

## ESTUDIO DE MUTACIONES ASOCIADAS A CARACTERES PRODUCTIVOS EN LA RAZA CHAROLESA (UCHAE)

La utilización de información molecular puede constituir una herramienta complementaria muy valiosa en los programas de selección de razas especializadas en producción de carne. Es posible analizar los individuos e identificar los alelos de los que son portadores en determinados genes que han demostrado una asociación significativa con caracteres de interés productivo, y de esta manera contribuir a la predicción de su valor de mejora. Este genotipado también puede ser utilizado para llevar a cabo la trazabilidad necesaria que pueda garantizar el origen de una carne o como fuente de polimorfismos para comprobar las relaciones de parentesco.

Actualmente se dispone de unas decenas de mutaciones localizadas en diferentes genes que han sido asociadas a caracteres productivos como producción de leche, producción de carne o calidad de la carne en determinadas razas.

En UCHAE, con el fin de estudiar en su población las posibles asociaciones entre esos genes y los caracteres de interés, los ganaderos llevan a cabo el genotipado sistemático de diferentes mutaciones en los individuos que son susceptibles de ser utilizados como reproductores, de tal manera que esa información se incorpora como un criterio adicional para la selección, al mismo tiempo que se utiliza para realizar controles de filiación y permitir garantizar la trazabilidad de una carne desde su origen hasta la mesa.

Los genes que actualmente son objeto de estudio por parte de UCHAE en individuos de la raza Charolesa se pueden clasificar, en función de los caracteres a los que afectan, en las siguientes categorías:

- Veteado, cantidad y tipo de grasa intramuscular:

En este capítulo se analizan un total de siete genes entre los que destacan DGAT1, la Tiroglobulina (TG), el Stearoil-CoA desaturasa\_\_(SCD) y el Peroxysome proliferator-activated receptor-coactivator-1\_(PPARGC1A).

El gen DGAT1 está descrito fundamentalmente por su influencia en el porcentaje de grasa en leche pero también se ha demostrado que ejerce una influencia en la cantidad de grasa intramuscular. La determinación del alelo que aumenta la presencia de grasa intramuscular permite modular las características de la carne de charolés en función de la demanda del consumidor.

La Tiroglobulina (TG) es un gen descrito por su acción sobre el veteado de la carne, que codifica al precursor de la hormona, y cuyo alelo recesivo ejerce un efecto sobre el músculo *Longissimus dorsi* en varias razas bovinas, entre ellas la Charolesa.

Otro de los genes implicados en la aparición de mayor o menor veteado de la carne es el Stearoil-CoA desaturasa (delta-9-desaturasa o SCD), ha sido descrito en la raza bovina Wagyu, y cataliza la reacción que cambia ácido esteárico en ácido oleico. Determina una mayor cantidad de ácidos grasos mono-insaturados (MUFA) en la grasa intramuscular.

PPARGC1A o Peroxysome proliferator-activated receptor-coactivator-1, parece tener influencia en el contenido de grasa de la leche, pero en nuestro laboratorio también hemos encontrado una asociación con el contenido de grasa en músculo.

Los demás genes analizados no están todavía publicados y su información es, por lo tanto, confidencial. Son genes candidatos que han mostrado su asociación con fenotipos tales como cantidad de grasa en músculo.

- Terneza de la carne:

En este grupo se incluyen tres genes: la Calpaina (CAPN1), la Calpastatina (CAST), y la Lysil-oxidasa (LOX).

De los factores identificados como responsables de la terneza de la carne post-mortem, el sistema calpaína proteolítico es de los más estudiados. Son dos las enzimas responsables de este proceso: la  $\mu$ -calpaína que es una proteasa neutra activada por calcio micromolar y codificada por el gen CAPN1 y su inhibidor la calpastatina (CAST). Se han descrito varios marcadores en estos dos genes y su asociación con terneza de la carne parece bastante firme en muchas razas bovinas. Además, los animales que presentan a la vez los dos alelos para CAST y CAPN1 que determinan menor terneza generan carne con un aroma más intenso que los de otros genotipos.

La enzima lysil-oxidasa está implicada en la formación de enlaces entre fibras de colágeno durante los estadios precoces de su síntesis. Es por lo tanto el campo de la estructura y las redes de colágeno, muy distinto al de la maduración de las carnes (caso de CAPN1 y CAST), el que está en juego. El gen implicado, LOX, presenta una variabilidad que se ha visto asociada a la resistencia al corte.

- Genes que influyen en otras características de la carne: cantidad, textura, aroma etc.

En este capítulo se incluyen genes que influyen en la **cantidad de carne** como es el gen GDF8. En los individuos de la raza Charolesa se analiza la presencia de la mutación Q204X específica de esta raza y también la mutación F94L que puede estar presente en el exon 1, no afecta a la proteína madura pero si permite por mecanismos no del todo claros todavía, que se incrementa de forma significativa la masa muscular de los animales que son portadores de esta mutación.

También están incluidos en este apartado genes que al influir en el apetito permite un **incremento de la masa muscular**. Son genes pertenecientes a

una ruta que incluye leptina, POMC (pro-opiomelancortin) o CRH (corticotrophin-releasing hormone). CRH (que es una hormona de estrés) reduce el apetito vía dos mecanismos: uno de ellos causa indirectamente la salida de glucocorticoides que se creen que son inhibidores del crecimiento a través del incremento de POMC y la producción de leptina. La potenciación de la expresión de POMC lleva a un aumento de la síntesis de  $\alpha$ MSH (alpha melanocyte stimulating hormone) que unida al receptor MC4R reduce el apetito.

También se analizan algunos factores de crecimiento como son IGF, la hormona de crecimiento (GH), y algunos genes con influencia en la **jugosidad y aroma de la carne** que no se detallan aquí por ser resultados que todavía no están publicados.

- Genes implicados en el color de la capa y en la determinación del sexo

En este apartado se analiza el gen SILVER que permite detectar la presencia de una mutación que determina la capa blanca típica de la raza Charolesa. Un animal puro de esta raza debe tener presente los dos alelos mutados, en caso contrario estaríamos en condiciones de certificar que el individuo no pertenece a la raza Charolesa.

Además, analizamos el sexo del individuo, lo que puede ser de utilidad en cuanto a trazabilidad se refiere. Para ello utilizamos un gen (Amelogenina) que permite detectar un alelo perteneciente a un locus situado en el cromosoma Y y otro en el cromosoma X.

En resumen, en el actual estudio que realiza UCHAE, en colaboración con el Servicio de Genética de la Universidad Complutense, se ha optimizado un protocolo que permite el análisis simultáneo de un total de 21 mutaciones, situadas en 17 genes diferentes.