas) para determinar su rendimiento en la canal. A continuación, se tomó una muestra de 300 ± 15 g del *m. longissimus dorsi* de la media canal izquierda de cada animal para determinar la composición química (extracto etéreo, proteína bruta y humedad) mediante NIT (Infratec® 1265, Tecator, Höganäs, Suecia) y la luminosidad (L\*), índices de rojo (a\*) y amarillo (b\*) y saturación (C\*) (CIE, 1976), mediante espectrofotómetro Minolta CM 2600d (Minolta Camera, Osaka, Japón).

Los datos se analizaron usando el procedimiento GLM del paquete estadístico SAS (1990) incluyendo en el modelo el cruzamiento, como efecto principal, y el peso de la canal, como covariable para los parámetros de canal. Cada tratamiento se replicó 7 veces y la unidad

experimental fue el animal. Los resultados se presentan como medias corregidas por mínimos cuadrados.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Tabla 1 muestra la influencia del cruzamiento sobre algunas características de la canal. No se detectaron diferencias significativas entre cruces en el EGD ni en el EGM ( $P > 0,05$ ), confirmando los resultados encontrados por Latorre *et al.* (2003), comparando la descendencia de líneas paternas Duroc danés y Pietrain x Large White. Sin embargo, no coincide con otros autores que han detectado mayor EDG en animales Duroc que en Pietrain (Nieuwhof *et al.*, 1991; Ellis *et al.*, 1996). Estas discrepancias pueden deberse a diferencias en el potencial genético de las razas o líneas genéticas usadas. Por lo tanto, hay que ser cauto al comparar razas porque la variabilidad entre líneas genéticas puede ser mayor que la variabilidad entre razas. Por otra parte, la descendencia de los cerdos D presentó mayor longitud de la canal (91,2 vs 88,7 cm;  $P < 0,05$ ) y del jamón (42,3 vs 39,8 cm;  $P < 0,001$ ) que la descendencia de los cerdos P, confirmando los resultados observados por Latorre *et al.* (2003). Asimismo, con animales en pureza, Tibau *et al.* (1997) también encontraron canales más largas en Duroc que en Pietrain.

Tabla 1. Efecto del cruzamiento sobre las características de la canal de cerdos blancos cebados en extensivo.

	D x (LRxLW)	P x (LRxLW)	EEM	P
EGD, mm	26,4	27,6	1,56	ns
EGGM, mm	20,8	23,3	2,18	ns
Longitud canal, cm	91,2	88,7	0,69	*
Longitud jamón, cm	42,3	39,8	0,39	**
Perímetro jamón, cm	82,0	81,6	0,54	ns

EGD: espesor de grasa dorsal; EGM: espesor de grasa en el m. *Gluteus medius*.

EEM: error estándar de la media (n=7).

P: significación. NS: no significativo; \*:  $P < 0,05$ ; \*\*:  $P < 0,01$ .

La Tabla 2 muestra la influencia del cruzamiento sobre el peso y el rendimiento de piezas nobles en la canal. La progenie de los cerdos D presentó mayor peso de paletas (17,3 vs 16,2 kg;  $P < 0,10$ ) y jamones (34,1 vs 31,7 kg;  $P < 0,05$ ) que la progenie de los cerdos P, lo que se tradujo en un mayor peso total de piezas nobles (75,2 vs 71,1 kg;  $P < 0,05$ ). Estos resultados coinciden con los de Latorre *et al.* (2003). Asimismo, se observó una tendencia ( $P < 0,10$ ) a mayor rendimiento de paletas (15,2 vs 14,3 %) y jamones (29,9 vs 27,9 %) en los cerdos D que en los cerdos P, lo que dio lugar a mayor proporción de piezas nobles en los D (66,0 vs 62,6 %;  $P < 0,05$ ), corroborando los resultados obtenidos por Latorre *et al.* (2003, 2004). Sin embargo, hay contradicciones en la literatura acerca del efecto de la raza sobre la proporción de piezas nobles. Algunos autores han encontrado mayor rendimiento de jamón en la raza Pietrain que en la raza Duroc (Tibau *et al.*, 1997) y otros no han detectado diferencias (García-Macías *et al.*, 1996). Probablemente las causas puedan estar en la mayor o menor selección llevada a cabo para deposición magra.

Tabla 2. Efecto del cruzamiento sobre el rendimiento de las piezas nobles de la canal de cerdos blancos cebados en extensivo.

	D x (LRxLW)	P x (LRxLW)	EEM <sub>[MSOFFICE1]</sub>	P
Paletas, kg	17,3	16,2	0,32	†
Lomos, kg	13,5	13,6	0,49	ns
Pancetas, kg	10,3	9,7	0,46	ns
Jamones, kg	34,1	31,7	0,63	*
Peso total piezas nobles, kg	75,2	71,1	0,85	*
Paletas, %	15,2	14,3	0,28	†
Lomos, %	11,9	12,0	0,42	ns
Pancetas, %	9,0	8,4	0,42	ns
Jamones, %	29,9	27,9	0,56	†
Rendimiento total piezas nobles,	66,0	62,6	0,73	*

EEM: error estándar de la media (n=7).

P: significación. NS: no significativo; †:  $P < 0,10$ ; \*:  $P < 0,05$ .

La Tabla 3 muestra la influencia del cruzamiento sobre algunas características de la carne. El lomo de los cerdos D fue más luminoso (54,3 vs 44,8;  $P < 0,01$ ) y menos rojo (3,27 vs 7,01;  $P < 0,01$ ) que el lomo de los cerdos P, coincidiendo con el trabajo de Barton-Gade (1987) que encontró mayor contenido en pigmentos en la carne de cerdos Large White que en la de Duroc. Sin embargo, estos resultados no eran muy esperables en nuestro caso, teniendo en cuenta que los cerdos D tenían más edad y la tendencia al rojo aumenta con la madurez (Ellis *et al.*, 1996; García-Macías *et al.*, 1996). Por otra parte, la descendencia de los cerdos P presentó a nivel intramuscular más humedad (74,7 vs 71,8%;  $P < 0,01$ ) y menos grasa (2,00 vs 3,96%;  $P < 0,05$ ) que la de los cerdos D, corroborando los trabajos de Barton-Gade (1987) comparando cruces similares. Tradicionalmente, mayor contenido en grasa intramuscular ha sido asociado con más jugosidad y mayor aceptabilidad de la carne (Ellis *et al.*, 1996; García-Macías *et al.*, 1996). Por otro lado, en el presente trabajo, ambos cruces presentaron similar espesor de cobertura grasa en la canal pero los cerdos D mostraron mayor contenido en grasa intramuscular, lo que confirma las conclusiones de otros autores sobre la limitada correlación entre EGD y porcentaje de grasa intramuscular (Huff-Lonergan *et al.*, 2002).

Tabla 3. Efecto del cruzamiento sobre el color y la composición química de la carne de cerdos blancos cebados en extensivo.

	D x (LRxLW)	P x (LRxLW)	EEM	P
L*	54,3	44,8	2,10	**
a*	3,27	7,01	0,79	**
b*	11,0	9,6	0,56	ns
C*	11,7	12,0	0,52	ns
Humedad, %	71,8	74,7	0,62	**
Grasa, %	3,96	2,00	0,61	*
Proteína, %	23,9	23,3	0,25	ns

EEM: error estándar de la media (n=7).

P: significación. NS: no significativo; \*;  $P < 0,05$ ; \*\*;  $P < 0,01$ .

### CONCLUSIONES

En base a los resultados obtenidos concluimos que, tras un cebo en condiciones extensivas, ambos cruzamientos presentaron buena calidad de canal y carne. En este sistema de producción, los cerdos D x (LRxLW) son preferibles a los cerdos P x (LRxLW) para la industria de los productos curados.

### AGRADECIMIENTOS

A M<sup>a</sup> Carmen Salinas y Ramón Castellón, ganaderos que se han prestado al ensayo, a los mataderos de Graus y Barbastro (Huesca), por permitirnos utilizar sus instalaciones, y a Carnes y Embutidos Casa Gorré (Boltaña, Huesca), por la cesión de las muestras.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Barton-Gade, P.A. (1987). *Livestock Production Science* 16: 187-196.
- CIE. (1976). *Commission International de l'Eclairage. Publication CIE No. 15 (E-1.3.1). Bureau Central de la CIE, París, Francia.*
- Ellis, M., Webb, A.J., Avery, P.J., Brown, I. (1996). *Animal Science* 62: 521-530.
- García-Macías, J.A., Gispert, M., Oliver, M.A., Diestre, A., Alonso, P., Muñoz-Luna, A., Signes, K., Cuthbert-Heavens, D. (1996). *Animal Science* 63: 487-496.
- Huff-Lonergan, E., Bass, T.J., Malek, M., Dekkers, J.C.M., Prusa, K y Rothschild, M.F. (2002). *Journal of Animal Science* 80: 617-627.
- Latorre, M.A., Medel, P., Fuentetaja, A., Lázaro, R., Mateos, G.G. (2003). *Animal Science* 77: 33-45.
- Latorre, M.A., Lázaro, R., Gracia, M.I., Nieto, M., Mateos, G.G. (2004). *Meat Science* 65: 1369-1377.
- López-Bote, C.J., Fructuoso, G. y Mateos, G.G. (2000). XVI Curso de Especialización FEDNA. Madrid.
- NRC (1998). *Nutrient requirements of swine. National Research Council. National Academy Press. Washington DC, EEUU.*
- Nieuwhof, G.J., Kanis, E., Hell, W. van der, Vestergren, M.W.A., Huisman, J., Wal, P. van der. (1991). *Meat Science* 30: 265-278.
- Statistical Analysis Systems Institute. (1990). *SAS user's guide: statistics. Version 6, 4th edition. SAS Institute Inc., Cary, NC, EEUU.*
- Tibau, J., Puigvert, X., Soler, J., Trilla, N., Diestre, A., Gispert, M., Fernández, J. Manteca, X. (1997). *Anaporc* 171: 74-91.
- Whittemore, C. (1993). *The science and practice of pig production. Ed Logman Scientific and Technical Group. GB.*

## CARACTERÍSTICAS SENSORIALES DE LA CANAL Y LA CARNE DE LECHONES ADSCRITOS A LA M.G. COCHINILLO DE SEGOVIA: EFECTO DE LA EDAD DE SACRIFICIO Y DE LA FORMULACIÓN DE HIERRO ADMINISTRADA

Sánchez, M.J., Martínez, B., Vieira, C., Rubio, B., Sánchez, M., Díaz, M.T., García, M.D.  
Estación Tecnológica de la Carne (ITACyL). Apdo. 58. 37770-Guijuelo, Salamanca.

### INTRODUCCIÓN

El color es una de las características más importantes de la carne, ya que es el atributo inicial por el que el consumidor juzga, antes de comprar, la calidad de los productos. Este parámetro es especialmente importante en el caso de los cochinitos amparados por la Marca de Garantía (M.G.) Cochinito de Segovia, ya que, según su Reglamento de Uso, uno de los motivos de la “no calificación” de las canales, es el color de la piel, que debe corresponderse con un color blanco céreo o cremoso. En este sentido, los cochinitos que solamente se alimentan de leche materna, dan lugar a canales con piel de color blanquecino y con músculos de color rosa muy claro. Sin embargo, desarrollan rápidamente anemia, ya que el contenido medio en hierro de la leche materna en cerdos es muy bajo (Kegley *et al.*, 2002). Por ello, y teniendo en cuenta que la legislación vigente (Reglamento (CE) N° 1334/2003 de 25 de julio de 2003) establece que, para mantener unos niveles adecuados de hemoglobina, los lechones deben retener entre 7-16 mg/kg de hierro al día, o 21 mg de hierro/kg de aumento de peso corporal, se les debe administrar hierro. Como contrapartida, un incremento en el aporte de hierro en la dieta de los cochinitos, lleva asociado un aumento de la coloración de las canales, no deseable por parte de los productores, restauradores y consumidores. Por otro lado, la edad a la que los lechones alcanzan el peso de sacrificio, establecido por su Reglamento de Uso (3,8 y 5,8 kg), también puede condicionar las características de la canal y de la carne de los lechones. Por ello, el objetivo de este estudio fue establecer la formulación del hierro a aplicar a los cochinitos amparados por la M.G. Cochinito de Segovia, sacrificados a edades diferentes, a fin de evitar la “no calificación” por una intensidad excesiva de color de las canales.

### MATERIAL Y MÉTODOS

En el estudio se utilizaron las camadas de 18 cerdas alimentadas con un pienso tipo para cerdas lactantes (PB 17,0%, GB 5,8%, fibra bruta 7,5%, cenizas 7,5%, lisina 0,95% y corrector vitamínico mineral). Los cochinitos se distribuyeron entre las cerdas, a fin de homogeneizar las camadas. Las cerdas se distribuyeron en grupos, de acuerdo con los tratamientos de hierro (formulaciones comerciales) que iban a recibir los cochinitos: Anamex (200 mg Fe<sup>2+</sup>/día, inyectable), Iron Pasta (200 mg Fe<sup>2+</sup>/día, gel oral), Ferplus 100% (94,7 mg Fe<sup>2+</sup>/día, administración oral líquido), Ferplus 33 % (31,56 mg Fe<sup>2+</sup>/día, administración oral líquido) y Turba, (50 mg Fe<sup>2+</sup>/10 días, administración oral sólido). Además, se incluyó un grupo control al que no se le administró hierro. Los cochinitos se sacrificaron a los 14 y 21 días, en función del peso alcanzado. Una vez sacrificados los animales, las canales se mantuvieron en condiciones de refrigeración (4±1°C), y se analizaron las siguientes características sensoriales:

- (a) Color: se realizó una valoración visual del color externo de la canal mediante comparación con patrones del muestrario de colores Pantone®. Además, el color se determinó instrumentalmente, utilizando un espectrofotómetro Minolta CM-2002, tanto en la parte central de la paletilla como en la grasa subcutánea dorsal y en el músculo *longissimus* izquierdo. Se obtuvieron las medidas de los parámetros colorimétricos: luminosidad (L\*), índice de rojo (a\*) e índice de amarillo (b\*) del sistema CIE-LAB (10°, D65).
- (b) Textura: se determinó de forma instrumental, utilizando un texturómetro TAX-T2 Stable Micro Systems Ltd. provisto de una célula Warner-Bratzler, con la que se midió la resistencia al corte de muestras del músculo *longissimus* cocinadas (Honikel, 1998). El único parámetro considerado fue la fuerza máxima, ya que representa la resistencia máxima que ofrece la muestra de carne a ser cortada o masticada.

El análisis estadístico de los resultados se llevó a cabo por el procedimiento GLM, siendo los factores fijos la edad al sacrificio y el tratamiento con hierro. Las medias fueron separadas por el test Tukey. El paquete estadístico utilizado fue SPSS 14.0.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Tras la valoración del color de los cochinitos con la escala Pantone®, el grupo tratados con Anamex fue el único en el que todos los animales fueron “no calificados” por presentar coloraciones más oscuras a las permitidas en el Reglamento de Uso de la M.G., por lo que no se incluyeron en el estudio estadístico. En este estudio, no se encontró un efecto significativo de la edad de los cochinitos al sacrificio en el color ( $p > 0,05$ ). Por el contrario, sí se encontraron diferencias significativas entre los tratamientos de hierro administrados ( $p < 0,01$ ), siendo los cochinitos del grupo Control y el grupo Turba, los que obtuvieron puntuaciones más bajas.

En la Tabla 1 se muestran los resultados obtenidos en los parámetros colorimétricos determinados instrumentalmente en la paletilla, en el músculo *longissimus* izquierdo y en la grasa subcutánea dorsal de los cochinitos. En relación al efecto de la edad de sacrificio, los animales sacrificados a mayor edad, mostraron mayor luminosidad en el tocino ( $p < 0,001$ ), siendo el índice de rojo ( $p < 0,05$ ) y amarillo ( $p < 0,01$ ) mayor en la paletilla, y menor en el tocino ( $p < 0,01$  y  $p < 0,05$ , respectivamente). Es bien sabido que, a medida que aumenta la edad de los animales, sus músculos adquieren un color más intenso y oscuro. Con respecto al tratamiento de hierro administrado, de modo similar a la valoración visual, los animales que recibieron Anamex, fueron los que presentaron mayor índice de rojo ( $p < 0,001$ ), en la paletilla y en el tocino, y en consecuencia, menor luminosidad ( $p < 0,01$ ). Dicho resultado es lógico ya que, en este tratamiento, no solo la dosis de hierro fue la más alta, sino que además, el tipo de administración, mediante inyección, implica una mayor biodisponibilidad de este mineral (Yu *et al.*, 2000; Kegley *et al.*, 2002). Por último, como era de esperar, el índice de rojo fue mayor ( $p < 0,001$ ) en el lomo de los animales tratados con Anamex.

Respecto a la textura valorada instrumentalmente, no se encontraron diferencias significativas entre los animales sacrificados con diferentes edades o tratados con diferentes formulaciones de hierro ( $p > 0,05$ ). Los valores de textura obtenidos, fueron en todos los casos, característicos de una carne con una terneza elevada, oscilando entre  $3,23 \pm 0,25$  kg en el grupo Control y  $2,37 \pm 0,25$  kg, en los animales tratados con Ferplus 100%.

De los resultados obtenidos se puede concluir que, el tratamiento con Anamex no es adecuado, ya que da lugar a la “no calificación” de las canales. Por otro lado, y dado que no se han encontrado diferencias entre el resto de los tratamientos, el tratamiento de elección será aquel que proporcione el nivel de hierro en sangre más adecuado para garantizar la salud de los cochinitos.

## AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la M.G. Cochinito de Segovia, la cesión de los datos utilizados en este estudio. Asimismo, agradecen la colaboración prestada por el personal del laboratorio de la Estación Tecnológica de la Carne. M.J. Sánchez agradece al ITAcYL la concesión de la beca que disfruta (Resolución 9/02/2005).

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Honikel, K.O. (1998). Reference methods for the assessment of physical characteristics of meat. *Meat Science* 49 (4), 447-457.
- Kegley, E.B., Spears, J.W., Flowers, W.L., Schoenherr, W.D. (2002). Iron methionine as a source of iron for the neonatal pig. *Nutrition Research* 22, 1209-1217.
- Reglamento (CE) no 1334/2003 de la Comisión, de 25 de julio de 2003, por el que se modifican las condiciones para la autorización de una serie de aditivos en la alimentación animal pertenecientes al grupo de los oligoelementos. DOCE L-187/11-12.
- Yu, Huang, W-J y Wen-Shyg Chiou, P. (2000). Bioavailability of iron from amino acid complex in weanling pigs. *Animal Feed Science and Technology* 86, 39-52.

Tabla 1.- Valores obtenidos (valor medio  $\pm$  SD) en la evaluación instrumental del color (L\*, a\* y b\*) en la paletilla, lomo y grasa subcutánea de los cochinitillos.

	L*			a*			b*		
	Paletilla	Lomo	Tocino	Paletilla	Lomo	Tocino	Paletilla	Lomo	Tocino
Edad sacrificio									
14 días	73,7 $\pm$ 0,5	59,59 $\pm$ 2,7	76,5 $\pm$ 0,4	0,22 $\pm$ 0,1	2,16 $\pm$ 0,4	0,41 $\pm$ 0,2	10,22 $\pm$ 0,4	12,08 $\pm$ 0,3	11,02 $\pm$ 0,4
21 días	73,8 $\pm$ 0,4	58,48 $\pm$ 1,9	79,3 $\pm$ 0,3	0,71 $\pm$ 0,1	1,92 $\pm$ 0,3	-0,32 $\pm$ 0,1	12,13 $\pm$ 0,3	12,57 $\pm$ 0,2	9,90 $\pm$ 0,3
Sign. <sup>1</sup>	NS	NS	***	*	NS	**	**	NS	*
Control	74,8 $\pm$ 0,8 <sup>b</sup>	63,40 $\pm$ 4,0	79,3 $\pm$ 0,5 <sup>c</sup>	-0,12 $\pm$ 0,0 <sup>a</sup>	0,20 $\pm$ 0,1 <sup>a</sup>	-0,65 $\pm$ 0,3 <sup>a</sup>	10,34 $\pm$ 0,6	12,30 $\pm$ 0,4	10,03 $\pm$ 0,6
Anamex	70,2 $\pm$ 1,0 <sup>a</sup>	54,59 $\pm$ 4,9	74,5 $\pm$ 0,7 <sup>a</sup>	2,17 $\pm$ 0,3 <sup>b</sup>	6,83 $\pm$ 0,7 <sup>c</sup>	1,95 $\pm$ 0,4 <sup>b</sup>	12,28 $\pm$ 0,8	12,58 $\pm$ 0,5	11,10 $\pm$ 0,8
Ferplus 33%	73,7 $\pm$ 0,7 <sup>b</sup>	60,45 $\pm$ 3,6	78,9 $\pm$ 0,5 <sup>c</sup>	0,29 $\pm$ 0,2 <sup>a</sup>	0,86 $\pm$ 0,5 <sup>ab</sup>	-0,39 $\pm$ 0,3 <sup>a</sup>	11,11 $\pm$ 0,6	12,37 $\pm$ 0,4	10,52 $\pm$ 0,6
Iron pasta	73,4 $\pm$ 0,7 <sup>b</sup>	59,89 $\pm$ 3,6	77,2 $\pm$ 0,5 <sup>b</sup>	0,56 $\pm$ 0,2 <sup>a</sup>	1,95 $\pm$ 0,5 <sup>b</sup>	-0,15 $\pm$ 0,3 <sup>a</sup>	11,56 $\pm$ 0,6	11,99 $\pm$ 0,4	10,41 $\pm$ 0,6
Turba	75,2 $\pm$ 0,7 <sup>b</sup>	56,11 $\pm$ 3,6	79,2 $\pm$ 0,5 <sup>c</sup>	-0,17 $\pm$ 0,0 <sup>a</sup>	0,90 $\pm$ 0,1 <sup>ab</sup>	-0,24 $\pm$ 0,0 <sup>a</sup>	10,50 $\pm$ 0,6	12,66 $\pm$ 0,4	9,60 $\pm$ 0,6
Ferplus 100%	74,9 $\pm$ 0,8 <sup>b</sup>	59,77 $\pm$ 4,0	78, $\pm$ 0,5 <sup>bc</sup>	0,05 $\pm$ 0,0 <sup>a</sup>	1,49 $\pm$ 0,5 <sup>ab</sup>	-0,25 $\pm$ 0,0 <sup>a</sup>	11,28 $\pm$ 0,6	12,07 $\pm$ 0,42	11,13 $\pm$ 0,6
Sign. <sup>1</sup>	**	NS	***	***	***	***	NS	NS	NS

<sup>1</sup> Nivel de significación estadístico: \*p<0,05, \*\*p<0,01, \*\*\*p<0,001. NS: diferencias no significativas (p>0,05).

a, b, c Medias con diferentes superíndices indican diferencias estadísticamente significativas.



## **CARACTERÍSTICAS DE LA CANAL Y LA COMPOSICIÓN CORPORAL DE LECHONES AMPARADOS POR LA MARCA DE GARANTÍA COCHINILLO DE SEGOVIA: EFECTO DE LA EDAD DE SACRIFICIO Y DE LA FORMULACIÓN DE HIERRO ADMINISTRADO**

Vaquero, M., Vieira, C., Martínez, B., Sánchez, M.J., Bermejo, C., Molinero, C., Díaz, M.T.  
Estación Tecnológica de la Carne (ITACyL). Apdo. 58. 37770-Guijuelo, Salamanca

### **INTRODUCCIÓN**

En los últimos años se ha producido un aumento en la preocupación por la seguridad y calidad de los productos de origen animal que consumimos, por lo que han proliferado Figuras de Calidad, que aseguran las características de los productos que amparan. Entre ellos, cabe destacar por su importancia en Castilla y León, el Cochinillo de Segovia.

Debido al escaso contenido en hierro de la leche de las cerdas, y para evitar el desarrollo de anemia en los lechones, tanto en la legislación vigente como el Reglamento de Uso de la Marca de Garantía (M.G.), se indica la obligatoriedad de administrar hierro por vía oral, durante los tres primeros días de vida. Por otro lado, de acuerdo con este último, el peso de la canal debe encontrarse entre los 3,8 y 5,8 kg, y la edad de sacrificio entre los 14 y 21 días. Tanto la formulación del hierro administrado, como la edad a la que se alcanza el peso de sacrificio, pueden dar lugar a cambios en la composición corporal. Por tanto, el objetivo del estudio fue valorar el efecto de la administración de hierro y la edad al sacrificio, sobre las características de la canal y la composición de la carne y de la grasa.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

En el estudio se utilizaron camadas de 18 cerdas alimentadas con un pienso tipo para cerdas lactantes (PB 17,0%, GB 5,8%, fibra bruta 7,5%, cenizas 7,5%, lisina 0,95% y corrector vitamínico mineral). Los cochinillos se distribuyeron entre las cerdas, a fin de homogeneizar las camadas. Las cerdas se distribuyeron en grupos, de acuerdo con los tratamientos de hierro (formulaciones comerciales) que iban a recibir los cochinillos: Anamex (200 mg Fe<sup>2+</sup>/día, inyectable), Iron Pasta (200 mg Fe<sup>2+</sup>/día, gel oral), Ferplus 100% (94,7 mg Fe<sup>2+</sup>/día, administración oral líquido), Ferplus 33 % (31,56 mg Fe<sup>2+</sup>/día, administración oral líquido) y Turba, (50 mg Fe<sup>2+</sup>/10 días, administración oral sólido). Además, se incluyó un grupo control al que no se le administró hierro. Los cochinillos se sacrificaron a los 14 y 21 días, en función del peso alcanzado.

Una vez sacrificados los animales, las canales se mantuvieron en condiciones de refrigeración (4±1°C). Se realizaron medidas morfométricas en la canal, tomando como referencia las normalmente realizadas en animales de un tamaño similar (Ruiz de Huidobro *et al.*, 2005): anchura de la grupa, anchura de la paletilla, perímetro de la pierna, longitud de la canal y longitud de la pierna. El pH fue medido en el músculo *longissimus* en tres puntos diferentes, mediante un pH-metro Crison® provisto de un electrodo de penetración. Posteriormente, se utilizó el mismo músculo para estudiar la capacidad de retención de agua, mediante la valoración de las pérdidas por congelación y por cocinado.

Para el resto de los análisis, se utilizó tejido muscular de la pierna izquierda. Para analizar la composición química proximal (acreditación ENAC -Norma UNE EN ISO/IEC17025-) se realizaron las siguientes determinaciones: contenido en humedad por gravimetría (deseccación en estufa), grasa bruta por gravimetría con hidrólisis (método Soxhlet), proteína bruta (nitrógeno total) por volumetría (método Kjeldahl) y hidroxiprolina por espectrometría. El análisis de los pigmentos hemínicos se realizó por método de Hornsey (1956). El perfil de los ácidos grasos fue analizado mediante cromatografía de gases, tanto en la grasa subcutánea (acreditación ENAC -Norma UNE EN ISO/IEC17025-) como en la intramuscular. Previo al análisis, mientras en el tejido adiposo subcutáneo, la extracción de la grasa y la posterior metilación en frío, se realizaron mediante la técnica descrita en la norma UNE EN ISO 5508:1996, la grasa intramuscular fue extraída por técnica de Bligh y Dyer (1956), y los ésteres metílicos se obtuvieron en caliente por la metodología de Morrison y Smith (1964).

El análisis estadístico de los resultados se llevó a cabo por el procedimiento GLM, siendo los factores fijos la edad al sacrificio y el tratamiento con hierro. Las medias fueron separadas por el test Tukey. El paquete estadístico utilizado fue SPSS 14.0.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se recogen los datos correspondientes a las medidas morfométricas. Como se puede observar, las canales de los animales sacrificados a los 21 días resultaron significativamente más largas que las de los animales sacrificados a los 14 días ( $p < 0,001$ ). En cuanto a la anchura de la grupa, se obtuvieron valores significativamente mayores en animales con menor edad al sacrificio ( $p < 0,05$ ). Sin embargo, la edad no afectó al peso medio de las canales. Es preciso tener en cuenta que los animales sacrificados a los 14 días, eran los de mayor peso o “cabezas” de su camada y los sacrificados a los 21 días, las “colas” de la camada. Por otro lado, la formulación utilizada para la administración de hierro, no ejerció un efecto significativo sobre el peso de la canal o sobre las medidas morfométricas de la misma ( $p > 0,05$ ).

Tabla 1: Medias  $\pm$  error estándar del peso y de las medidas morfométricas de la canal.

		Peso canal (g)	Longitud canal (cm)	Longitud pierna (cm)	Perímetro pierna (cm)	Anchura grupa (cm)	Anchura paletilla (cm)
EDAD SACRIFICIO	14 días	4.269 $\pm$ 106	27,6 $\pm$ 0,3	23,7 $\pm$ 0,3	24,8 $\pm$ 0,4	10,6 $\pm$ 0,2	11,1 $\pm$ 0,2
	21 días	4.416 $\pm$ 75	29,3 $\pm$ 0,2	23,9 $\pm$ 0,2	25,7 $\pm$ 0,3	10,0 $\pm$ 0,2	10,7 $\pm$ 0,1
	Sign	NS	***	NS	NS	*	NS
TRATAMIENTO DE HIERRO	Control	4.319 $\pm$ 159	28,2 $\pm$ 0,4	22,7 $\pm$ 0,5	25,3 $\pm$ 0,6	10,1 $\pm$ 0,3	11,2 $\pm$ 0,3
	Anamex	4.289 $\pm$ 195	28,7 $\pm$ 0,5	24,7 $\pm$ 0,6	25,4 $\pm$ 0,7	10,0 $\pm$ 0,4	10,1 $\pm$ 0,3
	Ferplus 33%	4.428 $\pm$ 148	28,9 $\pm$ 0,4	24,4 $\pm$ 0,4	25,2 $\pm$ 0,5	10,3 $\pm$ 0,3	11,1 $\pm$ 0,2
	Iron pasta	4.302 $\pm$ 142	28,3 $\pm$ 0,4	23,8 $\pm$ 0,4	25,5 $\pm$ 0,5	10,6 $\pm$ 0,3	11,1 $\pm$ 0,2
	Turba	4.297 $\pm$ 142	28,1 $\pm$ 0,4	23,8 $\pm$ 0,4	25,1 $\pm$ 0,5	10,7 $\pm$ 0,3	11,0 $\pm$ 0,2
	Ferplus 100%	4.419 $\pm$ 159	28,6 $\pm$ 0,4	23,3 $\pm$ 0,5	25,1 $\pm$ 0,6	10,1 $\pm$ 0,3	10,8 $\pm$ 0,3
	Sign	NS	NS	NS	NS	NS	NS

\*\*\*:  $p < 0,001$ ; \*:  $p < 0,05$ ; NS: diferencias estadísticamente no significativas ( $p > 0,05$ ).

En cuanto a los valores de pH, no se encontró un efecto significativo de la edad de sacrificio o del tratamiento con hierro. En todos los casos, los valores obtenidos estuvieron dentro del intervalo que se considera óptimo (5,4-6,0), siendo el mínimo valor 5,67 y el máximo 5,72. Ello indica que tanto el tratamiento *ante mortem* de los animales, como el posterior manejo de las canales, fue el adecuado. En lo referente a la capacidad de retención de agua, no se encontró un efecto significativo ( $p > 0,05$ ), ni de la edad de sacrificio ni de los distintos tratamientos de hierro. Los valores obtenidos para las pérdidas por congelación, estuvieron comprendidos entre 18,11 y 23,63, y para las pérdidas por cocinado entre 21,47 y 26,34.

Respecto a la composición química, no se encontraron diferencias significativas entre los animales sacrificados con diferentes edades o tratados con diferentes formulaciones de hierro, oscilando los resultados entre 77,61% y 78,28% para humedad; entre 2,22 y 3,07 para grasa (%MF), entre 18,31 y 18,84 para proteína (%MF) y entre 0,59 y 0,68 para hidroxiprolina (%MF). Por otro lado, se encontraron diferencias significativas ( $p < 0,001$ ) en los pigmentos hemínicos, obteniendo en los cochinillos tratados con Anamex, valores de 1,37 $\pm$ 0,11 mg/g, que fueron significativamente superiores a los resultados de los cochinillos sometidos a otros tratamientos, que variaron entre los 0,58 $\pm$ 0,08 mg/g del Ferplus® 33% y los 0,82 $\pm$ 0,08 mg/g del Iron paste®. Estos resultados se encuentran en consonancia con los

de South *et al.* (2000) y Kegley *et al.* (2002), quienes observaron que tanto la formulación de hierro como la vía de administración, afectan a la concentración de pigmentos hemínicos.

En la Tabla 2 se muestran los resultados para los ácidos grasos procedentes del músculo *longissimus*. La concentración de ácidos grasos monoinsaturados, fue significativamente superior en animales con menor edad de sacrificio ( $p < 0,05$ ), mientras que los poliinsaturados fueron significativamente mayores en el caso de los animales sacrificados a una mayor edad ( $p < 0,05$ ). Aunque, en la Tabla 2 únicamente se muestran los resultados obtenidos en la grasa intramuscular, cabe indicar que los obtenidos para la grasa subcutánea siguieron un patrón similar.

Tabla 2: Composición en ácidos grasos, agrupados por su grado de saturación, de la grasa intramuscular del músculo *longissimus*.

		SFA	MUFA	PUFA	PUFA/SFA	N6/N3
EDAD	14 días	40,9±0,70	42,2±0,79	16,9±0,42	0,41±0,01	28,5±0,89
	21 días	42,3±0,49	39,3±0,56	18,2±0,30	0,43±0,01	28,5±0,63
SACRIFICIO	Significación	NS	*	*	NS	NS
TRATAMIENTO DE HIERRO	Control	42,1±1,05	39,5±1,19	18,7±0,63	0,44±0,02	28,8±1,38
	Anamex	41,9±1,29	43,1±1,47	15,8±0,78	0,39±0,02	27,3±1,69
	Ferplus 33%	41,8±0,94	40,4±1,07	17,7±0,57	0,42±0,01	28,4±0,34
	Iron pasta	41,3±1,95	39,9± 1,07	17,5±0,35	0,42±0,02	29,3±1,21
	Turba	42,1±0,94	41,2± 1,08	17,9±0,57	0,43±0,02	27,3±1,22
	Ferplus 100%	41,6±1,05	40,9±1,190	17,7±0,63	0,43±0,01	29,3±1,34
	Significación	NS	NS	NS	NS	NS

\*: $p < 0,05$ ; NS: diferencias estadísticamente no significativas ( $p > 0,05$ ).

SFA: ácidos grasos saturados; MUFA: ácidos grasos monoinsaturados; PUFA: ácidos grasos poliinsaturados

A partir de los resultados obtenidos, se puede concluir que, los animales sacrificados con 21 días, tienen una mayor longitud de la canal y una menor anchura de la grupa, y proporcionan un mayor contenido en ácidos grasos poliinsaturados que los sacrificados con 14 días. El tratamiento con Anamex (hierro inyectado) proporcionó un contenido en pigmentos hemínicos muy superior al resto de tratamientos.

### AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la M.G. Cochinillo de Segovia, la cesión de los datos utilizados en este estudio. Asimismo, se agradece la colaboración prestada por el personal del laboratorio de la Estación Tecnológica de la Carne, en la realización de los análisis físico-químicos.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bligh, E.G., Dyer, W.J. (1959). A rapid method of total lipid extraction and purification. *Can J. Biochemical Physiology*. 37, 911-917.
- Hornsey, H.C. (1956). The colour of cooked cured pork. *Journal of Animal Science Food and Agriculture* 7 (8), 534-540.
- Kegley, E.B., Spears, J.W., Flowers, W.L., Schoenherr, W.D. (2002). Iron methionine as a source of iron for the neonatal pig. *Nutrition Research* 22, 1209-1217.
- Morrison y Smith. (1964). Preparation of fatty acid methyl esters and dimethyl acetal from lipids with boron fluoride-methanol. *Journal of Lipid Research* 5, 600-608.
- Ruiz de Huidobro, F., Miguel, E., Cañeque, V., Velasco, S. (2005). Conformación, engrasamiento y sistemas de clasificación de la canal ovina. En: Estandarización de las metodologías para evaluar la calidad del producto (animal vivo, canal, carne y grasa) en los rumiantes, 143-169. V. Cañeque y C. Sañudo (Coods.). Monografías INIA: serie ganadera nº 3. MEC. INIA. Madrid
- South, P.K., Xingen, L., Miller, D.D. (2000). Meat enhances nonheme iron absorption in pigs. *Nutrition Research* 20 (12), 1749-1759.

## EFFECTO DEL SISTEMA DE ALIMENTACIÓN SOBRE LOS RESULTADOS PRODUCTIVOS Y LAS CARACTERÍSTICAS DE LA CANAL DE CERDOS IBÉRICOS ACABADOS CON PIENSO EN ESTABULACIÓN

Daza A.<sup>1\*</sup>, Álvarez D.<sup>1</sup>, Olivares, A.<sup>2</sup>, Cordero G.<sup>2</sup>, López-Bote C.J.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Dpto. Producción Animal. ETSI Agrónomos. UPM. Ciudad Universitaria. 28040 Madrid

<sup>2</sup>Dpto. Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM. Ciudad Universitaria. 28040 Madrid. \*argimiro.daza@upm.es

### INTRODUCCIÓN

El sector del porcino Ibérico cuenta en la actualidad con un censo de reproductoras próximo a 300.000 cabezas que producen anualmente más de 2.000.000 de cerdos cebados, lo que supone un producto bruto anual similar al que genera el subsector del ovino de carne. De la citada cantidad de cerdos producidos se estima que en torno al 80% son animales acabados con pienso en estabulación debido a la baja producción de cerdos de bellota y recebo unida a la montanera otoñal-invernal como consecuencia de la limitada superficie de montanera utilizable, en nuestro país, para el acabado del cerdo Ibérico (550.000-600.000 ha).

Los cerdos Ibéricos que se acaban con pienso suelen ser alimentados *ad libitum* o se restringen en grado variable con el fin de que alcancen al sacrificio los 10 meses de edad exigidos por la Norma de Calidad actualmente vigente. Cuando en el cebo de cerdos se restringe el alimento durante un periodo determinado se genera posteriormente un crecimiento compensatorio que puede traducirse en una mejora de los resultados productivos y de la calidad de la canal (Daza *et al.*, 2003, 2007). Asimismo, una restricción de pienso al final del periodo de acabado deriva en canales menos grasas aún a costa de empeorar los índices técnicos cuando el grado de restricción es severo (Whittemore, 1993). En el cerdo Ibérico no se conocen trabajos que hayan estudiado, durante el periodo de acabado, el efecto de una restricción de pienso al principio o al final del mismo sobre los índices técnicos y calidad de la canal. Dada la importancia económica que tiene el segmento productivo del acabado con pienso en el cerdo Ibérico, en el presente experimento se estudia la influencia de una restricción de pienso aplicada al principio o al final de la fase de acabado sobre los resultados productivos y calidad de la canal.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se han utilizado 24 cerdos Ibéricos, machos castrados de la estirpe Torbiscal, pertenecientes a la CIA "El Dehesón del Encinar" (Junta de Comunidades de Castilla la Mancha, Oropesa, Toledo). Los animales, previa corrección del efecto camada, se distribuyeron en tres grupos compuestos, cada uno, por ocho cerdos, y se sometieron a tres modelos de alimentación con un pienso convencional único que contenía 3200 kcal de EM/kg, 13% de proteína bruta y 0,6% de lisina durante un periodo de 77 días dividido en dos periodos consecutivos, uno de 43 días y otro de 34 días. Los cerdos del tratamiento 1 recibieron alimentación restringida de 2,5 kg de pienso durante el primer periodo y alimentación *ad libitum* durante el segundo periodo. Los cerdos del tratamiento 2 fueron alimentados *ad libitum* durante el primer periodo y restringidos con 2,5 kg durante el segundo. El tratamiento 3 consistió en una alimentación con una ración constante, de 4 kg durante los dos periodos. Los cerdos se pesaron al inicio y final del experimento.

Una vez concluido el periodo de acabado, los animales se transportaron al matadero donde, después del sacrificio, se recabaron el peso de la canal caliente, mediante balanza electrónica de alta precisión, la longitud interna de la canal medida desde la sínfisis isquiopubiana hasta la mitad del borde anterior de la primera costilla, mediante cinta métrica, la longitud del jamón, desde la sínfisis isquiopubiana hasta la parte media interna del corvejón mediante un compás de espesores, el perímetro del jamón medido por su

circunferencia más ancha y el espesor de grasa dorsal a nivel de la última costilla mediante un calibrador. Posteriormente las canales se trasladaron a la sala de despiece donde se llevo a cabo el despiece para luego pesar los jamones y paletas sin recortar de cada una de ellas.

Los datos fueron analizados mediante análisis de varianza y de covarianza utilizando el procedimiento GLM del paquete estadístico SAS (1999). Para los resultados productivos se consideró como efecto principal el modelo de alimentación y como covariable, para el peso final de los cerdos y ganancia media diaria, el peso inicial de los cerdos. Para las características de la canal se consideró como efecto fijo el tipo de alimentación aplicado. Para las variables porcentaje de jamón respecto al peso de la canal y el porcentaje de jamón más paletas respecto al peso de la canal se introdujo en el modelo estadístico la covariable peso de la canal. Un análisis de regresión simple fue realizado con el fin de estudiar la relación entre porcentajes de jamón, paleta y suma de jamón y paleta, respecto al peso de la canal, con el peso de la canal.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Como puede observarse en la Tabla I, en lo que respecta a los resultados productivos, los cerdos que recibieron el tratamiento 3 alcanzaron al sacrificio un peso significativamente mayor que los que recibieron el tratamiento 1 ó 2. La ganancia media diaria (GMD) fue superior en los cerdos del tratamiento 3 que en los de los tratamientos 1 y 2 y el consumo medio global de pienso por cerdo a lo largo del periodo experimental fue superior en los cerdos del tratamiento 3 que en los de los tratamientos 2 y 1. Sin embargo, el índice de transformación del alimento no estuvo afectado por el modelo de alimentación aplicado. Los cerdos pertenecientes al tratamiento 1 exhibieron, después del periodo de restricción, un crecimiento compensatorio incompleto respecto a los del tratamiento 3 y un mayor consumo de pienso, aspectos que no se tradujeron en una mejora de los índices técnicos. La covariable peso inicial de los cerdos tuvo una influencia estadísticamente significativa ( $P < 0,005$ ) sobre las variables peso final, peso canal y crecimiento medio diario.

Tabla I. Efecto del tipo de alimentación sobre los resultados de crecimiento

Tratamiento	1	2	3	
N	8	8	8	SEM
Variable				
Peso Inicial (kg)	99,06	95,94	98,19	2,65
Peso Final (kg)	148,64 <sup>a</sup>	153,64 <sup>a</sup>	159,35 <sup>b</sup>	2,00
Peso Canal (kg)	116,71 <sup>a</sup>	122,50 <sup>b</sup>	124,70 <sup>b</sup>	1,44
Ganancia media diaria (kg)	0,66 <sup>a</sup>	0,73 <sup>a</sup>	0,80 <sup>b</sup>	0,026
Consumo pienso ( kg )	262,88 <sup>a</sup>	287,11 <sup>b</sup>	308,00 <sup>c</sup>	1,88
Índice de transformación (kg)	5,28	4,95	5,03	0,13

Medias con letras distintas difieren  $P < 0,05$ . 1= alimentación restringida inicial y *ad libitum* final, 2 = *Ad libitum* inicial y restringida final, 3 = constante, N= n° de cerdos

El efecto del tipo de alimentación aplicado sobre las características de la canal aparece reflejado en la Tabla II. Las únicas variables que fueron afectadas por el modelo de alimentación fueron el espesor de grasa dorsal y el porcentaje de jamón respecto al peso de la canal. El espesor de tocino dorsal fue significativamente superior en los cerdos del tratamiento 3 que en los del tratamiento 1, no habiéndose evidenciado diferencias entre los tratamientos 2 y 3. El espesor de grasa dorsal está directamente relacionado con el consumo de pienso, resultado que coincide con los observados por Whittemore (1993). El rendimiento del jamón respecto al peso de la canal fue significativamente superior en los cerdos que recibieron el tratamiento 1 que en los cerdos que recibieron los tratamientos 2 ó

3, lo que posteriormente se tradujo en que se detectara una tendencia ( $P < 0,1$ ) de los cerdos del tratamiento 1 a tener mayor rendimiento de jamones más paletas respecto al peso canal que los cerdos de los tratamientos 2 ó 3. Como puede observarse en la Tabla III, el rendimiento en partes nobles respecto al peso canal se va reduciendo progresivamente conforme se incrementa el peso canal resultados acordes con los observados por Espárrago (1998) y Espárrago *et al.* (2001).

Tabla II. Efecto del tipo de alimentación sobre las características de la canal.

Tratamiento	1	2	3	
N	8	8	8	SEM
Variable				
Rendimiento Canal (%)	78,75	79,48	78,35	0,94
Espesor Tocino Dorsal (mm)	44,06 <sup>a</sup>	47,19 <sup>ab</sup>	48,81 <sup>b</sup>	1,07
Longitud Jamón (cm)	43,94	43,19	43,50	0,42
Perímetro Jamón (cm)	72,13	72,38	73,06	0,66
Longitud Interna Canal (cm)	81,88	82,50	82,81	0,57
Peso Jamón (kg)	14,20	14,15	14,46	0,24
Peso Paleta (kg)	9,81	9,86	10,01	0,26
Jamón + Paleta (kg)	24,01	24,01	24,48	0,43
Rendimiento jamón (%)	12,07 <sup>a</sup>	11,67 <sup>b</sup>	11,58 <sup>b</sup>	0,13
Rendimiento paleta (%)	8,34	8,14	8,02	0,19
Rendimiento jamón + paleta (%)	20,24	19,81	19,78	0,27
Relación paleta/jamón	0,69	0,70	0,69	0,016

Medias con letras distintas difieren  $P < 0,05$ . Alimentación en tratamientos: 1= Restringida inicial y *ad libitum* final, 2= *Ad libitum* inicial y restringida final, 3=Constante, N= nº de cerdos

Tabla III. Ecuaciones de regresión entre el peso de la canal PC (kg) y los porcentajes de jamón (J), paleta (P) y jamón + paleta (J+P).

Ecuaciones de regresión	R <sup>2</sup>	RSD	P<
J = 15,98 – 0,0347 PC	0,31	0,35	0,0045
P = 11,35 – 0,0262 PC	0,11	0,52	0,11
J + P = 27,34 – 0,0609 PC	0,26	0,71	0,011

R<sup>2</sup> = coeficiente de determinación. RSD = error estándar de la regresión.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Daza, A., Rodríguez, I., Ovejero, I., López-Bote, C.J. (2003). Effect of pig performance of feed restriction during the growth period. Spanish Journal of Agricultural Research 1, 3-8.
- Daza, A., Olivares, A., López-Bote, C.J. (2007=). Effect of moderate feed restriction on subsequent growth and body composition in pigs raised under high environmental temperatures. Journal of Animal and Feed Sciences (in press).
- Espárrago, F. (1998). Estudio comparativo de calidad, rendimiento y costes entre cerdos Ibéricos puros y cruzados engordados en régimen de montanera. Solo Cerdo Ibérico 1, 108-118.
- Espárrago, F., Cabeza de Vaca, F., Molina, M.R., Guijarro, J.L. (2001). La industria del cerdo Ibérico. En : Porcino Ibérico: aspectos claves (coord. C. Buxadé y A.Daza) Ed Mundi Prensa 535-588.
- Whittemore, C. (1993). The science and practice of pig production. Ed Logman Scientific and Technical Group. UK Limited. 661pp.
- SAS. (1999). SAS Institute, Cary, NC, EEUU.

## COMPOSICIÓN EN ÁCIDOS GRASOS PRINCIPALES DE LOS LÍPIDOS NEUTROS Y POLARES DEL LOMO (*LONGISSIMUS DORSI*) Y DEL HÍGADO DE CERDOS IBÉRICOS ACABADOS CON PIENSO EN ESTABILACIÓN

Daza A.<sup>1</sup>, Álvarez D.<sup>1</sup>, Isabel B.<sup>2</sup>, Olivares A.<sup>2</sup>, Cordero G.<sup>2</sup>, López-Bote C.J.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Dpto. Producción Animal. ETSI Agrónomos. UPM. Ciudad Universitaria, 28040 Madrid

<sup>2</sup> Dpto. Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM. Ciudad Universitaria, 28040 Madrid. argimiro.daza@upm.es

### INTRODUCCIÓN

Cuando se reduce el nivel de alimentación al final del periodo de acabado de cerdos Ibéricos se genera una disminución de las proporciones de algunos ácidos grasos saturados (C18:0) y una clara tendencia ( $P < 0,1$ ) a un aumento de la de los ácidos poliinsaturados (C18:2 n-6 y C18:3 n-3) en la capa de grasa dorsal subcutánea respecto a cerdos restringidos al principio del periodo de acabado y alimentados *ad libitum* al final del mismo (Daza *et al.*, 2007), pero es poco probable que el perfil de ácidos grasos de la grasa intramuscular y de la grasa hepática experimente variaciones importantes debido a cambios del nivel de alimentación realizados durante la fase de acabado. Tal hipótesis se considera como objetivo del presente experimento.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Los animales utilizados y el diseño experimental adoptado han sido previamente explicitados en Daza *et al.* (2007). Finalizado el periodo experimental los animales se sacrificaron y se tomaron muestras individuales de hígado y de lomo que posteriormente fueron conservadas a  $-20^{\circ}\text{C}$  hasta su análisis. Los lípidos neutros y polares de la grasa intramuscular del músculo *Longissimus dorsi* (LD) y del hígado fueron extraídos según el método desarrollado por Marmer y Maxwell (1981). Los extractos de grasa fueron metilados y analizados mediante un cromatografo Hewlett-Packard 6890 equipado con un inyector de "split" (1/50), un detector de ionización de llama (FID) y una columna capilar Innowax con fase estacionaria polietilen-glicol Hewlett-Packard (30 m x 0,32 mm x 0,25 $\mu\text{m}$ ) (Rey y López-Bote, 2001). El análisis estadístico de los datos se realizó mediante un análisis de varianza que consideró al tratamiento y al tipo de lípidos (neutros *versus* polares) como efectos principales incluyendo además la interacción entre ambos factores. Un análisis de correlación fue llevado a cabo entre las proporciones de los principales ácidos grasos en la grasa intramuscular y hepática. Los análisis fueron realizados utilizando el paquete estadístico SAS (1999).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 aparecen reflejadas las proporciones de los principales ácidos grasos en la grasa intramuscular del músculo LD y los porcentajes de grasa intramuscular según tratamiento y tipo de lípido. El tratamiento alimenticio no tuvo efecto significativo sobre el perfil de los principales ácidos grasos encontrado en la grasa intramuscular del lomo, lo que constata los resultados observados por Warnants *et al.* (1999). Como cabía esperar, las proporciones de C16:0, C18:0 y C18:1 n-9 fueron superiores en los lípidos neutros que en los polares, mientras que las de los ácidos grasos poliinsaturados fueron mayores en los lípidos polares que en los neutros.

Tabla 1. Perfil de los ácidos grasos en la grasa intramuscular del LD según tratamiento y clase de lípido.

Tratamiento	Lípido	Ácidos grasos						GI, %
		C16:0	C18:0	C18:1n-9	C18:2 n-6	C18:3 n-3	C20:4 n-6	
1	N	25,49 <sup>a</sup>	11,61 <sup>a</sup>	47,86 <sup>a</sup>	2,76 <sup>a</sup>	0,14 <sup>a</sup>	0,22 <sup>a</sup>	4,69 <sup>a</sup>
1	P	22,15 <sup>b</sup>	9,53 <sup>b</sup>	35,49 <sup>b</sup>	14,81 <sup>b</sup>	0,29 <sup>b</sup>	5,97 <sup>b</sup>	1,07 <sup>b</sup>
2	N	24,84 <sup>a</sup>	11,31 <sup>a</sup>	48,43 <sup>a</sup>	2,99 <sup>a</sup>	0,16 <sup>a</sup>	0,17 <sup>a</sup>	3,96 <sup>a</sup>
2	P	22,27 <sup>b</sup>	9,05 <sup>b</sup>	33,74 <sup>b</sup>	16,38 <sup>b</sup>	0,30 <sup>b</sup>	6,71 <sup>b</sup>	1,05 <sup>b</sup>
3	N	24,69 <sup>a</sup>	10,95 <sup>a</sup>	48,90 <sup>a</sup>	3,18 <sup>a</sup>	0,16 <sup>a</sup>	0,21 <sup>a</sup>	3,87 <sup>a</sup>
3	P	22,16 <sup>b</sup>	8,76 <sup>b</sup>	34,60 <sup>b</sup>	16,42 <sup>b</sup>	0,30 <sup>b</sup>	6,43 <sup>b</sup>	1,15 <sup>b</sup>
sem		0,40	0,42	1,01	0,84	0,011	0,40	0,29
Significación tratamiento		0,60	0,22	0,77	0,41	0,41	0,67	0,59
Significación lípido		0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
Significación (t x lip)		0,52	0,97	0,47	0,68	0,63	0,61	0,53

sem = error estándar de la media, GI = grasa intramuscular. N = lípidos neutros, P = lípidos polares. Medias con distintos superíndices difieren  $P < 0,05$

En la Tabla 2 se presentan las proporciones de los principales ácidos grasos en la grasa del hígado. Los cerdos del tratamiento 1 que se restringieron al comienzo de la fase de acabado y se alimentaron *ad libitum* al final de la misma tendieron ( $P < 0,06$ ) a tener mayor porcentaje de grasa intramuscular en los lípidos neutros que los otros dos grupos de cerdos. Los cerdos que se restringieron al final del periodo de acabado (tratamiento 2) tendieron ( $P < 0,07$ ) a tener mayor proporción de C18:2 n-6 que los dos grupos restantes (13,23% frente a 12,54% y 12,93%). Los cerdos restringidos al principio o al final del acabado (tratamientos 1 y 2) tuvieron una proporción significativamente superior de C22:6 n-3 que los cerdos que recibieron alimentación constante (4 kg/día) durante el acabado (1,65% y 1,37% frente a 1,18%) y exhibieron una marcada tendencia ( $P < 0,058$ ) a tener menos proporciones de C16:1 n-9 (0,46% y 0,47% frente a 0,54%) y C20:3 n-9 (0,31% y 0,32% frente a 0,36%).

En los lípidos neutros del LD los coeficientes de correlación encontrados entre las proporciones de C16:0 y C18:0, C18:0 y C18:1 n-9 y C18:2 n-6 y C18:3 n-3 fueron de  $r = 0,87$  ( $P < 0,0001$ ),  $r = -0,94$  ( $P < 0,0001$ ) y  $r = 0,88$  ( $P < 0,0001$ ) mientras que en los lípidos polares las correlaciones entre estos ácidos grasos no fueron significativas. Parece que en los lípidos neutros de la grasa intramuscular del músculo LD la actividad de la enzima delta - 9 desaturasa puede ser relevante.

En los lípidos neutros de la grasa del hígado, las correlaciones significativas detectadas entre los ácidos grasos C16:0 y C18:0, C18:0 y C18:1 n-9 y C18:2 n-6 y C18:3 n-3 fueron  $r = -0,87$  ( $P < 0,0001$ ),  $r = -0,74$  ( $P < 0,001$ ),  $r = 0,41$  ( $P < 0,05$ ), y en los lípidos polares  $r = -0,78$  ( $P < 0,001$ ),  $r = 0,54$  ( $P < 0,01$ ) y  $r = 0,20$  ( $P > 0,05$ ). Estos resultados sugieren que la actividad enzimática de las enzimas elongasa y delta - 9 desaturasa en los lípidos neutros de la grasa hepática puede ser más importante que en los lípidos polares. Se concluye que la restricción de la alimentación durante el periodo de acabado no tuvo influencia sobre el perfil de ácidos grasos de la grasa intramuscular del LD, aunque en la grasa hepática las proporciones de algunos ácidos grasos no principales fueron afectadas.



Tabla 2. Perfil de los ácidos grasos en la grasa del hígado según tratamiento y clase de lípido.

Tratamiento	Lípido	Ácidos grasos						GH, %
		C16:0	C18:0	C18:1n-9	C18:2 n-6	C18:3 n-3	C20:4 n-6	
1	N	12,90	21,00 <sup>a</sup>	25,53 <sup>a</sup>	13,47 <sup>a</sup>	0,38 <sup>a</sup>	16,70	2,57
1	P	14,11	28,37 <sup>b</sup>	18,30 <sup>b</sup>	12,38 <sup>b</sup>	0,25 <sup>b</sup>	17,34	2,79
2	N	12,31	22,18 <sup>a</sup>	24,35 <sup>a</sup>	12,15 <sup>a</sup>	0,39 <sup>a</sup>	17,64	2,51
2	P	14,08	28,74 <sup>b</sup>	18,24 <sup>b</sup>	12,94 <sup>b</sup>	0,28 <sup>b</sup>	17,37	2,62
3	N	12,63	21,83 <sup>a</sup>	24,15 <sup>a</sup>	12,75 <sup>a</sup>	0,40 <sup>a</sup>	17,26	2,71
3	P	13,12	29,85 <sup>b</sup>	17,15 <sup>b</sup>	13,72 <sup>b</sup>	0,24 <sup>b</sup>	17,61	2,73
sem		0,47	0,63	0,76	0,29	0,027	0,61	0,13
Significación tratamiento		0,41	0,19	0,26	0,07	0,73	0,70	0,44
Significación lípido		0,048	0,0001	0,0001	0,0003	0,001	0,63	0,29
Significación (t x lip)		0,41	0,51	0,74	0,89	0,67	0,74	0,74

sem = error estándar de la media, GH = grasa hepática. N = lípidos neutros, P = lípidos polares.  
Medias con distintos superíndices difieren P<0,05

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Daza, A., Álvarez, D., Olivares, A., Cordero, G., Rey, A.I., López-Bote, C.J. (2007). Efecto del sistema de alimentación sobre el perfil de ácidos grasos de la grasa subcutánea de cerdos Ibéricos de pienso. XII Jornadas sobre Producción Animal. Zaragoza.
- Marmer, W.N., Maxwell, R.J. (1981). Dry column method for the quantitative extraction and simultaneous class separation of lipids from muscle tissue. *Lipids* 16, 365-371.
- Rey, A.I., López-Bote, C.J. (2001). Effect of dietary cooper and vitamin E supplementation, and extensive feeding with acorns and grass on *longissimus dorsi* muscle composition and susceptibility to oxidation in Iberian pigs. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition* 85, 281-292.
- SAS. (1999). SAS Institute, Cary, NC, EEUU.
- Warnants, N., Van Oeckel, M.J., Boucqué, CV. (1999). Incorporation of dietary polyunsaturated fatty acids into pork fatty tissues. *Journal of Animal Science* 77, 2478-2490.

## ESPECTROSCOPIA DE INFRARROJO CERCANO PARA LA CUANTIFICACIÓN DE GRASA DE ORIGEN ANIMAL PRESENTE EN MEZCLAS LIPÍDICAS

J. Bautista, A. Garrido, J.E. Guerrero, D. Pérez Marín  
Dpto. Producción Animal. Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos y de Montes.  
Universidad de Córdoba. Campus Rabanales, Edif. Producción Animal, 14014 Córdoba.  
[pa1gavaa@uco.es](mailto:pa1gavaa@uco.es)

### INTRODUCCIÓN

Las grasas animales son uno de los subproductos de origen animal más apreciados en el mundo de la fabricación de piensos, tanto desde el punto de vista nutricional como comercial (Woodgate y Jvan der Veen, 2004). A pesar de que a nivel de la comunidad científica se ha manifestado en numerosos documentos (Horn *et al.*, 2001) que la transmisión de la Encefalopatía Espongiforme Bovina (EEB) se atribuye a la ingestión de proteína de origen animal infectada por el agente infeccioso (prión), la mayor parte de estos documentos también abordan ciertas dudas sobre la posibilidad de transmisión que podrían poseer las grasas animales, debido fundamentalmente a su mayor o menor contenido en impurezas de tipo proteico. De ahí que, como medida preventiva, el Comité Científico Director que aconseja a la Comisión Europea sobre temas multidisciplinares, incluidos los temas relacionados con la EEB (SSC, 2003), recomendara no usar las grasas fundidas de rumiantes en la alimentación de éstos. La falta de prohibiciones concretas ha provocado una cierta flexibilidad en la interpretación de las recomendaciones de los dictámenes científicos en relación al uso de grasas. Así, Francia y Alemania han prohibido el uso de todas las grasas animales (CE, 2005) y EEUU ha prohibido el uso de la grasa animal proveniente de países afectados por la EEB (FDA, 2005).

Cumplir de una forma eficiente, ágil, innovadora y de bajo coste con las exigencias del mercado y de la legislación, relativas a la comercialización y uso de grasas animales, precisa de un salto cualitativo en la estrategia de control analítico de grasas y aceites. La Espectroscopía de Infrarrojo Cercano (NIRS) ha demostrado que es una candidata idónea para poder abordar dicho salto cualitativo con garantías de éxito. Sin embargo, existe una ausencia de conocimiento en relación a la utilización de métodos rápidos, precisos y automatizados, para la cuantificación de la presencia de grasa de origen animal en mezclas lipídicas (Garrido *et al.*, 2004). El objetivo del presente trabajo es el desarrollo y la evaluación de modelos quimiométricos NIRS cuantitativos para la predicción del porcentaje de diferentes tipos de grasas de origen animal presentes en mezclas lipídicas.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se han utilizado dos colectivos de trabajo. El grupo de calibración estaba formado por 88 muestras, de las cuales 56 eran mezclas experimentales realizadas en laboratorio, 16 eran muestras de grasa animal recogidas de plantas de procesamiento de subproductos animales y 16 muestras eran aceite de soja y provenían de una planta de producción de fuentes lipídicas vegetales. El colectivo de validación estuvo constituido por un total de 20 muestras (grasa animal, aceite vegetal de soja y mezclas artificiales). Las mezclas fueron realizadas mediante adición de porcentajes de grasa animal del 0,5 al 32%, en intervalos de 0,5%.

Las muestras de grasa animal fundida fueron analizadas en un espectrofotómetro monocromador de espectro continuo FOSS NIRSystems 6500 I, equipado con módulo de giro, que trabaja en reflectancia en la región del espectro comprendida entre 400 y 2500 nm. Se eligió la doble transmisión como modo de análisis, empleando para ello la cápsula circular con fondo reflectante de oro y 0,1 mm de paso óptico. Se recogieron dos espectros por muestra en dos cápsulas diferentes, utilizándose para el estudio posterior el espectro medio.

Para el tratamiento quimiométrico de los datos espectroscópicos y químicos generados se empleó el software WinISI 1.05 (ISI, 2000). Los espectros fueron pre-tratados mediante derivación y tratamiento para la reducción del efecto “scatter”, previamente a la obtención de modelos de regresión MPLS (Modified Partial Least Squares) entre los datos espectroscópicos y el porcentaje de grasa animal/soja en una mezcla. Los estadísticos utilizados para la selección de las mejores ecuaciones de calibración fueron: el error típico de los residuales para el colectivo de calibración (ETC) y para el de validación cruzada (ETVC), el coeficiente de determinación para el proceso de validación cruzada y de validación externa ( $R^2$ ), el RPD (DT/ETVC) y el RER (Rango/ETVC). Para el proceso de validación se utilizó el procedimiento desarrollado por Shenk *et al.* (1989) que, entre otros, utiliza los valores de error típico de predicción con y sin corregir por el sesgo (ETP y ETP (C)).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las ecuaciones obtenidas tanto para la predicción del porcentaje de aceite vegetal como de grasa animal (Tabla 1) presentan una elevada capacidad predictiva, con porcentajes de la varianza explicada de más del 99% en todos los casos y valores de RPD y RER muy elevados.

Tabla 1. Estadísticos de calibración para la predicción del porcentaje de grasa animal y de vegetal en mezclas de aceite de soja y grasa animal.

Constituyente	Derivada	N	Media	DT	Rango	$R^2$	ETVC	RER	RPD	CV
% Aceite Vegetal	1,10,5,1	79	87,77	10,79	0-100	0,9987	1,072	93,27	27,84	1,38
	2,10,5,1	82	87,77	10,79	0-100	0,9989	1,067	93,64	29,68	1,41
% Grasa Animal	1,10,5,1	79	26,68	29,83	0-100	0,9980	1,076	92,89	27,72	4,85
	2,10,5,1	80	27,64	30,79	0-100	0,9989	0,983	101,6	30,17	4,45

N: número de muestras de calibración; DT: desviación típica;  $R^2$ : coeficiente de determinación; ETVC: error típico de validación cruzada; RER: ratio rango/ETVC; RPD: ratio DT/ETVC; CV: coeficiente de variación

Tabla 2. Estadísticos de validación externa (N = 20) de las calibraciones mostradas en la Tabla 1.

Constituyente	Derivada	Media	ETP	ETP(c)	Sesgo	$R^2_v$	Pendiente
% Aceite Vegetal	1,10,5,1	62,875	1,304	1,306	0,281	0,999	0,982
	2,10,5,1	62,875	1,84	1,888*	0,026	0,998	0,985
% Grasa Animal	1,10,5,1	37,125	1,317	1,319	0,288	0,999	0,982
	2,10,5,1	37,125	1,565	1,605*	0,043	0,999	0,988

$R^2_v$ : coeficiente de determinación para la validación externa; ETP: error típico de predicción; ETP(c): error típico de predicción corregido por el sesgo

Los estadísticos de validación externa de las ecuaciones reflejadas en la Tabla 1 se presentan en la Tabla 2. En dicha tabla se observa que, para la segunda derivada, los valores de ETP son superiores a los valores obtenidos con la primera derivada, e incluso los valores de ETP(c) superan los límites de control establecidos por Shenk *et al.* (1989), esto

es (ETP (C) limite = ETC x 1,3). Teniendo en cuenta el procedimiento estadístico de validación externa recomendado por dichos autores, las calibraciones obtenidas utilizando primera derivada resultan excelentes, tanto para la predicción del porcentaje de aceite vegetal como de grasa animal, en muestras que no han intervenido en el desarrollo de las calibraciones. Un Proyecto de Investigación recientemente financiado por la Food Standard Agency del Reino Unido, ha puesto de manifiesto que el contenido en más de una decena de fracciones de colesterol analizados mediante métodos cromatográficos sólo permite detectar, con una fiabilidad del 95%, un nivel de adicción del 10% de grasa animal en grasas vegetales y de pescado (Brereton, 2003).

Como se deduce de los datos de la Tabla 2, teniendo en cuenta el valor más bajo del ETP obtenido (1,30%), podemos afirmar que las ecuaciones desarrolladas permitirían detectar correctamente en el 90, 95 y 99 % de los casos, las muestras de aceite de soja que han sido mezcladas con porcentajes de grasa animal de 1,30, 2,60 y 3,60 %, respectivamente. Estos niveles de detección son muy inferiores a los obtenidos por Brereton (2003), el cual utilizando métodos químicos de alto coste y tiempo de análisis (HPLC), sólo pudo detectar, con un nivel de probabilidad del 95%, la presencia de grasa animal en mezclas que contienen un 10% de grasa animal.

Podemos concluir que la elevada precisión y exactitud de las ecuaciones NIRS desarrolladas, las cuales permiten detectar cantidades tan bajas como el 0,5% de grasa animal en aceite de soja, confirman que la tecnología NIRS podría ser utilizada para asegurar el cumplimiento de normativas vigentes relativas a la prohibición de usos de grasas de origen animal.

## AGRADECIMIENTOS

El presente trabajo se ha desarrollado en el marco de los Proyecto INIA CAL02-018-C2-2 financiado por el MAPA, utilizando el equipamiento e infraestructura del SCAI (Unidad NIR/MIR) de la UCO y del Dpto. de Producción Animal de la ETSIAM de Córdoba. Nuestro agradecimiento a las empresas que han colaborado en el suministro de muestras (ARTABRA, S.A. RENDERGRASAS, S.L. RIOSA, SAPROGAL y CANUTO VILLA)

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Brereton, P. (2003). Research Project Final Report. FSA, London. pp. 39
- CE (2005). Diario Oficial No L205 de 06.08.2005. pp. 0003-0011.
- FDA. (2005). Environmental Assessment for amendments to 21 CFR 589. Substances prohibited from use in animal food and feed. Federal Drug Administration. [www.fda.gov/oc/opacom/hottopics/bse.html](http://www.fda.gov/oc/opacom/hottopics/bse.html)
- Garrido A., García Olmo, J., Pérez Marín D. (2004). Near-Infrared Spectroscopy in Agriculture. Roberts C.A., Workman J. y Reeves III J.B. (eds.). ASA, CSSA y SSSA, Inc., Madison, Wisconsin, EEUU, pp. 487-558.
- Horn, G., Bobrow, M., Bruce, M., Goedert, M., McLean, A., Webster, J. (2001). Review of the origin of BSE. Published by Department for Environment, Food & Rural Affairs: [www.defra.gov.uk/animalh/bse/bseorigin.pdf](http://www.defra.gov.uk/animalh/bse/bseorigin.pdf). London, pp. 68.
- ISI. (2000). The complete software solution using a single screen for routine analysis, robust calibrations, and networking. Manual. FOSS NIRSystems/TECATOR. Infrasoft International, LLC. Sylver Spring MD, EEUU
- Shenk, J.S., Westerhaus, M.O., Abrams S.M. En: Near Infrared Spectroscopy (NIRS): Analysis of Forage Quality. USDA. ARS. Agriculture Handbook, nº 643 pp. 104-110.
- SSC (2003). Scientific Steering Committee. [http://www.apag.org/issues / Safety%20Tallow%20Derivatives.pdf](http://www.apag.org/issues/Safety%20Tallow%20Derivatives.pdf)
- Woodgate, S., Jvan der Veen, J. (2004). Biotechno.Agrom.Soc.Environ 8 (4), 283-294.

## EFFECTO DEL SISTEMA DE MANEJO SOBRE LA TEXTURA Y EL ANÁLISIS SENSORIAL DE LA CARNE DE CORDEROS DE RAZA CHURRA TENSINA.

Carrasco, S., Panea, B.\*, Ripoll, G., Alvarez-Rodríguez, J., Sanz, A., Joy, M.  
 Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón. Avda. Montañana, 930;  
 50059. Zaragoza. \*bpaneaa@aragon.es

### INTRODUCCIÓN

En los últimos años, hay una tendencia hacia la producción extensiva debido al cambio de demanda de los consumidores hacia un producto de calidad, primando especialmente la producción ligada al territorio. Sin embargo, el producto obtenido a partir de sistemas basados en forrajes puede diferir en calidad instrumental y sensorial del obtenido a partir del cebo a base de concentrado. Los corderos alimentados con pasto pueden ser más tiernos que los de concentrado y leche, como consecuencia del mayor desarrollo miofibrilar y menor proporción relativa de colágeno en músculo. En estudios previos (Panea *et al.*, 2006) se ha estudiado el efecto del sistema de producción sobre la calidad sensorial de la carne, comparando cordero de categoría comercial ternasco (11-13 kg canal) en sistema intensivo, ternasco en pastoreo, lechal y pastenco y también se ha observado que los lechales resultan más duros que los corderos ternascos criados en pastoreo. El objetivo del presente trabajo fue conocer el efecto del sistema de manejo y del tiempo de maduración sobre la textura y la calidad sensorial de la carne de corderos tipo Ternasco de raza Churra Tensina.

### MATERIAL Y MÉTODOS

El ensayo se desarrolló en la finca experimental de montaña “La Garcipollera” (Huesca) del Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA) durante la primavera de 2004. Se utilizaron 46 ovejas de raza Churra Tensina, madres de cordero macho de parto simple, los cuales se distribuyeron en cuatro grupos homogéneos de 12 animales. Los manejos fueron: **Pastoreo de pradera (P)**: madres y corderos permanecían día y noche en una pradera polifita, sin concentrado hasta el sacrificio. **Pastoreo de pradera+suplemento (P+S)**: ovejas y corderos permanecían día y noche en la pradera hasta el sacrificio. Los corderos disponían de concentrado. **Intensivo (INT)**: las madres salían a pastar de 8:30 a 16:30 horas a la pradera (24 ovejas/ha), mientras que los corderos permanecían siempre en el aprisco. Las madres eran encerradas en el aprisco el resto del día, momento en que amamantaban a los corderos. En el aprisco los corderos disponían de concentrado y las madres de 500 g de cebada al día. Los corderos eran destetados alrededor de los 45 días de edad, cebándose posteriormente con pienso y paja. **Estabulado (EST)**: Madres y corderos permanecían en el aprisco siempre sin tener acceso a pasto. Los corderos disponían de concentrado y las madres de una mezcla unifeed seca comercial *ad libitum*. Los corderos eran destetados aproximadamente a los 45 días de edad y cebados posteriormente. En todos los manejos todos los animales dispusieron de bloques minerales y de agua a libre disposición y se sacrificaron al alcanzar los 22-24 kg de peso vivo.

A las 24 horas tras el sacrificio se extrajo el músculo *L. thoracis* de la media canal izquierda para determinar la textura instrumental de la carne. Las muestras se envasaron al vacío (-900 mbar de presión), se maduraron 4 y 7 días a 4°C y se cocinaron en un baño maría (75°C/45 min), midiéndose la textura mediante la célula Warner-Bratzler, aplicada a un texturómetro (INSTRON serie 5543). Para el análisis sensorial se tomó, a las 24 horas del sacrificio, el músculo *L. lumborum* de la media canal izquierda, que se envasó al vacío y se congeló. El día del análisis se descongeló en agua corriente, se cocinó en un grill de doble placa precalentado a 200°C hasta alcanzar una temperatura interna de 70°C y fue evaluado por un panel entrenado de 8 miembros, que valoró los atributos de olor a cordero, olor anormal, terneza, jugosidad, flavor a cordero, flavor a grasa, flavor anormal y apreciación global utilizando una escala estructurada de 10 puntos, en la que 1 representaba el valor más bajo y 10 el más alto para cada atributo. Los datos fueron analizados con el paquete estadístico SAS (versión 9.1), mediante un ANOVA (PROC GLM) con el sistema de manejo y tiempo de maduración como efectos fijos. Se calcularon las medias y desviaciones típicas para cada variable y se llevó a cabo un análisis de correlaciones bivariadas de Pearson entre las variables sensoriales.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los parámetros de textura instrumental (Tabla 1) se vieron afectados tanto por el periodo de maduración ( $p < 0.001$ ) como por el sistema de manejo ( $p < 0.01$ ), aunque fue más importante el primero. Como era de esperar, las muestras presentaron mayor ternura a los 7 días de maduración que a los 4 días (Tabla 2), lo cual está de acuerdo con la mayoría de los autores (Muir *et al.*, 1998, Martínez-Cerezo, 2005). Para el primer periodo de maduración (4 días), se encontraron diferencias entre manejos tanto para la dureza ( $p < 0.05$ ) como para el esfuerzo máximo ( $p < 0.01$ ), siendo menos dura la carne del tratamiento de pastoreo de pradera y más dura la del tratamiento intensivo, comportándose de forma intermedia los restantes tratamientos. Estos resultados están de acuerdo con Santos-Silva *et al.* (2002) quienes observaron una ternura ligeramente superior para la carne de corderos alimentados con leche y pasto que para los alimentados con leche y concentrado. Sin embargo, a los 7 días, no se encontraron diferencias significativas entre sistemas de manejos, lo cual confirma que con el tiempo tienden a decrecer las diferencias en la dureza miofibrilar (Martínez-Cerezo *et al.* 2005).

En el análisis sensorial (Tabla 3) no se encontraron diferencias significativas entre manejos, resultados similares a los encontrados por Eguinoa *et al.* (2006) comparando corderos de raza Navarra cebados con pienso o criados en condiciones ecológicas. Únicamente se observó que los valores para el flavor y olor anormales fueron ligeramente superiores en los dos manejos de pastoreo (P y P+S) aunque estas diferencias no fueron significativas ( $p > 0.05$ ). Rousset-Akrim *et al.* (1996) observaron que los corderos alimentados con leche y pasto presentaban un flavor anormal muy marcado en comparación con los alimentados con leche y grano.

En la Tabla 4 se muestran los coeficientes de correlación de Pearson entre las variables sensoriales estudiadas. La ternura y la jugosidad estuvieron altamente correlacionadas ( $R = 0.65$ ;  $p < 0.001$ ), así como el olor anormal y el flavor anormal ( $R = 0.60$ ;  $p < 0.001$ ). Las variables sensoriales que más importancia tuvieron en la apreciación global de la carne fueron la ternura, la jugosidad, positivamente, y el flavor anormal, negativamente ( $p < 0.001$ ). El flavor y olor a cordero también influyeron en la apreciación global de la carne aunque en menor medida ( $R = 0.19$  y  $0.22$ , respectivamente;  $p < 0.05$ ). Estos resultados coinciden con las conclusiones de Sañudo *et al.* (2007).

Como conclusión, podemos decir que el sistema de manejo tuvo un efecto ligero sobre los parámetros de textura, observándose una carne menos dura en los tratamientos en pastoreo. El sistema de manejo no afectó a la calidad sensorial, por lo que cabría esperar que este tipo de carne fuese bien aceptada por el consumidor.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo se ha realizado gracias a la ayuda del INIA (RTA-30-031) y a fondos FEDER. J. Alvarez disfruta de una beca INIA

## REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Eguinoa, P., Granada, A., Saez, J., Zamora, C. (2006). Navarra Agraria N° 159. 43-47
- Martínez-Cerezo, S., Sañudo, C., Panea, B., Medel, I., Delfa, R., Sierra, I., Beltrán, J., Cepero, R., Olleta, J. (2005). Meat Sci. 69., 325-333.
- Muir, P., Deaker, J., Bown, M. (1998). New Zealand Journal of Agriculture Research. 41:623-635.
- Rousset-Akrim, S., Young, O., Berdagué, J. (1997). Meat Sci. 45:169-181
- Sañudo, C., Alfonso M., San Julián, R., Thorkelsson G., Valdimarsdóttir T, Zygoyiannis D., Stamataris C., Piasentier D., Mills C., Berge P., Dransfield E., Nute G., Enser M., Fisher A. (2007). Meat Sci. 75: 610-621
- Panea, B., Joy, M., Ripoll, G., Delfa, R. (2006). 57<sup>th</sup> Annual Meeting of EAAP, p.211.
- Santos-Silva, J., Mendes I.A., Bessa R.J.B. 2002. Livestock Production Science 76: 17-25.

Tabla 1. Efectos principales y su interacción (F y significación) para la textura instrumental de la carne.

	Carga máxima (kg)	Dureza (kg/cm <sup>2</sup> )	Esfuerzo máximo (kg/cm <sup>2</sup> )
Manejo	4.96 **	6.83 ***	5.22 **
Tiempo de maduración	43.02 ***	30.59 ***	33.62 ***
Manejo x Tiempo de maduración	0.26 ns	0.15 ns	0.48 ns

ns.: no significativo; \*p<0.05; \*\*p<0.01; \*\*\*p<0.001

Tabla 2. Carga máxima (Kg), Dureza (Kg/cm<sup>2</sup>) y Esfuerzo máximo (Kg/cm<sup>2</sup>) del músculo *longissimus dorsi* tras 4 y 7 días de maduración.

	P	P+S	INT	EST	e. e.
4 días					
Carga máxima	3.18	3.76	4.34 <sup>x</sup>	4.22 <sup>x</sup>	0.31
Dureza	1.03 <sup>b</sup>	1.26 <sup>abx</sup>	1.51 <sup>a</sup>	1.39 <sup>ab</sup>	0.10
Esfuerzo máximo	2.99 <sup>b</sup>	3.38 <sup>ab</sup>	4.12 <sup>ax</sup>	4.08 <sup>ax</sup>	0.30
7 días					
Carga máxima	2.16	2.57	2.97 <sup>y</sup>	2.76 <sup>y</sup>	0.22
Dureza	0.70	0.81 <sup>y</sup>	1.07	1.02	0.11
Esfuerzo máximo	2.21	2.44	2.89 <sup>y</sup>	2.74 <sup>y</sup>	0.22

e.e error estándar. ns.: no significativo; \*p<0.05; \*\*p<0.01; \*\*\*p<0.001

<sup>a,b</sup> medias con superíndices distintos en la misma fila implican diferencias estadísticas entre sistemas de manejo dentro de cada periodo de maduración (p<0.05).

<sup>x,y</sup> medias con superíndices distintos en la misma columna implican diferencias estadísticas entre periodos de maduración dentro de cada sistema de manejo (p<0.05).

Tabla 3. Valoración sensorial de la carne de corderos de la raza Churra Tensina, producto de distintos sistemas de manejo.

	P	P+S	EST	INT	e.e.	Signif.
Olor a cordero (1-10)	5.80	6.00	5.60	6.00	0.26	ns
Olor anormal (1-10)	4.17	4.61	4.00	3.87	0.38	ns
Terneza (1-10)	6.03	6.02	6.07	5.72	0.27	ns
Jugosidad (1-10)	5.23	5.08	5.40	5.43	0.29	ns
Flavor a cordero (1-10)	6.45	6.97	6.30	6.57	0.25	ns
Flavor a grasa (1-10)	5.77	6.07	5.38	5.61	0.32	ns
Flavor anormal (1-10)	4.90	4.77	4.68	3.85	0.38	ns
Apreciación global (1-10)	4.39	4.57	4.62	5.17	0.28	ns

e.e error estándar. Signif.: Significación ns.: no significativo;

Tabla 4. Coeficientes de correlación de Pearson, entre las variables sensoriales evaluadas.

	Olor Anormal	Terneza	Jugosidad	Flavor Cordero	Flavor Grasa	Flavor Anormal	Apreciación global
Olor a cordero	0.08	0.19*	0.22*	0.31***	-0.05	-0.07	0.19*
Olor anormal		0.10	0.05	-0.03	0.27**	0.60***	-0.26**
Terneza			0.65***	0.28**	0.16	0.16	0.31***
Jugosidad				0.49***	0.20*	0.10	0.44***
Flavor a cordero					0.44***	0.12	0.22*
Flavor a grasa						0.47***	-0.21*
Flavor anormal							-0.48***

Significación: \*p<0.05; \*\*p<0.01; \*\*\*p<0.001.

## **ANÁLISIS SENSORIAL DE TRES TIPOS DE CARNE DE OVINO POR UN PANEL DE CONSUMIDORES**

Indurain, G<sup>1</sup>., Insausti, K<sup>2</sup>., Beriain, M. J<sup>1</sup>., Sarriés, V<sup>1</sup>.

Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos, Dpto. Ciencias del Medio Natural<sup>1</sup>;  
Dpto. Producción Agraria<sup>2</sup>. Universidad Pública de Navarra, Campus de Arrosadía sn,  
31006, Pamplona. Tfn 948169136. Correo electrónico: mjberiaín@unavarra.es

### **INTRODUCCIÓN**

Los sistemas productivos, las tradiciones culinarias y las preferencias del consumidor determinan el peso y edad de sacrificio en la carne de ovino y estos factores son muy variables dependiendo del origen geográfico. El consumo de carne de ovino en España se sitúa alrededor de 5,8kg/habitante/año (FAOSTAT, 2007). Las canales típicas de ovino en España corresponden a animales de aproximadamente 12kg, cordero lechal, y 24kg, cordero ternasco, de peso vivo. Estos tipos de productos dan lugar a una carne muy tierna y con un sabor suave (Gorraiz et al., 2000). El objetivo del presente trabajo fue comparar con un panel de consumidores la textura, el aroma y el sabor de tres tipos comerciales de ovino: cordero lechal, cordero ternasco y ovino mayor (oveja), los dos primeros con una gran aceptación en el mercado español y unas producciones muy superiores al tercero (Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación, 2007).

### **MATERIAL Y METODOS**

Se realizó una cata de carne de ovino entre 22 consumidores. Estos consumidores se presentaron voluntariamente en respuesta a un anuncio publicado en prensa. A los catadores se les dio a evaluar filetes de pierna de tres tipos de carne de ovino que pueden encontrar en el mercado: cordero lechal, cordero ternasco y oveja. Se les explicaron las características productivas y sensoriales de los distintos tipos de carne de cordero, así como los factores que determinan la calidad organoléptica de la carne de cordero y los parámetros sensoriales que se utilizan para su evaluación. También se les instruyó en la manera de realizar una cata de productos cárnicos. La carne de cordero lechal y ternasco estaban amparadas por la IGP “Cordero de Navarra” (razas Latxa y Navarra). Los filetes (20mm de grosor) fueron cocinados a la plancha hasta alcanzar una temperatura interna de 70C°. Los catadores degustaron los tres tipos de carne en el siguiente orden, lechal, ternasco y oveja, para evitar que el mayor sabor de la oveja enmascarase el sabor de los corderos. Los catadores evaluaron el olor, la jugosidad, la dureza, el sabor, la grasosidad y la aceptabilidad general en una escala hedónica de cinco puntos, siendo el extremo izquierdo “me desagrada mucho” y el extremo derecho “me gusta mucho”. Para el tratamiento estadístico de los datos se ha empleado el programa SPSS versión 12.0. El modelo lineal general, utilizando el tipo de carne como factor fijo, la correlación de Pearson y el análisis factorial utilizando el análisis de componentes principales, fueron empleados para comprobar cual de las variables sensoriales contribuyen a la diferenciación entre los distintos tipos de carne.

### **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

La tabla 1 muestra las diferencias existentes entre los tres tipos de carne en su valoración sensorial. Existieron diferencias entre los tres tipos de carne de ovino en todos los parámetros sensoriales, ya que las carnes de lechal y ternasco fueron mejor valoradas en el olor, jugosidad, dureza, sabor, grasosidad y aceptabilidad general que la carne de oveja. Sin embargo, las notas de la carne de oveja se situaron entre 2,8 y 3,6, lo que en la escala utilizada se identifica como una puntuación neutral (ni me agrada ni me desagrada). La preferencia del consumidor por la carne de cordero está de acuerdo con los hábitos de consumo en España, ya que esta carne se considera más tierna y con menos intensidad de sabor que la de otros animales de mayor peso (Beriain et al, 2000; Gorraiz et al., 2000; Font i Furnols et al., 2006; Martínez-Cerezo et al., 2005a). El olor y el sabor serían los factores determinantes en la aceptación de la carne de ovino (Mottram, 1994). El mayor engrasamiento del ovino mayor y especialmente las diferencias en la dieta implicarían una



mayor intensidad en estos parámetros y la presencia de notas diferentes a las típicas de los corderos, lo que explicaría la menor valoración de la carne de oveja y estaría de acuerdo con la influencia que los hábitos de consumo y tradiciones culinarias tienen sobre la valoración de un alimento (Sañudo et al., 2000). La mayor edad de la oveja justificaría un mayor contenido en colágeno total, y una menor capacidad de retención de agua de la carne (Sañudo et al., 1996), lo que explicaría una peor nota en los parámetros de textura, aunque una mayor edad también se acompaña de un mayor contenido graso (Sañudo et al., 2000; Martínez-Cerezo et al., 2005a). Sería recomendable un mayor tiempo maduración de la carne de oveja, ya que mejoraría la textura de la misma sin que este tiempo de almacenamiento signifique necesariamente un empeoramiento del olor y sabor (Martínez-Cerezo et al. 2005b). La tabla 2 muestra que todas las variables sensoriales estuvieron muy significativamente relacionadas entre sí, no habiendo ninguna que específicamente determine la aceptabilidad general de la carne de ovino. El primer componente principal del análisis sensorial acumuló el 87% de la variabilidad total obtenida (tabla 3, figura 1). Este factor estuvo positivamente relacionado con la evaluación hedónica de las muestras de ovino. La figura 1 muestra que el factor extraído separó claramente las muestras de cordero lechal y ternasco de las muestras de oveja, ya que aquellas mostraron mejor olor, jugosidad, dureza, sabor, grasosidad y aceptabilidad general desde el punto de vista del consumidor. De nuevo, todas las variables parecen contribuir de forma similar a la diferenciación de los tres tipos de carne de ovino, de acuerdo a lo publicado por Gorraiz et al. (2000), pero en contra de aquellos autores que afirman que el sabor sería el parámetro determinante en la aceptabilidad de la carne de ovino (Mottran, 1994). Se podría concluir que los consumidores preferirían la carne de cordero, lechal o ternasco, que la de oveja, aunque esta última fue valorada de forma neutra, “ni me gusta ni me disgusta”. La combinación de una carne con un olor y sabor más suave, menor dura y más jugosa y con un menor contenido graso, hace que la carne de cordero sea mejor evaluada por los consumidores.

Tabla 1. Medias mínimo cuadráticas y error estándar obtenidos para los atributos sensoriales olor, jugosidad, dureza, sabor, grasosidad y aceptabilidad general para las carnes de cordero lechal y ternasco, y la carne de oveja.

	Lechal	Ternasco	Oveja.	
Olor	4,524 (0,238)a	4,476 (0,238)a	3,571 (0,238)b	**
Jugosidad	4,571 (0,211)a	4,524 (0,211)a	2,950 (0,217)b	***
Dureza	4,350 (0,265)a	4,300 (0,265)a	2,952 (0,259)b	***
Sabor	4,667 (0,223)a	4,619 (0,223)a	3,429 (0,223)b	***
Grasosidad	4,474 (0,253)a	4,429 (0,240)a	2,800 (0,246)b	***
Aceptabilidad	4,64 (0,902)a	4,68 (0,894)a	3,27 (0,241)b	***

Comparación entre edades: letras iguales  $p > 0,05$ ; letras diferentes  $p \leq 0,05$ .

Significación: \*\*:  $p \leq 0,01$ ; \*\*\*:  $p \leq 0,001$

Tabla 2. Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables sensoriales evaluadas por el panel de consumidores

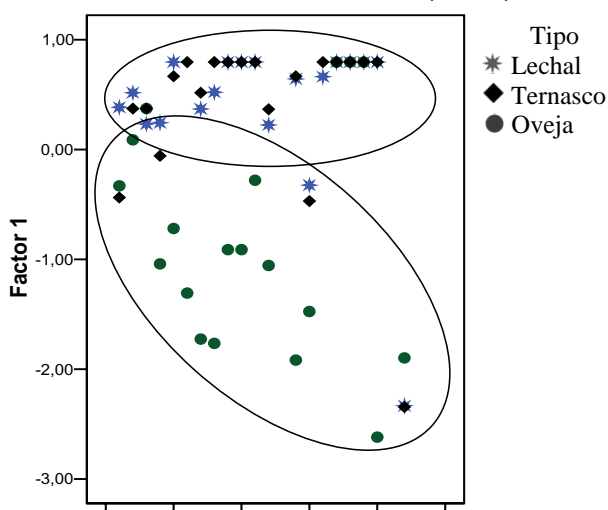
	Jugosidad	Dureza	Sabor	Grasosidad	Aceptabilidad general
Olor	0,768(***)	0,770(***)	0,899(***)	0,794(**)	0,855(***)
Jugosidad		0,819(**)	0,791(***)	0,879(***)	0,867(***)
Dureza			0,786(***)	0,843(***)	0,786(***)
Sabor				0,807(***)	0,872(***)
Grasosidad					0,847(***)

\*\*\*\*: correlación a nivel de 0,001 (bilateral)

Tabla 3. Coeficientes de correlación entre el factor rotado obtenido del análisis por componentes principales de las variables sensoriales evaluadas por un panel de consumidores

	Componente1
Olor	0,920
Jugosidad	0,931
Dureza	0,902
Sabor	0,930
Grasosidad	0,931
Aceptabilidad general	0,946

Figura 1. Diagrama de dispersión de los tipos de carne de ovino en el espacio unidimensional formado por el factor 1 obtenido por análisis de componentes principales de las variables sensoriales evaluadas por un panel de consumidores



## REFERENCIAS

- Beriain et al. (2000). *Options Méditerranéennes*, 52:125-128
- Faostat (Fao Statistics) (2007). <http://faostat.fao.org> (consulta, 5 de febrero de 2007)
- Font i Furnols et al. (2006). *Meat Science*, 72 : 545-554.
- Gorraiz et al. (2000) *Journal of Sensory Studies*, 15: 137-150
- Martínez-Cerezo et al. (2005a). *Meat Science*, 69: 325-333.
- Martínez-Cerezo et al. (2005b). *Meat Science*, 69: 571-578.
- Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (2007). <http://www.mapa.es> (consulta, 5 de febrero de 2007)
- Mottram, D. (1994). *Meat Flavor*. In: *Understanding Natural Flavors*. Blackie Academic & Professional, Londres, RU. P 140
- Sañudo et al. (1996). *Meat Science*, 42: 195-202
- Sañudo et al. (2000). *Meat Science*, 56:89-94.

## COMPOSICION EN ÁCIDOS GRASOS DEL CORDERO LECHAL EN FUNCION DE LA RAZA

I. Revilla<sup>1\*</sup>, A. M. Vivar-Quintana<sup>1</sup>, M. A. Lurueña-Martínez<sup>1</sup>, C. Palacios<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Área de Tecnología de Alimentos, Universidad de Salamanca, E.P.S. de Zamora.  
Av. Requejo 33, 49022 Zamora. \*irevilla@usal.es

<sup>2</sup>Área de Producción Animal, Universidad de Salamanca, Facultad de Ciencias Agrarias y Ambientales. Avda. Filiberto Villalobos 119-129, Salamanca.

### INTRODUCCIÓN

El efecto de la raza sobre las características de la canal y la calidad de la carne de lechazo ha sido profusamente estudiado (Sañudo et al., 1997; Martínez-Cerezo et al., 2005; Miguélez et al., 2006). Sin embargo los estudios relativos al efecto de la raza sobre la composición en ácidos grasos de los depósitos son más escasos (Lurueña-Martínez et al., 2006). Es bien sabido que dicha composición varía con la composición de la leche que consume (Zygoiannis, 1992; Velasco, 1999). De hecho, el impacto puede ser muy fuerte debido a que los animales con una dieta basada únicamente en la leche pueden ser considerados como “monogástricos funcionales”. Su rumen está menos desarrollado lo que protege a los ácidos poliinsaturados de la deshidrogenación (Napolitano *et al.*, 2002). Por otro lado, la composición y calidad de la leche varía debido a muchos factores como la época del año, dependiendo de la disponibilidad de alimentos, los suplementos alimentarios, el manejo del rebaño o cambios endocrinos relacionados con el clima y el avance de la lactación (Hassan, 1995; Velasco *et al.*, 2001). También la raza condiciona la composición en ácidos grasos de la leche, por lo tanto y dada la correlación existente entre la composición en ácidos grasos de la leche y del cordero es de suponer que influirá en este. Dado lo anteriormente comentado el objetivo de este trabajo consistió en estudiar la influencia de la raza (Churra, Castellana y Assaf) sobre la composición en ácidos grasos de la grasa subcutánea de cordero lechal. Por otro lado es sabida la cada vez mayor importancia que el consumidor da a la composición en ácidos grasos de los alimentos, procurando una mayor ingestión de ácidos grasos poliinsaturados (PUFA) y en especial de los  $\omega$ -3, buscando alcanzar relaciones P/S > 0.7 y  $\omega$ -6/ $\omega$ -3 < 5, por lo que también se van a estudiar si aparecen diferencias en estos parámetros debido a la raza.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se estudiaron 60 corderos lechazos con pesos comprendidos entre los 10 y 11 kg de peso que fueron criados permanentemente con las madres las cuales recibieron el mismo tipo de alimentación, perteneciendo 20 animales a cada una de las razas: Castellana, Churra y Assaf. Los animales recogidos por separado en las explotaciones, fueron conducidos al matadero de Arcenillas (Zamora) donde tras su sacrificio y faenado se procedió al traslado al Laboratorio de Tecnología de Alimentos. Se analizaron los ácidos grasos del tejido adiposo subcutáneo. Para ello, se procedió a su extracción con metanol/cloroformo (Folch et al., 1957). Tras la extracción se procedió a la metilación en medio básico usando KOH en metanol anhidro (Murrieta *et al.*, 2003) y análisis por cromatografía gaseosa (GC 6890 N, Agilent Technologies, USA) equipado con inyector automático y detector FID. La columna elegida fue una columna capilar de sílice de 100 m x 0,25 mm x 0,20  $\mu$ m, helio como gas portador y la cantidad de muestra inyectada fue un microlitro (split 20:1). El horno se encontraba inicialmente a 150°C, a continuación se procedió a subir la temperatura hasta 165°C a 1°C/min, para a continuación subir hasta 167°C a 0,2°C/min y luego alcanzar los 225°C a una velocidad de 1,5°C/min y mantener esta temperatura durante 15 minutos más (Realini *et al.*, 2004). Los ácidos grasos fueron identificados por comparación con los tiempos de retención de los correspondientes standards y por espectrometría de masas. La cuantificación se hizo en base al área bajo el pico y expresada como proporción del peso total. El análisis estadístico de los datos se realizó mediante el Modelo General Lineal (GLM) para el factor objeto de estudio (raza, sexo o edad). Al mismo tiempo se utilizó el LSD Fisher-test para determinar la existencia de diferencias significativas entre muestras (Statgraphic Plus, Manugistics, Inc.1995).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Como se puede observar en la Tabla 1 existen diferencias significativas según la raza en los contenidos de la mayor parte de los ácidos grasos estudiados. También se observa que las mayores diferencias se encuentran entre la raza Castellana y la Assaf, mientras que la raza Churra presenta valores intermedios de los compuestos estudiados. En general se observa que la raza Assaf presentó los contenidos más altos de una gran parte de los ácidos grasos saturados en especial de palmítico, a excepción del ácido butírico y láurico, para el cual la Castellana presentó valores significativamente más altos, siendo la diferencia especialmente notable en el ácido butírico, de gran importancia por su repercusión sensorial. Sin embargo la raza Assaf también presentó los niveles más altos de DPA, ácido linoléico y eláidico, todos ellos ácidos grasos insaturados. No se encontraron diferencias significativas en el contenido en ácido oleico, si bien los mayores valores los presentó la Churra y los más bajos la Castellana. En cuanto a un ácido graso de gran importancia nutricional el CLA, se pudieron observar diferencias significativas entre razas, siendo la raza Churra la que presentó mayores valores y la raza Assaf los más bajos.

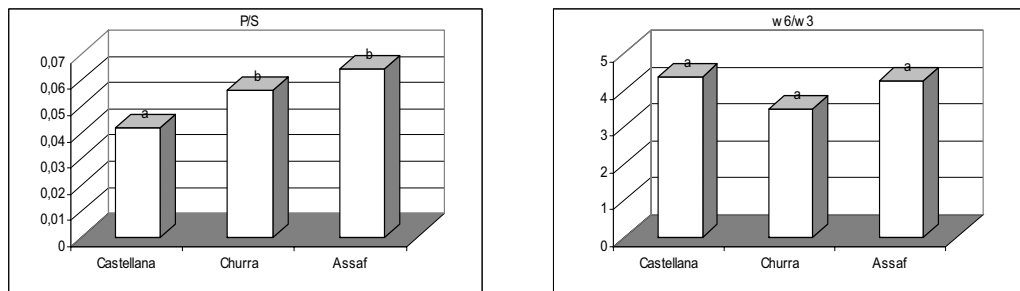
Tabla 1. Efecto de la raza sobre la composición en ácidos grasos (g/100g).

Nombre	Fórmula	Castellana	Churra	Assaf
Butírico	C4:0	18,17 <sup>c</sup>	11,03 <sup>b</sup>	7,65 <sup>a</sup>
Caproico	C6:0	0,07 <sup>a</sup>	0,08 <sup>a</sup>	0,06 <sup>a</sup>
Caprílico	C8:0	0,12 <sup>b</sup>	0,08 <sup>a</sup>	0,10 <sup>ab</sup>
Cáprico	C10:0	1,78 <sup>a</sup>	1,45 <sup>a</sup>	1,77 <sup>a</sup>
Undecanoico	C11:0	0,09 <sup>ab</sup>	0,07 <sup>a</sup>	0,12 <sup>b</sup>
Laurico	C12:0	2,70 <sup>b</sup>	2,06 <sup>a</sup>	1,98 <sup>a</sup>
	C14:0 ramificado	0,06 <sup>a</sup>	0,08 <sup>ab</sup>	0,09 <sup>b</sup>
Mirístico	C14:0	10,99 <sup>a</sup>	12,14 <sup>a</sup>	12,26 <sup>a</sup>
	C15:0 ramificado	0,39 <sup>a</sup>	0,47 <sup>b</sup>	0,48 <sup>b</sup>
Miristoleico	C14:1 n-5	0,36 <sup>a</sup>	0,38 <sup>a</sup>	0,37 <sup>a</sup>
Pentadecanoico	C15:0	0,67 <sup>a</sup>	0,72 <sup>a</sup>	0,84 <sup>b</sup>
	C16:0 ramificado	0,15 <sup>a</sup>	0,19 <sup>b</sup>	0,19 <sup>b</sup>
Palmítico	C16:0	21,83 <sup>a</sup>	23,80 <sup>b</sup>	25,90 <sup>c</sup>
Palmitoleico	C16:1 n-7	1,75 <sup>a</sup>	1,99 <sup>a</sup>	2,11 <sup>a</sup>
Heptadecanoico	C17:0	0,72 <sup>a</sup>	0,84 <sup>b</sup>	0,86 <sup>b</sup>
Heptadecenoico	C17:1	0,32 <sup>a</sup>	0,41 <sup>b</sup>	0,37 <sup>ab</sup>
Estearico	C18:0	10,04 <sup>a</sup>	10,46 <sup>a</sup>	10,83 <sup>a</sup>
Eláidico	9 <i>trans</i> C18:1 n-9	0,88 <sup>a</sup>	1,01 <sup>ab</sup>	1,36 <sup>b</sup>
Oleico	C18:1 n-9	22,98 <sup>a</sup>	25,40 <sup>a</sup>	24,60 <sup>a</sup>
	C18:1	0,59 <sup>a</sup>	0,74 <sup>a</sup>	0,91 <sup>b</sup>
Linoleico	C18:2 n-6	1,78 <sup>a</sup>	2,10 <sup>b</sup>	2,85 <sup>c</sup>
αlinoléico C18:3	C18:3 n-3	0,43 <sup>a</sup>	0,58 <sup>b</sup>	0,57 <sup>b</sup>
CLA	C18:2	0,51 <sup>ab</sup>	0,75 <sup>b</sup>	0,48 <sup>a</sup>
Tricosanoico	C23:0	0,08 <sup>a</sup>	0,13 <sup>a</sup>	0,20 <sup>b</sup>
DPA	C22:5 n-3	0,05 <sup>a</sup>	0,12 <sup>b</sup>	0,13 <sup>b</sup>

<sup>a,b</sup> Diferente letra en cada columna indica la existencia de diferencias estadísticamente significativas a un nivel  $\alpha=0,05$ .

Los resultados relativos al estudio de relaciones de interés nutricional (Figura 1), muestran que la grasa de cordero está muy lejos de la relación P/S recomendada. También se observan diferencias estadísticamente significativas entre la raza Castellana y las otras dos razas estudiadas, siendo la raza Assaf la que presentó unos valores ligeramente más altos. En cuanto a la relación  $\omega-6/\omega-3$ , ésta se encuentra en todos los casos por debajo de 5, valor máximo recomendado. En este caso, la raza Churra presentó los valores más bajos mientras que la Castellana presentó los más altos, aunque en este caso sin diferencias estadísticamente significativas entre las tres razas estudiadas.

Figura 1. Relaciones de interés nutricional en función de la raza.



De estos resultados se deduce la importancia de la raza en la composición en ácidos grasos y que la raza foránea Assaf presentó una composición claramente diferente de las razas autóctonas en especial de la Castellana. También se observa que la raza Churra presenta la relación  $\omega$ -6/ $\omega$ -3 más favorable así como los contenidos de CLA más altos de las razas estudiadas.

#### AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la Cooperativa ASOVINO su colaboración y a la fundación Caja Rural la financiación del proyecto.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Folch, J., Lees, M., Sloane Stanley, G. H. A. (1957). Simple method for the isolation and purification of total lipids from animal tissues. *Journal of Biological Chemistry* 226, 497-509.
- Hassan, S. H. (1995). Effects of crossing and environmental factors on production and some constituents of milk in Osimi and Saidi sheep and their crosses with Chios. *Small Ruminant Research* 18, 165-172.
- Lurueña-Martínez, M.A., Palacios-Riocerezo, C., Revilla I., Vivar-Quintana A.M. (2006). Fatty acid composition of suckling lambs as affected by increasing calcium soap on ewe's diet. En: *Proceedings of 52<sup>o</sup> International Congress of Meat Science and Technology*, Dublin.
- Martínez-Cerezo S., Sañudo C., Panea B., Medel I., Delfa R., Sierra I., Beltrán J.A., Cepero R., Olleta J.L. (2005). Breed, slaughter weight and ageing time effects on physico-chemical characteristics of lamb meat. *Meat Science* 69, 325-333.
- Miguelé E., Zumalacárregui J.M., Osorio M.T., Beteta O., Mateo J. (2006). Carcass characteristics of suckling lambs protected by the PGI "Lechazo de Castilla y León" European quality label: effect of breed, sex and carcass weight. *Meat Science* 73, 82-89.
- Murrieta, C. M., Hess, B. W., Rule, D. C. (2003). Comparison of acidic and alkaline catalysts for preparation of fatty acid methyl ester from ovine muscle with emphasis on conjugated linoleic acid. *Meat Science* 65, 523-529.
- Napolitano, F., Cifuni, G. F., Pacelli, C., Riviezz, A. M., Girolami, A. (2002). Effect of artificial rearing on lamb welfare and meat quality. *Meat Science* 60, 307-315.
- Realini C.E., Duckett S.K., Brito G. W., Dalla Rizza M., De Mattos D. (2004). Effect of pasture vs. concentrate feeding with or without antioxidants on carcass characteristics, fatty acid composition, and quality of Uruguayan beef *Meat Science* 66, 567-577.
- Sañudo, C., Campo M.M., Sierra, I., María, G.A., Olleta, J.L., Santolaria, P. (1997). Breed effect of carcass and meat quality on suckling lambs. *Meat Science* 46(4), 357-365.
- Velasco S. (1999). Caracterización de los depósitos adiposos de corderos lechales en función de diversos parámetros productivos. Tesis Doctoral. Facultad de Veterinaria de Madrid.
- Velasco S., Cañeque V., Pérez C., Lauzurica S., Díaz M.T., Huidobro F., Manzanares C., González J. (2001). Fatty acid composition of adipose depots of suckling lambs raised under different production systems. *Meat Science* 59, 325-333.
- Zygoiannis, D., Kufidis, D., Katsaounis, N., Phillips, P. (1992). Fatty acid composition of carcass fat of indigenous (*Capra prisca*) suckled Greek kids and milk of their does. *Small Ruminant Research* 8, 83-95.

## USO DE TÉCNICAS MULTIVARIANTES PARA LA CLASIFICACIÓN DE LECHAZOS EN FUNCIÓN DE LA RAZA Y EL PESO

I. Revilla\*, A. M. Vivar-Quintana

Área de Tecnología de Alimentos, Universidad de Salamanca, E.P.S. de Zamora.

Av. Requejo 33, 49022 Zamora. \*[irevilla@usal.es](mailto:irevilla@usal.es)

### INTRODUCCIÓN

La calidad de la carne de lechazo depende de diferentes factores tales como raza, peso, edad y sexo. El efecto de los dos primeros factores (raza y peso) han sido los más ampliamente estudiados, encontrándose la existencia de diferencias significativas en propiedades sensoriales tales como la jugosidad, dureza y aroma (Martínez-Cerezo *et al.*, 2005a, Revilla *et al.*, 2005) y en la calidad físico-química de la carne existiendo diferencias en parámetros como color, fuerza de compresión o pérdidas por cocción (Díaz *et al.*, 2003, Martínez-Cerezo *et al.*, 2005b). Los parámetros en los que las diferencias son significativas dependen de las razas y del intervalo de pesos considerados (Teixeira *et al.*, 2005) por lo que es necesario un gran número de parámetros para evaluar la calidad de la carne. Las técnicas multivariantes pueden facilitar establecer cuales de estos parámetros se encuentran correlacionados y disminuir el número de determinaciones necesarias. Dentro de estas técnicas se encuentra el Análisis Factorial que transforma linealmente un conjunto de variables en otro conjunto más pequeño de nuevas variables (factores) que conservan toda la información de las variables originales, busca asociaciones entre las mismas y permite detectar grupos naturales presentes en las muestras (método no supervisado). El objetivo de este trabajo fue la aplicación del Análisis Factorial a los datos procedentes del análisis de variables empleadas en la determinación de la calidad de cordero lechal, para buscar cuáles son las variables que se encuentran más relacionadas y detectar si se pueden agrupar las muestras debido a la distinta raza o al diferente peso de sacrificio.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Los animales que se utilizaron fueron 45 corderos de raza Castellana, Churra y Assaf, de tres pesos en vivo: 9,5, 10,5 y 11,5 Kg. Los animales fueron sacrificados en el matadero de Arcenillas (Zamora). Las muestras correspondientes al *L. dorsi* (costillar izquierdo) entre las vértebras L1-L6, llegaron al Laboratorio de Tecnología de Alimentos tras 3 días de maduración postsacrificio, donde eran envasadas al vacío y congeladas a  $-20^{\circ}\text{C}$  a la espera del análisis posterior. Los análisis físico-químicos que se realizaron fueron medida de pH a las 24h con pH de punción, color en grasa de cobertura y carne entre las vértebras 8ª y 9ª tras una hora de exposición al aire determinándose los parámetros  $L^*$ ,  $a^*$  y  $b^*$  usando un observador de  $10^{\circ}$  y el iluminante  $D_{65}$  en el espacio CIELab. El equipo usado fue MiniScan XEPlus (Hunter Lab). El contenido en grasa se determinó por extracción en éter (AOAC, 1990), la humedad usando un analizador de infrarrojos Sartorius MA100 (Lurueña *et al.*, 2004), y la capacidad de retención de agua se estimó mediante la medida del jugo exprimible (Grau y Hamm, 1953). Para el análisis de textura y sensorial se procedió a cocinar las muestras envueltas en papel de aluminio en grill de doble placa hasta alcanzar una temperatura en el centro de la pieza de  $70^{\circ}\text{C}$ . El análisis de textura se realizó en porciones de 1x1 de sección y 3 cm de longitud usando el texturómetro TX-T2iplus (Stable Micro Systems) equipado con una sonda Warner-Bratzler. El análisis sensorial fue realizado por un panel de cata entrenado de 15 miembros. La evaluación se realizó usando escalas estructuradas de nueve puntos (1- 9) de la intensidad mínima a máxima del atributo.

Los datos, tras la eliminación de out-liers y estandarización, se sometieron a un Análisis Factorial tras rotación Varimax que minimiza los errores y convierte los factores en ortogonales, cada uno de ellos explicando la máxima variabilidad. Se eligieron aquellos factores con un eigenvalue superior a la unidad y se estudió qué variables se asociaban a cada factor. La representación de los datos en el plano definido por los factores permite además detectar la existencia de grupos.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Tabla 1 muestra los valores de los coeficientes de participación de cada una de las variables estudiadas sobre los siete factores elegidos. Como se puede observar, con este tipo de análisis, cada variable se asocia preferentemente a un único factor al que contribuye con un peso muy alto, mientras que al resto de los factores contribuye con un peso bajo. Esto permite estudiar las variables que se asocian a cada factor, que a su vez se encuentran muy correlacionadas entre sí.

Al factor 1 se encuentran asociadas las variables relacionadas con el color, en especial con la claridad de la carne y grasa, tanto sensoriales como instrumentales. Al factor 2 se asocian variables de color ( $b^*_{grasa}$ ,  $a^*_{grasa}$ ,  $b^*_{carne}$ ) y de textura sensorial (jugosidad y elasticidad). Estos resultados revelan, por un lado, que la apreciación del color sensorial e instrumental se encuentran correlacionados (altos valores de rosa con valores altos de claridad de carne y grasa y bajos de rojo) y, por otro, que el color y la textura son las variables que mayor variabilidad presentaron entre las muestras estudiadas. Al factor 3 contribuyen parámetros físico-químicos como la fuerza de corte, el color y el contenido en grasa intramuscular. La relación negativa entre contenido en grasa y fuerza de corte coincide con lo encontrado por Okeudo y Moss (2005). También se encuentra una correlación positiva entre fuerza de corte y claridad, también encontrada por otros autores pero en la fuerza de corte para carne cruda (Cañeque *et al.*, 2004), autores que encuentran, como en este caso, una asociación positiva entre jugosidad y pH como ocurre en este factor. También en este factor aparece la dureza sensorial con signo negativo al igual que la fuerza máxima instrumental, indicando que ambas variables tienen la misma tendencia y que se relacionan con valores positivos de jugosidad como ya se había descrito (Safari *et al.*, 2001).

Tabla 1. Matriz de peso de las variables en cada factor y varianza explicada por cada uno.

	Factor 1	Factor 2	Factor 3	Factor 4	Factor 5	Factor 6	Factor 7
Marrón					<b>0,838</b>		
Rosa	<b>0,797<sup>a</sup></b>						
Dureza	0,437		-0,273		<b>0,546</b>	-0,400	
Jugosidad		<b>0,518</b>	0,282	0,372		0,314	
Fibrosidad			-0,261	<b>0,624</b>		-0,348	
Elasticidad	0,276	<b>0,542</b>					<b>0,525</b>
Sensación grasa	0,279					<b>0,620</b>	
Intensidad de sabor				<b>0,792</b>			
Intensidad de olor		0,279	0,265	<b>0,707</b>			
Olor a hígado					<b>-0,791</b>		
Fuerza máxima (WB)			<b>-0,721</b>				
$L^*_{carne}$	<b>0,459</b>		<b>-0,415</b>		-0,281		
$a^*_{carne}$	0,358	<b>0,655</b>			0,257		
$b^*_{carne}$			<b>0,468</b>				0,431
$L^*_{grasa}$	<b>0,780</b>						
$a^*_{grasa}$	<b>-0,667</b>	0,569					
$b^*_{grasa}$		<b>0,766</b>					
Jugo exprimible							<b>0,853</b>
Humedad						<b>0,744</b>	
Grasa			<b>0,703</b>	0,259			
pH		0,256	0,402	-0,251		<b>-0,549</b>	
% Varianza explicada	13,79%	12,45%	11,19%	9,45%	8,81%	6,85%	6,40%

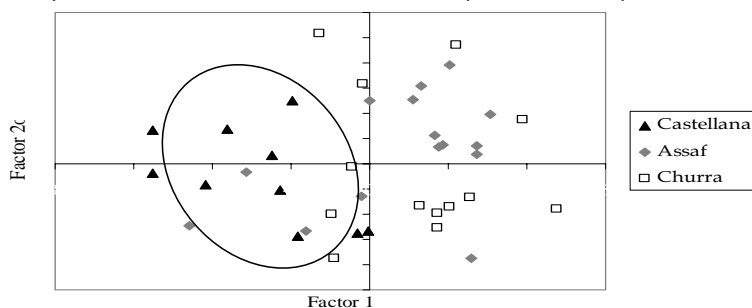
Los valores menores de 0,25 no se muestran para simplificar la tabla

El factor 4 se encuentra formado por variables sensoriales casi exclusivamente y en él aparecen la fibrosidad y las intensidades de sabor y olor, con una pequeña contribución de la grasa intramuscular. Esto parece lógico ya que estudios previos indican que la grasa contribuye al desarrollo de aromas. Por otro lado los animales con más peso o más maduros presentan carnes más fibrosas y con mayor sabor y olor lo que justifica la asociación de estas variables. En el factor 5 aparecen predominantemente el color marrón y la dureza, asociación debida a que cuanto mayor es el peso de animal, su color es más oscuro y en principio más duro. También aparece con signo negativo la intensidad de aroma a hígado. El

factor 6 parece un factor relacionado con la humedad y su percepción, ya que aparece con un elevado peso el contenido en humedad, la sensación grasa y el pH, esta variable con signo negativo resultado que contradice estudios previos que señalan una correlación positiva entre humedad y pH (Cañeque *et al.*, 2004). Por otro la humedad presenta signo opuesto a la dureza y fibrosidad, reflejando que las carnes con más humedad fueron percibidas como más jugosas, más grasas y menos duras. El último factor considerado, factor 7, está contribuido por las variables jugo exprimible y elasticidad mostrando una nueva correlación entre parámetros sensoriales e instrumentales y señalando que las carnes con mayor cantidad de agua retenida muestran mayor turgencia y por tanto mayor poder de recuperación tras apretarlas entre los dientes.

La representación de las muestras en el plano descrito por los dos primeros factores que recogen la mayor variabilidad (Figura 1) no muestra la existencia de grupos debido al peso de sacrificio pero sí permite diferenciar la raza Castellana de las otras dos razas en estudio (Churra y Assaf) caracterizándose por valores negativos del Factor 1. La raza Churra en cambio presenta una clara tendencia a mostrar valores negativos del Factor 2. La mayoría de las muestras correspondientes a la raza Assaf se encontrarían en el cuadrante superior, valor positivo de ambos factores. Estos resultados indican por lo tanto que la variabilidad entre muestras fue debida principalmente a sus características sensoriales y que las variables sensoriales estudiadas, agrupadas en Factores permitieron la diferenciación de las muestras en función de la raza pero no del peso.

Figura 1. Representación de las muestras del en el plano descrito por los factores 1 y 2.



## AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la Cooperativa ASOVINO la financiación del proyecto.

## REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- AOAC. (1990). Official methods of analysis. Association of Official Analytical Chemists: Washington, DC.
- Cañeque V., Pérez C., Velasco, S., Díaz, M.T., Lauzurica, S., Alvarez, I., Ruiz de Huidobro, F., Onega, E., De la Fuente J. (2004). *Meat Science* 67, 595-605.
- Díaz, M.T., Velasco, S., Pérez, C., Lauzurica, S., Huidobro, F., Cañeque, V. (2003). *Meat Science* 65, 1085-1093.
- Grau, R., Hamm, R. 1953. Cited by Hamm, R. (1986). Functional properties of the myofibrillar system and their measurements. En: P.J. Bechtel (Ed.), *Muscle as food* (pp. 135-199). Orlando, FL; Academic Press.
- Lurueña, M.A., Vivar-Quintana, A.M., Revilla I. (2004). *Meat Science* 68, 383-389.
- Martínez-Cerezo S., Sañudo C., Medel I., Olleta J.L. (2005a). *Meat Science* 69 571-578.
- Martínez-Cerezo S., Sañudo C., Panea B., Medel I., Delfa R., Sierra I., Beltrán J.A., Cepero R., Olleta J.L. (2005b). *Meat Science* 69, 325-333.
- Okeudo N.J., Moss B.W. (2005). *Meat Science* 69, 1-8.
- Revilla I., Rodríguez-López G., Vivar-Quintana A.M. (2005). *ITEA* 26(II), 676-678.
- Safari E., Fogarty N.M., Ferrier G.R., Hopkins L.D., Gilmour A. (2001). *Meat Science* 57, 153-159.
- Teixeira A., Batista S., Delfa R., Cadavez V. (2005). *Meat Science* 71, 530-536.



## EFFECTO DE LOS DOBLES TRANSPORTES SOBRE LA CALIDAD INSTRUMENTAL DE LA CARNE DE CORDEROS EN ÉPOCA CÁLIDA<sup>1</sup>

Rivero L., María G.A., Miranda de la Lama G., Sañudo C., Olleta J.L., Campo M.M., Muela E., Lara P.

Facultad de Veterinaria. Universidad de Zaragoza. levrino@unizar.es

### INTRODUCCIÓN

El transporte desde la granja hasta el matadero constituye un punto crítico de gran importancia en el sistema de producción de carne ovina. Este punto es además muy visible al consumidor y puede poner en riesgo no solo el bienestar de los animales, sino también la imagen de la industria productora de carne. Es posible que, al igual que ya ocurre en otros países de la UE, el bienestar de los animales, debidamente valorado y controlado, pueda formar parte del precio final del producto que se pone en el mercado (María, 2006). Han sido tradicionalmente los ganaderos los que enviaban directamente sus corderos al matadero. Actualmente el sistema de producción de carne ovina incluye un punto intermedio de acopio y clasificación de corderos en una estructura cooperativa o centro de clasificación.

Los centros de clasificación y cebo comercializan actualmente una parte mayoritaria de la producción de carne ovina en Aragón (Escós *et al.*, 2006). Con ello se consigue uniformar el producto de acuerdo a la demanda de los consumidores. Esta nueva situación ha producido algunos problemas nuevos que pueden poner en riesgo la calidad del producto. Uno de ellos son los dobles transportes con dos cargas y dos descargas consecutivas, con tiempos variables de estancia en el centro. A ello se le suma la consecuente mezcla de animales de distintas procedencias. Dependiendo del peso de arribo al centro de clasificación los corderos pueden sufrir dobles transportes en período de tiempo relativamente cortos, a veces de menos de 1 día. El objetivo de este estudio es analizar el efecto de estos dobles transportes sobre la calidad instrumental de la carne de los corderos comercializados por este sistema de producción.

### MATERIAL Y METODOS

El estudio se realizó en el mes de Julio del año 2006 sobre un total de 72 corderos tipo ternasco de  $11,7 \pm 1,03$  kg de peso canal y aproximadamente 100 días de edad. Las canales tuvieron un 60% de músculo, 12% de grasa y 21% de hueso. Los corderos fueron todos machos y de raza Rasa Aragonesa. Los animales fueron transportados durante 3 horas desde la granja de cría hasta el centro de clasificación y durante 1 hora desde el centro hasta el matadero, con tiempos de estancia variables. Se efectuaron dos repeticiones con 12 animales por tratamiento. Se hicieron tres tratamientos L0, L7 y L28 con 0, 7 y 28 días de estancia en el centro, respectivamente.

El sacrificio se efectuó en un matadero homologado por la UE (Mercazaragoza) con un tiempo de espera habitual fue de aproximadamente 8 horas. Se estimaron las variables respuesta asociadas a la textura, el color y el pH final de la carne. Sobre el músculo *L. dorsi* se analizaron el pH a las 24 horas *post mortem*, la capacidad de retención de agua, la textura por célula de compresión en crudo y por cizalla de Warner Bratzler (WB) en cocinado. El color se midió tras 24 horas de blooming determinando los parámetros L\* (luminosidad), a\* (rojo) y b\* (amarillo) del sistema L\*a\*b\* utilizando un colorímetro portátil CR-200b de Minolta®. La composición tisular se estimó por disección de la espalda. El tiempo de maduración fue de tres días. La temperatura media durante el viaje se registró de forma continua mediante equipos Testo® cada 5 minutos. La temperatura media durante el viaje fue de  $32 \pm 1$  °C y durante la espera de  $28 \pm 1$  °C. Se estimaron los estadísticos

<sup>1</sup> Estudio financiado por el Ministerio de Educación y Ciencia (Proyecto AGL2005-00208) y por la Universidad de Zaragoza con la colaboración de la Empresa Carnes Oviaragón S.C.L.

descriptivos y se analizó el efecto de los tratamientos mediante la técnica de mínimos cuadrados. Se aplicó un modelo de efectos fijos incluyendo el factor de variación tipo de transporte (TT) con tres clases: L0, L7 y L28. Los análisis se efectuaron utilizando el paquete estadístico SAS (SAS, 1988).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se presentan las medias de mínimos cuadrados para las variables respuesta de calidad instrumental de la carne analizada. En general, los dobles transportes afectaron algunos parámetros de calidad instrumental de la carne, en términos de color y textura. El pH a las 24 horas *post mortem* no se vio afectado en ningún caso al igual que la capacidad de retención de agua, lo que hace suponer que la calidad comercial de la carne no se vio afectada.

Tabla 1. Medias de mínimos cuadrado para los parámetros de calidad instrumental de la carne analizados en función de los tratamientos diseñados.

VARIABLES	LOTE 0 días (L0)	LOTE 7 días (L7)	LOTE 28 días (L28)
Ph 24 h.	5,51 (± 0,01) a	5,52 (± 0,01) a	5,51 (± 0,01) a
Bruising	0,12 (± 0,004) a	0,04 (± 0,001) b	0,02 (± 0,001) b
CRA	19,44 (± 0,60) a	19,91 (± 0,61) a	19,74 (± 0,62) a
COLOR			
L	51,23 (± 1,43) a	51,46 (± 1,48) a	51,38 (± 1,47) a
a*	39,56 (± 0,36) a	39,00 (± 0,30) b	40,39 (± 0,37) a
b*	50,82 (± 6,35) a	58,25 (± 6,42) a	57,20 (± 6,54) a
Chroma	67,65 (± 2,70) a	72,84 (± 2,75) b	73,05 (± 2,84) b
Hue	45,59 (± 2,02) a	50,79 (± 2,06) b	49,50 (± 2,13) b
TEXTURA CIZALLA WARNER BRATZLER			
MC Kg/cm <sup>2</sup>	5,11 (± 0,31) a	5,32 (± 0,30) a	6,17 (± 0,40) b
TOU kg/cm <sup>2</sup>	2,24 (± 0,16) a	2,06 (± 0,16) a	2,38 (± 0,17) a
MS kg/cm <sup>2</sup>	4,89 (± 0,31) a	5,01 (± 0,30) ab	5,91 (± 0,32) b
TEXTURA POR CELULA DE COMPRESIÓN			
C20 N/cm <sup>2</sup>	7,20 (± 0,70) ab	8,94 (± 0,71) b	6,96 (± 0,70) a
C80 N/cm <sup>2</sup>	49,55 (± 2,60) a	57,18 (± 2,61) b	48,27 (± 2,60) a
C100 N/cm <sup>2</sup>	64,56 (± 3,50) a	71,00 (± 3,62) b	63,18 (± 3,60) a

CRA: Capacidad de retención de agua; Bruising: nota de hematomas observados. MC: carga máxima; MS: máximo stress; TOU: dureza; C20: compresión al 20%; C80: compresión al 80%; C100: compresión al 100%. Diferentes letras dentro de cada fila representan diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ )

No obstante, el nivel de hematomas en la canal fue significativamente mas alto en el lote de doble transporte inmediato (L0). Es posible que la llegada al cebadero con la consecuente mezcla de animales sea causa de una mayor actividad agonística en estos lotes. Se observaron diferencias significativas en textura tanto en carne cruda por compresión como en carne cocinada valorada por cizalla de Warner Bratzler. En general la carne de los corderos del lote L28 requiere mayores cargas de compresión que los del L0 y L7, afectando tanto a la resistencia miofibrilar como la del tejido conectivo. Sin embargo, no se observaron diferencias en dureza para carne cocinada, aunque sí para las mediciones parciales de textura por WB de máximo estrés y carga. Para los valores de máximo stress de WB los más elevados fueron para el lote L7. Los datos del estudio indican que los dobles transportes efectuados en época cálida afectaron ligeramente algunos criterios de calidad

instrumental pero sin llegar a afectar parámetros de importancia comercial como el pH final. Sin embargo, es importante resaltar que las condiciones de transporte y manejo en el centro de clasificación fueron óptimas. Es posible que en condiciones sub-óptimas los efectos puedan ser mayores.

A modo de implicaciones del presente estudio, podemos decir que la mayor complejidad del sistema de producción de carne de corderos incorporando nuevos elementos técnicos y logísticos, introducen nuevos factores de variación que sólo se podrán controlar si las condiciones de manejo e instalaciones son óptimas, como ha sido el caso del presente estudio.

### **REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

Escós J., María G.A., López J., Alierta S., García Berenguer S., Liste G. (2006). Critical points in the transport of lambs to slaughter in Spain that may compromise the animals' welfare. 52<sup>nd</sup> International Congress of Meat Science and Technology. Dublin. pp. 529-530.

María G.A. (2006). Public perception of farm animal welfare in Spain. *Livestock Science* 103:250-256.

SAS (1988). *User's Guide: Statistics*. Release 6.03. Cary, NC, EEUU

## **EFFECTO DE LOS DOBLES TRANSPORTES SOBRE LA CALIDAD SENSORIAL DE LA CARNE DE CORDEROS EN ÉPOCA CÁLIDA<sup>1</sup>**

Rivero L., \*María G.A., Miranda de la Lama G., Sañudo C., Olleta J.L., Campo M.M., Muela E.  
Facultad de Veterinaria. Universidad de Zaragoza. \*levrino@unizar.es

### **INTRODUCCIÓN**

La conducción de los corderos desde la granja al matadero constituye un punto crítico importante en el sistema de producción de carne ovina. Este punto es además muy visible al consumidor y puede poner en riesgo no sólo el bienestar de los animales, sino también la imagen de la industria productora de carne. Tradicionalmente eran los ganaderos los que enviaban directamente sus corderos al matadero. Actualmente el sistema de producción de carne ovina incorpora un punto intermedio de clasificación de corderos en una estructura cooperativa o centro de clasificación. Los centros de clasificación y cebo comercializan actualmente la mayor parte de la producción de carne ovina en Aragón. Con ello se consigue uniformar el producto de acuerdo a la demanda de los consumidores, maximizando los ingresos de los ganaderos. Esta nueva situación ha producido algunos problemas nuevos que pueden afectar la calidad sensorial de la carne. Se trata de los dobles transportes. Dependiendo del peso de arribo al centro de clasificación, los corderos pueden sufrir dobles transportes en período de tiempo relativamente cortos. El objetivo de este estudio es analizar el efecto de estos dobles transportes sobre la calidad sensorial de la carne de los corderos comercializados por este sistema de producción.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

El estudio se realizó en el mes de Julio del año 2006 sobre un total de 72 corderos tipo ternasco de  $11,7 \pm 1,03$  kg de peso canal y aproximadamente 100 días de edad. Las canales tuvieron un 60% de músculo, 12% de grasa y 21% de hueso. Los corderos fueron todos machos y de raza Rasa Aragonesa. Los animales fueron transportados durante 3 horas desde la granja de cría hasta el centro de clasificación y durante 1 hora desde el centro hasta el matadero, con tiempos de estancia variables. Se efectuaron dos repeticiones con 12 animales por tratamiento. Se hicieron tres tratamientos L0, L7 y L28 con 0, 7 y 28 días de estancia en el centro, respectivamente. El sacrificio se efectuó en un matadero homologado por la UE (Mercazaragoza) con un tiempo de espera habitual de aproximadamente 8 horas.

Las variables respuesta analizadas asociadas a la calidad sensorial fueron evaluadas mediante un panel entrenado de catadores siguiendo el procedimiento descrito por Campo *et al.* (1999). Se utilizó una sala de catas con cabinas individuales. Se realizaron cinco sesiones en las que 9 panelistas entrenados analizaron platos de 3 muestras cada uno por cata. Las muestras fueron descongeladas el día de cada sesión. Se cocinaron en plancha a 200 °C envueltas en papel de aluminio hasta una temperatura interna de 70 °C. Cada catador analizaba una porción de *L. dorsi* de todas las muestras. Cada panelista valoró en una escala lineal no estructurada de 10 cm, los siguientes descriptores: terneza, jugosidad, intensidad de olor a cordero y la apreciación global de la carne. El tiempo de maduración fue de tres días. La temperatura media durante el viaje y espera en matadero se registró de forma continua mediante equipos Testo® a intervalos de 5 minutos. La temperatura media durante el viaje fue de  $32 \pm 1$  °C y durante la espera de  $28 \pm 1$  °C. Se estimaron los estadísticos descriptivos y se analizó el efecto de los tratamientos mediante la técnica de mínimos cuadrados. Se aplicó un modelo de efectos fijos incluyendo el factor de variación tipo de transporte (TT) con tres clases: L0, L7 y L28. Los análisis se efectuaron utilizando el paquete estadístico SAS (SAS, 1988).

---

<sup>1</sup> Estudio financiado por el Ministerio de Educación y Ciencia (Proyecto AGL2005-00208) y por la Universidad de Zaragoza con la colaboración de la Empresa Carnes Oviaragón S.C.L.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se presentan las medias de mínimos cuadrados para las variables respuesta de calidad sensorial de la carne analizada. Los dobles transportes afectaron significativamente ( $p \leq 0.05$ ) la calidad sensorial de la carne en términos de terneza, olor y flavor. Salvo el flavor metálico, en el que los panelistas dieron como lote con menos flavor a L0 seguido del L28 y luego el L7. En los demás, dieron al lote L28 como el de menos intensidad, seguido por L7 y por L0. En el caso de la terneza ocurrió lo contrario. El lote más tierno fue el L0 seguido por el L7 y por último el L28. Esto está en concordancia con algunos autores que sugieren que un cierto estrés de los animales puede mejorar algunos parámetros de calidad de la carne.

Tabla 1. Medias de mínimos cuadrados ( $\pm$ SE) para las variables respuesta de calidad sensorial en función de los diferentes tipos de dobles transportes.

Variable	Lote 0	Lote 7	Lote 28
Olor cordero	48,50 ( $\pm 1,28$ ) a	47,74 ( $\pm 1,33$ ) ab	45,02 ( $\pm 1,30$ ) b
Terneza	54,82 ( $\pm 1,77$ ) a	53,14 ( $\pm 1,84$ ) ab	50,12 ( $\pm 1,85$ ) b
Jugosidad	50,90 ( $\pm 1,36$ ) a	50,80 ( $\pm 1,41$ ) a	48,78 ( $\pm 1,42$ ) a
Flavor cordero	60,50 ( $\pm 0,98$ ) a	59,28 ( $\pm 1,02$ ) a	58,48 ( $\pm 1,02$ ) a
Flavor grasa	52,45 ( $\pm 1,12$ ) a	51,44 ( $\pm 1,16$ ) a	47,30 ( $\pm 1,14$ ) b
Flavor hígado	29,86 ( $\pm 1,06$ ) a	28,35 ( $\pm 1,11$ ) ab	27,09 ( $\pm 1,10$ ) b
Flavor metálico	36,76 ( $\pm 1,54$ ) a	41,26 ( $\pm 1,60$ ) b	38,53 ( $\pm 1,61$ ) ab
Apreciación global	40,83 ( $\pm 1,47$ ) a	40,47 ( $\pm 1,52$ ) a	41,29 ( $\pm 1,53$ ) a

Diferentes letras dentro de cada fila representan diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ )

El pH último no se vio afectado por los tratamientos. Existen evidencias de una relación importante entre pH de la carne y algunos parámetros de calidad sensorial (Purchas y Aungsupakon, 1993); aún dentro de rangos de pH comercialmente aptos, como ha sido el caso de nuestro estudio. Se establecieron dos clases de pH ( $\leq 5,54$  o  $> 5,54$ ) y se realizó un análisis de varianza de las variables sensoriales, en función de este factor de variación. Se observaron diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ) en términos de terneza, olor y flavor.

Se analizó por medio de una regresión múltiple tipo *stepwise* la relación entre la apreciación global y las distintas variables sensoriales parciales estimadas por los catadores (Tabla 2).

En conjunto, la apreciación global de los catadores se relacionó significativamente con la mayoría de las variables parciales valoradas. No obstante, el modelo en su conjunto explicó un 46% de su variación. Asimismo, la relación entre apreciación global y variables parciales de calidad sensorial fue diferente en los distintos lotes, resaltando el Lote L28 con un 72% de la variabilidad explicada por el modelo. Destaca además que en el Lote L0 sólo tres variables explicaron la apreciación global, siendo la jugosidad la más importante, en contraste con L7 y L28 donde la terneza fue la variable más relacionada. Los datos del estudio indican que los dobles transportes efectuados en época cálida afectan ligeramente algunos criterios de calidad sensorial, pero sin llegar a afectar parámetros de importancia comercial como el pH final. Es importante resaltar que las condiciones de transporte y manejo en el centro de clasificación fueron óptimas. Es posible que en condiciones sub-óptimas los efectos puedan ser mayores.

Tabla 2. Análisis de regresión múltiple *step-wise* para la apreciación global en función de los demás criterios de calidad sensorial.

Step	Conjunto			Lote L0			Lote L7			Lote L28		
	Var	R <sup>2</sup>	p	Var	R <sup>2</sup>	P	Var	R <sup>2</sup>	p	Var	R <sup>2</sup>	p
1°	JU	31	0,0001	JU	34	0,003	TE	28	0,009	TE	47	0,003
2°	FM	36	0,02	FH	45	0,06	FM	37	0,09	JU	56	0,06
3°	FG	39	0,05	FM	46	0,09	FG	49	0,05	OC	65	0,03
4°	TE	44	0,03				OC	54	0,08	FH	68	0,09
5°	OC	45	0,08				FC	57	0,09	FG	72	0,09
6°	FH	46	0,09									

JU:jugosidad; TE: ternesa; OC: olor a cordero; FH: flavor a hígado; FM: flavor metálico; FG: flavor a grasa.  
R<sup>2</sup>: R<sup>2</sup>x100.

A modo de implicaciones del presente estudio, podemos decir que la mayor complejidad del sistema de producción de carne de corderos incorporando nuevos elementos técnicos y logísticos, introducen nuevos factores de variación que solo se podrán controlar si las condiciones de manejo e instalaciones son óptimas, como ha sido el caso del presente estudio.

#### REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Campo M.M., Sañudo C., Panea B., Alberti P., Santolaria P. (1999). Breed type and ageing time effects on sensory characteristics of beef loin steaks. *Meat Science* 51, 383-390.
- Purchas R. W., Aungsupakon, R. (1993). Further investigations into relationships between ultimate pH and tenderness for beef samples from bulls and steers. *Meat Science* 34, 163-178.
- SAS (1988). *User's Guide: Statistics*. Release 6.03. Cary, NC, EEUU.

## INFLUENCIA DE LA RAZA SOBRE LA ACEPTABILIDAD EN EL HOGAR DE LA CARNE DE CABRITO Y COMPARACIÓN CON LA ESPECIE OVINA

Sañudo, C.<sup>1\*</sup>, Campo, M.M.<sup>1</sup>, Cilla, I.<sup>1</sup>, Muela, E.<sup>1</sup>, Olleta, J.L.<sup>1</sup>, Lara, P.<sup>1</sup>, Beltrán, J.A.<sup>1</sup>, Sierra, I.<sup>1</sup>, Cepero, R.<sup>1</sup>, Delfa, R.<sup>2,4</sup>, Horcada, A.<sup>3</sup>, Alcalde, M.J.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Dpto. Producción Animal y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria. Miguel Servet, 177. 50.013 Zaragoza. \*csanudo@unizar.es

<sup>2</sup> CITA. Gobierno de Aragón. Avda. Montañana, 930. 50059 Zaragoza.

<sup>3</sup> Producción Animal. ETIA. Universidad de Sevilla.

<sup>4</sup> *In memoriam*.

### INTRODUCCIÓN

Las razas autóctonas caprinas españolas de aptitud cárnica, aunque cuentan con un censo relativamente escaso (22.000 cabezas en pureza), cumplen una importante misión como agentes valorizadores de zonas y recursos marginales y suponen una importante reserva de nuestro patrimonio genético. Desgraciadamente, en muchos casos, ni el potencial productivo ni la calidad de sus productos están medianamente estudiados. De todas las especies de rumiantes que existen en España, la única que no posee ninguna marca de calidad es la especie caprina. La consecución de alguna distinción de este tipo podría ayudar a mejorar las rentas de los productores, a la propia subsistencia de las distintas agrupaciones y a la revalorización de la carne de esta especie.

Por otra parte, existe la creencia de que los resultados de investigación que se pueden obtener con otras especies (bovino y ovino fundamentalmente) pueden ser fácilmente aplicables a las cabras, lo cual es definitivamente incierto debido a las múltiples especificidades de la especie caprina, incluyendo su carne (Sierra y Sañudo, 1987; Morand-Fehr y Lebbie, 2004). Por todo ello, se plantea el siguiente objetivo: Estudio de la apreciación global, por parte del consumidor en condiciones reales de cocinado en el hogar, de la calidad de la carne del cabrito de diversas razas caprinas en comparación con ovinos lechales, que podrían ser considerados como un producto de calidad de referencia.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron en este estudio un total de 120 piernas correspondientes a 60 animales de 5 razas caprinas ( $n= 10$ ): Moncaína, Pirenaica, Murciano-Granadina, Negra Serrana y Blanca Celtibérica y de la raza ovina Churra ( $n= 10$ ) de Castilla – León (IGP). Los animales, todos machos lechales, fueron sacrificados localmente a pesos comerciales, y sus canales trasladadas refrigeradas a Zaragoza donde, a las 48 horas tras el sacrificio, fueron muestreadas. Las piernas (derecha e izquierda) fueron envasadas al vacío y congeladas. Posteriormente, fueron codificadas y distribuidas entre 20 familias voluntarias de la ciudad que semanalmente, excepcionalmente hubo intervalos de 2 semanas, recibieron en orden variable según familia, una pierna correspondiente a cada una de las 6 razas incluidas en la prueba. En ningún momento a los consumidores se les comunicó que había carne ovina, se les dijo que las piezas las preparasen asadas y con el mínimo condimento posible, siempre igual dentro de cada grupo familiar, tras haber sido descongeladas de forma lenta en frigorífico durante 24 horas aproximadamente.

En cada familia, al cocinero, de forma independiente, se le pidió que valorase los siguientes atributos: color antes del cocinado, cantidad de grasa, olor durante el cocinado y aspecto después del cocinado (Tabla 1). A los comensales, mínimo tres por familia, se les pidió que rellenaran una hoja de evaluación con, las siguientes variables cualitativas: apreciación global, calidad del sabor, impresión de ternura y sensación de jugosidad por parte de los comensales (Tabla 2). La valoración en ambos casos se realizó sobre una escala de 10 puntos, donde 1 era la nota más baja y 10 la de la máxima aceptabilidad. Igualmente, sobre una escala de 7 puntos, de 1 (notablemente peor) a 7 (notablemente mejor), se les pidió una valoración subjetiva sobre la calidad del producto en relación con otros asados probados anteriormente, excluidos los de la prueba (Tabla 3).

Los resultados se analizaron por medio del paquete estadístico SPSS (13.0) considerando un único efecto: raza. La significación de las diferencias entre medias fue calculada por medio del test de Duncan. La familia, considerando la existencia de un efecto “halo” familiar, fue considerada como la unidad experimental, trabajándose con la nota media de todos sus miembros (Dransfield *et al.*, 2000).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Ni el color antes del cocinado, ni el olor durante el cocinado, ni el aspecto después del cocinado fueron diferentes entre las diferentes razas caprinas, ni entre éstas con los lechales representantes de la especie ovina (Tabla 1). La alimentación láctea y la temprana edad de los animales, parecen haber influido más que las posibles diferencias raciales o específicas sobre estos resultados. Únicamente en la apreciación del estado de engrasamiento se encontraron diferencias significativas, siendo penalizadas las canales de los lechales ovinos, posiblemente por el característico mayor estado de engrasamiento subcutáneo de esta especie (Castel *et al.*, 1996). La raza caprina valorada con un mayor engrasamiento fue la Murciano-Granadina, quizás representativo de la lactancia artificial con la que se criaron sus cabritos frente a la lactancia natural del resto de razas, aunque no hubo diferencias significativas entre las razas caprinas.

Sensorialmente, una vez que las diferentes muestras fueron probadas, se encontraron diferencias significativas entre las diferentes razas en la terneza, siendo más apreciada la terneza de la carne de los lechales de la raza Murciano-Granadina, que fueron sacrificados a un peso inferior que en las otras razas (4.38 kg de peso canal fría), y la menos apreciada, la carne de la raza Negra Serrana, que con 5.83 kg de peso canal fue la segunda más pesada, tras las canales de Blanca Celtibérica (6.56 kg de peso canal), que resultó, igualmente, la siguiente raza con una terneza peor valorada. Resultados similares se podrían citar en relación con la jugosidad. La mejor apreciación global fue para los lechales churros, aunque las diferencias estuvieron en el límite de la significación, seguidas de los lechales de las razas Moncaína y Murciano-Granadina. Estas diferencias se pueden justificar, en mayor o menor medida, no sólo por posibles diferencias en peso, sino también en edad cronológica y fisiológica entre las razas, aunque diferencias de índole genética, igualmente no deberían ser descartadas.

En línea con estos resultados, la valoración relativa de la carne del experimento, considerada en general como muy positiva ya que en todas las razas los valores encontrados están por encima de la media, fue más favorable para la raza Murciano-Granadina, y menos para los animales de la raza Negra Serrana.

En conclusión se podría decir que los consumidores han reconocido diferencias en la calidad de la carne según la raza-sistema de producción de los lechales caprinos, pero que en ningún caso las diferencias son negativas con relación a la carne ovina de animales de calidad reconocida, lo cual puede hacer pensar en un futuro esperanzador para esta especie.

## AGRADECIMIENTOS

A la CICYT por su financiación (AGL2005-05777-C02-01/GAN) y a las Asociaciones de Ganaderos, FEAGAS y Cárnicas Hermanos Cano y COLEAR, por su apoyo técnico.

## REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

Castel, J.M., Caravaca, F., Delgado, M. (1996). Sistemas de producción de carne de caprino. En: Zootecnia. Bases de Producción Animal. Producción caprina. Ed: C. Buxadé. MP. Madrid. 219-236.



- Dransfield, E., Martin, J.F., Fisher, A., Nute, G.R., Zygiannidis, D., Stamataris, C., Thorkelsson, G., Valdimarsdóttir, T., Piasentier, E., Mills, C., Sañudo, C., Alfonso, M. (2000). Home placement testing of lamb conducted in six countries. *Journal of Sensory Studies* 15, 421-436.
- Morand-Fehr, P., Lebbie, S.H.B. (2004). Proposals for improving the research efficiency in goats. *Small Ruminant Research* 51, 145-153.
- Sierra, I., Sañudo, C. (1987). Qualité de la carcasse et de la viande des agneaux et chevreaux de lait dans les pays mediterraneens. 38<sup>th</sup> FEZ Congress, Portugal, 993.

Tabla 1. Efecto racial sobre parámetros sensoriales del cocinero ( $n=20$ ).

Raza	Mo	Pi	Ch	MG	NS	BC	SED	Valor P
Color	7,83	7,75	7,74	7,76	7,73	7,68	0,087	1,000
Grasa	7,18ab	7,78b	6,67a	7,84b	7,48ab	7,70b	0,091	0,041
Olor	7,98	7,95	7,86	8,26	7,78	7,70	0,093	0,835
Aspecto	8,25	8,20	8,21	8,45	8,18	8,40	0,066	0,923

a-b: diferentes letras en la misma fila indican diferencias significativas: (\*) NS, no significativo ( $p>0,05$ ); \*( $p\leq 0,05$ )

SED: diferencia error estándar

Mo=Moncaína; Pi=Pirenaica; Ch=Churra; MG=Murciano Granadina; NS=Negra Serrana; BC=Blanca Celtibérica

Tabla 2. Efecto racial sobre parámetros sensoriales en familias ( $n=20$ ) sobre una valoración de 0 a 10 puntos.

Raza	Mo	Pi	Ch	MG	NS	BC	SED	Valor P
Apreciación	7,69	7,30	7,73	7,68	7,24	7,38	0,089	0,050
Sabor	7,61	7,54	7,73	7,84	7,32	7,66	0,092	0,229
Terneza	7,55ab	7,16ab	7,69ab	7,70b	6,94a	7,14ab	0,106	0,005
Jugosidad	7,58ab	7,22ab	7,54ab	7,81b	7,00a	7,24ab	0,107	0,019

a-b: diferentes letras en la misma fila indican diferencias significativas: \*( $p\leq 0,05$ ); \*\*( $p\leq 0,01$ ); SED: diferencia error estándar.

Mo=Moncaína; Pi=Pirenaica; Ch=Churra; MG=Murciano Granadina; NS=Negra Serrana; BC=Blanca Celtibérica.

Tabla 3. Efecto racial sobre la evaluación de la calidad relativa (relación con otros asados probados anteriormente, excluidos los de esta prueba, de 1 (notablemente peor) a 7 (notablemente mejor)).

Raza	Mo	Pi	Ch	MG	NS	BC	SED	Valor P
Relación <sup>1</sup>	4,85ab	4,61ab	4,83ab	5,01b	4,40a	4,75ab	0,084	0,044

a-b: diferentes letras en la misma fila indican diferencias significativas: \*( $p\leq 0,05$ ); \*\*( $p\leq 0,01$ ); SED: diferencia error estándar.

Mo=Moncaína; Pi=Pirenaica; Ch=Churra; MG=Murciano Granadina; NS=Negra Serrana; BC=Blanca Celtibérica.

## EFFECTO DE LA INCLUSIÓN DE PULPA DE REMOLACHA (SIN O CON VINAZA) EN EL PIENSO DE CORDEROS EN LA FASE DE CEBO SOBRE LAS CARACTERÍSTICAS DE LA CANAL Y DE LA CARNE

\*Fernández, B., López-Campos, O., Bodas, R., Prieto, N., Mantecón, A. R., Giráldez, F. J.  
Estación Agrícola Experimental de León. CSIC. Finca Marzanas, 24346 Grulleros, León  
[begonafd@gmail.com](mailto:begonafd@gmail.com)

### INTRODUCCIÓN

Los sistemas de cebo tradicionales se basan en la administración a voluntad de paja de cereal y de pienso compuesto, constituido en su mayor parte por cereales y, por tanto, de almidón. En general, el almidón se fermenta muy rápido en el rumen y, si se consume en grandes cantidades, puede causar acidosis en los animales (Owens *et al.*, 1998). En este sentido, la sustitución en las raciones de parte de los cereales por alimentos con un elevado contenido en fibra soluble, como la pulpa de remolacha, puede contribuir a paliar el problema de acidosis e influir positivamente en el bienestar del animal. La fibra soluble, aunque se fermenta también muy rápido en el rumen, produce menos ácido láctico (Van Soest *et al.*, 1991). Además, la pulpa de remolacha puede tener un efecto beneficioso para los microorganismos ruminales, debido a su alta capacidad de intercambio catiónico y la unión a iones metálicos (McBurney *et al.*, 1983), que ayuda a amortiguar los cambios de pH. No obstante, a la hora de incorporar pulpa de remolacha en la ración de los rumiantes nos encontramos con que la pulpa, que se comercializa en nuestro país, presenta una composición química variable, debido a las características del producto en sí y, además, a la inclusión de vinaza de remolacha en proporciones variables. El objetivo del presente trabajo fue estudiar el efecto de la inclusión de pulpa de remolacha sin y con vinaza en el rendimiento productivo de los corderos, así como en las características de la carne finalmente obtenida.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 27 corderos merinos, recién destetados, con una edad inicial comprendida entre las 8 y 9 semanas y un peso medio de 15,3 kg (eem=0,10), distribuidos en 3 grupos experimentales de 9 animales cada uno, que fueron alimentados con paja de cebada (MS: 92 g·100 g<sup>-1</sup>; Cenizas: 5 g·100 g<sup>-1</sup>; FND: 80,2 g·100 g<sup>-1</sup>; PB: 2,3 g·100 g<sup>-1</sup>) y pienso compuesto a voluntad. Los animales del grupo control recibieron un pienso estándar, en el cual la energía era aportada, fundamentalmente, por cebada y maíz. En los otros dos grupos, parte de la cebada se sustituyó por pulpa de remolacha o por pulpa de remolacha con un 13% de vinaza. La proporción de materias primas que integran los piensos compuestos utilizados en el experimento, así como su composición química, se recoge en la Tabla 1.

Tabla 1. Proporción de materias primas y composición química (g·kg<sup>-1</sup>) de los piensos empleados.

Materias Primas (α-kg-1)	Control	Pulpa 0	Pulpa 13
Cebada	500	380	370
Maíz	230	230	230
Torta de soja 44	190	190	185
Pulpa de remolacha	0	120	0
Pulpa de remolacha con un 13% vinaza	0	0	140
<sup>1</sup> Corrector	30	30	25
Melaza de caña	50	50	50
Composición Química (g·kg <sup>-1</sup> )			
Materia seca	867	876	867
Proteína bruta	152	155	155
Fibra neutro detergente	113	130	140
Fibra soluble	74	96	95
Cenizas	80	62	68

<sup>1</sup> RUMINIXcorderos (Inatega, S.L.).

Los corderos se sacrificaron al alcanzar los 25 kg de peso vivo. Tras 24 h de oreo, se registró el peso de la canal fría (PCF) y se calcularon las pérdidas por oreo (PO) y el rendimiento comercial (RC). Asimismo, se determinaron el estado de engrasamiento (Reglamento CEE n ° 1278/94), la consistencia de la grasa subcutánea (Colomer-Rocher *et al.*, 1988), el índice de compacidad de la canal (ICC: PCF/Longitud interna de la pierna) y la acumulación de grasa en los depósitos de la zona pélvico-renal. El músculo *longissimus thoracis* se utilizó para determinar la capacidad de retención de agua, el pH, el color y la textura. Para determinar la composición química de la carne se utilizó el músculo *longissimus lumborum*. Los resultados obtenidos fueron sometidos a análisis de varianza de una vía, utilizando el procedimiento GLM del paquete estadístico SAS (SAS, 1999).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los valores medios de los parámetros relativos a la canal se presentan en la Tabla 2. Como puede apreciarse no se observaron diferencias estadísticamente significativas ( $P>0,05$ ) en PCF, PO ó RC de las canales, atribuibles a los tratamientos experimentales. La inclusión de pulpa, en cambio, sí influyó negativamente en la ganancia diaria de peso ( $302 \text{ g}\cdot\text{animal}^{-1}\cdot\text{día}^{-1}$  para el grupo control y  $253 \text{ g}\cdot\text{animal}^{-1}\cdot\text{día}^{-1}$  para los corderos que recibieron pienso con pulpa de remolacha).

Tabla 2. Características de la canal para los diferentes grupos experimentales.

	Control	Pulpa 0	Pulpa 13	RSD (n=9)	Nivel de significación
Peso Canal Fría (kg)	11,7	11,7	12,0	0,451	ns
Pérdidas por Oreo (%)	2,50	2,45	2,57	0,148	ns
Rendimiento Comercial (%)	46,8	47,2	47,0	1,29	ns
Estado de engrasamiento (puntos 1-4)	3,38	3,29	3,17	0,456	ns
Consistencia de la Grasa (puntos 1-3)	1,63	1,48	1,54	0,319	ns
Grasa Pélvico-renal (%)	3,3	3,0	3,1	0,82	ns
Índice de Compacidad de la Canal ( $\text{g}\cdot\text{cm}^{-1}$ )	398	406	418	33,4	ns

RSD: desviación estándar residual. ns: no significativo ( $P>0,05$ ).

Se ha sugerido que la utilización de pulpa de remolacha, en sustitución del cereal de la ración, podría dar lugar a canales con menor grado de engrasamiento (Richardson *et al.*, 2003) e incluso canales con una grasa más dura. Este efecto se ha asociado con que la sustitución de cereal por pulpa de remolacha diluiría la concentración energética de la ración y, por otra parte, aumentaría la relación acético/propiónico en el líquido ruminal. Este último efecto se podría traducir en una reducción de los ácidos grasos de cadena ramificada y, por tanto, en un incremento de la dureza de la grasa (Berthelot *et al.*, 2001). En el presente estudio, sin embargo, el estado de engrasamiento de la canal, la acumulación de grasa en la zona pélvico-renal y la consistencia de la grasa subcutánea tampoco variaron significativamente ( $P>0,05$ ) entre grupos. No obstante, la inclusión de pulpa modificó el perfil de ácidos grasos de la carne (datos no publicados, Fernández, 2006). Este efecto fue independiente del tipo de pulpa utilizado y está en concordancia con lo señalado por otros autores (Sañudo *et al.*, 2000; Castro *et al.*, 2005).

La adición de vinaza a la pulpa podría acentuar los efectos derivados de la inclusión de pulpa en la ración de animales de cebo señalados por otros autores y anteriormente mencionados. Este efecto añadido sería debido, por una parte, a que la vinaza tiene un alto contenido de minerales y por tanto reduciría el contenido energético de la pulpa. Por otra, porque la vinaza también presenta un alto contenido de betaína y en diferentes estudios se ha demostrado la capacidad de la betaína para intervenir en el metabolismo de las grasas en el hígado, reduciendo su deposición (Banskalieva *et al.*, 2005). En nuestro estudio, no se encontraron diferencias entre ambos tipos de pulpa, probablemente debido a que el contenido de vinaza no fue muy elevado. Por otra parte, también se debe tener en cuenta que la betaína se degrada rápidamente en el rumen, por lo que no cabría esperar que se absorba una cantidad significativa (Mitchell *et al.*, 1979).

Ni los parámetros colorimétricos ni la composición química o las pérdidas por presión de la carne se vieron significativamente ( $P>0,05$ ) afectados por el tipo de pienso consumido por los corderos. Tampoco se observaron diferencias entre tratamientos experimentales en el pH de la carne medido a las 24 horas postsacrificio. Sin embargo, la caída del pH en los primeros 45 minutos tras el sacrificio fue ligeramente menor ( $P<0,10$ ) en los animales que consumieron pienso con pulpa, con o sin vinaza. La terneza de la carne también fue significativamente menor ( $P<0,01$ ) en los corderos que recibieron piensos con pulpa de remolacha, lo que podría estar relacionado con las diferencias observadas en la ganancia diaria de peso (Sylvestre *et al.*, 2002).

Tabla 3. Características de la carne para los diferentes grupos experimentales.

	Control	Pulpa 0	Pulpa 13	RSD (n=9)	Nivel de significación
PH (0 h)	6,24	6,38	6,29	0,166	ns
PH (45 min)	6,02 <sup>b</sup>	6,29 <sup>a</sup>	6,25 <sup>a</sup>	0,234	*
PH (24 h)	5,46	5,63	5,54	0,199	ns
Dif. pH (0-45)min	0,22 <sup>a</sup>	0,09 <sup>ab</sup>	0,04 <sup>b</sup>	0,155	t
L*	42,9	43,5	43,7	2,18	ns
a*	10,6	10,6	10,7	1,50	ns
b*	4,9	4,7	5,4	0,93	ns
H*	25,1	24,2	26,7	5,12	ns
C*	11,8	11,6	12,0	1,44	ns
MS (%)	26,6	25,8	26,4	1,51	ns
Cen (% MS)	5,5	4,8	5,4	0,88	ns
PB (% MS)	82,0	83,2	82,9	2,87	ns
EE (% MS)	10,1	10,2	9,2	2,48	ns
Ppresión (%)	16,4	17,6	16,5	2,84	ns
Fmáxima (kg)	5,8 <sup>b</sup>	7,0 <sup>a</sup>	6,2 <sup>ab</sup>	1,08	t

RSD: desviación estándar residual. ns: no significativo ( $P>0,05$ ); t:  $p<0,1$ ; \*:  $P<0,05$ .

<sup>a,b</sup> Letras diferentes en la misma línea implican diferencias significativas.

A partir de los resultados obtenidos se puede concluir que la sustitución de pulpa de remolacha por pulpa de remolacha con un 13% de vinaza, en el pienso de corderos de cebo intensivo, no afectó a las características de la canal o de la carne medidas en el presente estudio. Sin embargo, la inclusión de pulpa de remolacha, independientemente de su contenido de vinaza, disminuyó la ganancia diaria de peso de los animales y modificó algunas de las características de la carne, como el pH y la terneza.

### AGRADECIMIENTOS

El presente trabajo ha sido financiado por la Junta de Castilla y León (Proyecto CSI 07/04) y realizado en colaboración con el grupo de I+D de la empresa Azucarera Ebro, S.L.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Banskalieva, V., Puchala, R., Goetsch, A. L., Luo, J., Sahl, T. (2005). *Small Ruminant Research* 57, 193-202.
- Berthelot, V., Bas, P., Schimidely, P., Duvaux-Ponter, C. (2001). *Small Ruminant Research* 40, 29-39.
- Castro, T., Manso, T., Mantecón, A.R., Guirao, J., Jimeno, V. (2005). *Meat Science* 69, 757-764.
- Colomer-Rocher, F., Delfa, R., Sierra Alfranca, I. (1988). *Cuadernos del INIA* 17, 19-41.
- Fernández, B. (2006). Empleo de pulpa de remolacha en la alimentación del ganado ovino. Tesis doctoral. León.
- McBurney, M.I., Van Soest, P.J., Chase, L.E. (1983). *Journal of Science of Food and Agriculture* 34, 910-916.
- Mitchell, A.D., Chappell, A., Knox, K.L. (1979). *Journal of Animal Science* 49, 765-774.
- Owens, F.N., Secrist, D.S., Hill, W.J., Gill, D.R. (1998). *Journal of Animal Science* 76, 275-286.
- Richardson, J.M., Wilkinson, R.G., Sinclair, L.A. (2003). *Journal of Animal Science* 81, 1332-1347.
- Sañudo, C., Enser, M.E., Campo, M.M., Nute, G.R., María, G., Sierra, I., Wood, J.D. (2000). *Meat Science* 54, 339-346.
- SAS INST. INC. 1999. SAS/STAT<sup>®</sup> User's Guide (Version 8). SAS Publishing, Cary, NC (Estados Unidos).
- Sylvestre, M.N., Balcerzak, D., Feidt, C., Varakos, V.E., Brunt, J. (2002). *Journal of Animal Science* 80, 1871-1878.
- Van Soest, P.J., Robertson, J.B., Lewis, B.A. (1991). *Journal of Dairy Science* 74, 3583-3597.

## UTILIZACIÓN DE ACEITE O SEMILLAS DE GIRASOL EN LA RACIÓN DE CORDEROS EN CRECIMIENTO. EFECTO SOBRE LA COMPOSICIÓN DE LA GRASA

\*<sup>1</sup>Manso, T., <sup>2</sup>Castro, T., <sup>3</sup>Jimeno, V., <sup>1</sup>del Alamo, M, <sup>4</sup>Mantecón, A.R.

<sup>1</sup>ETS Ingenierías Agrarias. Universidad de Valladolid. 34004 Palencia. [tmanso@agro.uva.es](mailto:tmanso@agro.uva.es).

<sup>2</sup>Dpto. Producción Animal. UCM. 28040 Madrid.

<sup>3</sup>Dpto. Producción Animal. UPM. 28040 Madrid.

<sup>4</sup>EAE. CSIC. Apdo 788. 24080 León

### INTRODUCCIÓN

La utilización de suplementos lipídicos en las raciones de corderos en crecimiento pueden modificar el perfil de ácidos grasos de la grasa corporal (Castro *et al.*, 2005). Este hecho presenta gran interés, ya que se ha señalado un efecto beneficioso de los ácidos grasos poliinsaturados y del ácido linoléico conjugado para la salud humana (Williams, 2000; Pariza, 1999). Muchas de las grasas vegetales que se utilizan en la formulación de piensos de corderos son altamente saturadas y derivadas del aceite de palma. También se encuentran disponibles en el mercado aceites purificados o en forma de semillas enteras de oleaginosas. El aceite de girasol es una fuente de grasa muy insaturada, presenta un alto contenido en ácido linoleico y puede incorporarse en las raciones de corderos en forma de aceite o en forma de semilla. El objetivo de este trabajo fue comparar los efectos de la incorporación de aceite de girasol y semilla entera de girasol en la ración sobre la composición de la grasa intramuscular y subcutánea de corderos sacrificados a los 25 kg de peso.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Para la realización de este trabajo se utilizaron 30 corderos machos de raza Merina con un peso inicial de 16,8±0,61 kg. Los corderos fueron alojados en jaulas individuales y, de forma equilibrada según su peso, fueron distribuidos en 3 tratamientos experimentales de acuerdo con el pienso que recibieron. Los tratamientos experimentales fueron los siguientes: **control** con una grasa muy saturada (4% de aceite de palma hidrogenado en el concentrado), **aceite de girasol** (con un 4% de aceite de girasol en el concentrado) y **semilla entera de girasol** (con un 9% de semilla entera de girasol en el concentrado). Todos los piensos se formularon para que fueran isoenergéticos, isoproteicos y llevaran incorporado un 4% de grasa. El aceite de palma hidrogenado fue NUCLEOVIT 99 (Lechavit, León). La incorporación de grasa a los piensos se realizó diariamente de forma manual. Todos los animales recibieron como forraje paja de cereales *ad libitum*, el concentrado correspondiente también se suministró *ad libitum* y dispusieron de agua limpia a voluntad. Los piensos experimentales, su composición química y la composición en ácidos grasos se presentan en la Tabla 1.

Cuando los corderos alcanzaron 25 Kg de peso vivo fueron sacrificados y se tomaron muestras de la grasa subcutánea dorsal e intramuscular para determinar el perfil de ácidos grasos. Para la obtención de los ésteres metílicos de la grasa se realizó la metilación de los ácidos grasos siguiendo una modificación del método descrito por Carrapiso *et al.* (2000). Para la determinación de los ácidos grasos se utilizó un cromatógrafo de gases Hewet-Packard 5890 GC (Hewet-Packard, Avondale, PA) provisto de un detector de ionización de llama (FID) y una columna (SP-2380, Supelco, Bellefonte, PA) con 60 m de longitud x 0,25 mm de diámetro interno. Los resultados obtenidos se analizaron utilizando el procedimiento GLM del paquete estadístico SAS System y se realizaron contrastes ortogonales para analizar las diferencias debidas a los tratamientos.

Tabla 1. Fórmula y composición de los piensos experimentales.

Materias primas (%)	Control	Aceite de Girasol	Semilla entera de girasol
Cebada	50.0	50.0	18.6
Maíz	14.7	14.7	42.3
H. Soja 44	20.5	20.5	22.1
Aceite de palma hidrogenado	4.0	-	-
Aceite de girasol	-	4.0	-
Semilla entera de girasol	-	-	9.0
H. Girasol 30	2.8	2.8	-
Melaza de remolacha	4.0	4.0	4.0
Bicarbonato sódico	1.0	1.0	1.0
Corrector vitamínico mineral	3.0	3.0	3.0
Proteína bruta (% MS)	17.7	17.6	18.2
Extracto etéreo (%MS)	6.2	6.0	5.9
FND (% MS)	13.9	13.4	13.1
C16:0 (% ácidos grasos totales)	47.4	9.6	8.8
C18:0 "	17.6	3.1	3.5
C18:1 "	12.8	25.5	35.7
C18:2 "	18.6	59.0	49.4

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los porcentajes de los ácidos grasos mayoritarios en la grasa intramuscular y subcutánea de los corderos pertenecientes a los distintos tratamientos experimentales se presentan en la Tabla 2. De acuerdo con los datos encontrados en la bibliografía (Castro *et al.*, 2005) el ácido oleico (C18:1 *cis*-9) es el ácido graso mas abundante en la grasa intramuscular y subcutánea, seguido por el ácido palmítico (C16:0) y el ácido esteárico (C18:0). El tratamiento con aceite de girasol presentó menores niveles de C16:0 ( $P<0.05$ ) y C18:1 *cis*-9 ( $P<0.01$ ) en la grasa intramuscular y menores porcentajes de C16:0 ( $P<0.01$ ), C16:1 ( $P<0.01$ ) y C17:1 ( $P<0.01$ ) en la grasa subcutánea que el tratamiento control o con semilla entera de girasol.

Asimismo encontramos, de forma estadísticamente significativa, una mayor acumulación de ácido vacénico (C18:1 *trans*-11) en la grasa intramuscular ( $P<0,01$ ) y subcutánea ( $P<0,001$ ) de los corderos alimentados con aceite. Sin embargo, las diferencias en el nivel de CLA entre los tratamientos estudiados no fueron estadísticamente significativas ( $P>0.05$ ). El CLA y el ácido vacénico (C18:1 *trans*-11) son productos intermediarios de la biohidrogenación del ácido linoleico. La conversión de CLA en ácido vacénico es más rápida que la hidrogenación de éste a ácido esteárico, por lo que el ácido vacénico tiende a acumularse en los productos finales. La incorporación de aceite o semilla de girasol no dio lugar a diferencias significativas ( $P>0,05$ ) en el porcentaje de ácidos grasos saturados y monoinsaturados.

Únicamente encontramos una tendencia ( $P<0,1$ ) a mayor porcentaje de ácidos grasos poliinsaturados en la grasa intramuscular de los corderos que recibieron aceite que en los que recibieron semilla. El índice de aterogenicidad fue más bajo en la grasa de los corderos que recibieron aceite de girasol. No encontramos diferencias significativas en los ácidos grasos estudiados entre el grupo control y el grupo que recibió semilla entera de girasol. Únicamente el nivel de C18:3 fue superior ( $P<0.05$ ) en la grasa intramuscular y subcutánea de los corderos del grupo control.

**Tabla 2.** Efecto de la incorporación de aceite de girasol o semilla entera de girasol sobre la composición en ácidos grasos (porcentaje del total) de la grasa intramuscular y subcutánea de los corderos pertenecientes a los distintos tratamientos experimentales.

	Control	Aceite girasol	Semilla girasol	ESM	Control vs Aceite	Control vs Semilla	Aceite vs Semilla
<i>Intramuscular</i>							
C12	0.14	0.09	0.13	0.570	NS	NS	NS
C14	2.42	2.27	2.53	0.460	NS	NS	NS
C15	0.58	0.51	0.56	0.119	NS	NS	NS
C16	23.6	22.2	23.4	1.276	*	NS	*
C16:1	1.65	1.46	1.76	0.420	NS	NS	NS
C17	2.32	1.98	2.27	0.427	+	NS	NS
C18	16.06	17.45	15.95	1.874	NS	NS	NS
C18:1 <i>cis</i> -9	39.26	37.77	39.92	2.061	NS	NS	*
C18:1 <i>trans</i> -11	4.28	6.91	4.80	1.69	**	NS	*
C18:2 <i>cis</i> -9, <i>cis</i> -12	5.63	5.98	5.06	1.250	NS	NS	NS
CLA Total <sup>a</sup>	0.43	0.44	0.42	0.141	NS	NS	NS
C18:3	0.40	0.30	0.29	0.099	*	*	NS
SAT	45.46	44.83	45.22	1.729	NS	NS	NS
MUFA	48.02	48.35	48.97	1.612	NS	NS	NS
PUFA	6.51	6.80	5.79	1.182	NS	NS	+
Índice de aterogenicidad <sup>b</sup>	0.48	0.45	0.48	0.038	*	NS	+
<i>Subcutánea</i>							
C12	0.14	0.12	0.15	0.072	NS	NS	NS
C14	2.80	2.70	3.10	0.646	NS	NS	NS
C15	1.05	1.03	1.10	0.287	NS	NS	NS
C16	23.31	20.51	23.22	1.786	**	NS	**
C16:1	1.55	1.18	1.45	0.295	**	NS	+
C17	3.95	3.46	3.83	0.857	NS	NS	NS
C17:1	2.07	1.07	1.89	0.651	**	NS	*
C18	16.62	19.12	16.57	3.375	NS	NS	NS
C18:1 <i>cis</i> -9	34.99	32.55	35.12	3.322	NS	NS	NS
C18:1 <i>trans</i> -11	7.38	12.34	7.73	2.642	***	NS	***
C18:2 <i>cis</i> -9, <i>cis</i> -12	3.11	2.96	3.06	0.884	NS	NS	NS
CLA Total <sup>a</sup>	0.51	0.61	0.50	0.248	NS	NS	NS
C18:3	0.31	0.19	0.24	0.062	***	**	NS
SAT	48.22	47.29	48.34	3.323	NS	NS	NS
MUFA	47.71	48.72	47.71	3.141	NS	NS	NS
PUFA	4.06	3.98	3.94	0.845	NS	NS	NS
Índice de aterogenicidad <sup>b</sup>	0.51	0.45	0.51	0.062	*	NS	*

NS: p>0,1; +: p<0,1; \*: p<0,05; \*\*: p<0,01; \*\*\*: p<0,001.

<sup>a</sup>Índice de aterogenicidad: (C12+C14+C16)/(suma ácidos grasos insaturados)

<sup>b</sup>CLA Total : (C18:2 *cis*-9, *trans*-11 + C18:2 *trans*-10, *cis*-12)

De los resultados obtenidos se puede concluir que la incorporación de aceite de girasol en raciones de corderos determina mayor contenido en ácido vacénico (C18:1 *trans*-11) y menor índice de aterogenicidad en la grasa intramuscular y subcutánea que cuando los corderos reciben aceite de palma hidrogenado o semilla entera de girasol.

Este trabajo forma parte del proyecto VA084/04 financiado por la Junta de Castilla y León.

## REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Carrapiso, A.I., Timón, M.L., Petró, M.J., Tejeda, J.F., Gracia C. (2000). *Meat Science* 56. 159-164.
- Castro, T., Manso, T., Mantecón, A.R., Guirao, J., Jimeno, V. (2005). *Meat Science* 69, 757-764.
- Pariza, M.W. (1999). The biological activities of conjugated linoleic acid. In: *Advances in Conjugated Linoleic Acid Research*. Ed.: M.P. Yurawecz, M.M. Mossoba, J.K.G. Kramer, M.W. Pariza y G.J. Nelson. Am. Oil. Chem. Soc. Press, Champaign IL. 12-20.
- Williams, C.M. (2000). *Annals of Zootechnology* 49, 165-180.

## UTILIZACION DE GRASAS DE ORIGEN VEGETAL EN RACIONES DE OVEJAS LACAUNE: COMPOSICIÓN DE LA GRASA

Castro, T.<sup>1</sup>, Manso, T.<sup>2</sup>; Jimeno, V.<sup>3</sup>, Del Álamo, M.<sup>2</sup>, Mantecón, A.R.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Dpto. Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM. 28040 Madrid.

<sup>2</sup>E.T.S. Ingenierías Agrarias. Universidad de Valladolid. 34004 Palencia

<sup>3</sup>Dpto. Producción Animal. E.U.I.T. Agrícola. Universidad politécnica. 28040 Madrid

<sup>4</sup>Estación Agrícola Experimental. CSIC. Apdo. de correos 788. 24080 León.

\*[tcastro@vet.ucm.es](mailto:tcastro@vet.ucm.es)

### INTRODUCCIÓN

Los lípidos, además de proporcionar energía a la dieta de los rumiantes lecheros, pueden modificar la composición de la grasa de la leche (Chilliard *et al.*, 2000; Schmidely y Sauvant, 2001). En los últimos años se ha producido un incremento considerable en los estudios sobre el empleo de aceites vegetales en alimentación del vacuno lechero con el fin de aumentar el contenido en algunos ácidos grasos poliinsaturados, particularmente el Ácido Linoleico Conjugado (CLA). Este término se refiere a una mezcla de isómeros geométricos y posicionales del ácido octadecadienoico con dobles enlaces conjugados. El *cis*-9, *trans*-11 CLA es el más abundante y se ha demostrado que posee efecto anticancerígeno (Ip *et al.*, 1999). Sin embargo, son todavía muy escasos los estudios realizados en ovino lechero. El objetivo de este trabajo es estudiar los efectos de la incorporación de aceites vegetales (aceite de palma hidrogenado y aceite de girasol) en raciones para ovejas lecheras, sobre la composición de la grasa, en particular sobre el contenido en CLA.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Para la realización de este trabajo se utilizaron 60 ovejas de raza Lacaune durante el quinto mes de lactación, mantenidas en condiciones de explotación intensiva, entre la primera y tercera lactación, con un peso vivo medio de 74 kg, una condición corporal de 2,75-3 y una producción media de leche de 1,4 l, con un 7,4 % de grasa. Los animales se distribuyeron en tres grupos experimentales: Grupo Control (sin grasa añadida), Grupo Palma (con un 3% de aceite de palma hidrogenado en el concentrado) y Grupo Girasol (con un 3% de aceite de girasol en el concentrado). Una semana antes de comenzar la prueba se seleccionaron los animales y se distribuyeron al azar en 3 grupos homogéneos, según la producción de leche. A continuación se suministraron las raciones experimentales, que habían sido formuladas para que fuesen isoenergéticas e isoproteicas (Tabla 1). Se suministró una ración *Unifeed* 2 veces al día. El ordeño se realizó una vez al día (a las 11 de la mañana). Después de dos semanas de adaptación a las raciones experimentales se realizaron 4 controles semanales en los que se registró la producción de leche y se tomaron muestras para su posterior análisis en el laboratorio.

La grasa de la leche fue separada centrifugando 20 ml de leche a 2000 g durante 20 minutos. El proceso de metilación de la grasa se realizó siguiendo la metodología descrita por Whiting *et al.* (2004). Para la determinación de los ácidos grasos se utilizó un cromatógrafo de gases Hewet-Packard 5890 GC (Hewet-Packard, Avondale, PA) provisto de un detector de ionización de llama (FID) y una columna (SP-2380, Supelco, Bellefonte, PA) con 60m de longitud x 0,25 mm de diámetro interno. Los resultados obtenidos se analizaron con el procedimiento PROC MIXED con medidas repetidas del paquete estadístico SAS System v.8.



Tabla 1. Raciones experimentales

	Control	Girasol	Palma
Materias Primas (% MS)			
Heno de avena	35.2	25.8	25.8
Heno de alfalfa	23.7	36.2	36.2
Semilla entera de algodón	6.0	3.6	3.6
Cebada	14.4	14.4	14.4
Maíz	8.3	8.2	8.2
H. Soja 44	11.2	9.4	9.4
Aceite de palma <sup>1</sup>	-	-	1.2
Aceite de girasol <sup>2</sup>	-	1.2	-
Corrector vitamínico-mineral	1.2	1.2	1.2
Composición química (%MS)			
MS	88.15	88.10	88.10
PB	15.3	15.4	14.3
EE	2.8	3.5	3.6
FND	45.3	42.4	46.7
FAD (%MS)	24.13	23.3	26.3
UFL/kg	0.9	0.9	0.9

<sup>1</sup>Aceite de palma hidrogenado (NUCLEOVIT-99, Lemasa, León). Compuesto por (g/100g de ácidos grasos totales) C14:0 = 1.23; C16:0 = 62.50; C18:0 = 25.67; C18:1 = 9.82; C18:2 = 0.07, C18:3 = No detectado.

<sup>2</sup>Aceite de girasol. Compuesto por (g/100g de ácidos grasos totales) C14:0 = 0.07; C16:0 = 5.96; C18:0 = 3.98; C18:1 = 28.82; C18:2 = 60.53, C18:3= 0.07

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 2 se muestran los resultados relativos a la composición de la grasa de la leche de los distintos tratamientos experimentales. La incorporación de aceite en la ración no tuvo efecto sobre el contenido en ácidos grasos de cadena corta y media (C6 a C14) excepto sobre el contenido en C4 que se redujo en las raciones con aceite de palma. Las ovejas que consumieron aceite de palma presentaron un mayor contenido en C14:1, C16:0, C16:1 y C17:1, y un menor contenido en esteárico (C18:0) y oleico (C18:1 *cis-9*) que las del grupo control y girasol. La suplementación con aceite de girasol dio lugar a grasa con un 40% más de C18:1 *trans-11* (ácido vaccénico) y un 29% más de C18:2 *cis-9 trans-11* CLA (ácido ruménico). Kelly *et al.* (1998) y Bell *et al.* (2006) en vacuno lechero, Bernard *et al.* (2005) en cabras y Zhang *et al.* (2006) en ovejas lecheras obtuvieron resultados similares. Estos compuestos son productos intermediarios en los procesos de biohidrogenación del C18:2 que está presente en altas concentraciones en el aceite de girasol. El aceite de girasol aumentó el contenido en ácidos grasos insaturados, en relación al grupo control y palma (25,46 en el grupo girasol vs 24,29 y 24,18 en los grupos control y palma, respectivamente) y redujo el índice de aterogenicidad en relación al grupo palma (1,85 vs 2,09) de la grasa de la leche.

Estos resultados nos indican que la incorporación de un 3% de aceite de girasol en el concentrado aumenta la concentración de CLA y reduce el índice de aterogenicidad en la grasa de la leche, mejorando su calidad desde el punto de vista de la salud humana.

## AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la explotación "Encrucijadas S.A." y a su Director Gerente, D. Guillermo Rodríguez López su inestimable colaboración para la realización de esta trabajo. Este trabajo forma parte del proyecto PR3/04-12381 financiado por la Universidad Complutense de Madrid.

Tabla 2. Composición en ácidos grasos de la grasa de la leche de las ovejas pertenecientes a los distintos tratamientos experimentales.

	Control	Girasol	Palma
C4:0	2.05 ± 0.057 <sup>a</sup>	1.96 ± 0.057 <sup>a</sup>	1.72 ± 0.057 <sup>b</sup>
C6:0	1.76 ± 0.052	1.83 ± 0.052	1.72 ± 0.052
C8:0	1.68 ± 0.065	1.76 ± 0.065	1.72 ± 0.065
C10:0	5.25 ± 0.236	5.52 ± 0.235	5.55 ± 0.236
C11:0†	0.21 ± 0.011 <sup>b</sup>	0.22 ± 0.011 <sup>ab</sup>	0.24 ± 0.011 <sup>a</sup>
C12:0	3.44 ± 0.157	3.63 ± 0.156	3.75 ± 0.157
C14:0	7.76 ± 0.219	8.01 ± 0.219	8.20 ± 0.219
C14:1	0.26 ± 0.010 <sup>b</sup>	0.27 ± 0.010 <sup>ab</sup>	0.29 ± 0.010 <sup>a</sup>
C15:0	0.76 ± 0.025 <sup>ab</sup>	0.75 ± 0.024 <sup>b</sup>	0.82 ± 0.025 <sup>a</sup>
C15:1	0.31 ± 0.012	0.32 ± 0.012	0.33 ± 0.012
C16:0	35.39 ± 0.450 <sup>b</sup>	34.96 ± 0.448 <sup>b</sup>	36.84 ± 0.449 <sup>a</sup>
C16:1	1.05 ± 0.069 <sup>b</sup>	1.11 ± 0.068 <sup>b</sup>	1.28 ± 0.069 <sup>a</sup>
C17:0	0.28 ± 0.019	0.29 ± 0.019	0.30 ± 0.019
C17:1†	0.19 ± 0.007 <sup>b</sup>	0.18 ± 0.007 <sup>b</sup>	0.20 ± 0.007 <sup>a</sup>
C18:0	15.62 ± 0.471 <sup>a</sup>	14.97 ± 0.469 <sup>a</sup>	13.14 ± 0.470 <sup>b</sup>
C18:1 <i>trans</i> -11 (ácido vaccenico)	0.86 ± 0.060 <sup>b</sup>	1.20 ± 0.059 <sup>a</sup>	0.92 ± 0.059 <sup>b</sup>
C18:1 <i>cis</i> -9†	17.63 ± 0.363 <sup>a</sup>	17.76 ± 0.361 <sup>a</sup>	16.68 ± 0.362 <sup>b</sup>
C18:1 <i>cis</i> -11	0.45 ± 0.021	0.46 ± 0.020	0.43 ± 0.021
C18:2 <i>cis</i> -9, <i>cis</i> -12	2.71 ± 0.111 <sup>b</sup>	3.04 ± 0.111 <sup>a</sup>	2.92 ± 0.111 <sup>ab</sup>
C18:2 <i>cis</i> -9, <i>trans</i> -11 CLA (ácido ruménico)	0.55 ± 0.019 <sup>c</sup>	0.71 ± 0.019 <sup>a</sup>	0.63 ± 0.019 <sup>b</sup>
C18:2 <i>trans</i> -10, <i>cis</i> -12 CLA	0.096 ± 0.005	0.092 ± 0.005	0.086 ± 0.005
C18:3	0.32 ± 0.015 <sup>b</sup>	0.42 ± 0.015 <sup>a</sup>	0.43 ± 0.015 <sup>a</sup>
C20:0	0.16 ± 0.009	0.16 ± 0.009	0.16 ± 0.009
C22:0	0.069 ± 0.004 <sup>a</sup>	0.067 ± 0.003 <sup>a</sup>	0.056 ± 0.004 <sup>b</sup>
C24:0	0.05 ± 0.005	0.05 ± 0.005	0.05 ± 0.005
Insaturados	24.29 ± 0.450 <sup>b</sup>	25.46 ± 0.440 <sup>a</sup>	24.18 ± 0.440 <sup>b</sup>
Poliinsaturados	3.66 ± 0.130 <sup>b</sup>	4.23 ± 0.129 <sup>a</sup>	4.06 ± 0.129 <sup>a</sup>
Monoinsaturados	20.64 ± 0.393 <sup>ab</sup>	21.22 ± 0.384 <sup>a</sup>	20.12 ± 0.385 <sup>b</sup>
Saturados	73.24 ± 0.477	72.72 ± 0.457	72.85 ± 0.460
Índice de aterogenicidad <sup>1</sup>	1.95 ± 0.051 <sup>b</sup>	1.85 ± 0.050 <sup>b</sup>	2.09 ± 0.050 <sup>a</sup>

<sup>a-c</sup> Medias en la misma fila con diferente superíndice son estadísticamente diferentes (P<0,05, excepto †P<0,01) <sup>1</sup>(12:0 + 14:0 + 16:0)/suma de ácidos grasos insaturados (Ulbrich y Southgate, 1991)

## REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Bell, J.A., Griinari, J.M., Kennelly, J.J. (2006). J. Dairy Sci.89, 733-748
- Bernard, L., Rouel, L., Leroux, C., Ferlay, A., Faulconier, Y., Legrand, P., Chilliard, Y. (2005). J. Dairy Sci. 88, 1478-1489
- Chilliard, Y., Ferlay, A., Mansbridge R.M., Doreau, M. (2000). Ann.Zootech. 49, 181-205
- Ip, C., Banni, S., Angioni, E., Carta, G., McGinley, J., Thompson, H.J., Barnano, D., Bauman D. (1999). J. Nutr. 129, 2135-2142
- Kelly, M. L., Berry, J. R., Dwyer, D. A., Griinari, J. M., Chouinard, P. Y., Van Amburgh, M. E., Bauman, D. E. (1998). J. Nutr. 128, 881-885
- Schmidely, P., Sauvant, D. (2001). INRA Prod. Anim. 14, 337-354
- Ulbricht, T.L., Southgate, D.A.T. (1991). Lancet 338, 985-992
- Whiting, C.M., Mutsvangwa, T., Walto, J.P., Cant, J.P., McBride, B.W. (2004). An. Feed Sci. and Tech. 113, 27-37
- Zhang, R., Mustafa, A.F., Zhao, X. (2006). Small Ruminant Research 63, 233-241

## COMPOSICIÓN EN ÁCIDOS GRASOS DE LAS FRACCIONES LIPÍDICAS DE LA CARNE DE OVINO SEGÚN EL SISTEMA DE PRODUCCIÓN BASADO EN PIENSO CONCENTRADO O PASTO

I. Álvarez<sup>1\*</sup>, M.T. Díaz<sup>1</sup>, J. De La Fuente<sup>2</sup>, S. Álvarez<sup>1</sup>, C. Pérez<sup>3</sup>, S. Lauzurica<sup>2</sup>, M.A. Oliver<sup>4</sup>, C. Sañudo<sup>5</sup> y V. Cañeque<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dpto. Tecnología de los Alimentos. Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria. Ctra. Coruña km. 7,5. 28040. Madrid [acero@inia.es](mailto:acero@inia.es)

<sup>2</sup>Dpto. Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad Complutense de Madrid

<sup>3</sup>Dpto. Fisiología Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense. Madrid

<sup>4</sup>Centre de Tecnologia de la Carn. IRTA, Monells. Girona

<sup>5</sup>Dpto. Producción Animal y Ciencia de los Alimentos. Facultad de Veterinaria. Zaragoza

### INTRODUCCIÓN

El consumo elevado de ácidos grasos saturados (AG<sub>S</sub>) es uno de los principales factores favorecedores de la aparición de enfermedades cardiovasculares, mientras que, por el contrario, dietas ricas en ácidos grasos monoinsaturados (AG<sub>M</sub>), en especial el C18:1, y en ácidos grasos poliinsaturados (AG<sub>P</sub>), principalmente los de la serie  $n_3$ , reducen su incidencia (Williams, 2000). Por ello, cada vez más, crece el interés por la composición en ácidos grasos de los alimentos, y en especial por la composición de los lípidos polares donde se concentran la mayor parte de los AG<sub>P</sub>. La carne ha sido criticada por su elevada proporción de AG<sub>S</sub> y baja de AG<sub>P</sub>. La alimentación de los animales es uno de los factores más influyentes en la composición en ácidos grasos de la grasa de la carne (Raes *et al.*, 2004). España basa su sistema de producción ovina en la cría intensiva a base de pienso. La entrada en el mercado de productos importados basados en sistemas extensivos podría aportar calidades de grasa en la carne diferentes a las de nuestro país. En el presente trabajo se han comparado dos sistemas de producción de carne de ovino, uno nacional con alimentación basada en piensos concentrados, y otro de Uruguay con alimentación basada exclusivamente en el pastoreo. Se estudia el efecto que estos sistemas pudieron tener sobre la composición en ácidos grasos de las fracciones lipídicas, teniendo en cuenta la diferente composición de las mismas.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Doce machos Rasa Aragonesa, engordados en un sistema de producción intensivo con alimentación basada en pienso concentrado (R<sub>pienso</sub>) y doce machos Corriedale, engordados de forma extensiva con alimentación exclusiva a pasto (C<sub>pasto</sub>), fueron sacrificados a los tres meses de edad. La extracción de la grasa intramuscular del músculo *Longissimus dorsi* se realizó mediante la técnica de Bligh y Dyer (1959). Las fracciones de lípidos neutros (L<sub>neutros</sub>), lípidos polares (L<sub>polares</sub>) y ácidos grasos libres (AG<sub>L</sub>), fueron obtenidas por el método del fraccionamiento lipídico descrito por García-Regueiro *et al.* (1994). La composición en ácidos grasos de las fracciones se determinó mediante cromatografía de gases previa formación de los ésteres metílicos (Morrison y Smith, 1964). El análisis estadístico se realizó con el procedimiento GLM de SAS 9.1.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Del total de ácidos grasos, el 67 y 80% de los mismos se encontraron formando parte de L<sub>neutros</sub> en R<sub>concentrado</sub> y C<sub>pasto</sub> respectivamente (P<0,001). La fracción L<sub>neutros</sub> fue la mayoritaria porque los L<sub>neutros</sub> están constituidos en un 90% por triglicéridos (García-Regueiro *et al.*, 2003) y éstos constituyen la familia más abundante de los lípidos. En C<sub>pasto</sub>, los ácidos grasos de los L<sub>neutros</sub> fueron mayoritarios respecto de R<sub>pienso</sub>. Esto se debe a que las proporciones de grasa intramuscular fueron de 2,43 ± 0,29 y de 3,37 ± 0,29 g grasa/100 g carne en R<sub>pienso</sub> y C<sub>pasto</sub>, respectivamente (P<0,001) y los L<sub>neutros</sub> aumentan a medida que aumenta la grasa intramuscular (Sharma *et al.*, 1987).

Independientemente del sistema de producción, en los  $L_{\text{neutros}}$  los  $AG_S$  y  $AG_M$  fueron los mayoritarios (Tabla 1), siendo los  $AG_P$  inferiores al 7%. La composición de los  $L_{\text{neutros}}$  se justifica debido a que la estructura de los triglicéridos se basa en una molécula de glicerol a la que se unen tres ácidos grasos, principalmente saturados y monoinsaturados de cadena corta.  $C_{\text{pasto}}$  mostró mayor proporción de  $AG_S$  y menor de  $AG_M$  respecto de  $R_{\text{pienso}}$ . La mayor saturación de los  $L_{\text{neutros}}$  de  $C_{\text{pasto}}$  se debe a que el pasto incrementa la actividad ruminal y con ello la biohidrogenación de los ácidos grasos (Choi *et al.*, 1997). Aunque la proporción total de  $AG_P$  no mostró diferencias entre  $R_{\text{pienso}}$  y  $C_{\text{pasto}}$ ,  $C18:2_{n6}$ ,  $C20:3_{n6}$  y  $C20:4_{n6}$  fueron superiores en  $R_{\text{pienso}}$ , mientras que CLA y  $C18:3_{n3}$  fueron superiores en  $C_{\text{pasto}}$ . Esta diferenciación se debió fundamentalmente a la alimentación recibida, ya que en la composición del pienso concentrado predomina el  $C18:2_{n6}$ , precursor de la serie  $n_6$  (Kinsella, 1991), mientras que en el pasto predomina el  $C18:3_{n3}$  (Nürnberg *et al.*, 2002).

Del total de ácidos grasos, el 29 y 15% de los mismos se encontraron formando parte de  $L_{\text{polares}}$  en  $R_{\text{concentrado}}$  y  $C_{\text{pasto}}$  respectivamente ( $P < 0,001$ ). Al contrario que en los  $L_{\text{neutros}}$ , en los  $L_{\text{polares}}$  los  $AG_P$  fueron los mayoritarios (Tabla 1). Los fosfolípidos, principales componentes de los  $L_{\text{polares}}$ , son ricos en  $AG_P$  (Scollan *et al.*, 2001). En  $R_{\text{pienso}}$  fueron mayoritarios los ácidos grasos  $C18:2_{n6}$  y  $C20:4_{n6}$  mientras que en  $C_{\text{pasto}}$  fueron mayoritarios  $C18:3_{n3}$ , CLA,  $C20:3_{n6}$ ,  $C20:5_{n3}$ ,  $C22:5_{n3}$  y  $C22:6_{n3}$ . Aunque se sabe que la capacidad de los mamíferos para sintetizar ácidos grasos de cadena larga es reducida, se piensa que el consumo de  $C18:3_{n3}$ , precursor de la serie  $n_3$  de cadena larga, puede potenciar la síntesis *de novo* de  $C20:5_{n3}$ ,  $C22:5_{n3}$  y  $C22:6_{n3}$ . Estas diferencias en la composición de  $AG_P$  dieron lugar a que el balance  $AG_{n6}/AG_{n3}$  fuera, tanto en  $L_{\text{neutros}}$  como en  $L_{\text{polares}}$ , muy elevado en  $R_{\text{pienso}}$ , y reducido y cercano a lo recomendado ( $< 4$ ) por *Department of Health* (1994) en  $C_{\text{pasto}}$ .

Menos del 4% del total de ácidos grasos se encontraron formando parte de  $AG_L$  en  $R_{\text{concentrado}}$  y  $C_{\text{pasto}}$  ( $P \geq 0,05$ ). Esta baja proporción de  $AG_L$  es la normal en carne fresca, ya que su aumento es indicativo de lipólisis, que se produce durante el proceso de conservación de la misma (García-Regueiro *et al.*, 2003). La composición en ácidos grasos mostró diferencias similares a las de los  $L_{\text{neutros}}$  y  $L_{\text{polares}}$ , ya que los ácidos grasos que componen  $AG_L$  proceden de la lipólisis de ambas fracciones.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Choi, N.J., Kim, E.J., Maeng, W.J., Neville, M.A., Enser, M., Wood, J.D., Scollan, N.D. (1997). *Proc. Br. Soc. Anim. Sci.* 19, 19.
- Bligh, E.G., Dyer, W.J. (1959). *Can. J. Bioch. Physiol.* 37, 911-917.
- Department of Health. (1994). Report on health and social subjects. No. 46. Nutritional aspects of cardiovascular disease. London: HMSO.
- García Regueiro, J.A., Gibert, J., Díaz, I. (1994). *Journal of Chromatography* 667, 225-233.
- García-Regueiro, J.A., Hortós M., Díaz, I. (2003). *Eurocarne* 114, 1-5.
- Kinsella, J.E. (1991). *Advances in Food and Nutrition Research* 35, 1-160.
- Morrison, W.R., Smith, L.M. (1964). *Journal of Lipids Research* 5, 600-608.
- Nuernberg, K., Nuernberg, G., Ender, K., Lorenz, S., Winkler, K., Rickert, R., Steinhart, H. (2002). *European Journal of Lipid Science and Technology* 104, 463-471.
- Raes, K., De Smet, S., Demeyer D. (2004). *Animal Feed Science and Technology* 113, 199-221.
- Scollan, N.D., Choi, N.J., Kurt, E., Fisher, A.V., Enser, M., Wood, J.D. (2001). *British Journal of Nutrition* 85, 115-124.
- Sharma, N., Gandemer, G., Goutefongea, R. (1987). *Meat Science* 19, 121-128.
- Williams, C. (2000). *Annales de Zootechnie* 49, 165-180.

Tabla 1: Composición en ácidos grasos de las fracciones lipídicas de la grasa intramuscular de ovino

Ácidos grasos	Lípidos neutros				Lípidos polares				Ácidos grasos libres						
	(g AG/100g AGTotales)		(g AG/100g AGTotales)		(g AG/100g AGTotales)		(g AG/100g AGTotales)		R <sub>pleno</sub>		C <sub>pleno</sub>		Sign.		
	R <sub>pleno</sub>	C <sub>pleno</sub>	Sign.	CME	R <sub>pleno</sub>	C <sub>pleno</sub>	Sign.	CME	R <sub>pleno</sub>	C <sub>pleno</sub>	Sign.	CME	R <sub>pleno</sub>	C <sub>pleno</sub>	Sign.
C10:0	0,37	0,28	*	0,09	0,02	0,05	*	0,02	0,69	0,37	***	0,17	0,69	0,37	***
C12:0	0,69	0,38	**	0,22	0,05	0,08	**	0,02	0,83	0,55	***	0,16	0,83	0,55	***
C14:0	5,55	4,86	ns	1,24	1,79	2,35	**	0,32	3,27	2,76	*	0,56	3,27	2,76	*
C16:0	26,36	27,60	ns	1,33	18,25	20,23	***	0,99	21,37	21,78	ns	1,44	21,37	21,78	ns
C17:0	1,65	1,22	**	0,28	1,08	1,32	ns	0,27	4,62	1,81	***	0,93	4,62	1,81	***
C18:0	13,51	17,78	***	2,04	9,52	9,06	ns	0,75	14,99	17,45	**	1,76	14,99	17,45	**
AG <sub>S</sub>	48,13	52,12	**	2,47	30,78	33,17	***	1,05	45,77	44,73	ns	3,73	45,77	44,73	ns
C14:1	0,22	0,17	ns	0,06	nd	nd	-	-	0,13	0,09	***	0,02	0,13	0,09	***
C16:1	2,13	1,72	**	0,27	1,03	0,90	ns	0,17	1,39	1,54	ns	0,25	1,39	1,54	ns
C17:1	0,95	0,56	***	0,17	1,27	1,20	ns	0,37	0,85	0,59	***	0,14	0,85	0,59	***
C18:1	41,98	38,92	*	2,69	25,14	22,08	ns	3,76	32,11	33,93	ns	4,36	32,11	33,93	ns
AG <sub>M</sub>	45,28	41,37	**	2,92	27,44	24,18	ns	3,92	34,49	36,15	ns	4,64	34,49	36,15	ns
C18:2 <sub>n6</sub>	4,52	2,66	***	0,65	19,66	14,33	***	2,12	6,42	6,07	ns	0,98	6,42	6,07	ns
CLA	0,41	0,94	***	0,22	0,12	0,46	***	0,09	0,28	0,86	***	0,19	0,28	0,86	***
C18:3 <sub>n3</sub>	0,38	2,26	***	0,44	0,82	6,71	***	0,79	0,62	3,49	***	0,63	0,62	3,49	***
C20:3 <sub>n6</sub>	0,38	0,12	***	0,11	1,60	2,09	*	0,49	7,45	1,83	***	1,96	7,45	1,83	***
C20:4 <sub>n6</sub>	0,51	0,13	***	0,10	14,95	8,25	***	1,69	3,07	2,37	*	0,41	3,07	2,37	*
C20:5 <sub>n3</sub>	0,07	0,07	ns	0,02	1,27	5,75	***	1,13	0,48	1,84	***	0,68	0,48	1,84	***
C22:5 <sub>n3</sub>	0,19	0,23	ns	0,05	2,51	3,96	***	0,67	0,82	1,87	***	0,31	0,82	1,87	***
C22:6 <sub>n3</sub>	0,07	0,07	ns	0,02	0,91	1,19	ns	0,31	0,60	0,80	*	0,18	0,60	0,80	*
AG <sub>P</sub>	6,47	6,49	ns	0,93	41,84	42,74	ns	4,24	19,75	19,12	ns	2,88	19,75	19,12	ns
AG <sub>P</sub> /AG <sub>S</sub>	0,13	0,12	ns	0,02	1,36	1,29	ns	0,16	0,43	0,43	ns	0,08	0,43	0,43	ns
AG <sub>n6</sub> /AG <sub>n3</sub>	8,30	1,13	***	2,07	7,11	1,44	***	1,73	7,41	1,3	***	1,78	7,41	1,3	***

g AG/100g AGTotales: proporción de cada ácido graso respecto a los ácidos grasos totales de cada fracción; R<sub>pleno</sub>: Animales Rasa Aragonesa del sistema pleno; C<sub>pleno</sub>: Animales Corredale del sistema pasto; Sign.: significación del modelo: \*P<0,05; \*\* P<0,01; \*\*\* P<0,001; ns: no significativo (P>0,05); nd: no detectado; AG<sub>S</sub>: Ácidos grasos saturados (C10:0 + C12:0 + C14:0 + C16:0 + C17:0 + C18:0 + C20:0); AG<sub>M</sub>: Ácidos grasos monoinsaturados (C14:1 + C16:1 + C17:1 + C18:1); AG<sub>P</sub>: Ácidos grasos poliinsaturados (C18:2<sub>n6</sub> + C18:2<sub>n6</sub>+9<sub>trans-11</sub> + C18:3<sub>n3</sub> + C20:3<sub>n6</sub> + C20:4<sub>n6</sub> + C20:5<sub>n3</sub> + C22:5<sub>n3</sub> + C22:6<sub>n3</sub>); CLA: C18:2<sub>n6</sub>+9<sub>trans-11</sub>

## CARACTERÍSTICAS FÍSICAS DE LA CARNE DE POLLOS DE RAZA CASTELLANA NEGRA Y DE UNA F<sub>1</sub> RESULTANTE DEL CRUCE DE GALLOS MEJORADOS DE RAZA PENEDESENCA NEGRA Y DE GALLINAS DE RAZA CASTELLANA NEGRA (CASPEN)

B. Asenjo<sup>1</sup>, J.A. Miguel<sup>1\*</sup>, J. Ciria<sup>1</sup>, A. Francesch<sup>2</sup>, J.L. Calvo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Area de Producción Animal. E.U. de Ingenierías Agrarias de Soria. Universidad de Valladolid. Campus Universitario s/n. 42004 Soria. \*[jangel@agro.uva.es](mailto:jangel@agro.uva.es)

<sup>2</sup>Unidad de Genética Avícola del IRTA. Centro Mas Bove de Reus. Tarragona.

### INTRODUCCIÓN

El color de la carne es uno de los atributos más valorados por el consumidor y el único perceptible en el momento de la compra. Factores como el pH, la capacidad de retención de agua (CRA), el veteado, el tejido conectivo, el tamaño de las fibras musculares y la desnaturalización de las proteínas, que afectan a las propiedades ópticas de la carne, pueden tener una influencia significativa en el color (MacDougall, 1982), sin olvidar la influencia de la concentración de mioglobina y del estado químico en que se encuentre, así como de la estructura de la superficie y de la proporción de grasa intramuscular (Renner, 1981; Judge *et al.*, 1989).

### MATERIAL Y MÉTODOS

El material animal y el manejo empleado en este estudio fue el mismo que el descrito en la comunicación anterior (Miguel *et al.*, 2007). Se comparan las coordenadas L\*, a\*, b\*, el pH y la CRA a nivel de muslo y pechuga en machos de raza Castellana Negra sacrificados a las 18 semanas (Castellana-18) y de CASPEN sacrificados con 12 y 18 semanas (CASPEN-12 y CASPEN-18, respectivamente). Cabe resaltar que el peso al sacrificio es similar en los animales Castellana-18 y en los de CASPEN-12. Salvo la determinación del color y pH, que se realizó en la canal 24 horas tras el sacrificio, el resto de los parámetros fueron estudiados sobre muestra previamente descongelada en refrigeración. Para el registro del pH se utilizó un pHmetro portátil CRISON- 507, dotado de un electrodo de penetración CRISON de 6 mm de diámetro y de una sonda de temperatura. La medida del pH se tomó a nivel de muslo y de pechuga. Para el análisis del color se utilizó un colorímetro Minolta-200. Este se midió en las superficies de muslo y pechuga, tomando las coordenadas L\* (luminosidad), a\* (índice de rojo) y b\* (índice de amarillo) (CIE, 1976). La determinación de la CRA se realizó por el método de pérdidas de agua por cocción (ppc; las muestras se pesaron antes y después de someterse a cocción a 70°C durante 45 minutos). Los datos fueron analizados estadísticamente mediante un modelo lineal general de análisis de varianza del programa informático SPSS versión 10.0 para Windows.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos se muestran en la Tabla 1. La carne de pechuga presentó mayor luminosidad (L\*) que la de muslo ( $p \leq 0,001$ ) en los tres grupos de animales. Tanto en muslo como en pechuga los tipo CASPEN-12 semanas tuvieron mayor valor L\* ( $p \leq 0,05$ ) que las mismas muestras de los otros dos grupos. Las diferencias de L\* de muslo y pechuga del tipo CASPEN-12 semanas no fueron significativas, sin embargo esto no ocurrió en los CASPEN-18 y Castellana-18, en los que la L\* de muslo fue significativamente menor ( $p \leq 0,05$ ) que la de pechuga. El índice de rojo (a\*) fue significativamente superior ( $p \leq 0,001$ ) en muslo que en pechuga en los tres grupos. Se observó cómo el índice a\* en pechuga del CASPEN aumentó con la edad de sacrificio ( $p \leq 0,05$ ), pero no varió cuando el sacrificio de los pollos se realizó con pesos similares aún siendo de diferente tipo genético (CASPEN-12 y Castellana-1). Por el contrario, en el muslo no se encontraron variaciones ni por la edad, ni por el tipo genético, ni por el peso. En el índice de amarillo (b\*) no se observaron diferencias entre muslo y pechuga en los tres grupos. Tanto en el muslo como en la pechuga, el valor de b\* en el CASPEN disminuyó al aumentar el peso y la edad ( $p \leq 0,001$ ) y también en los pollos Castellanos (con más edad y similar peso).

Tabla 1.- Medias  $\pm$  std-err. del color, pH y pérdidas por cocción (ppc) de la carne de muslo y pechuga en pollos de la raza Castellana-18, CASPEN-18 y CASPEN-12.

	Castellana-18		CASPEN-18		CASPEN-12		SIGNIFICACION		
	Muslo	Pechuga	Muslo	Pechuga	Muslo	Pechuga	Tipo genético	Parte	TxP
L*	48,42 <sup>b1</sup> $\pm 1,22$	52,52 <sup>b2</sup> $\pm 1,00$	49,39 <sup>b1</sup> $\pm 0,88$	52,42 <sup>b2</sup> $\pm 0,77$	52,12 <sup>a1</sup> $\pm 0,67$	54,25 <sup>a1</sup> $\pm 0,91$	*	**	n.s.
a*	10,36 <sup>a1</sup> $\pm 1,04$	3,54 <sup>b2</sup> $\pm 0,45$	8,61 <sup>a1</sup> $\pm 0,54$	4,25 <sup>a2</sup> $\pm 0,38$	5,44 <sup>b1</sup> $\pm 0,44$	3,30 <sup>b2</sup> $\pm 0,35$	**	**	*
b*	-2,23 <sup>b</sup> $\pm 0,77$	-1,93 <sup>b</sup> $\pm 0,51$	-2,79 <sup>b</sup> $\pm 0,52$	-2,92 <sup>b</sup> $\pm 0,62$	-0,03 <sup>a</sup> $\pm 0,53$	1,58 <sup>a</sup> $\pm 0,56$	**	n.s.	n.s.
pH	6,18 <sup>1</sup> $\pm 0,03$	5,95 <sup>2</sup> $\pm 0,02$	6,10 <sup>1</sup> $\pm 0,56$	6,03 <sup>1</sup> $\pm 0,02$	6,33 <sup>1</sup> $\pm 0,01$	5,87 <sup>2</sup> $\pm 0,04$	n.s.	**	**
ppc (%)	32,06 <sup>a1</sup> $\pm 0,87$	28,36 <sup>a2</sup> $\pm 0,49$	27,60 <sup>b1</sup> $\pm 2,05$	27,66 <sup>b1</sup> $\pm 0,96$	32,20 <sup>a1</sup> $\pm 0,38$	28,54 <sup>a2</sup> $\pm 0,73$	*	*	n.s.

n.s.: No significativo; \* Diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ); \*\* Diferencias significativas ( $p \leq 0,001$ ).

Letras diferentes en la misma fila indican diferencias significativas entre los tres grupos de animales ( $p \leq 0,05$ ).

Números diferentes en la misma fila indican diferencias significativas entre partes ( $p \leq 0,05$ ).

Se observa por lo tanto, que los animales de mayor edad presentaron una carne más oscura, en la línea de lo encontrado por diferentes investigadores (Delpech *et al.*, 1983; Cepero *et al.*, 1989, Bastiaens *et al.*, 1993). Sin embargo, Ciria *et al.*, (2000) encontraron diferencias por efecto de la edad en la raza Castellana Negra, comparando animales de 20 semanas en los que la carne de muslo resultó más clara (L\*: 51,04; a\*: 7,51) que la de los sacrificados a las 18 semanas (L\*: 48,42; a\*: 10,36). No obstante, Cepero *et al.*, (1994) encontraron en pollos Broiler de 45-50 días un valor de L\* de 49,4 en muslo y 46,62 en pechuga e inferiores valores en Label de 110 días, y menor L\* en pechuga (41,05) que en muslo (43,25).

Estos resultados fueron corroborados en investigaciones posteriores por Cepero (1998) con pollos Label de 110 días encontrando un valor de luminosidad (L\*) inferior en pechuga (41,0) que en muslo (43,12) y también en Broiler de 6 semanas obtuvo valores de 46,6 en pechuga y de 49,9 en muslo. García Martín *et al.*, (1995), estudiando la carne de pollos Label (SASSO-451) a las 14 semanas, también encontraron que la carne de pechuga era más clara (L\*: 57,88) que la del muslo (53,60). Asimismo, Sánchez (2001) en la raza Mos encontró mayor valor de L\* en pechuga (45,57) que en muslo (43,24). Sin embargo, en todos los casos son valores inferiores a los encontrados en nuestro estudio, lo que hace suponer que los tipos genéticos empleados en el presente ensayo presentan una carne más clara que aquellos, ya que hay que tener en cuenta que la raza Mos se sacrificó con mayor edad (33 semanas). Por el contrario, Qiao *et al.* (2002), estudiando el color de pechugas de Broiler, encuentran valores de L\* bastante más elevados (61,5-61,7). También en pollo Broiler, Du *et al.*, (2002) encontraron en pechuga valores de L\* más elevados (79,08).

Los valores de a\* aumentaron con la edad haciéndose más patente en muslos (5,44 en el tipo CASPEN-12, 8,61 en CASPEN-18 y 10,36 en la Castellana Negra-18) que en pechuga (3,30 en CASPEN-12, 4,25 en CASPEN-18 y 3,54 en Castellana-18). El índice a\* encontrado por Cepero (1998) en Broiler de 6 semanas es inferior al registrado en este estudio, tanto en muslo (3,1) como en pechuga (2,1). Sánchez (2001) en la raza Mos también obtiene valores inferiores (-0,89) en pechuga. No se encontraron diferencias en el valor de pH por efecto del tipo genético, ni por la edad. Considerando las dos regiones en las que se tomó la medida, únicamente se observan diferencias significativas ( $p \leq 0,001$ ) en los grupos CASPEN-12 y Castellana-18, siendo en ambos casos superior en muslo.

Las ppc fueron superiores ( $p \leq 0.05$ ) en muslo que en pechuga de los pollos del tipo Castellana-18 y en el CASPEN-12, ambos sacrificados con pesos similares, no encontrándose diferencias en el CASPEN-18. No se observan diferencias en las ppc ni en muslo ni en pechuga entre los tipo CASPEN-12 y los Castellanos con pesos similares aunque edades diferentes, pero sí con los tipo CASPEN-18, con más peso, y en este caso menor valor de ppc ( $p \leq 0.05$ ), luego mayor CRA. Ciria *et al.*, (2000) en animales de la raza Castellana Negra a las 20 semanas encontraron igualmente mayor valor de ppc en muslo que en pechuga, aunque sus resultados fueron inferiores a los nuestros (15,44 en muslo y 11,2 en pechuga). Ciria *et al.*, (2001) en el tipo CASPEN a las 20 semanas encontraron mayores pérdidas en muslo (23,10) que en pechuga (14,6). García Martín *et al.*, (1995) estudiando la carne de pollos Label (SASSO-451) a las 14 semanas también encontraron mayor ppc en muslo (26,50) que en pechuga (19,16). Sánchez (2001) en la raza Mos también encuentra valores superiores de ppc en muslo (18,43) que en pechuga (13,80). Sin embargo, en otros estudios (Cepero *et al.*, 1994; Cepero, 1998) en pollos Broiler y Label, se han encontrado ppc inferiores en contramuslo (13,22 y 10,23) que en pechuga (12,81 y 15,92, respectivamente).

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bastiaens, A., Deroanne, C., Carletti, G., Zayan, R. (1993). 38th Int. Congress on Meat Sci. and Technol. Clemon-Ferrand 1 (6), 37-43
- Cepero, R., Sañudo, C., Sierra, I. (1989). XXVII Symp. de la Sec. Esp. WPSA, Barcelona.
- Cepero, R., Rubio, J., Tarazona, J., Álava, A., Gutiérrez, M.A., Santolaria, P., Sañudo, C. (1994). XXXI Symposium de la Sección Española de la WPSA. Pamplona. pp. 165-175.
- Cepero, R. (1998). Jornadas Técnicas Grupo Sada. Madrid: 1-59.
- CIE, (1976). Commission Internationale de l'Eclairage. 18 th Session. Londres.
- Ciria, J., Asenjo, B., Miguel, J.A., Casado, A.B. (2000). XXXVII Symp. de la Sec. Esp. WPSA, Barcelona. 143-147.
- Ciria, J., Asenjo, B., Miguel, J.A., Acebedo, E., Andrés, C. (2001). IX Jornadas ITEA. Nº 22- Tomo II: 673-675.
- Delpech, P., Dumont, B.L., Nedfaoui, A. (1983). 6<sup>th</sup> Symp. of Quality of Poultry Meat. Ploufragan 21-26.
- Du, M., Ahn, D.U. (2002). Poultry Sci. 81, 428-433.
- García Martín, E., Cepero, R., Campo, M., Lafuente, R., Sañudo, C., Canti, M. (1995). XII European Symposium on the Quality of Poultry Meat. Zaragoza. pp. 207-217.
- Judge, M., Aberle, E., Forrest, J., Hedrich, H., Merkel, R. (1989). Principles of meat science. Dubuke (Iowa): Kendall & Hunt Publishing. Cap 6, pp. 125-133.
- MacDougall, D.B. Changes in the colour opacity of meat. (1982). Food Chem, 9(12) 75-88.
- Miguel, J.A.; B. Asenjo, B.; Ciria, J.; Francesch, A.; Calvo, J.L. (2007). Características sensoriales de la carne de pollos de raza Castellana Negra y de una F<sub>1</sub> resultante del cruce de gallos mejorados de raza Penedesenca Negra y de gallinas de raza Castellana Negra (CASPEN). Actas de las XII Jornadas sobre Producción Animal. En prensa.
- Qiao, M., Fletcher, D.L., Smith, D.P., Northcutt, J.K. (2002). Poultry Sci. 80, 676-680.
- Renerre, M. (1981). La couleur de la viande et sa mesure. Viandes et Produits Carnes 2, 10.
- Sánchez, B. (2001). Tesis Doctoral. Universidad de Santiago de Compostela.



## **CARACTERÍSTICAS SENSORIALES DE LA CARNE DE POLLOS DE RAZA CASTELLANA NEGRA Y DE UNA F<sub>1</sub> RESULTANTE DEL CRUCE DE GALLOS MEJORADOS DE RAZA PENEDESENCA NEGRA Y DE GALLINAS DE RAZA CASTELLANA NEGRA (CASPEN)**

J.A. Miguel<sup>1\*</sup>, B. Asenjo<sup>1</sup>, J. Ciria<sup>1</sup>, A. Francesch<sup>2</sup>, J.L. Calvo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Area de Producción Animal. E.U. de Ingenierías Agrarias de Soria. Universidad de Valladolid. Campus Universitario s/n. 42004 Soria. \*[jangel@agro.uva.es](mailto:jangel@agro.uva.es)

<sup>2</sup>Unidad de Genética Avícola del IRTA. Centro Mas Bove de Reus, Tarragona.

### **INTRODUCCIÓN**

El estudio de los caracteres sensoriales de cualquier alimento en general, o de la carne en particular, ha adquirido una especial relevancia, pudiendo tener una importancia prioritaria para cualquier estudio cuyo objetivo sea analizar la influencia de los factores de producción sobre la aceptabilidad de los consumidores. En este trabajo se comparan, a través de un panel de cata, las características sensoriales de dos tipos genéticos sacrificados a las 18 semanas (Castellana- 18 y CASPEN –18) y al mismo peso (Castellana-18 y CASPEN-12), en este caso, sacrificados a las 18 y a las 12 semanas de edad, respectivamente. Asimismo, se evalúa cómo varían dichas características con la edad en un mismo tipo genético (CASPEN-12 y CASPEN-18).

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

Los animales nacieron y fueron criados en cautividad en las instalaciones de la Unidad de Genética Avícola del IRTA en Reus (Tarragona). Se sacrificaron 12 animales de cada grupo, todos ellos elegidos al azar de entre la población en la que se encontraban. Para cada tipo de pollo se utilizaron 4 parques como repeticiones. La densidad a la que se criaron fue: 7 animales/m<sup>2</sup> durante las 4 primeras semanas de vida, 4 animales/m<sup>2</sup> de las 4 a las 12 semanas y 2 animales/m<sup>2</sup> de las 12 semanas hasta el sacrificio. La temperatura se mantuvo a 30°C con ayuda de pantallas de calor, durante las 2 primeras semanas de vida, y a partir de este momento, la iluminación y la ventilación fue natural a través de las ventanas de la nave. Los animales recibieron alimentación *ad libitum* en todo momento, utilizándose dos tipo de piensos: pienso de primera edad, desde el nacimiento hasta las 6 semanas de vida (3.181 kcal de EM/kg y 22,52% PB) y pienso de segunda edad, desde las 6 semanas hasta el sacrificio (3.292 kcal de EM/kg y 18,17% PB).

El análisis sensorial de la carne fue realizado por un panel de catadores entrenados del Centro Tecnológico de la Carne del IRTA. La preparación culinaria de las muestras y la organización de los test de degustación se realizó de acuerdo con las recomendaciones del Grupo de Trabajo nº 5 (Calidad de carne de ave) de la Federación Europea de la WPSA (1987). Se realizó análisis de carne de muslo en carne fresca y en carne cocida. Las muestras fueron preparadas en un grill de doble placa a 200 °C hasta alcanzar una temperatura de 85 °C en el centro geométrico de la muestra y una coloración marrón dorado de tono medio en la parte externa de la muestra. Los datos fueron analizados estadísticamente mediante un modelo lineal general de análisis de varianza con el programa informático SPSS versión 10.0 para Windows.

### **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

Los resultados obtenidos en carne fresca se presentan en la Tabla 1.

Tabla 1.- Media y error estándar residual (RMSE) de los atributos sensoriales evaluados en carne fresca (muslo) de pollos de Castellana-18, de CASPEN-18 y CASPEN-12.

	Castellana-18	CASPEN-18	CASPEN-12	RMSE
<b>Atributos visuales</b>				
Color blanco/amarillo de la piel	1,9 <sup>b</sup>	3,0 <sup>a</sup>	3,3 <sup>a</sup>	1,21
Color blanco/rosa de la piel	3,9 <sup>a</sup>	2,7 <sup>b</sup>	4,5 <sup>a</sup>	1,68
Color claro/oscurο de la carne	6,7 <sup>a</sup>	6,3 <sup>a</sup>	3,6 <sup>b</sup>	1,19
Uniformidad color carne	6,1 <sup>a</sup>	5,6 <sup>a</sup>	3,7 <sup>b</sup>	1,30
Color grasa interna	6,4 <sup>a</sup>	5,8 <sup>a</sup>	4,2 <sup>b</sup>	1,24
Conformación muslo	2,4 <sup>c</sup>	4,8 <sup>a</sup>	3,6 <sup>b</sup>	1,38
Cantidad plumas	1,2 <sup>b</sup>	2,6 <sup>a</sup>	1,9 <sup>ab</sup>	1,49
<b>Atributos de olor</b>				
Rancio	0,1	0,1	0,1	0,07
Carne cruda/pollo	4,7	4,6	4,0	1,10
Sangre/hígado/metálico	3,5 <sup>a</sup>	3,6 <sup>a</sup>	2,1 <sup>b</sup>	1,43

Letras diferentes en la misma fila indican diferencias significativas entre los tres grupos de animales ( $p \leq 0,1$ ).

La piel de los animales Castellana-18 presentó un color menos amarillento ( $p \leq 0,1$ ) que los del cruce, independientemente de la edad de sacrificio, y un color más rosáceo ( $p \leq 0,1$ ) que los del tipo CASPEN-18 pero sin diferencias con los del tipo CASPEN-12. Los de Castellana-18 y del tipo CASPEN-18 presentaron un color de carne más oscuro y más uniforme ( $p \leq 0,1$ ) y un color de la grasa interna más intenso ( $p \leq 0,1$ ) que los del tipo CASPEN-12. La mejor conformación del muslo se observó en los tipo CASPEN-18 ( $p \leq 0,1$ ), disminuyendo cuando se sacrifican antes (CASPEN-12) y más todavía al tratarse de la Castellana-18. En los tipos CASPEN-18 aparecieron más plumas ( $p \leq 0,1$ ) que en los Castellana-18, no habiendo diferencias en los tipo CASPEN-12 con los otros dos grupos. Respecto a los atributos de olor estudiados, solo se observaron diferencias en el olor a sangre/hígado/metálico, siendo mayor en los tipo CASPEN-18 y en los de Castellana-18 que en los CASPEN-12 ( $p \leq 0,1$ ). Los atributos visuales están en la línea de los encontrados por Escoda (2004) trabajando con tipos mejorados adultos (18 semanas) y jóvenes (12 semanas) de las razas catalanas Penedesenca Negra y Prat Leonada, aunque respecto a los atributos de olor, obtuvo un menor valor para el olor a carne cruda y mayor para el olor a sangre/vísceras, que en el presente estudio.

Los resultados de los atributos de olor, flavor y de textura oral en la carne cocida de muslo, se muestran en la Tabla 2. Se observa que no aparecen diferencias en los atributos de olor. En cuanto al flavor, fue más intenso ( $p \leq 0,1$ ) el metálico en los animales adultos (Castellana-18 y CASPEN-18) que en los CASPEN-12, siendo más intenso ( $p \leq 0,1$ ) el cacahuete/avellana en el CASPEN joven que en el adulto, sin haber diferencias con el de Castellana-18. Tampoco se vieron diferencias entre los dos tipos genéticos sacrificados a la misma edad en este atributo. Respecto a los atributos de textura oral, se observó que la carne de muslo de Castellana-18 y de tipo CASPEN-18 fue menos tierna y menos pastosa que la de CASPEN-12 ( $p \leq 0,1$ ).

La carne menos fibrosa fue la del tipo CASPEN-12, no habiendo diferencias con el tipo CASPEN-18 pero sí con los de Castellana-18. No se encontraron diferencias entre los animales de raza Castellana Negra y los de tipo CASPEN a la misma edad (18 semanas). En diferentes estudios sobre pollo Label se ha apreciado que su carne posee un aroma y sabor más intensos que la del pollo Broiler, aunque su jugosidad y su terneza se juzgan algo inferiores, siendo las diferencias más intensas en la carne del muslo que la de la pechuga (Dunn *et al.*, 1993; Cepero *et al.*, 1994; Farmer *et al.*, 1997). Cepero *et al.*, (1994) comparando la carne de pollos Label con la de Broiler, encontraron que la pechuga de los primeros era más dura pero con más aroma que la segunda y en el muslo, además de estas

diferencias también se encontraba una mayor jugosidad e intensidad de sabor en los Label. García Martín *et al.*, (1995) comparando carne de Label en libertad y en cautividad encontraron mayor intensidad del flavor en los animales en cautividad, aunque no observaron diferencias en otros caracteres como la jugosidad ni la apreciación global.

Tabla 2.- Media y error estándar residual (RMSE) de los atributos sensoriales evaluados en *carne cocida (muslo)* de pollos de Castellana-18, de CASPEN-18 y CASPEN-12.

	Castellana-18	CASPEN-18	CASPEN-12	RMSE
<b>Atributos de olor</b>				
Rancio	0,8	1,5	1,3	1,29
Corteza de cerdo	4,5	3,9	4,5	1,49
Cacahuete/avellana	1,7	1,1	1,5	1,28
Tostado	4,1	4,3	4,0	1,41
<b>Atributos de flavor</b>				
Rancio	0,3	0,2	0,1	0,33
Metálico	3,1 <sup>a</sup>	4,1 <sup>a</sup>	1,7 <sup>b</sup>	1,62
Cacahuete/avellana	0,9 <sup>ab</sup>	0,4 <sup>b</sup>	1,1 <sup>a</sup>	0,74
Sabor pollo	4,2	3,4	3,9	1,34
Corteza	0,6	0,3	0,3	0,60
<b>Atributos de textura oral</b>				
Jugosidad inicial	4,1	4,8	4,8	1,47
Terneza	4,6 <sup>b</sup>	4,7 <sup>b</sup>	6,2 <sup>a</sup>	2,04
Pastosidad	2,3 <sup>b</sup>	2,4 <sup>b</sup>	3,8 <sup>a</sup>	1,52
Fibrosidad	4,3 <sup>a</sup>	3,9 <sup>ab</sup>	2,7 <sup>b</sup>	1,79
Jugosidad final	3,3	4,0	3,9	1,46
Adhesión	2,4	2,7	2,9	1,15

Letras diferentes en la misma fila indican diferencias significativas entre los tres grupos de animales ( $p \leq 0,1$ ).

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Cepero, R.; Rubio, J.; Tarazona, J.; Álava, A.; Gutiérrez, M.A.; Santolaria, P.; Sañudo, C. (1994). XXXI Symposium de la Sección Española de la WPSA. Pamplona. pp. 165-175.
- Dunn, A.A.; Kilpatrick, D.J.; Gault, F.S. (1993). *British Poultry Science* 34, 663-675.
- Escoda, L. (2004). Tesis Doctoral. Universidad de Barcelona.
- Farmer, L.J.; Perry, G.C.; Lewis, P.D.; Nute, G.R.; Piggott, J.R.; Patterson, R.L.S. (1997). *Meat Science* 47 (1), 77-93.
- García Martín, E.; Cepero, R.; Campo, M.; Lafuente, R.; Sañudo, C.; Canti, M. (1995). XII European Symposium on the Quality of Poultry Meat. Zaragoza. pp. 207-217.
- WPSA. (1987). Working Group nº5. Mead, G.C. Recommendation for a standardized method of sensory analysis for broilers. *World's Poultry Science Journal* 43, 64-68.

## **ANÁLISIS DIFERENCIAL ENTRE EL HUEVO DE *COTURNIX C. COTURNIX* Y SUS HÍBRIDOS CON *COTURNIX JAPONICA***

Caballero de la Calle, J.R.<sup>1\*</sup>, Peña, J. C.<sup>2</sup>, Calle, M.I.<sup>1</sup>, Caballero, J.V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> E.U. de Ingeniería Técnica Agrícola. UCLM. Ronda de Calatrava 5. 13071 Ciudad Real

\*JoseRamon.Caballero@uclm.es

<sup>2</sup> Excma. Diputación Provincial de Ciudad Real

### **INTRODUCCIÓN**

El elevado grado de dificultad de la crianza de la codorniz europea (*Coturnix c. coturnix*), en cautividad, provoca que en muchas granjas cinegéticas de producción se utilice como base reproductiva las hembras de codorniz japonesa (*Coturnix japonica*) más adaptada a los sistemas intensivos de producción y con mejor capacidad de puesta. Se busca el cruzamiento de ambos tipos de codorniz para conseguir, por un lado, la capacidad de puesta de la japonesa y, por otro, la rusticidad, vigorosidad, capacidad de vuelo y plumaje de la europea (Caballero de la Calle y Peña, 1997). Esta modalidad productiva es claramente perjudicial para las poblaciones autóctonas de la especie, por lo que en las granjas se deben seleccionar los reproductores de mayor pureza genética de *Coturnix c. coturnix* y desechar todos aquellos que sean sospechosos de no serlo. La dificultad de diferenciar morfológicamente las reproductoras nos lleva a realizar un análisis de la puesta de la codorniz europea y la producida por animales híbridos de ésta con la codorniz japonesa.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

Este trabajo forma parte del proyecto de investigación PA106-0146-3392 de la Consejería de Educación y Ciencia de JCCM y se desarrolla en las instalaciones de la granja cinegética de la finca Dehesa de la Galiana, sita en el término municipal de Ciudad Real y perteneciente a la Universidad de Castilla-La Mancha. Partimos de un plantel de 40 reproductoras de las cuales 10 son codornices europeas (*Coturnix c. coturnix*), otras 10 son codornices japonesas (*Coturnix japonica*), otras 10 son hembras cruzadas (F1) de europea y japonesa y el resto aves cruzadas (F2) de F1 con codorniz europea. Las aves son distribuidas en jaulas que contienen 2 hembras y un macho. De tal forma que disponemos de cinco jaulas para cada tipo de animal. Seguimos las pautas de manejo y producción de una granja cinegética de codorniz. Los animales entran en reproducción en el mes de marzo y se les hace un seguimiento hasta el mes de junio, es decir de 16 semanas. Utilizando el método de Caballero de la Calle *et al.* (1997) se recogen diariamente los huevos producidos y se marcan, para luego ser individualmente pesados y medidos en longitud y anchura para calcular su índice de forma fijándose de esta manera sus características medias. Para determinar la curva de puesta de cada tipo de reproductora se controlan el nº de huevos semanal, el nº de huevos total y el nº medio de huevos /jaula. Se analizan las diferencias en la curva de puesta y en las características del huevo producido entre los tipos de hembras en estudio mediante el programa estadístico SPSS 14.0.

### **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

La producción media para la codorniz europea durante el periodo en estudio fue de  $698,15 \pm 24,72$  huevos. Las dificultades de manejo de la especie salvaje se reflejan en su puesta (Dalmau, 1994). Se debe destacar la gran producción de la codorniz japonesa que supera en más del 45% a los resultados de la cinegética. La producción media de huevos por hembra de codorniz europea en este periodo de puesta es de  $70,68 \pm 4,51$  huevos, habiendo diferencias significativas entre los grupos en estudio. Para todos los tipos de hembras los resultados de puesta aparecen en el Cuadro 1.

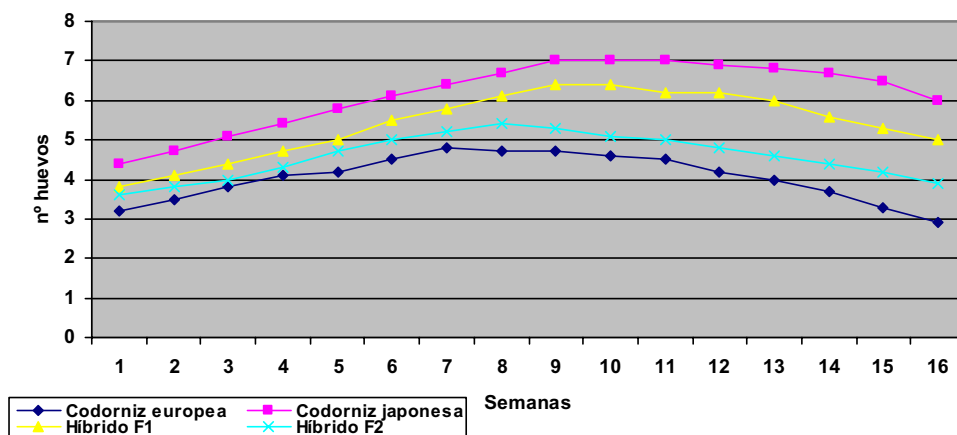
Cuadro 1. Producción media de huevos según el tipo de codorniz

Año	Nº de animales	Nº de huevos/año	Nº de huevos/hembra
Codorniz europea	10	698,15±24,72 <sup>a</sup>	70,68 ± 4,51 <sup>a</sup>
Codorniz japonesa	10	958,22±14,92 <sup>b</sup>	92,25 ± 4,53 <sup>b</sup>
Híbrido F1	10	878,15±42,86 <sup>c</sup>	86,16 ± 6,38 <sup>c</sup>
Híbrido F2	10	783,42±37,15 <sup>d</sup>	76,74 ±4,20 <sup>c</sup>

Valores con superíndices distintos denotan diferencias significativas (P< 0,01)

En el caso de la codorniz europea nos encontramos dentro de valores considerados como normales para la especie cinegética y que no tienen nada que ver con las producciones de la codorniz japonesa o sus híbridos (González *et al.*, 1995). El número medio de huevos por hembra y semana en el caso de la codorniz europea se cifra en 4,63±0,26 huevos, resultados similares a los encontrados para la especie por Lucotte (1980). Existen variaciones muy similares a lo largo del ciclo de producción para todos los tipos de codorniz del estudio. El máximo productivo se produce tras los 40-45 días de puesta y se mantiene por encima de los 4 huevos/semana hasta el final del tercer mes de puesta. El Gráfico 1 muestra la evolución de las cifras medias semanales de puesta (huevos/hembra) de los cuatro tipos de codornices de la granja.

Gráfico 1. Número de huevos medio por codorniz y semana.



Si analizamos la curva de puesta del estudio observamos que adquiere siempre una forma de campana de Gauss. En el caso de la codorniz japonesa se observa una rápida optimización de la puesta con niveles máximos de número de huevos/semana más elevados que en la codorniz europea y con una fase de meseta de casi tres semanas, lo que da lugar a series de puesta muy largas (Blanco, 1995).

La producción de huevos para los animales cruzados son más bajas aunque siempre por encima de la codorniz cinegética. En la *Coturnix japonica* y en los híbridos el ciclo productivo puede ser de mayor duración, aunque para realizar este estudio el periodo considerado viene marcado como ya hemos indicado al sistema de explotación de una granja de codorniz cinegética.

Con respecto a las características de los huevos producidos diremos que su aspecto exterior es muy similar y que corresponde al esperado para la codorniz independientemente del tipo a tratar (Pérez, 1981). Tampoco encontramos diferencias significativas entre grupos al clasificar los huevos producidos por su índice de forma, siendo más abundantes los huevos con índice de forma entre el 76 y el 79%. El Cuadro 2 refleja la distribución general del índice de forma de los huevos para todos los grupos.

Cuadro 2. Porcentaje de huevos producidos según su índice de forma

TIPO	Nº HUEVOS	ÍNDICE DE FORMA (%)		
		< 76	76-79	>79
Codorniz europea	350	6,57 %	85,28 %	8,15 %
Codorniz japonesa		5,52 %	87,63 %	6,85%
Hibrido F1		7,15 %	84,14 %	8,71 %
Hibrido F2		6,23 %	86,85 %	6,92 %

El peso medio de los huevos de la codorniz europea fue de  $9,34 \pm 0,14$  g, similares a los encontrados por Puigcerver y Rodríguez Tejeiro (1995) para la especie y el de la codorniz japonesa fue de  $13,76 \pm 0,27$  g. Para el resto de los tipos de codorniz estudiados los resultados son intermedios aunque siempre más elevados que los obtenidos para la codorniz cinagética. Se observan diferencias significativas entre grupos. Hay que considerar la tendencia de los huevos híbridos de segunda generación (F2) hacia los pesos de la europea (Cuadro 3).

Cuadro 3. Peso medio de los huevos producidos según su tipo

TIPO	Nº HUEVOS	PESO (g.)
Codorniz europea	350	$9,34 \pm 0,14^a$
Codorniz japonesa		$13,76 \pm 0,27^b$
Hibrido F1		$11,76 \pm 0,57^c$
Hibrido F2		$10,18 \pm 0,34^{ca}$

Valores con superíndices distintos denotan diferencias significativas ( $P < 0,01$ )

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Blanco, P.J. (1995). Explotación de la codorniz. En Zootecnia: Bases de la Producción Animal. Tomo V. Capítulo XVIII. Ed. Mundi-Prensa. Madrid.
- Caballero de la Calle, J.R., Peña, J.C. (1997). La explotación cinagética de la codorniz. En Zootecnia: Bases de la Producción Animal. Tomo XII. Ed. Mundi-Prensa. Madrid.
- Caballero de la Calle, J.R., Buxadé, C., Peña, J.C. (1997) Incidencia de la forma y el peso del huevo de codorniz y su temperatura de conservación sobre los resultados de fertilidad. ITEA. Vol. Extra 18 N.º 2 (487-489).
- Dalmau, A. (1994). Manual de la codorniz. Cría industrial y para la caza. Ed. Dilagro. Lleida.
- González, M., Blanco, P., Daza, A. (1995). Producción de huevos en la codorniz (*Coturnix c. Japonica*). ITEA Vol. Extra nº 16 (1, 159-161).
- Lucotte, G. (1980). La codorniz. Cría y explotación. Ed. Mundi-Prensa. Madrid.
- Pérez, F. (1981). La codorniz. Ed. Científico-Médica. Barcelona.
- Puigcerver, M., Rodríguez Tejeiro, J.D. (1995). Reproducción y crecimiento de la codorniz. Trofeo nº 324. Madrid

## ANÁLISIS DE LA MORFOLOGÍA DEL POLLITO DE CODORNIZ EUROPEA Y SUS HÍBRIDOS DE CODORNIZ JAPONESA

Caballero de la Calle, J.R.<sup>1</sup>, Peña, J.C.<sup>2</sup>, Calle, M.I.<sup>1</sup>, Caballero, J.V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> E.U. de Ingeniería Técnica Agrícola. UCLM. Ronda de Calatrava 5. 13071 Ciudad Real

\*JoseRamon.Caballero@uclm.es

<sup>2</sup> Excma. Diputación Provincial de Ciudad Real

### INTRODUCCIÓN

En Francia, Italia o Grecia la suelta sin criterio de animales híbridos o japoneses es habitual desde hace más de 25 años. La Generalitat de Cataluña declaró en el año 1996 la liberación de casi cien mil codornices de dudoso origen genético. En otras comunidades autónomas es también habitual ésta práctica, pese al silencio oficial de las mismas, con el agravante de poseer legislaciones autónomas que impiden la crianza de codornices diferentes a la *Coturnix c. coturnix*. Los híbridos presentan características intermedias, aunque en sucesivas generaciones son casi indistinguibles con la codorniz europea tanto en sus caracteres externos, como en el canto. Sin embargo, son animales más sedentarios y que han perdido parte de su capacidad de vuelo. De todas formas hay que hacer notar que antiguamente la codorniz japonesa se había considerado como una subespecie de la *Coturnix coturnix*. La distinción de los híbridos de codorniz después de sucesivas generaciones, sólo es posible mediante la búsqueda de las diferencias genéticas que nos da el análisis del ADN y que permite identificar las similitudes con el ADN de la *Coturnix japonica*.

Este trabajo surge como consecuencia de la preocupación por el tipo de animal que se produce en la granja y se suelta al campo (Rodríguez Tejeiro y Puigcerver, 1993), por la opacidad en cuanto a la genética del animal que se produce en cautividad y por la dificultad de clasificar genéticamente los animales a producir. El objetivo de nuestro es establecer la evolución del crecimiento de la codorniz cinegética y las diferencias entre las aves híbridadas con codorniz japonesa en la fase de crianza.

### MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio se realiza en las instalaciones de la granja cinegética de la finca Dehesa de la Galiana, sita en el término municipal de Ciudad Real y perteneciente a la Universidad de Castilla-La Mancha. Este trabajo forma parte del proyecto de investigación PA106-0146-3392 de la Consejería de Educación y Ciencia de la JCCM. Para realizar esta experiencia utilizamos una población de 600 pollitos de codorniz nacidos en primavera (meses de abril y mayo) que corresponde al periodo medio de puesta de las aves. El 25% son de codorniz europea (*Coturnix c. coturnix*), otro 25% son de codorniz japonesa (*Coturnix japonica*) y el resto a partes iguales son pollitos de codorniz cruzada (F1) de europea y japonesa y pollitos cruzados (F2) de F1 con codorniz europea. Los cruzamientos se hacen bajo el modelo expuesto por Caballero de la Calle y Peña (1997) para granjas cinegéticas de producción de codorniz.

El sistema de crianza de las codornices es el propio para instalaciones cinegéticas. Se mantienen los animales en el suelo de hormigón con cama de paja durante todo el proceso (Dalmau, 1994). Los animales son alimentados *ad libitum* con un pienso de cría en harina para codornices dispuestos en bandejas en el suelo. Se controla el crecimiento de estos animales desde el nacimiento hasta los 30 días de edad. En todos los animales desde su nacimiento hasta el mes de edad, se efectúan las medidas del peso y se calcula el índice craneal (relación entre la anchura y la longitud de la cabeza), siguiendo las indicaciones de Caballero de la Calle *et al.* (1999). Se determina el crecimiento parcial a las 2 semanas de

edad y general (4 semanas) de los animales en la fase de cría y se analizan las diferencias entre los tipos de animales producidos mediante el programa estadístico SPSS 14.0.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El peso medio al nacimiento de los pollitos de codorniz europea fue  $6,85 \pm 0,25$  g, resultados que están dentro de la esperado en este tipo de ave criada en cautividad y que están en concordancia con los obtenidos regularmente en la granja y con los facilitados por Pérez (1974). El peso final de los animales puros de codorniz cinegética fue de  $75,16 \pm 7,35$  g, similares a los obtenidos por Earls (2000), aunque claramente inferiores a los obtenidos para la codorniz japonesa, ya que esta última es un ave especializado en la producción de carne. Los pesos obtenidos en los individuos de la primera generación (F1) son intermedios a los producidos por las aves puras, mientras que en la F2 observamos un cierto acercamiento a la tipología europea. Los resultados del peso al nacimiento y hasta las cuatro semanas de edad de todos los tipos de animales se reflejan en el cuadro 1.

Cuadro 1. Peso medio (g) de los pollitos

	Nacimiento	15 días	30 días
Codorniz europea	$6,85 \pm 0,25^a$	$37,08 \pm 5,37^a$	$75,16 \pm 7,35^a$
Codorniz japonesa	$9,89 \pm 0,68^b$	$53,91 \pm 6,21^b$	$108,24 \pm 8,63^b$
Hibrido F1	$8,21 \pm 6,71^c$	$44,38 \pm 4,68^{cb}$	$94,42 \pm 6,25^{cb}$
Hibrido F2	$7,22 \pm 0,37^{ac}$	$40,60 \pm 5,01^{ca}$	$89,72 \pm 6,52^c$

Valores con superíndices distintos denotan diferencias significativas ( $P < 0,01$ )

La ganancia media diaria en la codorniz europea desde el nacimiento hasta los 30 días fue de  $2,85 \pm 0,65$  g, que es la adecuada para el sistema de producción. Sin embargo en el caso de la codorniz japonesa, la ganancia media diaria es bastante menor de la esperada debido a que el sistema tradicional de engorde de esta ave es en jaula (Fouzder *et al.*, 1999). Se observa que en el caso de animales hibridados con japonesa las ganancias medias diarias se mejoran significativamente con respecto a la europea (Cuadro 2).

Cuadro 2. Ganancia media semanal (g) de los pollitos

	0-15 días	15-30 días
Codorniz europea	$1,96 \pm 0,31^a$	$2,54 \pm 0,35^a$
Codorniz japonesa	$3,33 \pm 0,48^b$	$3,67 \pm 0,24^b$
Hibrido F1	$2,61 \pm 0,13^c$	$3,34 \pm 0,17^{bc}$
Hibrido F2	$2,24 \pm 0,54^{ac}$	$3,13 \pm 0,42^{ac}$

Valores con superíndices distintos denotan diferencias significativas ( $P < 0,01$ )

El índice craneal de la codorniz europea al nacimiento fue de  $76,85 \pm 4,47$  g y a los 30 días era de  $63,15 \pm 3,97$  g. Esta reducción se debe a que el ave va adquiriendo un tamaño proporcional en el desarrollo de su organismo (Hammond, 1966). Esta evolución se observa en todos los tipos estudiados. Sin embargo observamos que el índice craneal de la codorniz japonesa es mayor que en la europea y esto se debe a que en esta última existe una mayor estilización de la cabeza. En cuanto al valor comparativo del índice craneal en los híbridos observamos una cierta semejanza con lo ocurrido en el peso. En el Cuadro 3 podemos ver los valores de índice craneal de los grupos.



Cuadro 3. Índice craneal de los pollitos

	Nacimiento	30 días
Codorniz europea	76,85±6,25 <sup>a</sup>	63,15±3,97 <sup>a</sup>
Codorniz japonesa	81,15±5,27 <sup>b</sup>	69,85±4,04 <sup>b</sup>
Híbrido F1	79,32±3,24 <sup>cb</sup>	67,54±6,21 <sup>cb</sup>
Híbrido F2	78,82±3,54 <sup>ac</sup>	65,25±4,23 <sup>ac</sup>

Valores con superíndices distintos denota diferencias significativas (P< 0,05)

Observamos que existen diferencias significativas entre los diferentes tipos de animales. Estas son más marcadas entre las codornices europeas y japonesas y tienden a ser menores entre las primeras y los híbridos de segunda generación. Minville *et al.* (1999) observaron cómo se pueden generar individuos recesivos de codorniz japonesa especializada en la producción de carne, los cuales recuperan su coloración original y disminuyen de una forma muy apreciable en su capacidad de crecimiento, calidad de su canal.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Caballero de la Calle, J.R., Peña, J.C. (1997). La explotación cinegética de la codorniz. En Zootecnia: Bases de la Producción Animal. Tomo XII. Ed. Mundi-Prensa. Madrid.
- Caballero de la Calle, J.R., Peña, J.C., Carrión, E. (1999). Estudio de la evolución del desarrollo y preparación para la suelta de la codorniz cinegética explotada en cautividad. ITEA. Vol. Extra 20 N.º 2 (726-728).
- Dalmau, A. (1994). Manual de la codorniz. Cría industrial y para la caza. Ed. Dilagro. Lleida.
- Earls, K.D. (2000). Kinematics and mechanics of ground take-off in the starling *Sturnis vulgaris* and the quail *Coturnix coturnix*. Journal of Experimental Biology. 203(4),725-739, 2000 Feb.
- Fouzder, SK., Ali, ML., Howlider, M.A.R., Khan, N.R.M.Z. (1999). Performance of growing Japanese quails in cages, on slatted floor and on littered floor. Indian Journal of Animal Sciences. 69(12),1059-1062.
- Hammond, J. (1966). Principios de la explotación animal. Reproducción, crecimiento y herencia. Acribia. Zaragoza.
- Minvielle F., Hirigoyen, E., Boulay M. (1999). Associated effects of the roux plumage color mutation on growth, carcass traits, egg production, and reproduction of Japanese quail. Poultry Science 78(11),1479-1484.
- Pérez, F. (1974). Coturnicultura. Ed. Científico-Médica. 2ª Edición. Barcelona.
- Rodríguez Tejeiro, J.A., Puigcerver, M. (1993). Codornices japonesas en nuestros campos. Revista Trofeo. N° 277 pp. 48-52 .Madrid.

## EFFECTO DE LA CONSERVACIÓN SOBRE LA CALIDAD DE CARNE DE PINTADAS

López Parra, M.M.<sup>1\*</sup>, García Torres, S.<sup>1</sup>, Blanco Martín, M.T.<sup>1</sup>, Osorio Membrillo, C.<sup>1</sup>, Sanabria Tienza, C.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Centro de Investigación "Finca La Orden-Valdesequera". Junta de Extremadura. 06187 Guadajira, Badajoz. \*[montana.lopez@juntaextremadura.net](mailto:montana.lopez@juntaextremadura.net)

<sup>2</sup>Instituto Tecnológico Agroalimentario. Crta San Vicente s/n Finca "Santa Engracia". Apartado 2010, Badajoz.

### INTRODUCCIÓN

La principal consecuencia de la aplicación de las bajas temperaturas a la conservación de la carne, aunque no la única, es la disminución o incluso detención de toda actividad microbiana. La congelación retrasa el deterioro de los alimentos y prolonga su vida útil, evitando el desarrollo de microorganismos y ralentizando su actividad enzimática, aumentando con ello el periodo de vida útil del producto y mejorando el manejo, distribución y comercialización de estas carnes, pero estas ventajas pueden ir en detrimento de otros factores de calidad. El objetivo de este trabajo ha sido conocer el efecto que la congelación ha ejercido sobre la carne de pintadas, mediante la determinación de parámetros relacionados con la calidad, al compararlos con canales estudiadas en fresco.

### MATERIAL Y MÉTODOS

La producción de las pintadas se llevó a cabo en la finca Valdesequera (Badajoz). Se dispusieron de lotes de pintadones en régimen extensivo (en locales abiertos con parque y alimentación a base de pienso más la alimentación disponible de forma natural). El sacrificio se realizó a un peso aproximado de 2 Kg. Para realizar el estudio se tomaron un total de 23 canales, divididas en dos lotes en función del tratamiento de conservación. Un primer lote, formado por 8 canales, se mantuvo congelado desde el momento del sacrificio y durante un periodo de 40 días a -20°C. Transcurrido este periodo se mantuvieron en refrigeración en frigorífico durante 24 horas, tras las cuales fueron analizadas. El otro lote, formado por 15 canales, inmediatamente tras el sacrificio, se mantuvo en refrigeración durante 24 horas, para posteriormente realizar su estudio.

Todas las determinaciones se realizaron en la pechuga y en el contramuslo. Se tomaron las medidas de los parámetros colorimétricos: luminosidad (L\*), índice de rojo (a\*) e índice de amarillo (b\*), utilizando un colorímetro Minolta CR-200 (CIE, 1976), en la piel y en la musculatura. Se determinaron los pigmentos hemínicos (Hornsey, 1956), pH, capacidad de retención de agua de la carne (CRA), mediante presión (Grau y Hamm, 1953), así como las pérdidas por cocinado, contenido en materia seca (ISO R-1442), cenizas (ISO R-936), proteínas (ISO R-937) y grasa bruta (Bligh y Dyer, 1959). En el análisis estadístico se utilizó el procedimiento GLM tomando como variable independiente el tipo de conservación, tanto en la pechuga como en el contramuslo. El programa utilizado fue el SAS (1998).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Al analizar los datos observamos que, a nivel de pechuga (Tabla 1), la composición química ha puesto de manifiesto la ausencia de variaciones significativas entre los dos tipos de conservación en cuanto a la materia seca y porcentaje de grasa bruta, no así en cuanto al porcentaje de proteínas, que puede ver su valor incrementado en las canales congeladas como consecuencia de las pérdidas de exudado que tienen lugar durante la descongelación. Por otra parte, el mantenimiento en congelación, aunque cabría esperar que las carnes fueran más pardas como consecuencia de una cierta deshidratación superficial, no ha manifestado efectos sobre la coloración de la piel, así como sobre el color de la musculatura que permanece inalterable. Estos valores son contrarios a los hallados en ganado vacuno

por Viera *et al.* (2005), aunque. Igualmente el contenido en pigmentos hemínicos no muestra diferencias significativas, estando estos valores dentro de los rangos de normalidad para estas carnes (López Parra *et al.*, 2005). Las carnes que han sido sometidas a congelación han visto su CRA reducida, aproximadamente en un 30%, en comparación con las carnes mantenidas en refrigeración. Esta reducción se puede deber a la acción que la formación de hielo supone sobre la rotura del tejido muscular (Jalang *et al.*, 1987) durante la congelación inicial, almacenamiento y descongelación posterior. La cantidad de cenizas es menor en la carne congelada, posiblemente por las pérdidas de minerales en el exudado al descongelarlas, mientras que el pH muestra un valor medio superior en las carnes sometidas a congelación.

A nivel de contramuslo (Tabla 2), la composición química puso de manifiesto la ausencia de variaciones significativas entre los dos tipos de conservación, salvo en la cantidad de proteínas, observándose la misma tendencia que la indicada en la pechuga. Las diferencias en la coloración de la piel se manifiestan en el índice de amarillo (b\*), con mayores niveles para las canales mantenidas en congelación. A nivel de musculatura las carnes frescas presentan mayores índices de rojo al igual que encontró Alcalde (1995) al comparar canales ovinas refrigeradas y congeladas indicando, como causa, el posible deterioro del color de la carne congelada como señala Moore (1990). Igualmente los índices de amarillo se ven aumentados, mientras que el contenido en pigmentos es superior en las carnes congeladas, observándose la misma tendencia en la pechuga aunque sin resultar significativa, lo cual está en desacuerdo con Hamdaoui *et al.*, 1992, quienes señalan en rumiantes que la cantidad de hierro tanto hemínico como no hemínico no se ve afectada por la congelación. La CRA muestra tendencia similar a la encontrada en la pechuga, aunque no ha llegado a resultar significativa. En la determinación del pH, al igual que ocurría en la pechuga, los mayores valores se corresponden con las carnes congeladas.

Las pérdidas por cocinado son superiores en las muestras congeladas, mientras que el contenido en grasa como cabría esperar, no se ha visto modificado ni en pechuga ni en contramuslo.

Podemos concluir que el mantenimiento en congelación ha mostrado más variaciones estadísticamente significativas en los análisis realizados sobre las muestras de contramuslo frente a las de pechuga, probablemente debido al diferente número y naturaleza de los músculos implicados en cada pieza.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos del Plan Regional de Investigación (PDT05B010) y Consejería de Infraestructuras y Desarrollo Tecnológico (SIDT-550) y cofinanciado con fondos FEDER.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alcalde Aldea, M.J. (1995). Calidad de la carne en canales ovinas ligeras españolas y de importación. Tesis Doctoral. Universidad de Zaragoza. 415 pp.
- Bligh, E.G., Dyer, W.J. (1959). A rapid method of total lipid extraction and purification. *Can. J. Biochem. And Phys.* 37, 911-917.
- CIE. (1976). 2 nd Edition Viena. Austria Bureau Central de la CIE. Publication 15.
- Grau, R., Hamm, R. (1957). Ueber das Wasserbindungsvermögen des Saugtiermuskels. II. Mitt. Ueber die Bestimmung der Wasserbindung des muskels. *Z. Lebensm.-Unters.-Forsch.* 105:446.
- Handaoui, M., Esseghaier, C., Hédhili, A., Doghri, T. (1992). Effects of cooking and freezing on haem and non-haem iron concentrations in beef. *Sci. Aliments* 12, 3:579.
- Hornsey, H.C. 1956. The colour of cooked cured pork. I. Estimation of nitric oxide-haem pigments. *J. Sci. Food. Agric.* 7, 534.
- ISO R-936. Meat and meat products. Determination of ash.

ISO R-937. Meat and meat products. Determination of nitrogen content.

ISO R-1442. Meat and meat products. Determination of moisture.

Jalang, J.W., Saul, G.L., Lawrie, R.A. (1987). Observations on muscle press juice from bovine, ovine and porcine muscles. *Meat Sci.* 21, 73.

López Parra, M.M., García Torres, S., Tejerina Barrado, D., Blanco Martín, T., del Moral, J. (2005). Avances de resultados sobre la calidad de la carne de pintadas en Extremadura. *AIDA, Zaragoza. ITEA 26(II)*, 816-818.

Moore, V. (1990). Thawing of lamb loin chops in air and CO<sub>2</sub>. Effect on colour and drip. *Meat Sci.* 28, 9.

SAS. (1998). User's Guide, Release 6.12. SAS Institute Inc. Cary, NC, EEUU.

Vieira, C., Martínez, B., Díaz, M.T., García Cachán, M.D. (2005). Efecto del periodo y temperatura de conservación en congelación y la maduración previa sobre la calidad de la carne de vacuno. *AIDA, Zaragoza. ITEA 26(II)*, 706-708.

Tabla 1. Parámetros de calidad en pechuga.

		CONGELADA	FRESCA	SIGNIFICACIÓN
COLOR PIEL	L*	62.35±5.15	59.99±2.78	ns
	a*	2.84±1.29	3.63±1.96	ns
	b*	9.68±4.91	7.23±3.45	ns
COLOR MUSCULATURA	L*	54.01±3.04	53.83±2.80	ns
	a*	6.33±1.34	7.16±0.84	ns
	b*	5.80±1.66	6.10±1.75	ns
mg mioglobina/gr músculo		1.18±0.29	0.97±0.23	ns
μ hematina/gr músculo		46.03±11.28	37.76±9.01	ns
pH		5.85±0.21	5.64±0.07	**
Pérdidas por cocinado (%)		14.05±2.71	13.60±2.40	ns
C.R.A. (%)		13.54±3.19	19.53±2.82	***
Materia Seca (%)		26.76±0.57	25.32±4.92	ns
Cenizas (%)		1.04±0.07	1.45±0.26	***
Grasa (%)		0.98±0.12	0.95±0.24	ns
Proteínas (%)		25.75±0.38	24.27±1.32	**

Tabla 2. Parámetros de calidad en muslo.

		CONGELADA	FRESCA	SIGNIFICACIÓN
COLOR PIEL	L*	62.15±5.47	58.89±2.75	ns
	a*	6.94±1.99	5.88±1.24	ns
	b*	11.90±4.05	2.66±1.69	***
COLOR MUSCULATURA	L*	42.29±3.87	44.21±2.20	ns
	a*	9.16±1.79	20.08±2.18	***
	b*	-0.26±1.26	6.82±1.72	***
mg mioglobina/gr músculo		3.39±0.73	2.92±0.34	*
μ hematina/gr músculo		131.75±28.27	113.59±13.30	*
pH		6.07±0.26	5.83±0.09	**
Pérdidas por cocinado (%)		18.45±3.80	23.81±3.09	**
C.R.A. (%)		12.57±4.06	13.86±1.99	ns
Materia Seca (%)		28.85±0.90	27.40±1.84	ns
Cenizas (%)		1.14±0.16	1.21±0.07	ns
Grasa (%)		2.47±0.35	2.13±0.46	ns
Proteínas (%)		24.35±0.66	20.73±0.61	***

## EFFECTO DEL PESO Y DEL SEXO SOBRE EL PERFIL DE ÁCIDOS GRASOS DE LA CARNE DE CONEJO

Carrilho, M.C., Campo, M.M., López, M.\*  
Departamento de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos. Universidad de Zaragoza. Miguel Servet, 177; 50013. Zaragoza. \*marina@unizar.es

### INTRODUCCIÓN

El perfil de ácidos grasos en la carne de conejo se ha determinado en función de la dieta (Fernández-Carmona *et al.*, 2000), de la selección por velocidad de crecimiento (Ramírez *et al.*, 2005) y muy recientemente del sexo y de la edad, aunque estudiando únicamente edades de sacrificio del mercado centroeuropeo (93 y 105 días) (Polak *et al.*, 2006). El hecho de que los ácidos grasos presentes en los tejidos puedan ser un reflejo de los contenidos en el pienso nos sugiere que su perfil en la grasa intramuscular podría variar durante el cebo, puesto que los gazapos hasta el destete consumen leche de su madre y sólo pequeñas cantidades de pienso, mientras que durante la fase de cebo la alimentación se basa en piensos con elevado contenido en alfalfa y cereales y, consecuentemente, con alto nivel de insaturación. Así, el objetivo de este trabajo es estudiar la evolución del perfil de ácidos grasos en carne de conejo de ambos sexos desde el destete hasta el sacrificio a 2 kg y 2,25 kg (peso comercial de España y Francia, respectivamente).

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha utilizado un total de 96 conejos híbridos comerciales que se han sacrificado en el momento del destete (30-35 días de edad, 0.9 kg de peso medio, grupo A), tras dos semanas de permanencia en el cebadero (50-55 días de edad, 1.6 kg, grupo B), al alcanzar 2 kg de peso (grupo C) y al alcanzar 2.25 kg (grupo D) (24 conejos en cada grupo, la mitad machos y la mitad hembras).

Los gazapos se criaron en condiciones de granja industrial, en jaulas colectivas de 7-8 individuos y recibieron piensos medicados durante las dos primeras semanas de cebo (17-18% PB, 14-20% FB, 5-8% almidón y 3.3-4.5% grasa) y pienso de retirada a continuación (17% PB, 14% FB, 11,6% almidón y 4.5% grasa).

Tras el sacrificio en un matadero comercial, las canales se trasladaron al laboratorio de la Unidad de Producción Animal, se refrigeraron durante 24 h a 4°C, diseccionándose y envasándose al vacío la porción craneal del músculo *Longissimus dorsi*, la cual se mantuvo a -45°C hasta su análisis, que se realizó antes de 6 meses de almacenaje. Previamente al análisis, las muestras embolsadas se descongelaron en agua a temperatura ambiente y se eliminaron las trazas de grasa y el tejido conjuntivo. La extracción de la grasa intramuscular se realizó mediante la separación en cloroformo:metanol (Bligh y Dyer, 1959). Los ésteres metílicos de los ácidos grasos (FAMES) se obtuvieron con KOH en metanol. La identificación de los FAMES se realizó por cromatografía gaseosa (HP-6890) en una columna SP-2560 (100mx0.25mmx0.20µm) con N como gas portador.

Los datos se han analizado mediante el procedimiento GLM del paquete SPSS 13.0, estudiándose los efectos fijos edad y sexo así como su interacción. Las diferencias entre medias se analizaron con el test de Duncan ( $P < 0.05$ ).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El total de grasa intramuscular obtenida en la muestra osciló entre 1.15 y 1.65%, tendiendo a ser más elevado el porcentaje en los conejos recién destetados que en los de pesos superiores. Esta grasa presentó alrededor del 57-58% de ácidos grasos insaturados, de los

que 24-27% fueron monoinsaturados y 30-33% poliinsaturados (Tabla 1). En su revisión, Dalle-Zotte (2002) menciona un valor del 60% e indica que los lípidos de la carne de conejo son altamente insaturados. El nivel de ácidos grasos saturados fue de 39-40%, de acuerdo al indicado por Combes (39% de media, 2004). Considerados individualmente, los mayores porcentajes de ácidos grasos encontrados correspondieron al palmítico, linoleico, oleico, esteárico y araquidónico, cuya suma supone aproximadamente un 80% del total de ácidos grasos y está cercana a la obtenida por López-Bote *et al.* (1997) en este mismo depósito adiposo.

El efecto del sexo se manifestó sólo en ácidos grasos minoritarios con una concentración inferior al 1%, que no se han considerado en este artículo; por ejemplo en el porcentaje de C14:1, ( $P < 0,01$ ), C20:2 ( $P < 0,05$ ). Por lo tanto, no se ha tenido en cuenta a la hora de mostrar el resto de resultados.

El efecto del peso fue muy importante para la mayoría de los ácidos grasos individuales o de los grupos analizados. A pesar de que no se han encontrado diferencias significativas en el porcentaje de ácidos grasos saturados, estos disminuyen progresivamente desde el destete porque los animales recién destetados han consumido leche materna fundamentalmente, y la leche se caracteriza por su grasa saturada, que es lo que han incorporado a nivel intramuscular. Se han encontrado diferencias en el porcentaje de monoinsaturados (MUFA) y de poliinsaturados (PUFA) ( $P < 0,001$ ) los cuales presentan tendencias opuestas: los primeros aumentan y los segundos disminuyen conforme aumenta el peso. Esta evolución de los niveles de MUFA y PUFA se ha observado también en porcino estudiando la fase final de cebo (Bosch *et al.*, 2005). Los cambios mencionados no se corresponden con un aumento significativo del porcentaje total de ácidos grasos insaturados en la carne de conejo, de modo que la relación PUFA/saturados se redujo significativamente en los dos últimos pesos de sacrificio (0,76;  $P < 0,05$ ). A pesar de esta reducción, los valores encontrados están ampliamente por encima del valor mínimo recomendado de 0,4 en términos de salud humana, lo que da idea del elevado valor dietético de la carne de conejo para su consumo por personas con o sin problemas cardiovasculares.

El grupo de ácidos grasos *n*-6 siguió la misma tendencia que los PUFA, decreciendo significativamente especialmente entre los 50 días y 2 kg de peso, y a ello contribuyeron fundamentalmente los ácidos linoleico (C18:2 *n*-6) y araquidónico (C20:4 *n*-6). También el grupo de ácidos grasos *n*-3 sufrió el efecto del peso, presentando el porcentaje inferior el grupo de destetados, el porcentaje superior el grupo de 50 días y niveles intermedios los grupos experimentales C y D. La relación *n*-6/*n*-3 disminuyó significativamente tras el destete, quizás por el mayor contenido en ácidos grasos *n*-3 que tienen los alimentos fibrosos y que no se consumen durante la lactación.

La evolución individual de los restantes ácidos grasos estuvo relacionada con el peso en todos los casos. Así, el porcentaje de ácido láurico disminuyó tras el destete, puesto que es un ácido graso característico de la leche que se deposita durante la lactación y también se redujo el porcentaje de esteárico que pasó de 9.66 % en el grupo A hasta 7.66% en el D. Por el contrario, los conejos de los dos últimos pesos de sacrificio presentaron mayores porcentajes de algunos de los ácidos grasos más abundantes como el palmítico y el oleico. El porcentaje de ácido mirístico disminuyó tras el destete para recuperarse posteriormente en los dos pesos de sacrificio superiores, quizás como reflejo del contenido prácticamente constante de este ácido en los sucesivos piensos consumidos por los conejos (pienso de madres, de cebo y de acabado, 1,9, 1,5 y 1,7%, respectivamente). También la evolución indicada para el ácido láurico podría reflejar el contenido de este ácido en los piensos (3,5% en madres, 2,1% en cebo y 2,3% en acabado), pero no ocurriría así con el esteárico o con el oleico, por ejemplo, porque su contenido en los piensos sigue tendencia opuesta a su presencia en la carne. Así, podemos concluir que el perfil de ácidos grasos en carne de conejo durante el cebo está muy poco condicionado por el sexo, pero el peso es un factor que debe ser considerado.

Tabla 1. Efecto del peso sobre el porcentaje de ácidos grasos a nivel intramuscular del m. *Longissimus dorsi*. (Media y desviación estándar)<sup>(1)</sup>

n=96	Destetados	50 días	2.00kg	2.25kg	p
% grasa	1.65±0.25 <b>B</b>	1.15±0.18 <b>A</b>	1.25±0.20 <b>A</b>	1.24±0.22 <b>A</b>	***
C12:0	1.24±0.38 <b>B</b>	0.38±0.14 <b>A</b>	0.33±0.10 <b>A</b>	0.38±0.13 <b>A</b>	***
C14:0	2.30±0.43 <b>B</b>	1.66±0.42 <b>A</b>	2.04±0.42 <b>B</b>	2.21±0.46 <b>B</b>	***
C16:0	25.05±0.89 <b>A</b>	27.09±1.49 <b>B</b>	27.89±1.56 <b>B</b>	27.77±1.42 <b>B</b>	***
C16:1	1.18±0.22 <b>A</b>	1.21±0.40 <b>A</b>	1.98±0.56 <b>B</b>	2.15±0.74 <b>B</b>	***
C18:0	9.66±0.77 <b>C</b>	9.06±0.78 <b>B</b>	7.91±0.68 <b>A</b>	7.66±0.62 <b>A</b>	***
C18:1n-9	20.65±0.92 <b>A</b>	21.54±1.84 <b>B</b>	22.85±1.29 <b>C</b>	22.86±1.58 <b>C</b>	***
C18:2 n-6	24.36±0.86 <b>B</b>	23.59±2.09 <b>AB</b>	22.89±2.09 <b>A</b>	22.95±2.04 <b>A</b>	*
C18:3 n-3	1.32±0.20 <b>A</b>	1.65±0.39 <b>B</b>	1.63±0.32 <b>B</b>	1.70±0.28 <b>B</b>	***
C20:4 n-6	6.00±1.52 <b>B</b>	5.25±1.35 <b>B</b>	4.27±1.30 <b>A</b>	4.08±1.11 <b>A</b>	***
SAT	40.82±1.19	40.32±1.60	40.04±1.59	39.80±1.64	n.s.
INS	57.60±1.21	57.50±1.52	57.73±1.70	57.66±1.65	n.s.
MUFA	24.16±1.14 <b>A</b>	25.30±2.32 <b>A</b>	27.48±1.97 <b>B</b>	27.52±2.38 <b>B</b>	***
PUFA	33.44±1.91 <b>B</b>	32.20±3.13 <b>B</b>	30.26±3.05 <b>A</b>	30.14±3.06 <b>A</b>	***
n-3	1.94±0.10 <b>A</b>	2.26±0.37 <b>B</b>	2.12±0.25 <b>B</b>	2.16±0.18 <b>B</b>	***
n-6	31.52±1.92 <b>B</b>	29.96±3.11 <b>B</b>	28.16±3.07 <b>A</b>	28.00±3.15 <b>A</b>	***
n-6/n-3	16.27±1.41 <b>B</b>	13.61±2.82 <b>A</b>	13.51±2.31 <b>A</b>	13.14±2.28 <b>A</b>	***
PUFA/SAT	0.82±0.07 <b>B</b>	0.80±0.10 <b>AB</b>	0.76±0.10 <b>A</b>	0.76±0.09 <b>A</b>	*

n.s.= no significativo; \* =  $p \leq 0,05$ ; \*\*\*  $p \leq 0,001$ ;

SAT= ácidos grasos saturados; INS= ácidos grasos insaturados ; MUFA= ácidos grasos saturados; PUFA= ácidos grasos poliinsaturados;

A, B, C: Letras diferentes dentro de cada fila indican diferencias significativas.

(\*) Se ha identificado el 98% del total de ácidos grasos. Se presentan solamente los mayoritarios ( $\geq 1\%$ ).

## AGRADECIMIENTOS

Trabajo financiado por el Servicio de Ordenación y Sanidad Animal del Dpto. Agricultura y Alimentación de la Diputación General de Aragón.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bligh, E.G., Dyer, W.J. (1959). A rapid method of total lipid extraction and purification. *Canadian Journal of Biochemistry and Physiology* 37, 911-914.
- Bosch, L., Tor, M., Reixach, J., Estany, J. (2005). Relación entre criterios de selección para el contenido y la composición de la grasa intramuscular en cerdos Duroc. XI Jornadas sobre producción animal. ITEA. Vol. Extra Nº 26 (I), 18-20
- Combes, S. (2004). Valeur nutritionnelle de la viande de lapin. *INRA Production Animal*, 17 (5), 373-383
- Dalle-Zotte, A. (2002). Perception of rabbit meat quality and major factors influencing the rabbit carcass and meat quality. *Livestock Production Science* 75, 11-32
- Fernández-Carmona, Pascual, J.J., Cervera, C. (2000). The use of fats in rabbit diets. 7<sup>th</sup> World Rabbit Congress., Valencia, España. Vol C, 29-59
- López-Bote, C., Rey, A.I., Sanz M. J, Gray, J.I., Buckley, D.J. (1997). Dietary vegetable oils and  $\alpha$ -tocopherol reduce lipid oxidation in rabbit muscle. *The Journal of Nutrition* Vol 127, nº6, 1176- 1182
- Polak, T., Gasperlin, L., Rajar, A., Zlender, B. (2006). Influence of genotype lines, age at slaughter and sexes on the composition of rabbit meat. *Food Technol. Biotechnol.* 44 (1) 65-73
- Ramírez, J.A., Díaz, I., Pla, M., Gil, M., Blasco, A., Oliver, M.A. (2005). Fatty acid composition of leg meat and perirenal fat of rabbits selected by growth rate. *Food Chemistry* 90, 251-256

## COMPARACIÓN ENTRE LÍNEAS Y EFECTO DEL ALMACENAMIENTO EN REFRIGERACIÓN EN LOS LÍPIDOS DE LA CARNE DE CONEJO

Hernández, P.\*, Cesari, V., Blasco, A.  
Departamento de Ciencia Animal. Universidad Politécnica de Valencia.  
Apartado 22012, 46022 Valencia. \*phernan@dca.upv.es

### INTRODUCCIÓN

En conejo, la composición de ácidos grasos está directamente influenciada por la dieta (Hernández *et al.*, 2000). No obstante, la información sobre la influencia del tipo genético en la composición de ácidos grasos de la carne de conejo es escasa. Se han publicado varios estudios sobre la calidad de la canal y de la carne de conejo donde se comparan líneas seleccionadas por distintos criterios (Gómez *et al.*, 1998; Pla *et al.*, 1998). Sin embargo, las comparaciones se ha realizado al mismo peso y por lo tanto, a diferente estado de madurez. Por otra parte, en estos trabajos no se estudió la composición de ácidos grasos.

Los lípidos de la carne de conejo pueden sufrir alteraciones durante el almacenamiento en refrigeración, debidas a los fenómenos de lipólisis y oxidación. Los enzimas lipolíticos intervienen en la liberación de ácidos grasos, cuya oxidación conduce a la producción de compuestos aromáticos determinantes del aroma de la carne (Motilva *et al.*, 1993).

El objetivo de este trabajo es comparar líneas de conejo de diferente origen genético en la cantidad de lípidos, composición de ácidos grasos y actividades lipolíticas de la carne de la pierna trasera. Además, se pretende estudiar el efecto que tiene el almacenamiento de la carne de conejo sobre los lípidos.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron tres líneas de conejos. Las líneas V y A fueron seleccionadas por tamaño de camada durante 30 y 33 generaciones respectivamente. La línea R fue seleccionada por velocidad de crecimiento entre el destete y el sacrificio durante 24 generaciones. Los animales fueron alimentados *ad libitum* con una dieta comercial.

Se sacrificaron 12 animales por línea a las 9 semanas de edad. Tras 24 h *post mortem* a 4°C, se realizó la disección y picado de los músculos de la pierna trasera, tras lo cual se colocó la carne en placas petri y se cubrieron con un film transparente permeable al oxígeno almacenándose a una temperatura de 4°C durante 0 y 7 días. Tras el almacenamiento en refrigeración, la carne picada fue introducida en bolsas laminadas de aluminio, al vacío, y se congelaron a -80° C para análisis posteriores.

Los lípidos totales fueron extraídos de la carne según el método descrito por Folch *et al.* (1957). La determinación de los fosfolípidos se realizó siguiendo el procedimiento de Barlett (1959). La composición de ácidos grasos de los lípidos totales se determinó mediante cromatografía gaseosa de los correspondientes ésteres metílicos. Los derivados se obtuvieron siguiendo el método de Berry *et al.* (1965). La determinación de los ácidos grasos libres fue determinada siguiendo el procedimiento de Needs *et al.* (1983), utilizando como patrón interno el ácido araquídico (C20:0).

La medida de las actividades lipolíticas se determinó siguiendo el método descrito por Motilva *et al.* (1992). Una unidad de actividad lipolítica se definió como la cantidad de enzima capaz de hidrolizar 1 µmol de sustrato en 1 hora a 37°C. El grado de oxidación de las muestras de carne se determinó mediante el método de TBARS (Raharjo *et al.*, 1992) y el índice de peróxidos (IP) (Shanta y Decker, 1994).



El modelo estadístico utilizado incluyó como efectos fijos la línea (V, A y R), el sexo, el tiempo (0 y 7 días). Se estimaron las medias por mínimos cuadrados utilizando el procedimiento GLM del SAS.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Estudios previos de las curvas de crecimiento de las tres líneas utilizadas en este experimento mostraron que a las 9 semanas de edad, los animales se encuentran prácticamente en el mismo estado de madurez, medido como porcentaje de peso adulto (Blasco *et al.*, 2003; Pla *et al.*, 1997).

La Tabla 1 muestra el contenido de lípidos y actividades lipolíticas de la carne de la pierna. La carne de la línea R tuvo mayor contenido de lípidos que las líneas A y V. No hubo diferencias entre las líneas en el contenido de fosfolípidos. Los valores fueron de alrededor de 216 mg/100g de carne. Hubo diferencias entre líneas en las actividades lipolíticas. La línea R mostró mayor actividad de lipasa ácida, neutra y fosfolipasa ácida.

Tabla 1. Lípidos totales y actividades lipolíticas de la carne de la pierna de tres líneas de conejos.

	Media	$\sigma_r$	CV	Diferencias		EE
Lípidos totales (g/100g)	6.18	0.57	9.3	A-V	0.14 <sup>ns</sup>	0.24
				A-R	-0.52 <sup>**</sup>	0.24
				V-R	-0.66 <sup>**</sup>	0.23
Lipasa ácida (U/g)	0.887	0.131	14.8	A-V	-0.022 <sup>ns</sup>	0.042
				A-R	-0.142 <sup>**</sup>	0.042
				V-R	-0.120 <sup>**</sup>	0.042
Lipasa neutra (U/g)	3.317	0.300	9.0	A-V	-0.045 <sup>ns</sup>	0.096
				A-R	-0.396 <sup>**</sup>	0.096
				V-R	-0.350 <sup>**</sup>	0.094
Fosfolipasa ácida (U/g)	0.629	0.196	31.2	A-V	-0.051 <sup>ns</sup>	0.062
				A-R	-0.203 <sup>**</sup>	0.062
				V-R	-0.152 <sup>*</sup>	0.062

$\sigma_r$ : Desviación estándar residual. CV: coeficiente de variación. EE: error estándar de la diferencia entre líneas. ns: no significativo; \*: P<0.05; \*\*: P<0.01.

Hay diferencias entre líneas en la composición de ácidos grasos (Tabla 2). La línea A tuvo menor porcentaje de ácidos grasos saturados (SFA) y mayor % de ácidos grasos poliinsaturados (PUFA) que las líneas V y R. Las diferencias en la composición de ácidos grasos pueden ser debidas a variaciones del contenido de grasa más que a variaciones del tipo genético. En otras especies, el contenido de SFA y ácidos grasos monoinsaturados (MUFA) aumentan más rápidamente con el aumento del engrasamiento que el contenido de PUFA (ver revisión, De Smet *et al.*, 2004). En nuestro experimento, las diferencias en la composición de ácidos grasos podrían ser debidas al diferente tipo genético. No hubo diferencias en el contenido de grasa entre las líneas A y V pero la línea A presentó mayor porcentaje de PUFA. Además, la línea R tuvo mayor contenido de grasa intramuscular que la línea V pero las diferencias entre las líneas R y V en los distintos ácidos grasos fueron pequeñas (resultados no mostrados).

La Tabla 3 muestra el efecto del almacenamiento en refrigeración de la carne de conejo sobre el contenido de ácidos grasos libres (AGL). Hubo un aumento del contenido de AGL tras 7 días de almacenamiento, de valores de 84 a 428 mg/100g. Hubo un aumento de % PUFA y un descenso de % SFA, sin cambios en el % MUFA. Esta mayor liberación de PUFA podría indicar que los ácidos grasos liberados proceden principalmente de los fosfolípidos, donde el contenido de PUFA es superior. El contenido de AGL apenas estuvo influenciado por el origen genético de los conejos (resultados no mostrados).

No se encontraron diferencias entre las líneas en los parámetros de oxidación. Hubo un aumento del TBARS e IP durante el almacenamiento en refrigeración. No obstante, los valores se mantuvieron bajos (resultados no mostrados).

Hay una influencia del tipo genético en la cantidad de grasa y el porcentaje de ácidos grasos. Los animales fueron comparados al mismo estado de madurez por lo que podemos concluir que las diferencias observadas son de tipo genético.

Tabla 2. Porcentaje relativo de ácidos grasos de los lípidos de la carne de la pierna de tres líneas de conejos.

	Media	$\sigma_r$	CV	Diferencias		EE
SFA	34.93	2.41	6.91	A-V	-2.86**	0.98
				A-R	-2.47*	0.98
				V-R	0.38 <sup>ns</sup>	0.98
MUFA	28.68	2.03	7.08	A-V	-0.39 <sup>ns</sup>	0.82
				A-R	-1.25 <sup>ns</sup>	0.82
				V-R	-0.86 <sup>ns</sup>	0.82
PUFA	36.39	2.63	7.23	A-V	3.25**	1.07
				A-R	3.72**	1.07
				V-R	0.47 <sup>ns</sup>	1.07

SFA: C14:0 + C16:0 + C18:0. MUFA: C16:1 + C18:1 + C20:1. PUFA: C18:2 + C18:3 + C20:4 + C20:5 + C22:4 + C22:6.  $\sigma_r$ : desviación estándar residual. CV: coeficiente de variación. EE: error estándar de la diferencia entre líneas. ns: no significativo; \*: P<0.05; \*\*: P<0.01.

Tabla 3. Efecto del almacenamiento en refrigeración en el contenido de ácidos grasos libres de la carne de la pierna del conejo.

	0 días		7 días		0 – 7	
	media	EE	media	EE	diferencias	EE
SFA %	32.60	0.34	29.53	0.33	3.07*	0.47
MUFA%	27.75	0.68	27.23	0.60	0.52 <sup>ns</sup>	0.94
PUFA%	39.63	0.58	43.23	0.55	-3.59**	0.80

SFA: C14:0 + C16:0 + C18:0. MUFA: C16:1 + C18:1. PUFA: C18:2 + C18:3 + C20:4. EE: error estándar. ns: no significativo; \*\*: P<0.01.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Barlett, G. R. (1959) J. Biol. Chem. 234, 466-468  
 Berry, J. F., Cervallos, W. H., Wade, R. R. (1965) J. Am. Oil Chem. Soc. 42, 492-495  
 Blasco, A., Piles, M., Varona, L. (2003) GSE. 25: 21-41  
 De Smet, S., Raes, K., Demeyer, D. (2004) Anim. Res. 53, 81-98  
 Folch, J., Lees, M., Stanley, G.H.S. (1957) J. Biolog. Chem. 226, 497-509  
 Gómez, E. A., Baselga, M., Rafel, O., Ramon, J. (1998) Liv. Prod. Sci. 55, 53-64  
 Hernández, P., Pla, M., Oliver, M. A., Blasco, A. (2000) Meat Sci. 55, 379-384  
 Motilva, M. J., Toldrá, F., Flores, J. (1992) Z. Lebensm. Unters. Forsch. 195, 446-450  
 Motilva M. J., Toldrá F., Nieto P., Flores J. (1993) Food Chem. 48: 121-125  
 Needs, E. C., Ford, G. D., Owen, A. J., Tuckley, B. (1983) J. Dairy Res. 50, 321-329  
 Pla, M., Piles, M., Valdevira, J.J. (1997). ITEA 18, 342-344  
 Pla M., Guerrero L., Guardia D., Oliver M.A., Blasco A. (1998) Liv. Prod. Sci. 54, 115-123  
 Raharjo, S., Sofos, J. N., Schmidt, G. R. (1992) J. Agric. Food Chem. 40, 2182-2185  
 Shantha, N. C., Decker, E. A. (1994) J. AOAC Intern. 77, 421-424

## COLOR DE LA CARNE Y DE LA GRASA DE POTROS DE RAZA BURGUETE Y CRUZADOS DE HISPANO-BRETON

Alcalde, M.J.<sup>1\*</sup>, Gómez, M.D.<sup>2</sup>, Romero, F.<sup>1</sup>, Juárez, M.<sup>1</sup>, Horcada, A.<sup>1</sup>, Valera, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> E.U.I.T.A. Universidad de Sevilla. Ctra. Utrera km1. 41013 Sevilla. \*aldea@us.es

<sup>2</sup> Dpto. de Genética. Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales, Ed. Gregor Méndel. Córdoba

### INTRODUCCIÓN

A lo largo de la historia, la relación entre el hombre y el caballo ha variado mucho según sus necesidades. La hipofagia (del griego, hipos=caballo y fagos=comer) es una práctica muy antigua, quedando liberalizado el sacrificio y venta de carne equina en España en el año 1985. A pesar de esto, en la sociedad actual ha quedado relegado a épocas de guerras y a determinadas regiones geográficas en las que existe una destacable tradición de consumo. A pesar de los estudios internacionales que evidencian las características nutritivas de este producto (Paleari *et al.*, 2003; Lombardi-Boccia *et al.*, 2005), son escasos los análisis realizados en nuestro país (Sarriés y Beriain, 2005; Sarriés *et al.*, 2006). Si bien es sabido que el consumo de carne equina en la dieta humana constituye una gran fuente de proteínas, baja en grasa, rica en hierro y de fácil digestión, características muy apreciadas actualmente por los consumidores.

En España, la cría de équidos para el consumo se centra en la zona norte, donde équidos de razas autóctonas con marcada aptitud cárnica (Burguete o Hispano-Bretón, entre otras), o los cruces de estas con razas extranjeras, son criados en un régimen de libertad o semilibertad hasta el destete, cuando son trasladados a cebaderos. Los cebaderos se localizan mayoritariamente en la zona de Levante (Cataluña y Comunidad Valenciana), donde los animales permanecen en régimen semi-intensivo hasta alcanzar el peso idóneo para su sacrificio en torno a los 16-24 meses. La carne producida en España se utiliza, además de para el abastecimiento del mercado nacional, importante en las zonas norte y este, para su exportación a otros países consumidores, entre los que destacan Italia y Francia. El objetivo de este estudio es analizar las características iniciales del color de la carne y de la grasa sobre una muestra de canales de caballos sacrificados en España.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha trabajado con un total de 20 animales: 10 machos de raza Burguete (procedentes de Navarra) y 10 caballos (5 machos y 5 hembras) cruzados de Hispano-Bretón (zona norte de León) con edades comprendidas entre 16 y 18 meses. Todos estos animales fueron sometidos a un período de cebo intensivo, mediante la utilización de piensos específicos a base de avena y cebada, tras el destete hasta alcanzar un peso óptimo para su sacrificio (en Barcelona los primeros y en Castellón los segundos). Tras el sacrificio, a los 45 minutos y a las 10 horas *postmortem* se midió el pH (pHmetro portátil Crison 507 con electrodo de penetración) en el músculo *Longissimus dorsi* y el color de la carne y de la grasa en la canal utilizando un espectro-colorímetro (Minolta, modelo CR2600d) ( $\lambda$ : 400-700 nm,  $\Delta\lambda$ : 10 nm, D65, 10°). Las variables de color consideradas han sido L\*a\*b\* (CIE, 1976), midiéndose en la parte externa de la terminación del músculo *rectus abdominis pars toracii* (este músculo ha sido elegido por su accesibilidad en la cadena de sacrificio y las recomendaciones de la American Meat Science Association (2001) y por Legras (1981)) y en la grasa subcutánea de la región dorsal del cuello, con tres repeticiones para cada medida. El tratamiento estadístico de los datos se ha realizado mediante estudio descriptivo, análisis de varianza y correlaciones bivariadas de Pearson con el paquete estadístico SPSS.PC<sup>+</sup> (2006).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los valores medios ( $\pm$  error típico) y los niveles de significación en el estudio comparativo de los dos grupos de animales estudiados para las variables de peso e índice de compacidad (PCC, peso canal caliente/longitud canal) de la canal se presentan en la Tabla 1. No se han realizado análisis independientes en función del sexo, ya que no se ha detectado ninguna diferencia en estudios previos realizados. Además, la ausencia de diferencias entre machos y hembras ha sido constatada por algunos autores en variables como el crecimiento relativo

de diferentes tejidos o áreas musculares (Martin-Rosset *et al.*, 1983) o composición química (Badiani y Manfredini, 1994), aunque en las variables relacionadas con el color de la canal otros autores (Seideman *et al.*, 1982; Sarriés y Beriain, 2005) sí destacan que la carne de los machos es más oscura.

Se han detectado diferencias altamente significativas entre los valores obtenidos para los índices de compacidad en los dos grupos de animales estudiados. Asimismo, existen diferencias significativas con respecto al peso de las canales estudiadas entre los dos grupos, a pesar de que las edades en el momento del sacrificio son similares. Estas diferencias evidencian que la conformación carnicera de los animales cruzados de Hispano-Bretón es mejor que la de los animales de raza Burguete. Así, mientras esta segunda se aproxima más a conformaciones similares a razas bovinas autóctonas españolas rústicas, los primeros se sitúan próximos a las razas bovinas autóctonas españolas más especializadas en producción cárnica como Asturiana de los Valles, Pirenaica y Parda Alpina (Piedrahita *et al.*, 2003). Los resultados obtenidos para los animales de raza Burguete incluidos en este estudio se encuentran dentro de los rangos establecidos por Sarriés y Beriain (2005), para esta misma raza a edades de 16 y 24 meses (1,62 y 2,13 respectivamente).

Tabla 1: Estadísticos básicos y nivel de significación para las variables peso de la canal e índice de compacidad estudiadas en animales de raza Burguete y cruces de HispanoBretón.

	Burguete	Cruzado de HB	Sign.
	Media $\pm$ e.t.	Media $\pm$ e.t.	
Peso canal (kg)	214,45 $\pm$ 16,28	283,64 $\pm$ 10,11	**
Índice de Compacidad	1,94 $\pm$ 0,11	2,45 $\pm$ 0,07	***

HB: Hispano-Bretón; e.t.: error típico; PCC: peso canal caliente

\*\*  $p \leq 0,01$ , \*\*\*  $p \leq 0,001$ .

En la Tabla 2 se exponen los resultados obtenidos en el estudio de los valores de pH, color de la carne y color de la grasa a los 45 minutos y 10 horas post-sacrificio. Como se observa, existen diferencias significativas en los valores de pH a las 10 horas entre los dos grupos de animales analizados. Sin embargo, esta variable no tuvo influencia en las variables medidas en ese momento, como se pudo constatar en un estudio previo. Con respecto a la coloración del músculo, el rango de valores obtenidos es similar al reseñado por Sarriés y Beriain (2005) en estudios realizados sobre el *Rectus abdominis* en animales de la raza Burguete. La evolución de los índices  $L^*$  y  $a^*$  no es la misma en los dos grupos de animales estudiados; aunque en la raza Burguete sí se observa una evolución del índice  $a^*$  hacia coloraciones más rojas con el tiempo, tal y como reseñaron Sarriés y Beriain (2005). Mientras que el índice  $b^*$  sí evoluciona en los dos grupos de individuos hacia coloraciones más amarillentas.

La evolución del color de la grasa en relación con la claridad ( $L^*$ ) es opuesta en los dos grupos analizados. En el primero evoluciona hacia una grasa más oscura y en el segundo hacia una tonalidad más clara. Con respecto al índice rojo ( $a^*$ ), los animales de raza Burguete [\*1] pasan de una grasa poco roja (en comparación con los animales cruzados de Hispano-Bretón incluidos en este estudio) a un grado mayor a las 10 horas igualándose las diferencias entre los dos grupos. Algo similar ocurre con el índice  $b^*$  (relacionado con la concentración de carotenos en la alimentación), para el que se han obtenido valores poco amarillos en el primer grupo, significativamente diferentes al segundo a los 45 minutos *post-mortem*, que evolucionan hasta igualarse a las 10 horas.

Las correlaciones de Pearson, más importantes, estimadas entre las distintas variables en estudio evidencian que el índice de compacidad está relacionado de forma inversa ( $p \leq 0,001$ ) con la claridad de la grasa ( $r = -0,587$ ) a los 45 minutos y con la claridad del músculo a los 45 minutos y 10 horas ( $r = -0,576$  y  $-0,657$ , respectivamente). Es decir, los animales más compactos poseen menores claridades. La claridad de la grasa a los 45 minutos evolucionaba de forma inversa a las 10 horas ( $r = -0,814$ ,  $p \leq 0,001$ ), pero de forma directa

con el músculo tanto a los 45 minutos ( $r = 0,465$ ,  $p \leq 0,05$ ) como a las 10 horas ( $r = 0,579$ ,  $p \leq 0,05$ ) aunque de forma poco marcada. La claridad del músculo evoluciona de la misma manera a las 10 horas respecto a los 45 minutos ( $r = 0,825$ ,  $p \leq 0,001$ ). Y por último, la evolución del índice rojo posee una alta relación directa (correlaciones de 0,7 a 0,8,  $p \leq 0,001$ ) con el índice amarillo, tanto en grasa como en músculo, pero sólo en el mismo momento de la medida y no tiene relación con la medida homóloga en el otro momento. [\*2]

Tabla 2: Estadísticos básicos y nivel de significación para las medidas del pH y color de la carne y del músculo mediadas a los 45 minutos y a las 10 horas en potros Burguete y cruces de HispanoBretón.

		Burguete	Cruzado de HB	Sign.
		Media $\pm$ e.t.	Media $\pm$ e.t.	
pH 45 min		6,48 $\pm$ 0,03	6,66 $\pm$ 0,03	ns
Color Músculo a 45 min.	L*	36,06 $\pm$ 1,39	31,29 $\pm$ 0,77	**
	a*	18,25 $\pm$ 0,94	20,74 $\pm$ 0,55	*
	b*	6,48 $\pm$ 0,40	7,51 $\pm$ 0,34	ns
Color grasa a 45 min.	L*	73,83 $\pm$ 0,86	64,85 $\pm$ 1,20	***
	a*	2,54 $\pm$ 0,29	5,29 $\pm$ 0,49	***
	b*	6,45 $\pm$ 0,44	13,67 $\pm$ 0,58	***
pH 10 horas		5,72 $\pm$ 0,05	6,14 $\pm$ 0,06	***
Color Músculo a 10 h.	L*	36,20 $\pm$ 1,23	28,86 $\pm$ 1,11	***
	a*	23,86 $\pm$ 1,37	20,13 $\pm$ 0,58	*
	b*	13,82 $\pm$ 0,79	9,21 $\pm$ 0,48	***
Color grasa a 10 h.	L*	63,79 $\pm$ 0,73	68,94 $\pm$ 0,83	***
	a*	4,51 $\pm$ 0,32	5,05 $\pm$ 0,45	ns
	b*	12,79 $\pm$ 0,75	13,69 $\pm$ 0,70	ns

HB: Hispano-Bretón; e.t.: error típico

n.s.= no significativo, \*  $p \leq 0,05$ , \*\*  $p \leq 0,01$ , \*\*\*  $p \leq 0,001$ .

### AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido realizado dentro del proyecto RZ2004-00023-00, financiado por el Instituto Nacional de Investigación Científica, Desarrollo e Innovación Tecnológica (I+D+I), cofinanciado con fondos FEDER. A los mataderos de La Plana en Castellón y Mercabarna así como a la empresa SAURA Vilanova, S.A por facilitarnos las tareas para la toma de datos.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS[\*3]

- American Meat Science Association. (2001). Meat Evaluation Handbook. Savoy, IL, USA.
- Badiani, A. y Manfredini, M. (1994). Zootecnica e Nutrizione Animale, 20, 5-43.
- CIE (Comisión Internacional de l'Eclairage). (1976). Oficial Recommendations on Uniform Color Spaces. Colour Difference Equations and Metric Colour Terms, Suppl.No. 2. CIE Publication No. 15. Colourimetry. Paris
- Legras, P. (1981). Viande et Produits Carnés 2, 17-23.
- Lombardi-Boccia, G., Lanzi, S., Aguzzi, A. (2005). Journal of Food Composition and Analysis 18(1), 39-46.
- Martin-Rosset, W., Boccard, R., Jussiaux, M., Robelin, J. Y Trillaud-Geyl, C. (1983). Annals Zootechniques INRA 33(2), 153-174.
- Paleari, M.A., Moretti, V.M., Beretta, G., Mentasti, T., Bersani, C. (2003). Meat Science 63 (4), 485-489.
- Piedrahita, J., Quintanilla, R., Sañudo, C., Olleta, J.L., Campo, M.M., Panea, B., Renand, G., Turín, F., Jabet, S., Osoro, K., Oliván, M.C., Noval, G., García, P., García, M.D., Oliver, M.A., Gispert, M., Serra, X., Espejo, M., García, S., López, M. e Izquierdo, M. (2003). Livestock Production Science 82, 1-13.
- Sarries, M.V. y Beriain, M.J. (2005). Meat Science 70, 141-152.
- Sarries, M.V., Murray, B.E., Troy, D., Beriain, M.J. (2006). Meat Science 72 (3), 475-485
- Seideman, S.C., Cross, H.R., Oltjen, R.R. y Schanbacher, B.D. (1982). Journal of Animal Science 55, 286-294.
- SPSS.PC+. (2006). SPSS Trends 14.0. SPSS Inc., Chicago, EEUU.

## UTILIZACIÓN DE SEMILLA DE LINO EN PIENSO DE TERNEROS: EFECTO EN LOS PARÁMETROS PRODUCTIVOS

\*Albertí, P., Ripoll, G., Lahoz, F., Panea, B., Joy, M.  
Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón.  
Crta. Montañana, 930; 50059. Zaragoza. \*palberti@aragon.es

### INTRODUCCIÓN

El consumidor puede encontrar en el mercado una gran diversidad de tipos y marcas de carnes de vacuno, por lo cual la oferta de producto con alguna característica diferencial cobra cada día mayor importancia. Por otro lado, a pesar de que la carne roja es muy rica en nutrientes, su contenido en grasa saturada limita su consumo en muchas de las recomendaciones dietéticas y nutricionales. Por ello, atendiendo a las recientes recomendaciones nutricionales el consumidor sensibilizado busca alimentos más sanos, bajos en grasa saturada y ricos en poliinsaturada, especialmente en ácido linoléico, uno de los principales  $\omega 3$ . Se sabe que la carne de vacuno criado en pastos tiene mayor contenido en ácidos grasos poliinsaturados, menor relación  $\omega 6/\omega 3$  y mayor contenido en antioxidantes naturales, por lo tanto es más recomendable dietéticamente que la carne de terneros cebados con pienso. Sin embargo, estos piensos pueden ser enriquecidos con ingredientes como la semilla de lino que es rica en  $\omega 3$  y además con vitamina E para que su efecto antioxidante alargue la vida útil del producto, limitando la oxidación lipídica y estabilizando el color de la carne. El objetivo específico de este trabajo fue evaluar los parámetros productivos de terneros cebados con pienso en el que se había incluido semilla entera de lino. El objetivo general del proyecto pretende determinar su efecto en la calidad de la carne y de la grasa de los terneros.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 46 terneros de raza Pirenaica, de los cuales 14 fueron cebados con pienso comercial (T), 16 con un pienso con un 5% de lino (L) y 16 con el mismo pienso que L pero enriquecido con Vitamina E (LV) hasta 210 mg/kg (Tabla 1). El pienso de los lotes T y L contenía 10 mg de vitamina E /kg. Los animales fueron pesados periódicamente y el consumo de pienso, ofrecido *ad libitum*, se controló quincenalmente por lote. Además dispusieron de paja *ad libitum* cuya ingestión no fue controlada. Los animales se sacrificaron en el matadero frigorífico de Mercazaragoza. La mitad de cada lote se sacrificó cuando llegaron a un estado de engrasamiento de 3 mm de grasa subcutánea y la otra mitad al alcanzar 4 mm. El espesor de grasa se determinó en la 4ª vértebra lumbar con un ecógrafo Aloka SSD provisto de una sonda de 7,5 Mhz. En el matadero se clasificaron las canales según el modelo comunitario R.(CEE) nº1026/91. Un trozo de 20 g de músculo *longissimus thoracis* tomado a la altura de la 5ª costilla se envasó al vacío y se congeló a  $-20^{\circ}\text{C}$  para analizar posteriormente su contenido en vitamina E por HPLC Agilent 110 con detector de fluorescencia. Los resultados se analizaron con el paquete estadístico SAS (versión. 9.1), mediante un ANOVA (PROC GLM) con la dieta y el nivel de engrasamiento como factores fijos, en un diseño factorial 3 piensos por 2 niveles de engrasamiento. La ganancia media diaria se calculó por regresión lineal.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 2 se muestran los parámetros productivos analizados. Los tres primeros lotes de terneros depositaron 3 mm de espesor de grasa subcutánea tras 87 días de cebo y a la

edad de 9,5 meses y los otros lotes depositaron 4 mm tras 143 días de cebo y con 11,5 meses de edad.

Como era de esperar los animales de mayor edad y engrasamiento tuvieron, un peso de sacrificio, un peso canal y una nota de engrasamiento mayor que los animales de menor engrasamiento y edad; mientras que la nota de conformación apenas aumentó, pasando de 10,6 (U-) a 11,1 (U). Además, el rendimiento canal subió un punto porcentual, desde 60,8% a 61,8%, aunque la diferencia no fue significativa. Puede apreciarse que en los dos engrasamientos o edades los terneros aún estaban en el periodo de crecimiento lineal, ya que no varió la ganancia media de peso (1,42 kg/d), lo cual confirma el desarrollo tardío de la raza Pirenaica.

Al considerar el efecto del tipo de pienso se vio que la incorporación de un 5% de semilla de lino en el pienso de cebo no produjo diferencias significativas en ninguno de los parámetros productivos analizados. La ganancia media diaria del lote LV tendió a ser ligeramente superior (1,52 kg/d) respecto los otros dos lotes 1,39 kg/d para T y 1,35 kg/ para L, aunque la diferencia no llegó a ser significativa. Asimismo, la eficiencia en la conversión del pienso fue muy parecida entre los lotes, con un índice medio de 6,6 kg de pienso por kg de ganancia de peso vivo. El hecho de que los parámetros productivos de los terneros cebados con inclusión de semilla de lino no difiera de los cebados con el pienso testigo concuerda con los resultados de Mach *et al.*, (2006) quienes concluyeron que la adición de un 3,6%, 11,2% ó 18,0% de semilla de lino en el pienso de cebo de terneros Frisones aumenta la concentración de  $\omega 3$  en la grasa intramuscular del lomo sin afectar a sus parámetros productivos.

No obstante, todos los terneros de este experimento, tuvieron menores ganancias de peso y mayores índices de conversión de pienso que los obtenidos con terneros de raza Pirenaica cebados con pienso en pruebas anteriores (Albertí *et al.*, 2001). La causa de ello puede deberse a que actualmente no está permitida la monensina como aditivo en dietas de cebo y su utilización aumentaba la ganancia de peso y la eficiencia del alimento.

La suplementación con vitamina E en el pienso produjo un aumento significativo de la concentración de vitamina E en músculo, desde 0,81 mg/kg del pienso T y 1,06 mg/kg del pienso L a 1,52 mg/kg en el pienso LV. El efecto de la suplementación asimismo tendió a aumentar con el engrasamiento o con la mayor duración del periodo de cebo, ya que la concentración de vitamina E en músculo de los lotes suplementados (LV) pasó de 1,34 a 1,70 mg/kg de músculo. Estos valores fueron más bajos que los citados por Yang *et al.*, (2002) y Realini *et al.*, (2004) que dan cifras de entre 3 y 4 mg/kg, en terneros que habían pastado y posteriormente recibieron una suplementación de 2500 ó 1000 UI/cabeza y día, durante su acabado. Estas diferencias en los resultados podrían deberse en parte a la corta edad de nuestros animales y también al hecho de que, en nuestro experimento, los terneros Pirenaicos no pastaron, ya que se destetaron precozmente a 4,5 meses e iniciaron la dieta experimental con pienso tras un mes de adaptación. No obstante, también cabría la posibilidad que la oxidación lipídica, durante la congelación de la muestra de carne haya causado una mayor pérdida de vitamina E en el lote que se sacrificó primero, ya que las muestras de este lote permanecieron congeladas durante más tiempo (56 días más).

Se concluye que, como alternativa para la posible obtención de carne más rica en  $\omega 3$ , la inclusión de un 5% de semilla de lino en piensos de cebo de terneros no alteró los parámetros productivos de los terneros, y la suplementación con vitamina E al pienso aumentó su concentración en el músculo.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido cofinanciado por INIA RTA2005-00183-C02 y fondos FEDER. Agradecemos a J. Santamaría de DSM Nutritional Products Iberica S.A. por el suministro de la vitamina E; a J.A. García-Regueiro y C. Sárraga del IRTA por su ayuda en la analítica de vitamina E, a Enrique Bascuas de la Cooperativa Virgen del Rosario por su cooperación en

la formulación de los piensos, y a Bimarca y Mercazaragoza por su colaboración. Este estudio está dedicado a la memoria de nuestro amigo Rafael Delfa.

Tabla 1. Composición de los piensos

Composición, %	Testigo	Lino	LinoVitE
Cebada	22,6	23,4	23,4
Maíz	35,0	33,0	33,0
Gluten feed	10,0	10,0	10,0
Salvado y tercerillas	4,0	4,0	4,0
H. Soja 44%	13,8	11,9	11,9
Semilla de lino	0,0	5,0	5,0
Cascarilla soja	5,0	5,0	5,0
Pulpa remolacha	4,0	4,0	4,0
Grasa vegetal	0,4	0,0	0,0
Grasa animal 50/50	2,0	0,6	0,6
Carbonato cálcico	1,5	1,5	1,0
Fosfato bicálcico	0,3	0,2	0,2
Bicarbonato + NaCl	1,0	1,0	1,0
Correc.OligoMin-Vit	0,2	0,2	0,2
Rumalato	0,2	0,2	0,2
Vitamina E,mg/kg	10	10	210

Nutrientes/ms	Testigo	Lino	LinoVitE
EM, MJ/kg	12,4	12,4	12,4
Prot. bruta, %	16,4	16,6	16,6
Mat. grasa, %	5,6	5,6	5,6
Fibra bruta, %	6,8	7,9	7,9
Cenizas, %	7,9	9,0	9,0

Tabla 2. Parámetros productivos de terneros de raza Pirenaica cebados con distintos piensos hasta alcanzar dos niveles de engrasamiento.

	Testigo	Lino	LinoVitE	Sig.	E.E.	Eng.3	Eng.4	Sig.	E.E.
Número terneros	14	16	16			23	23		
Peso inicial, kg	288,6	273,5	273,5	n.s.	11,26	278,8	277,4	n.s.	9,18
Peso final, kg	450,2	429,4	446,5	n.s.	10,74	402,0	481,3	***	8,76
GMD, kg/d	1,39	1,35	1,52	n.s.	0,05	1,42	1,42	n.s.	0,04
Peso canal, kg	281,4	259,2	272,7	n.s.	7,28	243,5	297,8	****	5,93
Rento. Canal, %	62,6	60,4	61,1	n.s.	0,53	60,8	61,8	n.s.	0,43
Conformación	11,2 U	10,3 U-	11,1 U	n.s.	0,47	10,6 U-	11,1 U	n.s.	0,38
Engrasamiento	4,1 2-	4,2 2-	4,9 2	n.s.	0,27	3,8 <sup>b</sup> 1+	5,1 <sup>a</sup> 2	***	0,22
Vit E, mg/kg carne	0,81 <sup>b</sup>	1,06 <sup>ab</sup>	1,52 <sup>a</sup>	**	0,15	0,97	1,32	*	0,12

	T3mm	L3mm	LV3mm	T4mm	L4mm	LV4mm	Sig.	E.E.
Número terneros	7	8	8	7	8	8		
Vit E, mg/kg carne±DE	0,71 <sup>b</sup> ±0,36	0,82 <sup>b</sup> ±0,25	1,34 <sup>ab</sup> ±1,04	0,90 <sup>ab</sup> ±0,39	1,30 <sup>ab</sup> ±0,37	1,70 <sup>a</sup> ±0,60	**	0,21
Í.C. pienso kg/kg	6,9	6,6	6,7	6,1	6,5	6,5	---	

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Albertí P., Lahoz F., Tena R., Jaime S., Sañudo C., Olleta J.L., Campo M.-M., Panea B., Pardos J.J. (2001). Producción y rendimiento carnicero de siete razas bovinas españolas faenadas a distintos pesos. Informaciones Técnicas, DGTA Gobierno de Aragón.101, 16 pág.
- Mach N., Devant, M., Bach A., Díaz I. Font-Furnols M., Oliver M.A. García J.A. (2006). Increasing the amount of omega-3 fatty acid of meat from young Holstein bulls through nutrition. J. Anim. Sci., 84, 3039-3048,
- Realini C.E., Duckett S.K., Brito G.W., Dalla Rizza M., De Mattos D. (2004). Effect of pasture vs. concentrate feeding with or without antioxidants on carcass characteristics, fatty acid composition, and quality of Uruguayan beef. Meat Sci., 66, 567-577,
- Yang A., Brewster M.J., Lanari M.C., Tume R.K. (2002). Effect of vitamin E supplementation on  $\alpha$ -tocopherol and  $\beta$ -carotene concentration in tissues from pasture- and grain-fed cattle. Meat Sci., 60, 35-40,



## EFFECTO LA INCLUSIÓN DE LINO Y VITAMINA E EN LA DIETA SOBRE LA EVOLUCIÓN DEL COLOR DE LA CARNE DE TERNEROS DE RAZA PIRENAICA

Ripoll, G., \*Albertí, P., Panea, B y Joy, M.  
 Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón.  
 Crta. Montañana, 930; 50059. Zaragoza. \*palberti@aragon.es

### INTRODUCCIÓN

El creciente reconocimiento de los beneficios para la salud humana de la ingesta de ciertos ácidos grasos, hace que se busque la incorporación de dichos ácidos en todo tipo de productos alimentarios, incluyendo la carne de bovino. Esto es más importante todavía en países donde el consumo de pescado es bajo, en los cuales la principal fuente de ciertos ácidos grasos poliinsaturados es la carne roja (Howe *et al.*, 2006). El uso de dietas de cebo de terneros con gran proporción de productos ricos en ácidos grasos insaturados como la semilla de lino facilita la sustitución de unos ácidos grasos por otros más deseables y disminuye la relación  $\omega 6/\omega 3$ , mejorando la calidad nutritiva del producto. Por otra parte, la existencia de ácidos grasos insaturados en la carne, puede hacer disminuir la vida útil de la misma por ser estos más susceptibles de oxidación que los saturados, haciendo necesario el aporte de algún antioxidante que los proteja. El efecto antioxidante de la carne por medio del aporte de vitamina E en la dieta de los rumiantes ha sido ampliamente estudiado y probado. El objetivo de este trabajo fue valorar la vida útil, en términos de color y de los pigmentos hemínicos, de carne de terneros cebados con dietas con semilla de lino y aportes de vitamina E como antioxidante.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 46 terneros de raza Pirenaica, de los cuales 14 fueron cebados con pienso comercial y paja *ad libitum* (T), 16 con un pienso con un 5% de lino (L) y 16 con el mismo pienso que L pero enriquecido con Vitamina E (LV) hasta 210 mg/kg. El pienso de los lotes T y L contenían 10 mg de vitamina E /kg. Para mas detalles de los piensos, ver Albertí et al (2007). La mitad de cada lote se sacrificó al llegar a un estado de engrasamiento de 3 mm de grasa subcutánea (E1) y la otra mitad al alcanzar 4 mm (E2) determinado en la 4ª vértebra lumbar con un ecógrafo Aloka SSD provisto de una sonda de 7.5 Mhz. Se sacrificaron los animales, y tras 24 horas de refrigeración extrajo el M. *longissimus thoracis* y se tomó el pH con un pHmetro Crison con electrodo de penetración. Este músculo se cortó en porciones que se colocaron en bandejas correspondientes a la determinación del color en el momento del corte, a 15 minutos, 24 h, 48 h, y 6, 9 y 14 días. Las bandejas se cubrieron con film plástico transparente permeable al oxígeno para evitar su deshidratación, y se conservaron a 4°C en oscuridad. Se realizó la determinación del color de la carne con un espectrofotómetro CM-2600d desechándose posteriormente la bandeja correspondiente. Se utilizó el sistema de coordenadas tricromáticas CIE (1976) registrándose los valores de claridad (L\*), índice de rojo (a\*) e índice de amarillo (b\*), calculándose el tono (H\*) como  $H^* = \arctangente(b^*/a^*) \times 57,29$  y la saturación (C\*) como  $C^* = (a^{*2} + b^{*2})^{0,5}$ . Se determinó el porcentaje de mioglobina (Mb), oximioglobina (MbO<sub>2</sub>) y metamioglobina (MMb) por el método de Krzywicki. (1979) a partir de las 24 horas. Todas las variables analizaron haciendo uso del paquete estadístico SAS (versión. 9.1). Los datos de peso vivo, pH y color del músculo a las 24 horas se analizaron mediante un ANOVA (PROC GLM), y los datos de evolución de color y proporción de pigmentos hemínicos mediante un análisis de varianza de medidas repetidas (PROC MIXED), con la dieta y el nivel de engrasamiento como factores fijos.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

No se encontraron diferencias en el pH de la carne entre tratamientos ( $P > 0,05$ ) teniendo una media global de 5,5 y una desviación estándar de 0,06. No hubo diferencias significativas en el peso vivo al sacrificio entre dietas ( $P > 0,05$ ), como se esperaba por ser dietas isoenergéticas, y si entre niveles de engrasamiento ( $P < 0,001$ ) con 402,0 kg para el

engrasamiento bajo y 481,3 kg para el alto. No hubo diferencias significativas ( $P>0,05$ ) entre dietas para las variables  $L^*$ ,  $a^*$ ,  $b^*$ ,  $C^*$  o  $h^*$  del color del músculo. El efecto del engrasamiento fue altamente significativo ( $P<0,001$ ) en  $L^*$ ,  $a^*$ ,  $C^*$  y  $h^*$  y significativo para  $b^*$  ( $P<0,05$ ). Se encontró una interacción significativa entre el nivel de engrasamiento y la dieta para la claridad del músculo (Figura 1). Los lotes con el nivel de engrasamiento E1 tuvieron un máximo de claridad a las 24 horas, para bajar a las 48 horas mientras que los lotes E2 lo tuvieron a las 48 horas, y presentaron menores valores de luminosidad desde los 9 a los 14 días.

Tabla 1. Principales efectos e interacciones significativas sobre el color y los pigmentos de la carne.

	Dieta	Engrasamiento	Tiempo	Engrasamiento*Dieta	Engrasamiento*Tiempo
Luminosidad ( $L^*$ )	ns	***	***	*	-
Rojo ( $a^*$ )	ns	***	***	-	-
Amarillo $b^*$	ns	*	***	-	-
Saturación ( $C^*$ )	ns	***	***	-	-
Tono ( $h^*$ )	ns	***	***	-	-
Metamioglobina <sup>1</sup>	ns	**	***	*	-
Mioglobina <sup>1</sup>	**	**	*	-	**
Oximioglobina <sup>1</sup>	ns	ns	***	*	*

<sup>1</sup> Expresados en porcentaje de pigmentos hemínicos totales.

ns=  $P>0,05$ ; \*= $P\leq 0,05$ ; \*\*= $P<0,01$ ; \*\*\*= $P<0,001$

Los cambios en la luminosidad son debidos a cambios en la proteína muscular (McDougall, 1992) probablemente derivados de la diferencia de peso y edad entre E1 y E2. A partir de los 9 días, la evolución del color de los lotes LV fue similar en los dos niveles de engrasamiento, mientras que para los lotes T y L, el engrasamiento bajo tuvo los mayores valores de luminosidad y el engrasamiento alto los menores valores. El tono de todos los tratamientos descendió en las primeras 24 a 48 horas (Figura 1) hasta valores de entre 48 y 51 donde se estabilizó hasta los 14 días. A pesar de no haber diferencias entre dietas, los lotes T quedaron con tonos más bajos en los dos niveles de engrasamiento, y tanto el lote L como el T a engrasamiento bajo comenzaron a aumentar su tono a los 6 y 9 días respectivamente, indicando un comienzo de decoloración. No obstante, todos los tratamientos se mantuvieron en valores de tono óptimos hasta el final de la experiencia. Comercialmente, el color entre las 24 y 48 horas es de gran importancia para la venta. A las 24 horas el lote de engrasamiento alto tuvo mayor valor ( $P<0,05$ ) de  $a^*$ ,  $b^*$ , Saturación y menor Tono (Tabla 2) debido a la mayor edad y peso de estos animales. A este tiempo tampoco hubo influencia de la dieta para ninguna de las variables.

Figura 1 Evolución de la luminosidad y el tono del músculo.

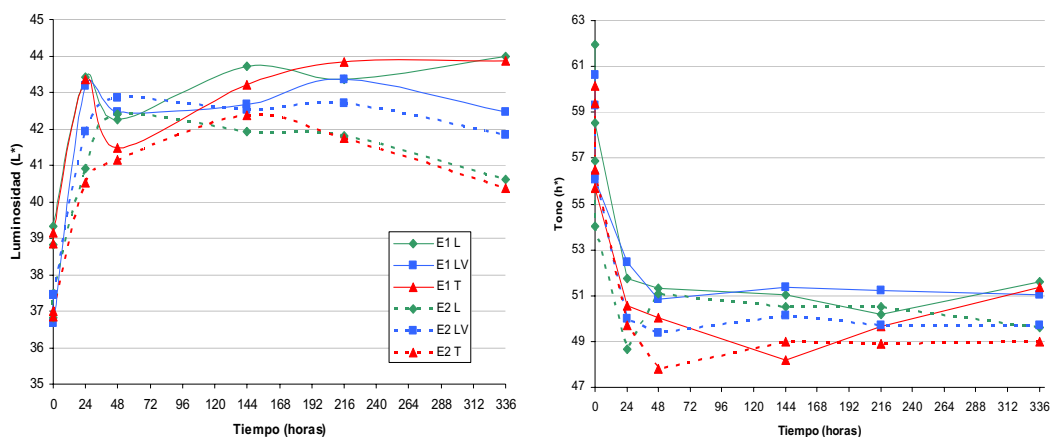


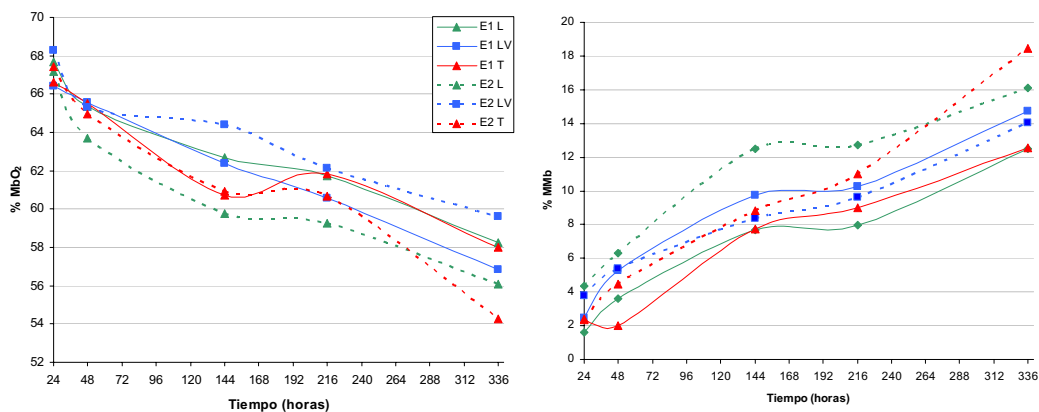
Tabla 2. Color de la carne a las 24 horas de oxigenación.

	DIETA				ENGRASAMIENTO		
	T	L	LV	e.e.-Sig	E1	E2	e.e.-Sig
Luminosidad (L*)	41,95	42,16	42,56	0,694 ns	43,33	41,15	0,565 **
Rojo (a*)	11,95	12,23	11,84	0,493 ns	11,23	12,79	0,161 **
Amarillo b*	14,26	14,54	14,56	0,335 ns	14,07	14,85	0,273 *
Saturación (C*)	18,62	19,03	18,82	0,520 ns	18,04	19,63	0,424 *
Tono (h*)	50,13	50,21	51,21	0,902 ns	51,64	49,43	0,734 *

ns= P>0,05; \*=P≤0,05;\*\*=P<0,01;\*\*\*=P<0,001

Hubo una interacción significativa (P<0,05) para MMb (Figura 2) entre el estado de engrasamiento y la dieta. La carne del lote LV a los dos engrasamientos se mantuvo en valores intermedios, mientras que el lote L tuvo los mayores y menores porcentajes de MMb para los engrasamientos E2 y E1 respectivamente. La evolución de la oximioglobina partió de valores altos después de 24 horas de oxigenación, y luego disminuyó conforme se fue creando metamioglobina. Esta tendencia cambió entre los 6 y 9 días en que la formación de MMb se ralentizó excepto para el lote T a los dos niveles de engrasamiento. Hubo un importante efecto del nivel de engrasamiento, asociado al peso vivo y edad ya que a mayor tiempo recibiendo el suplemento de vitamina E en las distintas dietas se reflejó en un menor tono. En conclusión, el efecto de la dieta se evidenció ligeramente a tiempos largos de exposición que no son usuales en el mercado habitual. No obstante, tanto las dietas con lino y enriquecidas con vitamina E, como las de piensos testigo con niveles habituales de vitamina E proporcionaron carne con una prolongada vida útil por su color o apariencia.

Figura 2. Evolución de la mioglobina y metamioglobina.



**Agradecimientos:** Este trabajo ha sido cofinanciado por INIA RTA2005-00183-C02 y fondos FEDER Agradecemos a J. Santamaría de DSM Nutritional Products Iberica S.A. por el suministro de la vitamina E. Dedicado a la memoria de Rafael Delfa, que nos brindó su incondicional amistad y realizó todo el trabajo de ecografías.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Albertí, P., Ripoll, G., Panea, B., Joy, M. (2007). ITEA Vol. Extra 28  
 Arnold, R. N., Scheller, K. K., Arp, S. C., Williams, S. N., Schaefer, D. M. (1992). Journal of Food Science 57: 518-520.  
 Howe, P., Meyer, B., Record, S. & Baghurst, K. (2006). Nutrition 22: 47-53.  
 Krzywicki, K. (1979). Meat Science 3: 1-9.  
 Maccougall, D. B. (1982). Food Chemistry 9: 75-88.

## EFFECTO DE LA ALIMENTACIÓN CON DIETAS RICAS EN ACIDOS GRASOS POLIINSATURADOS SOBRE EL DESARROLLO DEL TEJIDO GRASO DE TERNEROS

Sayed, S.<sup>1</sup>, Abadía, S.<sup>1</sup>, Mendizabal, J.A.<sup>1\*</sup>, Arana, A.<sup>1</sup>, Soret, B.<sup>1</sup>, Albertí, P.<sup>2</sup>, Purroy A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ETSIA. Universidad Pública de Navarra. Campus de Arrosadía, 31006 Pamplona

<sup>2</sup>CITA. Carretera Montañana, 177. 50080 Zaragoza

[\\*jamendi@unavarra.es](mailto:*jamendi@unavarra.es)

### INTRODUCCIÓN

La carne de vacuno obtenida de terneros cebados con pienso presenta un menor valor de la relación de ácidos grasos poliinsaturados/saturados, beneficioso para la salud humana, que la obtenida de los terneros criados en pasto (Wood *et al.*, 1999). Para contrarrestar este factor se está estudiando la utilización de materias primas con alto contenido en ácidos grasos poliinsaturados (por ejemplo semilla de lino) en las dietas utilizadas en el cebo de terneros. Por otra parte, cuando se utilizan materias primas que pueden dar lugar a grasas insaturadas, de fácil enranciamiento y que pueden acortar la vida útil de la carne, se recomienda la adición en la dieta de los animales de antioxidantes como, por ejemplo, la vitamina E (Robbins *et al.*, 2003). El presente trabajo, englobado en un proyecto más amplio donde se estudia el efecto que la adición de lino y de vitamina E en el pienso de terneros tiene sobre el crecimiento, engrasamiento y características de la carne, se centra en profundizar sobre los posibles efectos que pudieran tener la utilización de estas dietas sobre el desarrollo y la celularidad del tejido graso.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se han utilizado 23 terneros machos de raza Pirenaica, distribuidos durante el cebo en tres grupos según el alimento recibido: Lote *Control* (pienso concentrado convencional con 35% de maíz, 23% de cebada y 14% de harina de soja); Lote *Lino* (pienso con una composición muy similar al anterior pero con un 5% de semilla de lino); Lote *Lino+VitE* (el pienso anterior suplementado con 200 mg de vitamina E/kg). Los tres piensos fueron isoenergéticos e isoproteicos (13 MJ de EM/kg MS y 170 g de PB/kg MS) y se ofertaron junto con paja de cereal, ambos *ad libitum*. Los pesos, los crecimientos y las características de la canal de estos terneros se muestran en la Tabla 1.

Inmediatamente después del sacrificio, que tuvo lugar cuando los animales alcanzaron un peso vivo aproximado de 400 kg tras 144 días de cebo, se tomaron muestras de grasa de los depósitos pelviorrenal (PR), subcutáneo (SC) a la altura de la 10ª costilla, e intramuscular (IM) en el músculo *rhomboideus cervicis*. Para la determinación del tamaño de los adipocitos las muestras fueron sometidas a una digestión con colagenasa, para provocar así la separación de los adipocitos (Robdell, 1964). Con los adipocitos aislados se realizaron preparaciones microscópicas y las imágenes obtenidas al microscopio fueron digitalizadas para determinar posteriormente el diámetro de los adipocitos mediante la técnica de Análisis de Imagen (Arana *et al.*, 2005). El tratamiento estadístico de los datos se realizó mediante análisis de varianza considerando el tipo de alimento recibido como factor fijo, utilizando el paquete estadístico SPSS.PC+ (2005).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se muestran las características de crecimiento y de la canal de los terneros de los 3 grupos estudiados. En ella se observa que no hubo diferencias significativas entre grupos. Únicamente, los terneros del lote *Lino* presentaron una nota de conformación inferior a la de los otros dos lotes ( $P < 0,05$ ), si bien la diferencia fue de una sola unidad en la escala SEUROPE (0-18). En cuanto a la nota de engrasamiento de la canal no se observaron diferencias, ni tampoco las hubo en la cantidad de grasa pelviorrenal de los distintos lotes ( $P < 0,05$ ).

Tabla 1.- Características de crecimiento y de la canal (media  $\pm$  error estándar) de los terneros en función del tipo de concentrado ingerido (*Control*: pienso convencional; *Lino*: rico en semilla de lino; *L+vitE*: rico en lino con vitamina E adicionada).

	Control (n=7)	Lino (n=8)	Lino+vitE (n=8)	Significación
Peso inicial(kg)	289 $\pm$ 13,0	274 $\pm$ 15,5	274 $\pm$ 15,7	ns
Peso sacrificio(kg)	410 $\pm$ 17,6	392 $\pm$ 14,1	405 $\pm$ 18,9	ns
GMD(g/d)	1,38 $\pm$ 0,107	1,35 $\pm$ 0,027	1,53 $\pm$ 0,063	ns
PCF(kg)	252 $\pm$ 12,8	234 $\pm$ 8,7	246 $\pm$ 10,4	ns
RC(%)	61,8 $\pm$ 0,80	59,8 $\pm$ 0,63	60,9 $\pm$ 0,84	ns
EC (1-18)	11 $\pm$ 0,5 <sup>a</sup>	10 $\pm$ 0,5 <sup>b</sup>	11 $\pm$ 0,4 <sup>a</sup>	*
EE (0-15)	3 $\pm$ 0,4	4 $\pm$ 0,4	4 $\pm$ 0,3	ns
Grasa PR(g)	1432 $\pm$ 245,8	1586 $\pm$ 100,1	1480 $\pm$ 174,1	ns

Comparación entre lotes: letras diferentes P<0,05; letras iguales o ausencia de letras P>0,05. \*: P<0,05; ns: no significativo.

En la Tabla 2 se muestran los diámetros de los adipocitos de los depósitos PR, SC e IM de los terneros de los 3 lotes. Nuevamente, no se observan diferencias significativas entre los terneros de los distintos lotes. Únicamente, las diferencias son significativas cuando se comparan los tres depósitos grasos entre sí, correspondiendo los adipocitos de mayor tamaño al PR y los de menor tamaño al IM. Coinciden estas diferencias entre depósitos grasos con las descritas anteriormente en terneros de las principales razas autóctonas españolas de vacuno de carne (Mendizabal *et al.*, 1999; Alzón *et al.*, 2007).

Tabla 2.- Diámetro ( $\mu$ m) (media  $\pm$  error estándar) de los adipocitos de los depósitos pelviorrenal (PR), subcutáneo (SC) e intramuscular (IM) de los terneros en función del tipo de concentrado ingerido (*Control*: pienso convencional; *Lino*: rico en semilla de lino; *L+vitE*: rico en lino con vitamina E adicionada).

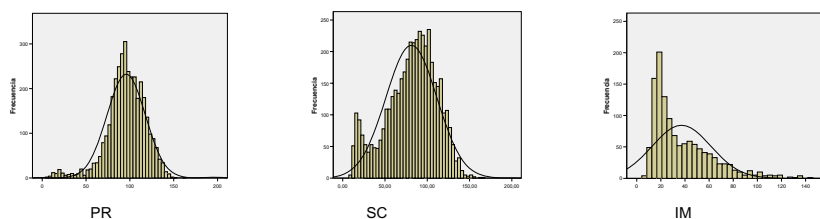
	Control (n=7)	Lino (n=8)	L+vitE (n=8)	Significación
PR	94,6 $\pm$ 5,03	95,7 $\pm$ 2,82	94,5 $\pm$ 3,59	ns
SC	85,3 $\pm$ 5,82	84,4 $\pm$ 5,42	74,3 $\pm$ 6,70	ns
IM	36,2 $\pm$ 2,51	37,0 $\pm$ 2,59	38,2 $\pm$ 2,35	ns

Comparación entre lotes: ns: no significativo.

En la Figura 1 se muestran las distribuciones de frecuencias según el tamaño de los adipocitos de cada uno de los 3 depósitos grasos estudiados considerando conjuntamente los 23 terneros. El depósito PR se caracteriza por presentar una curva de distribución muy próxima a la curva normal. Ello está de acuerdo con el principio de que este depósito completa en una etapa muy precoz de su vida la hiperplasia o proliferación adipocitaria, de manera que posteriormente todo su desarrollo se lleva a cabo por la hipertrofia de los adipocitos, fenómeno que determina una curva de distribución de adipocitos próxima a la normal (Robelín, 1986). Sin embargo, en el depósito SC se aprecia una curva con tendencia a la bimodalidad, que estaría poniendo en evidencia un proceso de hiperplasia o proliferación de nuevos adipocitos (reflejado en la distribución de menor rango) simultáneamente a un proceso de hipertrofia (reflejado en la distribución de mayor rango). Esto es algo que también constatan en este depósito graso Schoonmaker *et al.* (2004) en terneros de raza Holstein cebados con diferentes fuentes y niveles energéticos de la ración.

Por último, la distribución de frecuencias en el depósito graso IM correspondería a una situación en la que predomina la hiperplasia de los adipocitos, de manera que hay un pico muy importante de adipocitos de muy pequeño tamaño, de aproximadamente 20 m de diámetro.

Figura 1.- Distribución de frecuencias de adipocitos según su diámetro (m) en los depósitos pélvicorrenal (PR; n=3560), subcutáneo (SC; n=4449) e intramuscular (IM; n=1235).



En definitiva podría concluirse que la utilización durante el cebo de terneros de dietas ricas en ácidos grasos poliinsaturados (lino) no tiene un efecto notorio sobre el desarrollo de sus diferentes depósitos grasos, si bien éstos muestran patrones diferentes de desarrollo con un predominio de la hipertrofia o de la hiperplasia de los adipocitos dependiendo de los depósitos.

#### AGRADECIMIENTOS

El presente trabajo forma parte de un Proyecto de Investigación financiado por el I.N.I.A. (RTA2005-00183-C02-02).

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alzón, M., Mendizabal, J.A., Arana, A., Albertí, P., Purroy, A. 2007. Animal (en prensa).  
Arana A., Soret B., Mendizabal J.A., Purroy A., 2005. Monografías INIA: Serie Ganadera 3: 381-393.  
Mendizabal, J.A., Albertí, P., Eguinoa, P., Arana, A., Soret, B., Purroy, A. 1999. Animal Science 69: 115-121.  
Robbins, K., Jensen, J., Ryan, K.J., Homco-Ryan, C., McKeith, F.K., Brewer, M.S., 2003. Meat Sci. 64: 279-285.  
Robelin, J. 1986. Livestock Production Science 14: 349-364.  
Robdell, M., 1964. Journal of Biological Chemistry 239: 375-386.  
Schoonmaker, J.P., Fluharty, F.L., Loerch, S.C. 2004. J. Anim. Sci. 82: 137-148.  
SPSS.PC+. (2005). SPSS Trends 14.0. SPSS Inc., Chicago, EEUU.  
Wood J.D., Enser M., Fisher A.V., Nute G.R., Richardson R.I., Sheard P.R., 1999. Proc. Nutr. Soc. 58: 363-370.

## ACABADO DE VACAS DE DESECHO HOLSTEIN FRISIAN: EFECTO DURACION DEL ACABADO Y TIEMPO DE MADURACION SOBRE LA TEXTURA DE LA CARNE

González González, L., Bispo, E., Moreno, T., Pérez Seijas, N., Monserrat, L., Franco, D.\*  
 Centro de Investigaciones Agrarias de Mabegondo (CIAM). Apdo 10 15080 A Coruña  
 \*daniel.franco.ruiz@xunta.es

### INTRODUCCIÓN

El acabado de las vacas desechadas en los rebaños de producción de leche puede ser una actividad importante para incrementar los ingresos de una especulación ganadera de máximo interés en Galicia. El censo de vacas de leche en el país gallego es de 488.194 cabezas (Anuario de Estadística Agraria, 2003), pudiéndose calcular, dada su corta vida productiva, que se desechan unas 97.000 vacas al año, básicamente por razones que no impiden su acabado. El cebo de estos animales incrementa su peso y mejora su condición corporal y estado de engrasamiento (Malterre, 1986). Esto puede suponer una subida importante del precio por Kg/canal, ya que existe un salto cualitativo entre las clasificadas como O-P y poco grasas y las R-E y bien engrasadas (Carballo y Moreno 2006), dado que su lomo se comercializa como chuletón y entrecot de "Buey". El lomo, para este fin, se madura tradicionalmente en cámara frigorífica durante al menos un mes a fin de conseguir la mayor terneza y flavor. La terneza es el atributo más valorado por el consumidor Koohmaraie (1996) y, aún cuando su relación con la máxima fuerza de corte es muy alta, parece interesante considerar otras variables que miden la textura como la firmeza o la elasticidad, especialmente en animales adultos donde es abundante el tejido conectivo que no se altera con la maduración. En la textura de la carne influyen muchos factores antes y después del sacrificio pero, considerando que estos animales pertenecen a la raza Holstein Frisian, tienen normalmente más de 5 años de edad y se pretende cebarlos, se estima que lo más interesante es estudiar el efecto de la duración del acabado y el tiempo de maduración sobre la textura de la carne.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 12 vacas Holstein-Frisian desechadas del rebaño experimental de leche del CIAM, que después del pastoreo se asignaron al azar a dos lotes para rematar el cebo durante un mes (T1) y dos meses (T2) con una ración compuesta de silo de maíz y 3 kg de pienso concentrado. A las 24 horas *postmortem* se sacaron del lomo siete filetes de 2.5 cm entre la 5ª y 10ª costilla, que se envasaron al vacío y se conservaron a 4º C hasta su análisis a 1, 7, 14, 21, 28, 35 y 42d.

Las medidas de textura fueron realizadas con carne cocida en un baño de agua a 70º C durante 1h con un textuómetro TA-XT2 de Stable Micro Systems. Se midió con célula WB, fuerza máxima, firmeza al corte y trabajo total siguiendo la técnica descrita por Beltrán y Roncalés (2005). Con la célula de compresión se realizó el análisis de perfil de textura (TPA). Para ello se cortaron trozos de carne de 1x1x1 cm aproximadamente y se comprimieron hasta un 80 % de su espesor a una velocidad constante de 1 mm/s con una sonda de 19.85 cm<sup>2</sup> de área de contacto. Entre la primera y segunda compresión se dejó un intervalo de espera de 2 segundos. A partir de este ensayo se obtienen los siguientes parámetros de textura: Dureza (o C80 en este ensayo), cohesividad, elasticidad y masticabilidad. Con esta misma célula y a la misma velocidad se realizó el estrés al 20%. Asimismo se calculó la edad de las vacas y el porcentaje de grasa intramuscular mediante espectroscopia NIRS (Oliete *et al.*, 2000). Los resultados se analizaron mediante ANOVA con el programa SPSS 8.0 considerando los efectos: tratamiento y tiempo de maduración. En el tiempo de maduración se aplicó el test de Duncan cuando la diferencia entre medias era significativa.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las vacas del tratamiento T1 respecto a las del T2 tuvieron menor edad (años) ( $7.66 \pm 2.65$  vs  $8.66 \pm 4.59$ ) y contenido de grasa intramuscular (%) ( $6,83 \pm 2.20$  vs  $8,52 \pm 1.09$ ). El tratamiento afectó a los parámetros de textura a 1 y 7 días postsacrificio (Tabla 1). Los valores medidos con la célula de corte WB fueron siempre menores en el grupo T2 que en el T1. Sin embargo, los obtenidos con la célula de compresión fueron mas bajos en el grupo T1 que en el T2, excepto en estrés al 20% y la cohesividad.

Tabla 1. Media, desviación típica y significación de los parámetros de textura. Efecto tiempo de maduración y duración del acabado.

F. Máxima (kg/cm <sup>2</sup> )	TIEMPO DE MADURACIÓN (días)							SED
	1	7	14	21	28	35	42	
Tratamiento 1	10.61 a	8.07 b	5.87 c	5.40 c	5.57	5.87 c	5.20 c	0.334
Tratamiento 2	8.00 a	5.60 b	5.70 b	5.93 b	5.18 b	5.09 b	5.20 b	0.273
Significación	*	**	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	
Firmeza corte (kg/cm <sup>2</sup> )								
Tratamiento 1	3.66 a	2.97 b	2.36 c	2.12 c	2.05 c	2.19 c	2.21 c	0.105
Tratamiento 2	3.05 a	2.28 b	2.35 b	2.25 b	2.19 b	1.80 b	1.86 b	0.095
Significación	n.s.	*	n.s.	n.s.	n.s.	+	n.s.	
Trabajo Total (Kg*s)								
Tratamiento 1	35.51 a	32.88 a	21.46 b	17.20 b	16.02 b	16.05 b	20.07 b	1.352
Tratamiento 2	23.85 a	17.41 b	20.24ab	24.22 b	15.98 a	14.39 a	15.29 a	0.920
Significación	*	***	n.s.	**	n.s.	n.s.	*	
Estrés 20% (kg/cm <sup>2</sup> )								
Tratamiento 1	0.34 a	0.27 ab	0.19 b	0.13 b	0.34 a	0.25 ab	0.26 ab	0.019
Tratamiento 2	0.15	0.17	0.25	0.25	0.32	0.21	0.21	0.021
Significación	*	+	n.s.	+	n.s.	n.s.	n.s.	
Dureza (kg/cm <sup>2</sup> )								
Tratamiento 1	15.62 a	16.45 a	17.62ab	21.09b	25.31 d	21.83cd	20.07 a	0.697
Tratamiento 2	20.39	16.24 a	18.30ab	19.84ab	21.96 b	22.34 b	19.10ab	0.634
Significación	**	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	
Elasticidad								
Tratamiento 1	0.49 ab	0.51 bc	0.46 a	0.46 a	0.52 c	0.50 bc	0.49 bc	0.004
Tratamiento 2	0.50 ab	0.52 b	0.50 ab	0.46 a	0.52 b	0.51 ab	0.50 ab	0.006
Significación	n.s.	n.s.	+	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	
Masticabilidad(kg/cm <sup>2</sup> )								
Tratamiento 1	3.58 ab	4.03 ab	4.02 ab	2.91 a	6.47 c	5.08 bc	3.88 ab	0.256
Tratamiento 2	4.93	4.11	4.42	3.98	5.30	5.42	4.48	0.202
Significación	**	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	
Cohesividad								
Tratamiento 1	0.47	0.45	0.46	0.45	0.45	0.45	0.46	0.002
Tratamiento 2	0.44ab	0.43 ab	0.49 b	0.44 ab	0.45 ab	0.46 ab	0.44 a	0.004
Significación	*	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	

Medias seguidas por distinta letra en la misma fila indican diferencias significativas ( $p < 0.05$ ; test Duncan) para el efecto tiempo de maduración.- (+= $p < 0.1$ , \*= $p < 0.05$ , \*\*= $p < 0.01$ , \*\*\*= $p < 0.001$ ).



La menor fuerza de corte, firmeza al corte y trabajo total, a 1 y 7 días, de la carne del tratamiento T2 respecto a la del T1, posiblemente sea consecuencia de su mayor contenido en grasa, circunstancia ya señalada por Young y Bass (1984). Esta hipótesis parece ser confirmada por los resultados de compresión al 20%, también más bajos en la carne del T2 que en la del T1, ya que es un valor que refleja la dureza ofrecida por los componentes miofibrilares y no la debida al tejido conjuntivo (Hocquette *et al.*, 2005). Asimismo el mayor contenido en grasa de la carne de las vacas del grupo T2 parece afectar al trabajo total durante toda la maduración, con valores menores en la carne del T2 que en la del T1 aunque solo sea significativo a 1, 7 y 42 días y haya que obviar el error experimental que se produce a los 21 días.

Por el contrario, los resultados de compresión al 80%, que manifiestan el contenido en tejido conjuntivo, son más elevados en la carne del tratamiento T2 que en la del T1, probablemente como consecuencia de la mayor edad de las vacas del grupo T2 respecto al T1, ya que es bien conocido que la edad del animal en el momento del sacrificio es el factor que más influye en la cantidad y composición química del tejido conjuntivo (Sentandreu *et al.*, 2002.) Cuando se considera el efecto del tiempo de maduración sobre los parámetros de textura se observa que sólo se producen cambios significativos en los primeros 14 días de maduración (Tabla 1). Este es un resultado, en lo que respecta a la dureza, acorde con el indicado por Campo (1999) para animales más jóvenes.

Se concluye que un periodo de maduración de 14 días puede ser suficiente para que la carne de vacas de desecho de raza Holstein-Frisian adquiera los valores máximos de textura, y que el mayor contenido en grasa intramuscular parece conveniente por la menor necesidad de trabajo total.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Anuario de Estadística Agraria. (2003). Ed. Xunta de Galicia. Consellería do Medio Rural
- Beltrán, J.A., Roncalés, P. (2005). Determinación de la textura. En: V. Cañeque y C. Sañudo Ed., Estandarización de las metodologías para evaluar la calidad del producto (animal vivo, canal, carne y grasa) en los rumiantes. INIA, Madrid, pp237-242.
- Carballo, J. A., Moreno, T. (2006). Características cuantitativas de las canales de vacas de desecho en Galicia. Archivos de Zootecnia, vol. 55 nº 212, 339-350.
- Campo, M.M. (1999). Influencia de la raza sobre la textura y las características sensoriales de la carne de bovina a lo largo de la maduración. Tesis Doctoral, Universidad de Zaragoza.
- Hocquette, J.F., Renand G., Levéziel H., Picard, B., Cassar-Malek, I. (2005). Proceedings of BSAS presented at the "Science of Beef Quality" Conference
- Koohmaraie, M. (1996). Biochemical factors regulating the toughening and tenderization processes of meat. Meat Science 43, S193-S201
- Malterre, C. (1986). Production de viande de vaches de réforme. En: D. Micol Ed., Production de viande bovine. INRA, Paris, pp. 247-269.
- Oliete, Cardelle, M., Maceiras, M.P. (2000). En: X Cong. Zootec. Libro resúmenes, p 117.
- Sentandreu, M. A., Coulis, G., Ouali, A. (2002). Role of muscle endopeptidases and their inhibitors in meat tenderness. Trends in Food Science and Technology 13, 400-421.
- Young, O.A., Bass, J.J. (1984). Effect of castration on bovine muscle composition. Meat Science 11, 139-156.

## ACABADO DE VACAS DE DESECHO HOLSTEIN FRISIAN: EFECTO DE LA DURACION DEL ACABADO SOBRE LA GANANCIA DE PESO Y LAS CARACTERÍSTICAS DE LA CANAL Y DE LA CARNE

Bispo, E., Franco, D., González González, L., Monserrat, L., Pérez Seijas, N., Moreno, T.\*  
Centro de Investigaciones Agrarias de Mabegondo (CIAM). Aptdo 10, 15080 A Coruña  
\*teresa.moreno@ciam.es

### INTRODUCCIÓN

En Galicia hay un censo de 488.194 vacas de producción de leche (Anuario de Estadística agraria, 2003) que pertenecen prácticamente en su totalidad a la raza Holstein-Frisian. Considerando que la vida productiva de estas vacas es de unos cinco años y que más del 50% son desechadas por motivos que no impiden un buen aprovechamiento carnicero (Darré y Sénechal, 1975), existe un importante número de animales para producir carne. El acabado de estos animales incrementa su peso y mejora su condición corporal y estado de engrasamiento (Malterre, 1986). Esto puede suponer una subida importante del precio por Kg/canal, ya que existe un salto cualitativo entre las clasificadas como O-P y poco grasas y las R-U y bien engrasadas (Carballo y Moreno, 2006), cuyo lomo se comercializa para chuletón de "Buey". El cebo de las vacas se puede realizar en Galicia durante el pastoreo de primavera, pero en muchos casos puede ser insuficiente para que consigan un buen acabado, debido a su baja condición corporal en relación a la duración de la estación de pastoreo. Por otra parte se considera que la carne de animales acabados con pienso puede presentar características físico-químicas diferentes a la de los animales acabados en pastoreo (Schroeder *et al.*, 1980). Debido a ello se consideró interesante estudiar el efecto del acabado sobre la ganancia de peso y las características de la canal y de la carne de las vacas de desecho cebadas con una ración rica en cereales después del pastoreo de primavera.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 18 vacas Holstein-Frisian desechadas del rebaño experimental del CIAM, que estuvieron en un solo grupo durante el pastoreo. Al final del mismo se formaron tres lotes al azar, uno se envió al matadero (T0) y los otros dos se cebaron durante uno (T1) y dos meses (T2), en parcela de sacrificio, con una ración compuesta de silo de maíz y tres kilos de pienso concentrado por cabeza y día. Se controló el peso durante el pastoreo y el acabado, el peso de la canal en frío y su conformación (EUROP) y estado de engrasamiento (1-5). A las 24 horas *postmortem* se extrajo una muestra del *Longissimus thoracis* entre la 5ª y 10ª costilla. Se determinó el pH, mediante un pH-metro Crison 507; el color L\* (luminosidad), a\* (índice de rojo) y b\* (índice de amarillo) (CIE, 1986) con un colorímetro Minolta CR-300; la composición química mediante espectroscopia NIRS, con un espectrofotómetro calibrado y validado previamente (Oliete *et al.*, 2000); las pérdidas de agua por cocción, calculadas por diferencia entre el peso de la muestra cocinada y cruda; la fuerza máxima de corte en carne cocida a 70° C durante una 1 hora, con un texturometro TA-XT2 de stable Micro Systems y los pigmentos hemínicos de acuerdo a la metodología de Hornsey (1956). Para el análisis estadístico de los resultados se realizó un análisis de varianza mediante ANOVA con el programa SPSS 8.0.

### RESULTADOS Y DISCUSION

El pastoreo duró 42 días para los tres tratamientos y el acabado 34 y 62 días para los tratamientos T1 y T2, durante los cuales las vacas consumieron respectivamente 1209 y 2540 Kg de MS de ensilado de maíz por cabeza (0.64 UFC) y 102 y 186 Kg de pienso concentrado (1.14 UFC), respectivamente. No se encontraron diferencias significativas entre tratamientos en el peso vivo y de la canal (Tabla 1) debido probablemente a la fuerte variación en el peso de las vacas al principio del pastoreo ( $655 \pm 63.79$  Kg), con un rango de

480 a 757 kg, y al hecho de que el azar agrupara las vacas con menos peso en el tratamiento con mayor duración de acabado. La disminución de la ganancia de peso en el periodo total, según se prolonga el tiempo de acabado ( $p < 0.05$ ), es un resultado ampliamente reseñado (Monserrat, 1994) como consecuencia de que las ganancias de peso disminuyen conforme el animal va recuperando el peso perdido. El efecto del tiempo de acabado es más ilustrativo cuando se considera el rendimiento, la conformación y el estado de engrasamiento de la canal, que siempre fueron más altos en las vacas que tuvieron un periodo más largo de cebo (Tabla 1). Estos resultados eran esperados ya que es conocido que el acabado mejora las características de la canal (Malterre, 1986). La clasificación para conseguir que el lomo se destinara a chuletero de "Buey" se obtuvo en dos canales del grupo T0 (33.4%) frente a todas las del T1 y T2 (100%) y que su comercialización se realizara en el mercado más exigente ( $\geq R3$ ) se consiguió solamente con 1 (16.7%) del T1 y 4 (66.7%) del T2. Esto significa una fuerte apreciación según Carballo y Moreno (2006) quienes señalan una diferencia alta de precio, en el mercado gallego, entre las canales de vacas engrasadas R y U frente a las P y 0.

Tabla 1. Media desviación típica y significación del peso, ganancia de peso y clasificación de la canal de las vacas Holstein Frisian. Efecto duración del acabado con piensos concentrados.

	TRATAMIENTO ACABADO				
	Testigo	1 mes	2 meses	DT	Sig
Edad (años)	8.83	7.66	8.66	3.18	n.s
<b>PESO VIVO (Kg)</b>					
Principio pastoreo	679	653	633	63.79	n.s
Fin pastoreo	751	727	693	62.04	n.s
Sacrificio	751	762	751	57.58	n.s
<b>GANANCIA PESO (Kg/día)</b>					
Pastoreo	1,46	1,51	1,22	0.28	n.s.
Acabado	-	1,02	0,94	0.19	n.s.
Total	1,46 b	1,31 ab	1,07 a	0.26	*
<b>CARACTERÍSTICAS CANAL</b>					
Peso Canal (Kg)	305	330	333	33.03	n.s
Conformación (EUROP)	1.83 a	2.16 ab	2.50 b	0.51	+
Estado engrasamiento (1-5)	3.00 a	4.00 b	4.00 b	0.00	**
Rendimiento Canal	39,54 a	43,40 b	49,43 c	4.86	***

Medias seguidas por distinta letra en la misma fila indican diferencias significativas ( $p < 0.05$ ; test Duncan). Significación: \*\*\* ( $p < 0.001$ ), \*\* ( $p < 0.01$ ), \* ( $p < 0.05$ ), + ( $p < 0.1$ ), n.s (no significativo).

Se encontraron diferencias significativas entre tratamientos en el pH y en todos los parámetros de composición química estudiados (Tabla 2). Aunque el pH fue diferente entre tratamientos, los valores en cada una de las canales estaban por debajo de 6. El porcentaje en grasa de la carne aumentó con la duración del acabado, de forma que las vacas del tratamiento T2 tuvieron 28.07% más grasa que las del T0 (6.02 vs. 8.52%,  $p < 0.05$ ), situándose en una posición intermedia las del T1, resultado esperado ya que este es el principal objetivo del acabado. Contrariamente, el contenido en agua disminuía con la duración del acabado, un resultado también esperado ya que es reconocido que el incremento del contenido en grasa de la carne supone una disminución del de agua (Varela, 2002). La disminución del porcentaje en cenizas y proteína de la carne con el tiempo de acabado podría explicarse también como una consecuencia del aumento del porcentaje de grasa. Las pérdidas de agua por cocción fueron más reducidas en el tratamiento T2 que en el T0 y T1, resultado acorde con el referido por Horsnstein *et al.* (1960). Hubo también diferencias entre tratamientos en la dureza y el color de la carne y de la grasa excepto en el

índice de amarillo de la grasa (Tabla 2). Las vacas del grupo T0 y T2 proporcionaron una carne más blanda y luminosa y menos roja que las del T1, y una grasa más luminosa, mientras que el índice de rojo de la grasa se incrementaba con la duración del acabado. La mejores características de terneza y color de la carne de las vacas del grupo T2 respecto a las del T1 son acordes con lo reseñado por Vestergaard *et al.* (2000) como efecto beneficioso del acabado. En cambio parece contradictorio que no existan diferencias en estos parámetros entre el grupo T2 y T0 y que los resultados del T1 sean inferiores a los del T0, circunstancia que tal vez sea achacable al cambio de alimentación.

Se concluye que parece interesante el acabado después del pastoreo debido a la ganancia de 1Kg/d de peso y la mejora de las características de la canal y que puede ser más ventajoso por su mejor comercialización el acabado de dos meses con concentrado.

Tabla 2. Media, desviación típica y nivel de significación de las características físico-químicas de la carne y color de la grasa subcutánea a 24h postsacrificio. Efecto duración del acabado.

	TRATAMIENTO ACABADO				DT	Sig
	Testigo	1 mes	2 meses			
pH	5.53 a	5.52 a	5.69 b	0.08	***	
COMPOSICION QUIMICA (%)						
Agua	72.57 b	72.41 ab	70.31 a	1.94	*	
Cenizas	1,07 b	1.02 ab	0.98 a	0.05	*	
Proteína	21.64 b	19.72 a	20.42 ab	1.31	**	
Grasa	6.02 a	6.83 ab	8.52 b	1.90	*	
PERDIDAS POR COCCIÓN (%)	28.37 a	28.54 a	25.47 b	3.08	*	
DUREZA Fuerza Máxima (Kg/cm <sup>2</sup> )	7.91 a	10.61 b	8.00 a	2.13	*	
COLOR: (24h) L. Thoracis						
Luminosidad (L*)	35.29 ab	33.27 a	36.91 b	2.22	**	
Índice de rojo (a*)	14.64 a	18.26 b	15.91 a	2.16	**	
Índice de amarillo (b*)	7.17 a	8.76 b	8.06 ab	1.23	+	
Pigmento hemínicos (	6.82	7.07	5.93	1.08	n.s.	
COLOR: (24h) Grasa Subcutánea						
Luminosidad (L*)	58.18 b	54.52 a	55.95 ab	2.89	+	
Índice de rojo (a*)	5.98 a	6.49 a	9.00 b	2.21	*	
Índice de amarillo (b*)	22.50	21.21	20.96	3.90	n.s	

Medias seguidas por distinta letra en la misma fila indican diferencias significativas ( $p < 0.05$ ; test Duncan). Significación: \*\*\* ( $p < 0.001$ ), \*\* ( $p < 0.01$ ), \* ( $p < 0.05$ ), + ( $p < 0.1$ ), n.s (no significativo).

## REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Anuario de Estadística Agraria 2003 Ed. Xunta de Galicia. Consellería do Medio Rural  
 Carballo, J. A. y Moreno, T. (2006). Archivos de Zootecnia, vol. 55 nº 212, 339-350.  
 CIE (Commission International de l'Éclairage) (1986). Colorimetry, 2nd Edit. Vienna.  
 Darré, R., Sénechal, J.R. (1975). L'Élevage Bovin (13), 49-55.  
 Hornstein, I., Crowe, P.F., Sulzbacher, W.L. (1960). Beef. J. Agric. Food Chem., 8: 65.  
 Horsey, H.C. (1956) J.Sci.Food Agric., 7:534-540  
 Malterre, C. (1986). En: D. Micol Ed., Production de viande bovine. INRA, Paris, pp. 247-269.  
 Monserrat, L. (1994). Tesis Doctoral. Universidad de León  
 Oliete, Cardelle, M., Maceiras, M.P. (2000). En X Cong. Zootec. Libro resúmenes, p 117. Santarem.  
 Schroeder, J.W., Cramer, D.A., Bowling, R.A., Cook, C.W. (1980). J. Anim. Sci. 50, 852-859.  
 Varela, A. (2002). Tesis Doctoral. Universidad de Santiago de Compostela.  
 Vestergaard, M., Therkildsen, M., Henckel, P., Jensen, L.R., Andersen, H.R., Sejrsen, K. (2000). Meat Sci. 54, 187-195.

## **EFFECTO DE LA ESTRATEGIA DE ALIMENTACIÓN INVERNAL SOBRE LOS RENDIMIENTOS Y LA CALIDAD DE LA CANAL EN CEBONES DE RAZA PARDA DE MONTAÑA**

Carrasco, S., Joy, M.\*, Blanco, M., Albertí, P., Ripoll, G., Casasús I.

Unidad de Tecnología en Producción Animal. CITA-Gobierno de Aragón.

Apdo. 727. 50.080-Zaragoza. \*mjoy@aragon.es

### **INTRODUCCIÓN**

En España existe escasa tradición de producción de carne a partir de animales castrados. Sin embargo, en la actualidad, la búsqueda de productos de calidad diferenciada que pueden tener un nicho de mercado propio, es un objetivo prioritario del sector vacuno español. La producción de cebones presenta un gran potencial de adaptación a la actual coyuntura productiva; por un lado, el producto resultante responde a la demanda de calidad por parte de los consumidores y, por otro lado, los ganaderos de zonas de montaña pueden desarrollar un sistema de producción adaptado a las condiciones extensivas de sus explotaciones, con la posibilidad de permitir mejorar sus rendimientos económicos mediante la venta de un producto con un considerable valor agregado. Además, la producción de dicho tipo de producto puede realizarse en condiciones ecológicas, lo que la hace aún más atractiva debido al incremento de la demanda de dichos productos.

En este contexto, se hace necesario el estudio de las condiciones en que podría realizarse la producción de cebones, destacando entre ellos la influencia del nivel de alimentación durante el invierno sobre los rendimientos a lo largo del ciclo productivo y la calidad del producto final. Por ello, el objetivo del presente estudio fue valorar la influencia del nivel de alimentación durante el invierno sobre la producción y la calidad de la canal de animales cebones de raza Parda de Montaña.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

Se utilizaron 18 terneros castrados de raza Parda de Montaña, nacidos en la primavera del 2004 procedentes de la Finca Experimental “La Garcipollera”, manejados como en las ganaderías tradicionales de montaña hasta la bajada de puerto y destete (8 meses). A continuación, se trasladaron a las instalaciones que tiene el CITA en Montañana (Zaragoza), se castraron, y tras su recuperación se distribuyeron al azar en dos lotes experimentales homogéneos (peso medio de  $361 \pm 15.1$  kg).

Se evaluaron dos niveles de alimentación invernal (noviembre-abril): ALTO (heno de alfalfa: harina de cebada; 60:40) y BAJO (heno de alfalfa). Desde abril y hasta el sacrificio, los animales retornaron a la Finca “La Garcipollera” y todos ellos, independientemente del manejo invernal, estuvieron pastando una pradera polifita (80% gramíneas, 4% leguminosas y 16% de otras familias) con una carga ganadera de 6 animales/ha. A partir del mes de junio, tras apreciar que disminuía la producción de la pradera y por ende la disponibilidad forrajera para los animales, se ofreció 4 kg de cebada por animal/día hasta el sacrificio.

Semanalmente se registraron los pesos de los animales y, cuando alcanzaron aproximadamente 550 kg de PV, se trasladaron al matadero comercial de Zaragoza para su sacrificio. Las canales se almacenaron durante 24 horas en una cámara de refrigeración a 4°C. Seguidamente, se obtuvo el peso canal fría y se procedió a la clasificación subjetiva de las canales por conformación (escala SEUROP) y grado de engrasamiento (escala del 1 al 5), siguiendo la normativa de la U.E. (Reglamento CEE N° 1208/81). Se determinó el espesor de la grasa subcutánea a nivel de la 13ª costilla, a 4 cm de la espina dorsal (Delfa *et al.*, 2005), con la ayuda de un calibre. La composición regional de la canal se estimó a través del despiece comercial de la media canal izquierda (Albertí *et al.*, 2001), separando las distintas piezas comerciales del hueso y la grasa de recorte. Los cortes de carne se

clasificaron en cuatro categorías: extra, primera, segunda y tercera. Además, se calculó la relación músculo/hueso (M/H) y grasa/hueso (G/H). Los datos se analizaron utilizando del paquete estadístico SAS (versión. 9.1, SAS Inst. Inc, Cary, NC, EE.UU.), mediante un ANOVA (PROC GLM), considerando el lote como efecto fijo.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las características productivas y de calidad de la canal, detallados en la Tabla 1, no mostraron diferencias significativas entre lotes, excepto para la ganancia media diaria en la fase invernal ( $GMD_{invierno}$ ), en el que los terneros del lote ALTO superaron a los del lote BAJO (1.08 vs 0.78 kg/día;  $p<0.001$ ). El crecimiento durante el pastoreo ( $GMD_{pastoreo}$ ) fue inferior al observado por Blanco *et al.* (2005a), en animales enteros de la misma raza pastoreados sobre alfalfa con una suplementación similar (1.36 kg/día), probablemente debido a la menor productividad de las praderas polifitas de montaña y/o a los efectos de la castración sobre el ritmo y composición de la ganancia de peso. Los animales necesitaron 5 meses de pastoreo para alcanzar el peso vivo previsto, tiempo en el que la pradera de montaña es productiva (mayo-octubre) y presenta una oferta forrajera suficiente para permitir un crecimiento adecuado de los cebones.

El rendimiento comercial fue similar entre los dos tratamientos ( $p>0.05$ ), con valores medios de 55.5%. Dichos resultados concuerdan con los observados por Blanco *et al.* (2005b) cuando estudiaron el efecto del sistema de alimentación (pastoreo+acabado y concentrado), en terneros enteros de raza Parda de Montaña. Sin embargo, fue inferior al indicado por Albertí *et al.* (2001) en añajos de la misma raza (60.2%) alimentados con concentrado. La clasificación de las canales mostró que la conformación de los animales pertenecientes al lote ALTO era ligeramente superior ( $R^+$ ) al presentado por los animales del lote BAJO ( $R$ ), aunque de forma no significativa ( $p>0.05$ ). En cuanto al grado de engrasamiento fue de 2 para los dos tratamientos, estando ello de acuerdo con Font *et al.* (1995) que obtuvieron una clasificación de las canales similar a la del presente estudio en Bruna dels Pirineus y bajo condiciones de producción de montaña. Osoro *et al.* (2001) también observaron similares clasificaciones en cebones de las razas Asturiana de los Valles y de Montaña cebados en pasto. El espesor de la grasa subcutánea fue superior en el lote ALTO, con 3.9 mm, frente a los 2.6 presentado en el lote BAJO, aunque dichas diferencias no fueron significativas ( $p>0.05$ ).

Tabla 1. Características productivas y de calidad de la canal.

Características	Lote ALTO	Lote BAJO	e.e.	P
Numero de animales (n)	9	9		
Peso vivo inicial (kg)	361.0	361.0	15.14	ns.
Peso vivo final invierno (kg)	486.0	453.0	13.70	ns.
$GMD_{invierno}$ (kg/día)	1.08	0.78	0.05	***
Peso sacrificio (kg)	556.9	534.2	12.59	ns.
$GMD_{pastoreo}$ (kg/día)	0.73	0.76	0.05	ns.
Peso Canal Fría (kg)	311.4	293.9	8.26	ns.
Rendimiento comercial (%) <sup>1</sup>	55.9	55.0	0.42	ns.
Conformación	8.7( $R^+$ )	8.3( $R$ )	0.31	ns.
Engrasamiento	5.0 (2)	4.9 (2)	0.38	ns.
Espesor de grasa subcutánea (mm)	3.9	2.6	0.50	ns.

Lote ALTO: heno de alfalfa: harina de cebada (60:40); Lote BAJO: heno de alfalfa.

e.e.: error estándar; GMD: Ganancia media diaria; <sup>1</sup>: Peso Canal Fría\*100/Peso vivo sacrificio.

P: significación (n.s.: no significativo; \* $p<0.05$ ; \*\* $p<0.01$ ; \*\*\* $p<0.001$ ).

El sistema de manejo invernal no tuvo ningún efecto significativo sobre la composición comercial, la composición tisular o el rendimiento carnicero (Tabla 2). De manera similar, Marino *et al.* (2006), tras evaluar distintos sistemas de manejo de alimentación ecológica en la raza Podolian, no encontraron diferencias del sistema de manejo sobre los cortes comerciales ni categorías de carne. Sin embargo, Therkildsen *et al.* (1998), al evaluar un

sistema extensivo vs intensivo en animales de la raza Frisona, encontraron mayor proporción de músculo y menor de grasa en el sistema extensivo. Albertí *et al.* (2001), con animales enteros de la misma raza y categoría al de nuestro estudio y bajo un sistema convencional, obtuvo similares proporciones para las diferentes piezas y categorías comerciales y para la proporción de carne (71.9%), sin embargo obtuvieron mayor proporción de grasa (10.2%) y menor de hueso (17.9%) además de una mayor relación M/H (4.0) respecto al de nuestro estudio.

Tabla 2. Composición comercial, tisular y rendimiento carnicero de la canal: Medias por lote, error estándar y nivel de significación. Datos expresados en porcentaje del peso canal.

Parámetros	Lote ALTO	Lote BAJO	e.e.	P
<i>Composición comercial<sup>2</sup></i>				
Extra	2.0	2.1	0.04	ns.
Primera	44.1	43.9	0.29	ns.
Segunda	6.1	6.0	0.07	ns.
Tercera	19.3	19.5	0.36	ns.
<i>Composición Tisular</i>				
Carne	71.5	71.5	0.49	ns.
Grasa	6.5	6.1	0.27	ns.
Hueso	22.0	22.4	0.36	ns.
M/H	3.3	3.2	0.07	ns.
G/H	0.3	0.3	0.01	ns.
<i>Rendimiento carnicero</i>				
Extra	2.9	2.9	0.05	ns.
Primera	61.7	61.4	0.32	ns.
Segunda	8.5	8.4	0.11	ns.
Tercera	26.9	27.3	0.39	ns.

Lote ALTO: heno de alfalfa: harina de cebada (60:40); Lote BAJO: heno de alfalfa.

<sup>1</sup> sobre el porcentaje de carne de la composición tisular. M/H: Relación músculo/hueso

G/H: Relación grasa/hueso; e.e.: error estándar.

P: significación (n.s.: no significativo; \*p<0.05; \*\*p<0.01; \*\*\*p<0,001).

En conclusión, estos resultados muestran la escasa influencia de la dieta invernal estudiada sobre las características de la canal. Ello pudo deberse a que el tiempo de estudio de la dieta invernal fue corto (4-5 meses) y/o el periodo de pastoreo (5 meses) que no permitió que se registrara un crecimiento compensador en los animales que recibieron una dieta basada exclusivamente en forraje. Todo ello podría estar ligado a la baja calidad de la pradera como consecuencia de la sequía registrada durante el año de experiencia. Por ello, en la actualidad se están llevando a cabo nuevos estudios que permitan evaluar mejor los condicionantes necesarios para la producción de cebones en condiciones extensivas y con la finalidad de conseguir un producto de calidad diferenciada ligada al territorio.

### AGRADECIMIENTOS

Este trabajo se ha realizado gracias a la ayuda del INIA (RTA-30-031), MCYT (AGL 2002-00027) y a fondos FEDER.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Albertí, P., Lahoz, F., Tena, R., Jaime, S. (2001). Informaciones. Técnicas. Núm. 101. Gobierno de Aragón.
- Blanco, M., Ripoll, G., Margalef, P., Albertí, P., Casasús, I., Joy, M. (2005a). ITEA, Vol. Extra 26(II), 771-773.
- Blanco, M., Casasús, I., Delgado, I., Albertí, P., Joy, M. (2005b). ITEA, Vol. Extra 26(I), 216-218.
- Delfa, R., Teixeira, A.; Cadavez, V.; Sierra-Alfranca, I. (2005). Monografías INIA: Serie Ganadera, 3, 61-87.
- Font, M., Pi, F., García-Macias, A., Guerrero, L., Oliver, M.A. (1995). ITEA, Vol. Extra 16 (II), 600-602.
- Marino, R., Albenzio, M., Girolami, A., Muscio, A., Sevi, A., Braghieri, A. (2006). Meat Sci. 72, 415-424.
- Therkildsen, M., Vestergard, M., Jensen, L.R., Andersen, H.R., Sejrsen, K. (1998). Acta Agriculture Scandinavia Section A. 48 193-201.
- Osoro, K., Martínez, A., García, M., Olivan, M., Castrom, P. (2001). ITEA 22(II), 535-537.

## EFFECTO DE LA ESTRATEGIA DE ALIMENTACIÓN INVERNAL SOBRE LA CALIDAD DE LA CARNE EN CEBONES DE RAZA PARDA DE MONTAÑA

Carrasco, S., Joy, M.\*, Albertí, P., Ripoll, G., Blanco, M., Panea, B., Casasús, I.  
Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón. Carretera de  
Montañana, 930; 50059. Zaragoza.\*[mjoy@aragon.es](mailto:mjoy@aragon.es)

### INTRODUCCIÓN

La producción alternativa de carne de vacuno a partir de cebones puede tener repercusiones sobre la calidad del producto, tanto por el hecho de ser terneros castrados como por ser cebados en pastoreo. La castración modifica las pautas de crecimiento y engrasamiento de los animales (Shahin *et al.*, 1993), mientras que la inclusión de forraje en las dietas de cebo puede condicionar tanto sus rendimientos como la calidad de la canal y de la carne. En este sentido, Geay *et al.* (2001) indican sobre la calidad de la carne que el cebo en pastoreo puede influir sobre la terneza, el sabor, el color y su estabilidad en el tiempo. Además influye en la composición en ácidos grasos, ya que la carne de animales cebados con forrajes presenta un perfil más cardiosaludable que la procedente de sistemas intensivos. Asimismo, todos estos aspectos podrían ser afectados por los niveles de alimentación recibidos durante el ciclo productivo (Hornick *et al.*, 1999). Por ello, el objetivo del presente estudio fue valorar la influencia del nivel de alimentación durante el invierno sobre el color y la textura de la carne de animales cebones de raza Parda de Montaña.

### MATERIAL Y METODOS

Se utilizaron 18 terneros castrados de raza Parda de Montaña, nacidos en la primavera del 2004 procedentes de la Finca Experimental "La Garcipollera", manejados como en las ganaderías tradicionales de montaña hasta la bajada de puerto y destete (8 meses). A continuación, se trasladaron a las instalaciones que tiene el CITA en Montañana (Zaragoza), fueron castrados y, tras su recuperación, se distribuyeron al azar en dos lotes experimentales homogéneos (peso medio de  $361 \pm 15.1$  kg). Se evaluaron dos niveles de alimentación invernal (noviembre-abril): ALTO (heno de alfalfa: harina de cebada; 60:40) y BAJO (heno de alfalfa). Desde abril y hasta sacrificio, los animales pastaron una pradera polifita (80% gramíneas, 4% leguminosas y 16% de otras familias) con una carga ganadera de 6 animales/ha. A partir del mes de junio, y tras apreciar la disminución de la producción de la pradera con la consecuente reducción de la disponibilidad forrajera para los animales, se ofreció 4 kg de cebada por animal/día hasta que se aproximaron al peso objetivo de sacrificio (550 kg).

El sacrificio tuvo lugar en el matadero frigorífico Mercazaragoza (homologado por la UE), evaluándose las canales tras 24 horas de oreo a 4°C. El peso canal osciló entre 311.4 y 293.9 kg; la conformación de R+ y R; el engrasamiento de 2 y el espesor de grasa subcutánea de 3.9 y 2.6 mm, respectivamente para el lote ALTO y BAJO. En la zona lumbar de la media canal izquierda se midió el color de la grasa subcutánea, mediante el sistema CIE  $L^*a^*b^*$  con un espectrofotómetro Minolta CM-2006d, a partir de estos valores se calcularon el tono ( $h_{ab}$ ) y saturación ( $C^*$ ). A las 24 horas tras el sacrificio se tomaron, de la media canal izquierda, muestras de la región correspondiente al *M. longissimus thoracis y lumbarum* (entre la 9ª vértebra torácica y 3ª lumbar) y se obtuvieron filetes de 2 cm de espesor, para los distintos análisis instrumentales

El pH último de la carne se midió 24 horas *postmortem* con un pH-metro portátil CRISON provisto de un electrodo de vidrio en la 10ª costilla. La evolución del color de la carne se midió tras 1, 2 y 8 días de maduración, para lo cual los filetes se pusieron en una bandeja de poliespán, cerrada con un film transparente y permeable al oxígeno y se mantuvieron a 4°C, en condiciones de oscuridad. La textura instrumental de la carne se determinó tras 1, 9 y 16 días de maduración a 4°C, en filetes envasados al vacío (-900 mbar de presión) y cocidos en baño maría (75°C durante 45 min) mediante la célula Warner-Bratzler, aplicada a un texturómetro (INSTRON serie 5543). La composición química de la carne se determinó sobre muestras de músculo liofilizadas y molidas. Los datos se analizaron haciendo uso del paquete estadístico SAS (versión. 9.1), mediante un análisis de varianza. El estudio del



efecto del lote sobre las características de calidad de la carne se realizó mediante el siguiente modelo:  $Y_{ij} = \mu + \text{Lote}_i + e_{ij}$ , y el análisis del efecto lote, tiempo de maduración y su interacción sobre el color y la textura, según el modelo:  $Y_{ijk} = \mu + \text{Lote}_i + \text{Tiempo}_j + \text{Lote}_i * \text{Tiempo}_j + e_{ijk}$ .

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los parámetros de calidad de la carne se muestran en la Tabla 1. La alimentación invernal no tuvo influencia significativa ( $p > 0.05$ ) sobre el pH último, el color y la composición química de la carne. En cuanto al color de la grasa subcutánea, el lote ALTO presentó mayor  $L^*$ ,  $b^*$  y  $h_{ab}$  que el lote BAJO. Dicho efecto podría estar relacionado con la ligera mayor acumulación de grasa subcutánea del lote ALTO ( $p = 0.08$ ) (Carrasco *et al.*, 2007). French *et al.* (2000) también observaron mayores valores de  $L^*$  y  $b^*$  para animales de mayor peso de canal, mejor conformados y engrasados. En general, estos valores son muy superiores a los indicados por Albertí *et al.* (2002) en sistemas intensivos, consecuencia de la dieta a base de pasto lo que genera mayor acumulación de carotenoides en la grasa de los animales procedentes del pasto (Vestergaard *et al.*, 2000).

Tabla 1. Parámetros de calidad instrumental de la carne.

	Lote ALTO	Lote BAJO	e.e.	Significación
PH (24h)	5.57	5.59	0.04	
Color de la grasa subcutánea				
$L^*$	76.28	70.45	0.87	***
$a^*$	4.44	4.63	0.52	ns
$b^*$	20.01	16.94	0.55	**
$C^*$	20.56	17.65	0.58	ns
$h_{ab}$	77.42	74.85	1.55	**
Color de la carne <sup>(1)</sup>				
$L^*$	38.64	38.40	0.63	ns
$a^*$	14.74	14.71	0.54	ns
$b^*$	7.59	6.87	0.49	ns
$C^*$	16.61	16.28	0.62	ns
$h_{ab}$	27.03	25.02	1.53	ns
Composición Química				
Materia seca (%)	24.81	24.17	0.24	ns
Proteína bruta (%)	20.60	20.34	0.99	ns
Grasa bruta (%)	1.70	1.30	0.19	ns

Lote ALTO: heno de alfalfa: harina de cebada (60:40); Lote BAJO: heno de alfalfa.

<sup>(1)</sup> a 2 días después del corte. e.e.: error estándar.

Significación ns.: no significativo; \* $p < 0.05$ ; \*\* $p < 0.01$ ; \*\*\* $p < 0.001$

El color de la carne ( $p > 0.05$ ) no fue distinto entre tratamientos ( $p > 0.05$ ) pero sí se vió afectado por el tiempo de maduración ( $p < 0.05$ ). Se observó un descenso de los índices de color (Tabla 2), debido a la inevitable decoloración de la carne como consecuencia de la oxidación de la mioglobina a metamioglobina (Muir *et al.*, 1998). La intensidad de este cambio depende del sistema de alimentación ya que en animales que pastan hay mayor acumulación de antioxidantes que limitan la oxidación de la mioglobina (Boles *et al.*, 2005). Así, Muramoto *et al.* (2003) lograron mayor tiempo de estabilización del color de la carne al suplementar la dieta con  $\beta$ -carotenos.

La textura de la carne, sólo fue afectada y de forma significativa por el tiempo de maduración ( $p < 0.001$ ) y no por el tratamiento ( $p > 0.05$ ). Mooney *et al.* (1998) también observaron resultados similares a los del presente estudio. El sistema de alimentación extensivo a base de pasto genera carne menos tierna que el sistema intensivo con concentrado (Albertí *et al.*, 2002). Ello está posiblemente relacionado con el contenido de la grasa intramuscular que es menor en estos sistemas (French *et al.*, 2000), o con el contenido de colágeno que tiende a incrementarse por el efecto del ejercicio realizado durante el pastoreo (Jurie *et al.*, 1998). La tenderización de la carne con el tiempo es progresiva (Figura 1), (Mooney *et al.*, 1998; Albertí, *et al.*, 2005) y especialmente importante

al inicio de la maduración (9 días,  $p < 0.001$ ), suponiendo el 80.5% del total observado tras 16 días de maduración. Sañudo *et al.* (2004), estudiando terneros cebados en sistema intensivo, también observaron un 92% de tenderización en la primera semana.

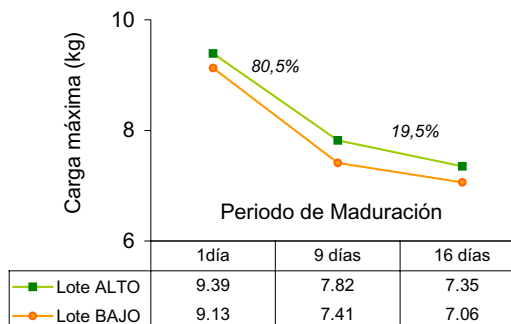
Tabla 2. Variación de los índices de color de la carne por efecto del tiempo.

Tiempo	L*	a*	b*	C	$h_{ab}$
1 día	39.45 ab	14.55 a	6.16 b	15.84 a	22.65 b
2 días	38.52 b	14.73 a	7.23 a	16.45 a	26.03 a
8 días	39.96 a	12.21 b	4.48 c	13.06 b	19.96 b
e.e.	0.45	0.39	0.35	0.44	1.01
Significación	***	***	***	***	**

e.e.: error estándar. ns.: no significativo; \* $p < 0.05$ ; \*\* $p < 0.01$ ; \*\*\* $p < 0.001$ .

En las condiciones del presente estudio sobre calidad de la carne, al no haber encontrado diferencias significativas por efecto de la alimentación invernal y con la finalidad de mejorar algunas características en la calidad de la carne, sería recomendable un periodo de acabado previo al sacrificio para obtener un grado de engrasamiento que mejore las características de la carne o una mayor suplementación energética. Por otro lado, este sistema de alimentación aumenta la vida útil de la carne, posibilitando prolongar el periodo de maduración para mejorar la terneza.

Fig. 1. Variación de la carga máxima (kg), por efecto del tiempo de maduración y tenderización gradual (%).



## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo se ha realizado gracias a la ayuda del INIA (RTA-30-031), MCYT (AGL 2002-00027) y a fondos FEDER.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Albertí, P., Lahoz, F., Tena, R., Jaime, S. (2002). Informaciones técnicas. Núm. 101. Gobierno de Aragón.
- Albertí, P., Ripoll, G., Panea, B., Olleta, J.L., Muela, E., Sañudo, C., (2005). ITEA 26(II), 801-803.
- Boles, J., Bowman, J., Boss, D. And Surber, L. (2005). Meat Sci. 70, 25-33.
- Carrasco, S., Joy, M., Blanco, M., Albertí, P., Ripoll, G., Casasús I. (2007). XII Jornadas AIDA, Producción Animal. 16-17 de Mayo. Zaragoza.
- French, P., Stanton, C., Rawless, F., O'Riordan E., Monahan, F., Caffrey, P. (2000). J. Anim. Sci. 55, 2849-2855.
- Geay, Y., Bauchart, D., Hocquette, J.F., Culioli, J., (2001). Reprod. Nutr. Dev. 41, 1-26.
- Hornick J., Eenaeme C., Clinquart A., Gerard O., Istasse L. (1999). Animal Sci. 69: 563-572.
- Jurie, C., Picard, B., Gay, Y. (1998). Meat Sci. 50, 457-469.
- Muir, P., Dreaker, J., Bown, M. (1998). A review. New Zealand Journal of Agricultural Research. 41, 623-635.
- Mooney, M.T., French, P., Moloney, A.P., Riordan, E.O., Troy, D.J. (1998). 44<sup>th</sup> international congress of meat science and technology. Barcelona, España 298-299.
- Muramoto, T., Nakanishi, N., Shibata, M., Aikawa, K. (2003). Meat Sci. 63, 39-42.
- Sañudo, C., Macie, E., Olleta, J., Villarroel, M., Panea, B., Albertí, P. (2004). Meat Sci. 66, 925-932.
- Shahin, K., Berg, R., Price, M. (1993). Livest. Prod. Sci. 35, 251-264.
- Vestergaard, M., Oksbjerg, N., Henckel, P. (2000). Meat Sci. 54, 177-185.

## CALIDAD SENSORIAL E INSTRUMENTAL DE LA CARNE DE TERNEROS CEBADOS CON DIFERENTES SISTEMAS DE ALIMENTACIÓN ECOLÓGICA

Velasco S.<sup>1\*</sup>, Silva M.T.<sup>1</sup>, Jiménez M.<sup>2</sup>, Tejerina J.I.<sup>3</sup>, Cuevas F.J.<sup>2</sup>, Dochao J.<sup>2</sup>, Urquía J.J.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> IMIDRA. Apartado 127, 28800 Alcalá de Henares, Madrid; \*[susana.velasco@madrid.org](mailto:susana.velasco@madrid.org).

<sup>2</sup> IMIDRA. CENSYRA, Colmenar Viejo, Madrid

<sup>3</sup> IMIDRA. Ronda de Atocha, 17, 4ª planta. Madrid

### INTRODUCCIÓN

La demanda en el mercado de productos ecológicos se ha expandido rápidamente en los últimos años por Europa y, como resultado del marketing, para la mayoría de los consumidores el uso de la palabra “ecológico” u “orgánico” es implícitamente sinónimo de una mayor calidad sensorial o nutricional. Así, los conceptos de salud y de valor nutritivo de dichos alimentos se relacionan subjetivamente con los productos ecológicos y motivan a los consumidores a adquirir este producto. Si bien es cierto que la mayor calidad sensorial de la carne ecológica es una mera suposición empírica, lo que sí conlleva la producción ecológica es una mayor protección medioambiental y la consecución de una cadena adecuadamente integrada de producción ganadera, sobretudo en zonas de montaña o de producción extensiva. Aunque en los sistemas de producción ecológica en España todavía suelen existir muchos conflictos sobre las prácticas ganaderas más adecuadas y, sobre todo, en el sistema de alimentación empleado que reúna los requisitos restrictivos de la reglamentación ecológica. El objetivo de este trabajo fue evaluar la calidad de carne de vacuno de la raza Avileña-Negra Ibérica criado mediante producción ecológica y observar el efecto de tres sistemas diferentes de alimentación y el efecto de la maduración de la carne en cada uno de ellos.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se emplearon 17 terneros machos de raza Avileña-Negra Ibérica criados en extensivo junto a sus madres y recriados, una vez destetados (6,5 meses) en la misma explotación, alimentándose con pastizal de verano, concentrado ecológico (de arranque) y heno de hierba *ad libitum*, en una finca de 157 ha de monte bajo, localizada en la Sierra Norte de la Comunidad de Madrid. Tras la recría, siete animales del lote A permanecieron en la finca cebándose en un cebadero cerrado mediante pienso ecológico, paja y heno de hierba suministrados *ad libitum*; y los lotes B y C fueron llevados a un cebo semiextensivo, alojados en parques contiguos con una superficie total de 300 m<sup>2</sup> cada uno. En el cebo semiextensivo se les dotó de un transponder con el fin de controlar y limitar individualmente la dispensación de concentrado mediante un sistema computerizado. Cinco animales formaron parte del lote B con una ración limitada a 9 kg de concentrado/animal/día y paja *ad libitum* como forraje diario. Los cinco terneros que se agruparon en el lote C consumieron una ración limitada a 5 kg/animal/día, heno de hierba y paja a libre disposición. La composición química del pienso y del forraje se detalla en Silva *et al.* (2007), donde la relación concentrado:forraje expresado sobre materia seca para los lotes B y C alcanzó un 65:35 y 45:55 respectivamente. Toda la alimentación suministrada a los animales procede de la agricultura ecológica siguiendo la normativa vigente.

Pasados los tres meses de cebo (95 días), los animales fueron sacrificados en un matadero comercial siguiendo los procedimientos habituales, obteniéndose el peso de la canal caliente y evaluándose las canales según la conformación y el engrasamiento (CEE 1208/81, 2930/81 y 1026/91). Los análisis de calidad de la carne se realizaron en el músculo *longissimus dorsi* que se diseccionó de la media canal izquierda en su totalidad a las 48h *postmortem*. Los análisis de calidad de la carne se realizaron según Velasco *et al.* (2005), añadiendo el análisis de TPA (texture profile analysis) al 20% de compresión en carne cruda y la dureza WB en carne cocinada. La carne fue madurada durante 10 y 16 días *postmortem* para los sucesivos análisis de textura y análisis sensorial de consumidores. Este último fue realizado en las instalaciones del IMIDRA donde los panelistas evaluaron ternera, jugosidad, intensidad del flavor y apreciación global, mediante una escala estructurada de

siete puntos, con la puntuación 1 equivalente a la más baja intensidad del atributo y la puntuación 7 a la más alta intensidad. Los datos productivos de los terneros y los análisis físico-químicos de su carne se analizaron mediante el procedimiento ANOVA, considerando la alimentación o lote (L) como efecto fijo a estudiar (Statgraphic Plus, 1995), mientras que para los análisis texturales y de análisis sensorial se añadió el efecto de la maduración de la carne (M). Las diferencias entre medias se realizaron mediante el test de Student-Newman Keuls.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las medias y el error estándar de los rendimientos productivos de los animales pertenecientes a cada lote aparecen reflejados en la Tabla 1. No hubo diferencias significativas en cuanto al peso de sacrificio entre los lotes, aunque los del lote A presentaron menor edad al sacrificio ( $p \leq 0,05$ ), menor peso de la canal y por tanto menor rendimiento de la misma ( $p \leq 0,01$ ), aunque todas las canales fueron clasificadas como R3.

Tabla 1. Medias de los rendimientos productivos de añejos de Avileña-Negra Ibérica cebados mediante diferentes sistemas de alimentación en producción ecológica.

	Lote A (n=7)	Lote B (n=5)	Lote C (n=5)	Sig.	e.s.
Peso sacrificio (kg)	569,86	590,93	568,46	ns	13,47
Edad sacrificio (d)	486,3 <sup>a</sup>	505,0 <sup>b</sup>	539,0 <sup>b</sup>	*	9,94
PCC (kg)	302,29 <sup>a</sup>	334,92 <sup>b</sup>	316,92 <sup>ab</sup>	**	6,06
PCF (kg)	296,24 <sup>a</sup>	328,22 <sup>b</sup>	310,58 <sup>ab</sup>	**	5,93
Rdto. Matadero (%)	51,98 <sup>a</sup>	55,57 <sup>b</sup>	54,63 <sup>b</sup>	**	0,61

Lotes: A = cebo cerrado; B = cebo semiextensivo 9kg/d; C = cebo semiextensivo 5kg/d.

Sig.: significación \* ( $p \leq 0,05$ ), \*\* ( $p \leq 0,01$ ); e.s.: error estándar de la media.

Letras diferentes en la misma fila denotan diferencias significativas.

Los parámetros físico-químicos de calidad de la carne aparecen en la Tabla 2, donde no se observaron diferencias significativas entre lotes. Aunque se observa una tendencia hacia una mayor cantidad de colágeno total ( $p=0,08$ ) en los animales del lote A. Los animales del lote B presentaron una tendencia ( $p=0,09$ ) hacia una mayor proporción de hueso (H) y menor de músculo (M) que el resto de los lotes, obteniendo por tanto una menor relación M/H y M/G en la disección de la sexta costilla, siendo G la grasa total de la misma.

Tabla 2. Medias de la composición físico-química de la carne de añejos según el sistema de alimentación en producción ecológica.

	Lote A (n=7)	Lote B (n=5)	Lote C (n=5)	Sig.	e.s.
pH	5,46	5,49	5,48	ns	0,01
Grasa intramuscular (%)	2,34	2,20	2,06	ns	0,30
Músculo (M, %)	62,37	51,52	66,07	ns	4,31
Hueso (H, %)	25,30	37,03	23,59	ns	4,22
Grasa (G, %)	10,80	10,17	8,38	ns	1,07
M/G (%)	6,32	5,18	8,19	ns	0,86
M/H (%)	2,52	1,68	3,12	ns	0,39
Colágeno total (mg/g)	10,94	8,00	9,31	ns	0,89
Solubilidad del colágeno (%)	12,27	14,91	14,09	ns	1,77

Lotes: A = cebo cerrado; B = cebo semiextensivo 9kg/d; C = cebo semiextensivo 5kg/d.

Sig.: significación; e.s.: error estándar de la media.

Las características texturales de la carne de los animales criados mediante los tres sistemas de alimentación y el efecto de la maduración de su carne pueden observarse en la Tabla 3. Se observó una mayor elasticidad TPA al 20% de compresión, una menor dureza TPA al 75% ( $p \leq 0,01$ ) y una dureza mediante WB bastante menor ( $p \leq 0,001$ ) en los animales del lote A que en los del B y C.

Tabla 3. Medias de las características texturales de la carne de añojos según la maduración de la carne y el sistema de alimentación en producción ecológica.

	Lote A (n=7)	Lote B (n=5)	Lote C (n=5)	M 9 días	M 16 días	LxM	e.s.
Pérdidas cocin. (%)	15,82	15,59	16,26	17,81 <sup>a</sup>	13,97 <sup>b</sup>	ns	1,40
Dureza TPA 20% (N)	0,68	0,65	0,65	0,73 <sup>a</sup>	0,59 <sup>b</sup>	*	0,08
Elastic. TPA 20%	83,72 <sup>a</sup>	81,67 <sup>b</sup>	82,21 <sup>b</sup>	81,02 <sup>a</sup>	84,04 <sup>b</sup>	ns	0,62
Mastic. TPA 20%	26,64	23,37	23,42	25,46	23,50	**	2,97
Dureza TPA 75% (N)	24,06 <sup>a</sup>	28,95 <sup>b</sup>	31,47 <sup>b</sup>	27,97	28,36	ns	1,721
Elastic. TPA 75%	75,69	73,47	73,67	73,46	75,09	ns	,29
Mastic. TPA 75%	552,51	582,11	647,75	555,94	632,30	ns	63,5
Dureza WB (N)	43,35 <sup>a</sup>	64,26 <sup>b</sup>	63,74 <sup>b</sup>	66,40 <sup>a</sup>	47,84 <sup>b</sup>	**	3,34

Lotes: A = cebo cerrado; B = cebo semiextensivo 9kg/d; C = cebo semiextensivo 5kg/d.

Sig.: significación \* ( $p \leq 0,05$ ), \*\* ( $p \leq 0,01$ ); e.s.: error estándar de la media; M: maduración.

Letras diferentes en la misma fila denotan diferencias significativas entre efectos.

El tiempo de maduración actúa sobre la degradación enzimática de las miofibrillas musculares, lo que se determina con el TPA al 20%, disminuyendo la dureza de los 9 a los 16 días, siendo una disminución muy destacada en los animales del lote A (LxM,  $p \leq 0,05$ ). También con la maduración aumentó su elasticidad, mientras que la dureza determinada por el TPA al 75% no evoluciona. La ausencia de diferencias significativas debidas a la maduración al 75% de compresión son lógicas puesto que la maduración no influye en la longitud mecánica del tejido conectivo (Campo *et al.*, 2000). La dureza WB sobre carne cocinada es una medida de la dureza miofibrilar (De Smet *et al.*, 1998) y por tanto se observa una disminución con la maduración de la carne, observándose este efecto principalmente en los lotes B y C (LxM,  $p \leq 0,01$ ).

Tabla 4. Medias del análisis sensorial de consumidores de la carne de añojos según la maduración de la carne y el sistema de alimentación en producción ecológica.

	Lote A (n=7)	Lote B (n=5)	Lote C (n=5)	M 9 días	M 16 días	LxM	e.s.
Terneza	4,90 <sup>a</sup>	4,37 <sup>b</sup>	4,18 <sup>b</sup>	4,13 <sup>a</sup>	4,84 <sup>b</sup>	*	0,23
Jugosidad	4,68 <sup>a</sup>	4,30 <sup>b</sup>	4,09 <sup>b</sup>	4,14 <sup>a</sup>	4,57 <sup>b</sup>	ns	0,18
Intensidad flavor	4,58	4,31	4,33	4,20 <sup>a</sup>	4,61 <sup>b</sup>	ns	0,21
Apreciación global	4,93 <sup>a</sup>	4,53 <sup>b</sup>	4,39 <sup>b</sup>	4,37 <sup>a</sup>	4,86 <sup>b</sup>	ns	0,19

Lotes: A = cebo cerrado; B = cebo semiextensivo 9kg/d; C = cebo semiextensivo 5kg/d.

Sig.: significación \* ( $p \leq 0,05$ ); e.s.: error estándar de la media; M: maduración.

Letras diferentes en la misma fila denotan diferencias significativas entre efectos. \* ( $p \leq 0,05$ ).

El panel de consumidores (Tabla 4) observó diferencias significativas con la maduración de la carne, aumentando con la misma la terneza, la jugosidad, la intensidad del flavor y la apreciación global. Para el lote A no se observan efectos de la maduración sobre la valoración de terneza de la carne (LxM,  $p \leq 0,05$ ), al igual que lo observado para la dureza WB. Entre lotes, el panel de consumidores mostró los mejores valores de terneza, jugosidad y apreciación global para el lote A, cebado en cebadero cerrado, lo que se corresponde con los datos texturales observados. La terneza de la carne apreciada por el panel de consumidores queda explicada por la dureza WB significativamente mediante la ecuación de regresión: (Terneza sensorial =  $8,18 - 0,494 * \text{Dureza WB}^{1/2}$ ;  $R^2=0,486$ ; e.s. =  $0,52$ ).

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Campo M.M., Santolaria P., Sañudo C., Lepetit J., Olleta J.L., Panea B., Alberti P. (2000). Meat Science, 55: 371-378.
- CEE 1208/81, 2930/81 y 1026/91, Modelo comunitario de clasificación de canales de bovinos pesados. Oficina de Publicaciones Oficiales de las Comunidades Europeas. L-2985 Luxemburgo.
- De Smet S., Caléis E., Buysse G., Lenaerts C., Demeyer D. (1998). Proceedings of 44<sup>th</sup> ICoMST, 288-289.
- Silva M.T., Velasco S., Jiménez M., Tejerina J.I.; Cuevas F.J., Docharo J., Urquía J.J. (2007). ITEA vol. extra (en este número).
- Statgraphics Plus, Manugistics, Inc. (1995).
- Velasco S., Ruiz de Huidobro F., Miguel E., Blázquez B. (2005). (ITEA). vol. extra 26: 843-845.

## INFLUENCIA DE LA ADICIÓN EN LA DIETA DE VITAMINA E Y FLAVONOIDES EN LA COMPOSICIÓN DE LA GRASA INTRAMUSCULAR DE LA CARNE DE VACUNO

Cilla, I.<sup>1</sup>, Sañudo, C.<sup>1</sup>, Campo, M.M.<sup>1</sup>, Acero, I.<sup>2</sup>, Cañeque, V.<sup>2</sup>, Olleta, J.L.<sup>1</sup>, Lara, P.<sup>1</sup>, Albertí, P.<sup>3</sup>, Granizo, J.<sup>4</sup>, Catalán, O.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Dpto. Producción Animal y Ciencia de los Alimentos. Facultad de Veterinaria. Universidad de Zaragoza. C/ Miguel Servet 177. 50013 Zaragoza. [csanudo@unizar.es](mailto:csanudo@unizar.es)

<sup>2</sup>SGIT-INIA, Ctra de La Coruña km 7.5. 28040 Madrid

<sup>3</sup>CITA, Gobierno de Aragón, Avda. Montañana, 930. 50059 Zaragoza

<sup>4</sup>PROBENA, S.L. Pol. Ind. Los Leonés, NAVE 168. 50298 – Pinseque, Zaragoza

<sup>5</sup>INZAR, S.A. Julio García Condoy, 44-46. 50018 Zaragoza

### INTRODUCCIÓN

La inclusión de antioxidantes en la dieta animal es un método efectivo para incrementar la estabilidad oxidativa del músculo, lo que puede resultar especialmente útil cuando se desea alargar la vida útil de la carne. La vitamina E es, posiblemente, el antioxidante natural más ampliamente analizado y estudiado como aditivo en la producción de carne en las diversas especies ganaderas y en la industria cárnica, pero existen muchos otros posibles compuestos antioxidantes, también naturales, que pueden ser utilizados y sobre los que existe menor, o incluso nula, información. Los bioflavonoides, polifenoles naturales existentes en muchos vegetales, entrarían claramente en esta consideración. La suplementación con bioflavonoides de origen natural obtenido del extracto de rutáceas y vitamina E pueden ejercer una posible influencia sobre la composición de ácidos grasos del producto y la eventual modificación del contenido de vitamina E en músculo. Por ello, el presente trabajo pretende comprobar la influencia de la inclusión en la dieta durante el cebo de dichos flavonoides y de vitamina E sobre la composición de la grasa en carne de terneros.

### MATERIAL Y MÉTODOS

**Animales:** Se utilizaron 24 animales (hembras) de raza Parda de Montaña, procedentes de la finca de la Garcipollera (Huesca) de la Diputación General de Aragón, lo que garantizaba una cierta homogeneidad genética en la muestra. Los animales entraron en la prueba con un peso medio de 330 kg. Tras un periodo de adaptación, los animales se alimentaron durante 2 meses con un pienso base compuesto por cereales, subproductos de cereales, oleaginosas, grasas vegetales, vitaminas y minerales con una composición de ingredientes y nutricional que se expone a continuación (Tabla 1):

Tabla 1. Composición y valor nutricional del pienso usado en la alimentación de los animales de estudio.

Ingredientes	Porcentaje	Nutriente	Valor
Maíz	37	Energía (u.f.c.)	104
Gluten de maíz	17	Proteína bruta	15
Cebada	15,5	Grasa bruta	5,2
Soja	12,5	F.n.d.	17,4
Subproductos de trigo	12	C.n.f.	44
Grasas de palma	2,5	Calcio	0,9
Minerales y vitaminas	3,5	Fósforo	0,45

El proceso de cebo se llevó a cabo en las instalaciones del CITA-DGA de Zaragoza en régimen de estabulación libre con pienso, paja de cereal y agua a libre disposición, según tres lotes experimentales: (1) 8 Terneras lote testigo, sin adición de antioxidantes (sin suplemento, aportando la dosis comercial de vitamina E consistente en 150 UI). (2) 8 Terneras suplementadas con 2000 UI de vitamina E/cabeza/día. (3) 8 Terneras suplementadas con Biocitro® a razón de 2 g/cabeza/día (suplemento flavonoides). **Sacrificio:** Todos los animales se sacrificaron el mismo día, en el mismo matadero (Mercazaragoza), en condiciones comerciales y según la normativa europea. El peso medio

de sacrificio fue de 413 kg. **Muestreo:** Las canales se refrigeraron en condiciones comerciales a 4°C durante 24 horas. Se retiraron los lomos izquierdos, de los cuales se extrajo la muestra a nivel de la T6-T7 para la realización de los respectivos análisis. **Análisis:** El perfil de ácidos grasos se efectuó según Hanson y Olley (1963). La cuantificación de vitamina E según Liu *et al.* (1996). **Tratamiento estadístico:** El análisis estadístico de los resultados se efectuó con el programa SPSS versión 13.0.1 (2004) para Windows. Se aplicó el procedimiento análisis multivariante, considerando un único efecto, empleando el test de Tukey para la comparación múltiple de medias.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 2 se puede observar la composición en porcentaje de la grasa del músculo *Longissimus dorsi* que obtuvieron los tres lotes de terneras durante su cebo. No se apreciaron diferencias significativas ni en la cantidad de grasa, ni en la composición de la misma, aunque el lote suplementado con flavonoides, registró un mayor porcentaje de ácido palmítico (C16:1). En todo caso, los resultados obtenidos son indicativos de que este tipo de suplementación no ejerció efecto en cuanto a la composición del perfil de ácidos grasos. Tanto los flavonoides como la vitamina E se han relacionado más con fenómenos antioxidantes que con la composición de la grasa. Estudios realizados con pollos, pavos, cerdos, vacuno y pescado han demostrado que, como consecuencia de la suplementación de la dieta con vitamina E, el músculo y/o el tejido adiposo acumulan menores niveles de productos procedentes de la oxidación lipídica comparados con los mismos tejidos de especies no suplementadas (Monahan, 1995). Tampoco se observaron diferencias entre lotes en ninguno de los índices analizados, con valores normales para el tipo de animales y sistema de producción utilizado. A pesar de que los animales suplementados con vitamina E mostraron un nivel más elevado de PUFA, probablemente asociado a la protección que la vitamina E ejerce sobre estos ácidos grasos evitando su oxidación, estas diferencias no fueron significativas.

En la

Tabla 3 se presentan los niveles de vitamina E acumulada en el m. *Longissimus dorsi* de los diferentes lotes de animales estudiados. Se comprueba que animales suplementados con vitamina E (2000 UI/animal/día), por encima de la dosis comercial, son capaces de retener hasta cuatro veces más dicho componente, en comparación con los otros lotes. Estos resultados coinciden con numerosos estudios llevados a cabo en los últimos años en donde se demuestra que la suplementación con vitamina E, por encima de los requerimientos mínimos necesarios para el correcto desarrollo del animal, incrementa la deposición de vitamina E en los tejidos animales, mejorando a su vez la estabilidad oxidativa de la carne durante su almacenamiento (Liu *et al.*, 1996; Kerry *et al.*, 2000; Lauzurica *et al.*, 2005). Este hecho implica, además, que modificaciones a través de la dieta originan cambios de gran importancia en la composición muscular, pudiendo establecer posibles orientaciones que permitan adaptarse a las necesidades tecnológicas en cada caso y, en última instancia, a la demanda del consumidor. En general, la tendencia es a reducir la proporción de componentes derivados de la oxidación que favorezcan la extensión de la vida útil de la carne, con el fin de mejorar la calidad de la misma durante su conservación.

Podemos concluir que la suplementación con flavonoides o vitamina E, a las dosis estudiadas, no modifica cuantitativamente la cantidad de grasa ni el perfil de ácidos grasos del *Longissimus dorsi* en carne de vacuno. La cantidad de vitamina E acumulada en el m. *Longissimus dorsi* se cuadruplica en comparación con el uso de flavonoides y el tratamiento testigo, cuando se suplementa por encima de la dosis comercial.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Hanson, S. W. F., Olley, J. (1963). Application of the Bligh and Dyer method of lipid extraction to tissue homogenates. *Biochemical Journal*, 89, 101–102.
- Kerry, J.P., Buckley, J.D., Morrissey, P.A. (2000). (E.A. Decker, C. Faustman, C.J. López-Bote, eds.) Ed. Wiley Interscience. New York. 229-261pp.

Lauzurica, S., De La Fuente, J., Díaz, M.T., Álvarez, I., Pérez, C., Cañeque, V. (2005). Meat Science 70, 639-646.

Liu, Q., Scheller, K.K., Schaefer, D.M. (1996). Journal of Animal Science 74 2406-2410.

Monahan, F.J. (1995). (A.J. Moller, M.M. Mielche & P. Barton-Gade, eds.). Ed. ECCEAMST Foundation, Utrecht, Holanda. 149-173 pp.

SPSS. (2004). Statistical Package for the Social Sciences for Windows User's Guide Release 11.5, IL, EEUU, SPSS Inc., 44aN, Michigan Avenue, Chicago.

Tabla 2. Efecto de la suplementación sobre la composición de ácidos grasos intramuscular en terneras de raza Parda de Montaña

(%)	Sin Suplemento	Suplemento Vit.E	Suplemento Flavonoides	Significación (*)
Grasa	2,43 ± 0,73	2,25 ± 0,73	2,62 ± 0,72	NS
12:0	0,04 ± 0,01	0,04 ± 0,01	0,04 ± 0,01	NS
14:0	1,64 ± 0,22	1,63 ± 0,35	1,82 ± 0,38	NS
14:1	0,28 ± 0,09	0,32 ± 0,08	0,32 ± 0,09	NS
15:0	0,25 ± 0,04	0,27 ± 0,06	0,26 ± 0,05	NS
16:0	24,67 ± 1,09	24,87 ± 1,69	25,81 ± 2,09	NS
16:1	2,55a ± 0,38	2,60a ± 0,36	3,11b ± 0,56	*
17:0	0,86 ± 0,13	0,86 ± 0,10	0,82 ± 0,12	NS
17:1	0,71 ± 0,08	0,75 ± 0,07	0,74 ± 0,11	NS
18:0	14,38 ± 1,56	14,13 ± 0,86	13,81 ± 1,88	NS
18:1	40,68 ± 4,24	38,95 ± 5,69	40,35 ± 2,73	NS
18:2 <i>n</i> -6	8,20 ± 2,98	9,40 ± 3,91	7,80 ± 3,14	NS
18:3 <i>n</i> -3	0,33 ± 0,11	0,34 ± 0,10	0,31 ± 0,08	NS
CLA	0,35 ± 0,10	0,37 ± 0,09	0,38 ± 0,06	NS
20:3 <i>n</i> -6	0,94 ± 0,25	1,04 ± 0,41	0,85 ± 0,32	NS
20:4 <i>n</i> -6	3,25 ± 1,01	3,46 ± 1,39	2,86 ± 0,85	NS
20:5 <i>n</i> -3	0,19 ± 0,09	0,21 ± 0,08	0,17 ± 0,06	NS
22:5 <i>n</i> -3	0,63 ± 0,23	0,70 ± 0,26	0,59 ± 0,15	NS
22:6 <i>n</i> -3	0,07 ± 0,03	0,06 ± 0,03	0,07 ± 0,03	NS
Saturados	41,83 ± 1,88	41,80 ± 2,75	42,57 ± 2,26	NS
Insaturados	58,17 ± 1,88	58,20 ± 2,75	57,54 ± 2,41	NS
MUFA	44,22 ± 4,34	42,62 ± 5,70	44,52 ± 3,30	NS
PUFA	13,96 ± 4,57	15,57 ± 5,99	13,02 ± 4,57	NS
PUFA/SAT	0,34 ± 0,11	0,38 ± 0,15	0,31 ± 0,12	NS
<i>n</i> -3	1,22 ± 0,04	1,31 ± 0,45	1,13 ± 0,30	NS
<i>n</i> -6	12,39 ± 4,20	13,90 ± 5,60	11,51 ± 4,25	NS
<i>n</i> -6/ <i>n</i> -3	10,21 ± 1,62	10,50 ± 0,88	10,08 ± 1,20	NS

a-b: diferentes letras en la misma fila indican diferencias significativas; NS: no significativo \*( $p < 0,05$ )

MUFA: ácidos grasos monoinsaturados; PUFA: ácidos grasos poliinsaturados; SAT: ácidos grasos saturados

Tabla 3. Efecto de la suplementación los niveles de vitamina E en carne de terneras de raza Parda de Montaña

	mg vitamina E/kg músculo
Sin suplemento	1,214 a ± 0,339
Suplemento vit. E	5,321b ± 0,897
Suplemento flavonoides	1,231a ± 0,308
Sig.	***

a-b: diferentes letras en la misma columna indican diferencias significativas; \*\*\*( $p < 0,001$ )



## RELACIÓN ENTRE EL CONTENIDO EN VITAMINA E Y LA OXIDACIÓN LIPÍDICA EN CARNE DE VACUNO DE DIFERENTES SISTEMAS DE PRODUCCIÓN

Resconi, V. C.<sup>1\*</sup>, Campo, M. M.<sup>1</sup>, Richardson R. I.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos. Universidad de Zaragoza. Miguel Servet, 177; 50013. Zaragoza. \*virginiareconi@yahoo.com.ar

<sup>2</sup> Division of Farm Animal Science. Department of Clinical Veterinary Science. Langford, Bristol; BS40 5DU, GB.

### INTRODUCCIÓN

Una vida útil prolongada de la carne es una cualidad muy apreciada, tanto por el comerciante y distribuidor, como por el consumidor. La acción microbiológica, el deterioro del color y la oxidación de los lípidos son los principales responsables de la disminución de la misma. El envasado de las carnes rojas con atmósferas con CO<sub>2</sub> y de alto contenido en O<sub>2</sub> actúan como bacteriostático y permiten mantener por más tiempo su deseable color característico, pero aumentan la tasa de oxidación lipídica (Renner y Labadie, 1993; Jayasingh *et al.*, 2002). El contenido de vitamina E en el músculo, ya sea por la presencia natural o la adición en la dieta de los animales, ejerce una eficaz acción frente al deterioro oxidativo de la carne. El objetivo de este trabajo es: comparar y establecer relaciones entre la rancidez y la vitamina E en carne de vacuno, envasada con alto O<sub>2</sub>, de diferentes sistemas de producción en condiciones comerciales del Reino Unido.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 101 animales provenientes de diferentes sistemas de producción (sistema extensivo alimentados con pasto, e intensivo con dietas basadas en ensilado de pasto o en concentrado con y sin suplementación extra-nutricional de vitamina E, Tabla 1). En el sacrificio, las canales fueron estimuladas eléctricamente. Tras 24 h de oreo, se extrajo el músculo *L. thoracis*. Tras la maduración (vacío, 1°C, 13-14 días desde el sacrificio), se extrajeron filetes de 2 cm de ancho, se envasaron en atmósfera modificada (75% O<sub>2</sub>/25% CO<sub>2</sub>) y se expusieron en vitrina, a 4±1°C y bajo luz blanca fluorescente fría (700 lux, 16 h al día). Aquellas muestras destinadas a la determinación de la vitamina E fueron envasadas al vacío y congeladas (-20°C) de inmediato. Sobre los filetes expuestos en vitrina, se determinó periódicamente (días 3, 6, 8, 10 y 13 de exposición) la oxidación lipídica por el método de TBARS (Tarladgis *et al.*, 1960). La vitamina E fue extraída según Liu *et al.* (1996) modificado por Kasapidou (2003), con un HPLC, de acuerdo a las condiciones descritas en van Niekerk y Burger (1985).

El estudio estadístico se realizó con SAS (2004). Se utilizó un GLM, con el sistema de producción como factor fijo, para analizar el efecto sobre el contenido en músculo de vitamina E, y un test de Duncan. También se efectuó un procedimiento mixto con medidas repetidas para analizar el efecto del sistema de producción, del tiempo y de las interacciones, en TBARS. Las relaciones entre TBARS y vitamina E fueron determinadas a través de correlaciones de Pearson. Por último, el método de la doble pendiente fue utilizado para determinar el valor de vitamina E que maximiza la protección de la rancidez.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las diferencias en el contenido de  $\alpha$ -tocoferol ( $\mu\text{g/g}$ ) en m. *L. thoracis* según el sistema de producción se puede observar en la Tabla 1. Se obtuvieron valores más bajos en la carne de animales alimentados con CO pero, en CO/vitE, el contenido fue mayor y similar que los animales de pasto. La alta concentración de  $\alpha$ -tocoferol en músculo de los animales de pasto fue probablemente debida al mayor contenido de este antioxidante en forma natural en la dieta, en comparación con EPs y CO. Según McDowell *et al.* (1996), la concentración de vitamina E por unidad de materia seca en la hierba fresca es de 5 a 10 veces mayor que en algunos cereales. El ensilado de pasto tiene un menor contenido de vitamina E que el pasto fresco porque parte se pierde durante el procesado, aunque estas pérdidas suelen ser mayores en heno y en productos deshidratados (Geay *et al.*, 2002). Según los resultados obtenidos, pastos naturales (*Centaurea nigra*, *Cynosurus cristatus* y otras sp) sin el uso de fertilizantes (PN) pueden alcanzar el mismo nivel de  $\alpha$ -tocoferol en el músculo que los

pastos sembrados y fertilizados (PM) (principalmente *Lolium perenne* y *Cynosurus cristatus*). No se encontraron diferencias significativas ( $P>0,05$ ) entre carne proveniente de EP sólo, o con suplementación con soja o trébol rojo, en términos del contenido de vitamina E, a pesar de que Richardson *et al.* (2005) encontraron que, al aumentar la cantidad de trébol rojo en la dieta, se reducía el contenido de vitamina E en la carne.

Tabla 1. Caracterización de los animales utilizados y contenido de vitamina E ( $\mu\text{g } \alpha\text{-tocoferol/g}$  músculo) en m. *L. thoracis* según diferentes sistemas de producción.

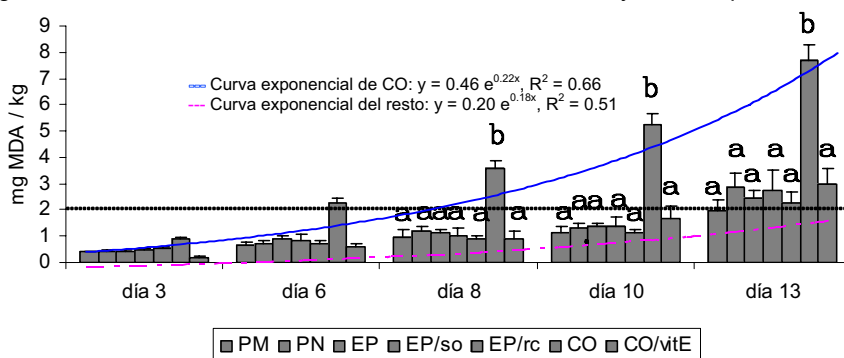
Sistema de producción	N	Alojamiento	Sexo	Edad <sup>1</sup>	Raza	VitE <sup>2</sup>
Pastos mejorados (PM)	8					
Pastos naturales (PN)	18	Exterior	Hembra	27	Ch, Ch x, BA x	4.5±0.21a
Ensilado de pasto (EP)	10					4.8±0.24a
EP + soja (EP/so)	9	Interior	Macho castrado	19	AA x Holstein	3.5±0.18b
EP + trébol rojo (EP/tr)	10					3.7±0.30b
Concentrado (CO)	34					3.5±0.13b
CO + vitE (CO/vitE)	12	Interior	Macho entero	12-16	Holstein Friesian	1.9±0.09c
						4.4±0.27a

<sup>1</sup> Meses; <sup>2</sup> Media  $\pm$  error standard., diferentes letras dentro de columna, son estadísticamente diferentes ( $P\leq 0,05$ ); Ch: Charolais; x: cruzado; BA: Blonde D'Aquitaine; AA: Aberdeen Angus

Los valores de TBARS fueron afectados significativamente por los días de exposición, sistema de producción e interacción entre ambos ( $P\leq 0,001$ ). Dado que la carne fue madurada al vacío, se obtuvieron valores bajos al 3<sup>er</sup> día de exposición en vitrina (Figura 1). El incremento de TBARS durante la exposición fue de manera exponencial, al igual que en Asghar *et al.* (1988), ya que la oxidación lipídica es una reacción en cadena. Sin embargo, las muestras más estables parecen estar todavía en el inicio de la curva incluso en el día 13 de exposición (Figura 1).

Al analizar el efecto del sistema de producción dentro de los días de TBARS medidos, sólo los animales de CO resultan significativamente diferentes al resto ( $P\leq 0,05$ ) y al 6<sup>o</sup> día, este grupo excede el valor límite de aceptabilidad de la oxidación lipídica (2 mg MDA/kg, Campo *et al.*, 2006), mientras que en la mayoría del resto lo alcanzan al día 13 (Figura 1). Warren *et al.* (2003) encontraron valores de TBARS 4 y 6 veces mayores en animales alimentados con concentrados comparados con animales alimentados con ensilado de pasto, tras 4 y 7 días de exposición en vitrina, respectivamente. No encontraron diferencias entre filetes de canales Holstein o Aberdeen Angus.

Figura 1. TBARS en m. *L. thoracis* medidos el día 3, 6, 8, 10 y 13 de exposición en vitrina.



La composición de ácidos grasos de la carne juega un rol importante en los procesos oxidativos que limitan la vida útil de la carne, siendo más oxidables cuanto mayor es su nivel de insaturación. Enser *et al.* (1998) obtuvieron un ratio PUFA:Saturados menor en animales alimentados con pasto frente a aquellos con concentrado, aunque un mayor porcentaje de

ácidos grasos *n*-3, probablemente debido a que los animales de concentrado tuvieron un menor contenido de grasa en la carne. Otros autores han encontrado más PUFA en carne de animales a pasto comparado con animales con concentrados tradicionales (French *et al.*, 2000). Sin embargo, los antioxidantes naturales presentes en el pasto (Descalzo *et al.*, 2005) y en el ensilado parecen ser suficientes para mantener una aceptable vida útil de la carne, incluso en atmósferas con alto contenido en O<sub>2</sub>.

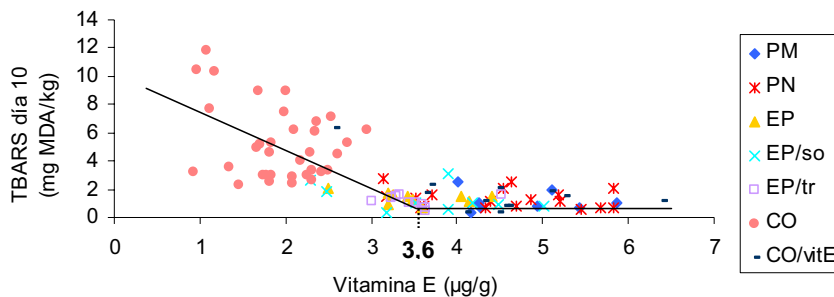
Debido a que se obtuvo un amplio rango de valores de vitamina E (0,92 a 6,40 µg/g), se pudieron determinar correlaciones. TBARS y vitamina E presentaron una alta correlación (P<0,001) los días medidos: 3, 6, 8, 10 y 13 de exposición (r=-0,59, -0,68, -0,68, -0,66 y -0,64, respectivamente), de modo que la oxidación lipídica fue claramente afectada por el contenido de vitamina E en el músculo, como en Faustman *et al.* (1989).

A través del método de la doble pendiente, se obtuvo el nivel mínimo de α-tocoferol que maximiza el control de la rancidez al día 10 de exposición en vitrina: 3,6 µg/g músculo, con un 95% de intervalo de confianza entre 3 y 4,2 µg/g (Figura 2). Este resultado es similar al obtenido por Arnold *et al.* (1993). Una vez superado este nivel, la vitamina E no se correlaciona con la oxidación lipídica (P>0,05). Para describir la relación entre los valores de vitamina E menores a 3,6 µg/g y el logaritmo de TBARS al 10º día de exposición (P<0,001, r=-0,74), se obtuvo la siguiente ecuación:

$$\log\text{TBARS} = -0,1742.\text{vitE}^2 + 0,4972.\text{vitE} + 0,3819 \quad (R^2=0,63)$$

Podemos concluir que hasta 3,6 µg α-tocoferol/g músculo, existe una relación directa entre la vitamina E y la oxidación lipídica de la carne. Este valor de vitamina E es obtenido de forma natural con pasto o ensilado, o a través de la adición de vitamina E en concentrados.

Figura 2. Relación entre el contenido de vitamina E y TBARS al día 10 de exposición en vitrina de MAP del m. *L. thoracis* de carne vacuna de diferentes sistemas de producción.



## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Arnold R.N., Arp S.C., Scheller K.K., Williams S.N., Schaefer D.M. (1993). *J Anim Sci.* 71:105.
- Asghar A., Gray J.I., Buckley D.J., Pearson A.M., Booren A.M. (1988). *Food Tech.* 42:102.
- Campo M.M., Nute G.R., Hughes S.I., Enser M., Wood J.D., Richardson R.I. (2006). *Meat Sci.* 72:303.
- Descalzo A.M., Insani E.M., Biolatto A., Sancho A.M., García P.T., Pensel N.A., Josifovich J.A. (2005). *Meat Sci.* 70:35.
- Enser M., Hallett K.G., Hewett B., Fursey G.A.J., Wood J.D., Harrington G. (1998). *Meat Sci.* 49:329.
- Faustman C., Cassens R.G., Schaefer D.M., Buege D.R., Williams S.N., Scheller K.K. (1989). *J Food Sci.* 54:858.
- French P., Stanton C., Lawless F., O'Riordan E.G., Monahan F.J., Caffrey P.J., Moloney A.P. (2000). *J Anim Sci.* 78:2849.
- Geay Y., Bauchart D., Hocquette J.F., Culioli J. (2002). *INRA Prod Anim.* 15:37.
- Jayasingh P., Cornforth D.P., Brennand C.P., Carpenter C.E., Whittier D.R. (2002). *J Food Sci.* 67:3493.
- Kasapidou E. (2003). PhD, UoB.
- Liu Q., Scheller K.K., Schaefer D.M. (1996). *J Anim Sci.* 74:2406.
- McDowell L.R., Williams S.N., Hidioglou N., Njeru C.A., Hill G.M., Ochoa L., Wilkinson N.S. (1996). *Anim Feed Sci Tech.* 60:273.
- Renerre M., Labadie J. (1993). Proc. 39<sup>th</sup> ICOMST, Calgary.
- Richardson R.I., Costa P., Nute G.R., Scollan N.D. (2005). Proc 51<sup>st</sup> ICOMST, Baltimore.
- Tarladgis B.G., Watts B.M., Younathan M.T. (1960). *J Amer Oil Chem Soc.* 37:44.
- van Niekerk P.J., Burger A.E.C. (1985). *J Amer Oil Chem Soc.* 62:531.
- Warren H.E., Enser M., Richardson I., Wood J.D., Scollan N.D. (2003). Proc BSAS.



**CENTRO INTERNACIONAL DE ALTOS ESTUDIOS AGRONÓMICOS  
MEDITERRÁNEOS  
INSTITUTO AGRONÓMICO MEDITERRÁNEO DE ZARAGOZA**

**CIHEAM/IAMZ - Cursos 2006-07-08**

**CIHEAM**

	CURSOS	FECHAS	LUGAR	ORGANIZACIÓN
<b>PRODUCCIÓN VEGETAL</b>	*MEJORA GENÉTICA VEGETAL	2 Oct. 06/8 Jun. 07	Zaragoza	IAMZ/UdL
	*OLIVICULTURA Y ELAIOTECNIA	24 Sep. 07/ 31 Mayo 08	Córdoba	UCO/JA/CSIC/COI/ INIA/IAMZ
	MÉTODOS ESTADÍSTICOS EN GENÓMICA DE PLANTAS	18-29 Feb. 08	Zaragoza	IAMZ
	TENDENCIAS ACTUALES EN AGRICULTURA DE CONSERVACIÓN EN CONDICIONES MEDITERRÁNEAS	31 Mar./4 Abr. 08	Zaragoza	IAMZ/ICARDA/FERT
	CULTIVOS ENERGÉTICOS SOSTENIBLES EN EL MEDITERRÁNEO	5-9 Mayo 08	Zaragoza	IAMZ
	<b>PRODUCCIÓN ANIMAL</b>	PRODUCCIÓN CAPRINA	6-17 Nov. 06	Murcia
TRAZABILIDAD DE PRODUCTOS CÁRNICOS: SISTEMAS Y TÉCNICAS		11-15 Dic. 06	Zaragoza	IAMZ
PRODUCCIÓN AVÍCOLA EN CLIMAS CÁLIDOS		5-10 Feb. 07	Zaragoza	IAMZ
BIENESTAR ANIMAL EN LA PRODUCCIÓN GANADERA		12-16 Mar. 07	Zaragoza	IAMZ
CALIDAD DE LA CARNE Y DE PRODUCTOS CÁRNICOS EN RUMIANTES		16-20 Abr. 07	Zaragoza	IAMZ
NUEVAS TECNOLOGÍAS PARA LA PRODUCCIÓN DE OVINO DE LECHE		14-19 Mayo 07	Vitoria	IAMZ/Neiker
*NUTRICIÓN ANIMAL		1 Oct. 07/6 Jun. 08	Zaragoza	IAMZ/UZ/FEDNA
*MEJORA GENÉTICA ANIMAL Y BIOTECNOLOGÍA DE LA REPRODUCCIÓN		1 Oct. 07/6 Jun. 08	Barcelona/ Valencia	UPV/UAB/IVIA/INIA/ IAMZ

(\*) **Cursos de Especialización de Postgrado** del correspondiente Programa Master of Science (\*marcados con asterisco en el listado). Se desarrollan cada dos años:

- MEJORA GENÉTICA VEGETAL: 06-07; 08-09; 10-11
- OLIVICULTURA Y ELAIOTECNIA: 07-08; 09-10; 11-12
- NUTRICIÓN ANIMAL: 07-08; 09-10; 11-12
- MEJORA GENÉTICA ANIMAL Y BIOTECNOLOGÍA DE LA REPRODUCCIÓN: 07-08; 09-10; 11-12
- PLANIFICACIÓN INTEGRADA PARA EL DESARROLLO RURAL Y LA GESTIÓN DEL MEDIO AMBIENTE: 06-07; 08-09; 10-11
- MARKETING AGROALIMENTARIO: 07-08; 09-10; 11-12
- ACUICULTURA: 06-07; 08-09; 10-11
- ECONOMÍA Y GESTIÓN DE LA ACTIVIDAD PESQUERA: 06-07; 08-09; 10-11

Se destinan primordialmente a titulados superiores en vías de especialización de posgrado. No obstante se estructuran en secciones independientes para facilitar la asistencia de profesionales interesados en aspectos parciales del programa. Los participantes que cumplan los requisitos académicos pueden optar a la realización del 2º año para la obtención del Título Master of Science. El plazo de inscripción para el curso de Olivicultura y elaiotecnia finaliza el 15 de Abril 2007. El plazo de inscripción para los cursos de Nutrición animal, Mejora genética animal y biotecnología de la reproducción y Marketing agroalimentario finaliza el 15 de Mayo 2007. El plazo de inscripción para los cursos de Mejora genética vegetal, Planificación integrada para el desarrollo rural y la gestión del medio ambiente, Acuicultura y Economía y gestión de la actividad pesquera finaliza el 1 de Mayo 2008.

Los **cursos de corta duración** están orientados preferentemente a investigadores y profesionales relacionados en el desarrollo de sus funciones con la temática de los distintos cursos. El plazo de inscripción para los cursos de corta duración finaliza 90 días antes de la fecha de inicio del curso.

**Becas.** Los candidatos de países miembros del CIHEAM (Albania, Argelia, Egipto, España, Francia, Grecia, Italia, Libano, Malta, Marruecos, Portugal, Túnez y Turquía) podrán solicitar becas que cubran los derechos de inscripción, así como becas que cubran los gastos de viaje y de estancia durante el curso. Los candidatos de otros países interesados en disponer de financiación deberán solicitarla directamente a otras instituciones nacionales o internacionales.

	CURSOS	FECHAS	LUGAR	ORGANIZACIÓN
MEDIO AMBIENTE	*PLANIFICACIÓN INTEGRADA PARA EL DESARROLLO RURAL Y LA GESTIÓN DEL MEDIO AMBIENTE	2 Oct. 06/8 Jun. 07	Zaragoza	IAMZ/UdL
	ECONOMÍA AMBIENTAL Y DE LOS RECURSOS NATURALES	15-26 Ene. 07	Zaragoza	IAMZ
	DISEÑO Y EJECUCIÓN DE PLANES DE GESTIÓN DE SEQUÍAS: ORGANIZACIÓN, METODOLOGÍA Y ACTUACIONES	4-8 Feb. 08	Zaragoza	IAMZ/ICARDA
	INDICADORES AGROAMBIENTALES Y DE DESARROLLO COMO HERRAMIENTAS DE APOYO A LA GESTIÓN SOSTENIBLE DEL MEDIO RURAL	14-18 Abr. 08	Zaragoza	IAMZ
	RESTAURACIÓN ECOLÓGICA DE RÍOS MEDITERRÁNEOS	9-13 Jun. 08	Zaragoza	IAMZ
COMERCIALIZACIÓN	INVESTIGACIÓN DE MERCADOS AGROALIMENTARIOS: NUEVOS ENFOQUES	25-29 Sep. 06	Zaragoza	IAMZ
	ASEGURAMIENTO DE LA CALIDAD EN EL MARKETING AGROALIMENTARIO: NORMATIVAS, SISTEMAS Y REPERCUSIONES EMPRESARIALES	13-17 Nov. 06	Zaragoza	IAMZ
	TRAZABILIDAD Y ETIQUETADO DE LOS ALIMENTOS: RESPUESTA A LOS REQUERIMIENTOS DE SEGURIDAD Y DE MERCADO	20-24 Nov. 06	Zaragoza	IAMZ
	ESTRATEGIAS DE MARKETING DE ACEITE DE OLIVA	26-30 Mar. 07	Zaragoza	IAMZ/COI
	MARKETING DE PRODUCTOS ECOLÓGICOS	21-25 Mayo 07	Zaragoza	IAMZ
	*MARKETING AGROALIMENTARIO	1 Oct. 07/6 Jun. 08	Zaragoza	IAMZ
PESCA Y AGRICULTURA	ESTRATEGIAS, ALTERNATIVAS DE DESARROLLO Y OPCIONES TECNOLÓGICAS EN ACUICULTURA MEDITERRÁNEA	18-23 Sep. 06	Zaragoza	IAMZ/AECI
	* ACUICULTURA	2 Oct. 06/ 30 Mar. 07	Las Palmas de Gran Canaria	ULPGC/ICCM/IAMZ
	*ECONOMÍA Y GESTIÓN DE LA ACTIVIDAD PESQUERA	2 Oct. 06/4 Abr. 07	Barcelona	Univ. Barcelona/ MAPA/IAMZ
	AVANCES EN LA REPRODUCCIÓN DE PECES Y SU APLICACIÓN AL MANEJO DE REPRODUCTORES	19-24 Feb. 07	Castellón	IAMZ/CSIC-IATS
	DISEÑO Y GESTIÓN DE ARRECIFES ARTIFICIALES DE INTERÉS PESQUERO	7-11 Mayo 07	Zaragoza	IAMZ/MAPA-SGPM
	CONTROL DE LA CALIDAD Y DE LA SEGURIDAD DEL PESCADO Y DE LOS PRODUCTOS DE LA PESCA	11-15 Jun. 07	Zaragoza	IAMZ/FAO
	COMERCIALIZACIÓN DE LOS PRODUCTOS DEL MAR: TENDENCIAS Y RETO	12-16 Nov. 07	Zaragoza	IAMZ/FAO/ MAPA-FROM
	ORGANIZACIÓN DE SISTEMAS DE ESTADÍSTICAS PESQUERAS	14-18 Ene. 08	Zaragoza	IAMZ/AECI
	SISTEMAS DE RECIRCULACIÓN Y SU APLICACIÓN EN ACUICULTURA	10-14 Mar. 08	Tarragona	IAMZ/IRTA
	NUTRICIÓN DE PECES: SOSTENIBILIDAD Y CALIDAD DE LOS PRODUCTOS	26-30 Mayo 08	Zaragoza	IAMZ

**Información e inscripción.** Los folletos informativos de cada curso se editan 6-8 meses antes de la fecha de inicio. Dichos folletos, así como los correspondientes formularios de inscripción pueden solicitarse a la dirección del IAMZ u obtenerse directamente de la página web:

**Instituto Agronómico Mediterráneo de Zaragoza**

Apartado 202 - 50080 ZARAGOZA (ESPAÑA)  
Teléfono +34 976 716000 - Fax +34 976 716001 - e-mail iamz@iamz.ciheam.org  
[www.iamz.ciheam.org](http://www.iamz.ciheam.org)

