

**Marcadores moleculares como herramienta para la selección animal.  
Perfil de ácidos grasos en carne**

**Karla Inostroza y Néstor Sepúlveda<sup>1</sup>**

Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

**Introducción**

El perfil de ácidos grasos es de gran importancia en la industria global, y en los recientes años, se ha incrementado la atención del mercado en mejorar los aspectos relacionados con la salud de alimentos provenientes de lechería, forzando a la industria a considerar nuevas opciones de producción y promoción de este tipo de alimentos. Los diferentes ácidos grasos que componen los alimentos provenientes de rumiantes corresponden principalmente a ácidos grasos saturados y en menor producción a ácidos grasos mono y polinsaturados. Sin embargo, los productos provenientes de rumiantes son la principal fuente de ácido linoleico conjugado (CLA), a los cuales se le atribuyen efectos benéficos para la salud humana.

**Genes relacionados con el metabolismo lipídico**

La expresión de mRNA es uno de los múltiples factores que son considerados cuando se estudian las complejas rutas moleculares que trabajan simultáneamente en el tejido. En relación al porcentaje de abundancia de mRNA, los mayores porcentajes de los genes descritos para síntesis de ácidos grasos y desaturación corresponden a *Ácido Graso Sintasa (FASN)* (7,05%) y *Estearoil CoA Desaturasa (SCD)* (23,14%). Lo que concuerda con estudios sobre la expresión de genes relacionados con el metabolismo lipídico en cerdos, en los que se observa una mayor expresión de genes involucrados en la síntesis de esteárico (*FASN*) y del gen *SCD* involucrado en la desaturación.

*Estearoil-CoA desaturasa (SCD)* es la enzima responsable de la conversión de ácidos grasos saturados a ácidos grasos monoinsaturados en adipositos de mamíferos. El gen *SCD* parece particularmente importante para el mejoramiento de la calidad de la grasa para productos alimenticios provenientes de rumiantes y por sus implicaciones en la salud humana. Esta enzima introduce doble enlaces en la posición delta<sup>9</sup> en un amplio espectro de ácidos grasos. Además, la mayoría del isómero predominante *cis-9 trans-11* CLA o ácido numérico, se origina vía endógena en la glándula mamaria y en tejido adiposo por la enzima SCD.

*Ácido Graso Sintasa (FASN)* es una enzima lipogénica clave en las rutas de síntesis de ácidos grasos. Es un complejo enzimático multifuncional que cataliza la síntesis de ácidos

---

<sup>1</sup> Autor para la correspondencia: Nestor Sepulveda [nestor@ufro.cl](mailto:nestor@ufro.cl)

## V Congreso Uruguayo de Producción Animal 3-4 de diciembre de 2014. Montevideo.

grasos saturados de cadena larga. FASN es un complejo enzimático homodimérico que regula la biosíntesis de *novo* de ácidos grasos saturados. En el tejido animal es un homodímero y el monómero es una proteína multifuncional que contiene siete dominios catalíticos y un sitio del grupo prostético. El complejo dimérico FASN cataliza la síntesis de ácidos grasos saturados, miristato, palmitato y estearato utilizado como substrato acetil-CoA, malonil-CoA y NADPH. En tejidos animales y humanos el palmitato (ácido graso C16:0), principal ácido graso saturado constituyente de lípidos, es sintetizado de *novo* por FASN.

Diversos estudios de polimorfismos han sido desarrollados en ambos genes *SCD* y *FASN*, describiendo de manera separada los efectos de cada uno en el perfil de ácidos grasos. La importancia de esta investigación radica en el estudio de manera simultánea de estos SNPs en ganado de carne y leche. En el caso del gen *SCD*, grupos de animales han sido caracterizados por sus considerables diferencias en el contenido de CLA en la leche. Los polimorfismos de único nucleótido (SNPs) detectados por Tanaguchi *et al* 2004, han sido relacionados con altos niveles de actividad de *SCD* y concentración de ácidos grasos monoinsaturados en leche. Jiang *et al* confirman que el gen *SCD* juega un rol crucial en el metabolismo de los ácidos grasos. Por otra parte, en relación al gen *FASN* se han identificado tres SNPs, dentro de cuatro exones del dominio tioesterasa del gen. Los polimorfismos en este dominio han adquirido importancia ya que existe la hipótesis que la variación en el dominio tioesterasa del gen *FASN* entre individuos puede ser un candidato para diferencias heredables en la composición de ácidos grasos y puede ser usado para mejorar la composición de ácidos grasos de la carne de vacuno, manteniendo otros atributos físicos y químicos positivos del producto. Morris *et al.*, mencionan que los SNPs en el gen *FASN*, los cuales son asociados significativamente a porcentajes de C14:0 y C18:1. Roy *et al.*, describen dos SNPs relacionados con la composición de ácidos grasos en leche.

El mejoramiento genético tradicional de bovinos usando información de fenotipos y pedigrees para predecir valores de progenie ha sido muy útil. Sin embargo, los valores de progenie deben ser capaces de predecir con mayor precisión mediante el uso de información sobre la variación en la secuencia de ADN entre animales. La investigación hacia selección asistida por marcadores (MAS) ha sido extensiva pero la implementación ha sido limitada y el incremento en la ganancia genética ha sido pequeña. Mele *et al.*, mencionan que los genotipos *SCD* pueden jugar un rol en los programas de MAS apuntando al mejoramiento nutricional de la calidad de la leche. Los resultados del estudio de Taniguchi *et al.*, también sugieren que los genotipos en los genes *SCD* y *FASN* son una herramienta útil para la selección de canales de vacuno, por ejemplo, favorables al sabor, debido a los contenidos de ácidos grasos.