PERFIL DE ÁCIDOS GRASOS DE LA GRASA SUBCUTÁNEA EN TERNEROS LIMUSÍN Y TUDANCA x CHAROLÉS PRODUCIDOS EN EL VALLE DEL NANSA (CANTABRIA)

Aldai[1], N., Lavín[2], P., Jaroso[2], R., Sanchez-Briñas[3], B. y Mantecón[2], A.R.
[1]Centro de Investigación LASCARAY Ikergunea, UPV/EHU, 01006 Vitoria-Gasteiz.
noelia.aldai@ehu.es
[2]IGM (CSIC). Finca Marzanas, 24346 Grulleros (León).
[3]Fundación Botín, C/ Pedrueca 1, Santander.

INTRODUCCIÓN

La producción de ganado vacuno de carne del valle del Nansa (montaña cántabra), caracterizado por su gran diversidad racial, se basa, principalmente, en la venta de los animales como pasteros para ser cebados en otras explotaciones (Lavín et al., 2011a). Si bien este sistema tiene la ventaja de disminuir la inversión y los gastos de las explotaciones, tiene el inconveniente de reducir los ingresos y ser dependiente de una cadena de comercialización tradicional de tratantes que actúan prácticamente en forma de monopolio (Lavín et al., 2011b). Como alternativa se propuso la venta directa de canales procedentes de terneros lechales a diferencia de la venta de animales para su cebo en otras regiones.
Teniendo en cuenta el efecto del genotipo y de la alimentación en la calidad del producto (Aldai et al., 2007, 2011) se estudiaron aspectos como el rendimiento de la canal, rendimiento carnicero, calidad de la carne y perfil de ácidos grasos (AG) del músculo (grasa intramuscular) (Aldai et al., 2012) y grasa subcutánea (SC). En este trabajo se compara la composición de AG de la grasa SC de ternera obtenida de los dos genotipos más frecuentes en la zona (Tudanca x Charolés y Limusín).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se emplearon 12 terneros machos nacidos en primavera (marzo-abril 2010) procedentes de dos explotaciones de vacuno del valle del Nansa (Cantabria) integradas en el Proyecto de Promoción Ganadera que la Fundación Botín lleva a cabo en esta zona, como parte de su Programa de Desarrollo Rural, Patrimonio y Territorio, y pertenecientes a los genotipos Limusín y cruce de Tudanca (vaca) x Charolés (toro) (n=6 por genotipo). Los terneros fueron criados en condiciones de pastoreo y lactancia natural con sus madres y suplementados con pienso a libre disposición (max. 3 kg/día) desde los 80 días de edad hasta el sacrificio (7 meses). Para la suplementación del pienso se utilizaron tolvas de exclusión que permitían el paso de los terneros pero no el de las vacas. El pienso concentrado estuvo constituido por: 40% maíz, 45% cebada, 10% soja, 2% grasa y 3% vit+min, y su composición en materia seca fue: 16,2% proteína bruta, 6,7% cenizas y 3,9% extracto etéreo). El perfil de AG mayoritarios fue: 18% 16:0, 2,1% 18:0, 20% 9*c*-18:1, 50% 18:2n-6, y 3,3% 18:3n-3 (Alves et al., 2008). El sacrificio de los animales se llevo a cabo en el matadero de Liébana (Cantabria).
Para la determinación de AG se analizó la grasa SC procedente de la 6ª costilla. Se liofilizaron 50 mg de grasa de cada muestra y se llevó a cabo una transmetilación directa con metóxido de sodio en metanol (0,5N). Los AG metilados se analizaron por GC-FID (Agilent 7890A) y 2 columnas cromatográficas de 100m; la SP-2560 para el perfil total (Kramer et al., 2008) y la SLB-IL111 para los isómeros del ácido linoleico conjugado (CLA; Delmonte et al., 2011). Para la identificación de los AG se emplearon los estándares #463, #603 y #UC-59M de Nu-Chek Prep Inc., mientras que algunos AG se identificaron de acuerdo a los tiempos de retención y al orden de elución descritos en la bibliografía (Cruz-Hernandez et al., 2004; Kramer et al., 2008; Delmonte et al., 2011).
Para el análisis estadístico se utilizó el programa estadístico SPSS 19 para Windows.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se muestran los AG (en porcentaje del total de AG) de la grasa SC. Se han representado los grupos y ratios nutricionalmente más interesantes junto con algunos de los AG individuales representativos (mayoritarios) de cada uno de los grupos. En general, no se observaron diferencias significativas en ninguno de los grupos excepto en el caso del CLA total donde la grasa procedente de animales de la raza Limusín obtuvo un mayor porcentaje (P<0.05). Además, el ácido ruménico (9*cis*,11*trans*-18:2), siendo el isómero de CLA

mayoritario en ambos genotipos, fue también significativamente mayor en la grasa de Limusín (P<0.05).

***Tabla 1**. Efecto del genotipo (Tudanca x Charolés y Limusín) en la composición de ácidos grasos (AG) de la grasa subcutánea de ternera (% del total de AG)*[1]

	Tudanca x Charolés		Limusín		Sign.
∑AGS	49,62	(1,128)	48,81	(1,030)	ns
∑AGR	2,09	(0,098)	2,13	(0,090)	ns
∑AGM	45,02	(0,955)	45,44	(0,872)	ns
∑*cis*-AGM	38,25	(1,021)	37,95	(0,932)	ns
∑*trans*-AGM	6,77	(0,388)	7,48	(0,354)	ns
10*t*-18:1	0,89	(0,447)	1,43	(0,408)	ns
11*t*-18:1	2,97	(0,237)	3,35	(0,216)	ns
11*t*-/10*t*-	5,88	(1,733)	4,56	(1,582)	ns
∑AGP	2,67	(0,264)	2,43	(0,241)	ns
∑n-6	1,91	(0,266)	1,75	(0,243)	ns
18:2n-6	1,75	(0,263)	1,60	(0,240)	ns
20:4n-6	0,04	(0,002)	0,03	(0,002)	ns
∑n-3	0,76	(0,040)	0,68	(0,036)	ns
18:3n-3	0,65	(0,042)	0,57	(0,039)	ns
20:5n-3	0,02	(0,002)	0,02	(0,002)	ns
22:5n-3	0,05	(0,014)	0,06	(0,013)	ns
n-6/n-3	2,54	(0,458)	2,65	(0,418)	ns
P/S	0,05	(0,006)	0,05	(0,005)	ns
∑CLA	1,58	(0,153)	2,15	(0,140)	*
9*c*,11*t*-18:2	1,29	(0,135)	1,82	(0,123)	*
∑NC-18:2	1,18	(0,082)	1,20	(0,075)	ns

[1]Valor medio (error estándar). *, P<0,05; ns, no significativo. AGS, AG aturados; AGR, AG ramificados; AGM, AG monoinsaturados; AGP, AG poliinsaturados; P/S, AGP/AGS; CLA, conjugados del linoleico; NC-18:2, otros dienos.

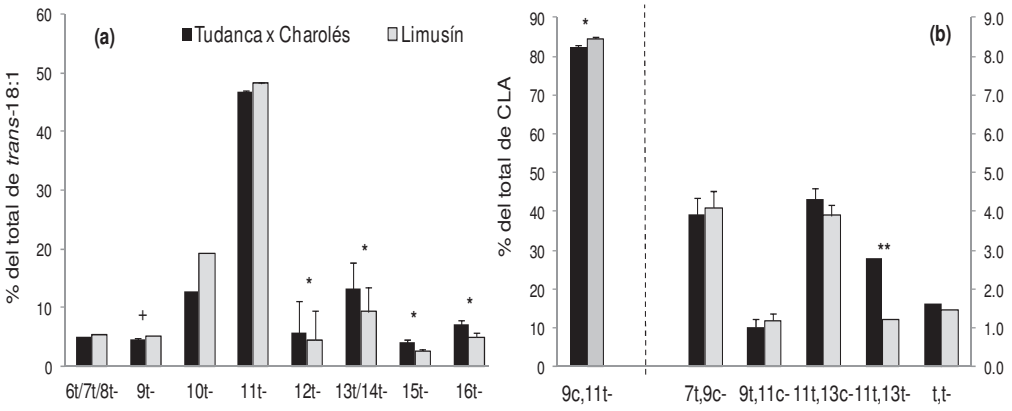


Figura 1. Efecto del genotipo (Tudanca x Charolés y Limusín) en el porcentaje relativo de cada isómero respecto al total de *trans*-18:1 **(a)** y al total de CLA **(b)** de la grasa subcutánea de ternera.

Dado que los terneros de ambos genotipos fueron criados en condiciones de pastoreo, la mayor parte del total de AG *trans* y CLA estuvo constituido por el ácido vaccénico (11*trans*-18:1, 47,5%; Figura 1a) y ácido ruménico (9*cis*,11*trans*-18:2, 83,2%; Figura 1b), respectivamente. En otras situaciones donde la alimentación ha sido a base de concentrado se ha visto que el isómero *trans* mayoritario suele ser el 10*trans*-18:1 (Dugan et al., 2007; Humada et al., 2012), isómero sobre el cual no actúa la enzima Δ9-desaturasa imposibilitando su conversión en CLA. Por otra parte, aunque el 9*trans*-18:1 fue un poco inferior en la grasa de Tudanca x Charolés, otros como 12*trans*-, 13/14*trans*-, 15*trans*- y 16*trans*-18:1 fueron significativamente mayores, los cuales son metabolitos que se asocian principalmente a la biohidrogenación del 18:3n-3 (Bessa et al., 2007; Nassu et al., 2011).
En cuanto a los isómeros del CLA (Figura 1b) hubo pocas diferencias significativas únicamente asociadas al ácido ruménico (P<0.05) y al 11*trans*,13*trans*-18:2 (P<0.05).
En general, la composición en AG de la grasa SC de ambos genotipos estudiados fue similar salvo algunas ligeras apreciaciones posiblemente relacionas con la mayor ingestión de concentrado (18:2n-6) en el caso de animales de la raza Limusín. En ambos genotipos el perfil de AG fue más saludable en comparación con animales de cebo intensivo.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Aldai, N., Dugan, M.E.R., Kramer, J.K.G., Martínez, A., López-Campos, O., Mantecón, A.R. & Osoro, K. 2011. Animal 5: 1643-1652. • Aldai, N., Lavín, P., Kramer, J.K.G., Jaroso, R. & Mantecón, A.R. 2012. Meat Sci 92: 687-696. • Aldai, N., Nájera, A.I., Dugan, M.E.R., Celaya, R. & Osoro, K. 2007. Meat Sci 76: 682-691. • Alves, S.P., Cabrita, A.R.J., Fonseca, A.J.M. & Bessa, R.J.B. 2008. J. Chrom. A. 1209: 212-219. • Bessa, R.J.B., Alves, S.P., Jerónimo, E., Alfaia, C.M., Prates, J.A. & Santos-Silva, J. 2007. Eur. J. Lipid Sci Tech. 109: 868-878. • Cruz-Hernandez, C., Deng, Z., Zhou, J., Hill, A.R., Yurawecz, M.P., Delmonte, P., Mossoba, M.M., Dugan, M.E.R. & Kramer, J.K.G. 2004. J. AOAC Int. 87: 545-562. • Delmonte, P., Fardin Kia, A.R., Kramer, J.K.G., Mossoba, M.M., Sidisky, L. & Rader, J.I. 2011. J. Chrom. A 1218: 545-554. • Dugan, M.E.R., Kramer, J.K.G., Robertson, W.M., Meadus, W.J., Aldai, N. & Rolland, D.C. 2007. Lipids 42: 509-518. • Humada, M.J., Serrano, E., Sañudo, C., Rolland, D.C. & Dugan, M.E.R. 2012. Meat Sci. 90: 678-685. • Kramer, J.K.G., Hernandez, M., Cruz-Hernandez, C., Kraft, J. & Dugan, M.E.R. 2008. Lipids 43: 259-273. • Lavín, P., Jaroso, R., Palencia, P. & Mantecón, A.R. 2011a. ITEA 1: 67-69. • Lavín, P., Jaroso, R., Palencia, P. & Mantecón, A.R. 2011b. ANEMBE, pp. 217-219. • Nassu, R.T., Dugan, M.E.R., He, M.L., McAllister, T.A., Aalhus, J.L., Aldai, N. & Kramer, J.K.G. 2011. Meat Sci. 89: 469-477.

Agradecimientos: Trabajo realizado en el desarrollo del Convenio entre la Fundación Botín (Programa de Desarrollo Rural) y el CSIC (2010-2013) para el estudio y desarrollo de un sistema de producción y comercialización de carne de vacuno en el valle del Nansa y Peñarrubia. Agradecimiento a Semark AC Group, S.A., por la colaboración en la realización de este trabajo. También se agradecen los contratos de investigación financiados por la UE (Marie Curie – SPACANBEEF, PIOF-GA-2008-220730) y por el Ministerio de Ciencia e Innovación e UPV/EHU (Programa Ramón y Cajal, RYC-2011-08593).

BACKFAT FATTY ACID COMPOSITION OF CALVES FROM LIMOUSIN AND TUDANCA x CHAROLAIS GENOTYPES PRODUCED IN NANSA VALLEY (CANTABRIA)

ABSTRACT: This study was designed to compare the fatty acid composition of backfat from veal produced from 'Tudanca x Charolais' cross (n=6) and Limousin (n=6) breeds when allowed to feed freely on mountain pastures and suckled naturally their mothers from birth to 7 months of age. After 80 days of age calves also had access to concentrate (maximum of 3 Kg/day), while cows did not. In general, very few differences were observed between backfat profiles of both genotypes except for slight differences in some of the individual *trans*-18:1 and CLA isomers. Moreover, vaccenic and rumenic acids were the major *trans* double bond containing biohydrogenation isomers in all animals making their fat healthier in comparison to fat obtained from concentrate fed animals.

Keywords: *trans*, CLA, veal, genotype.