ESTIMACIÓN DE LAS TASAS DE RENOVACIÓN PROTEICA EN CERDOS EN CRECIMIENTO

Crespo, T.A., Sarri, L., Tor, M., Seradj, A.R., de la Fuente, G. y Balcells, J.
Departament de Ciència Animal, Universitat de Lleida- Agrotecnio Centre, Av. Alcalde Rovira Roure 191, 25198, Lleida; laura.sarri@udl.cat

INTRODUCCIÓN

Las proteínas son estructuras sometidas a un proceso continuo que combina síntesis con degradación y cuyo equilibrio determina sus necesidades netas. Un estudio de la cinética de renovación del tejido magro podría desvelar los factores reguladores (genética, castración, disponibilidad nutritiva, etc.) que intervienen en dicho proceso y con ello refinar las necesidades proteicas para cada escenario productivo. En la literatura se reconoce la relevancia del proceso de síntesis, y en este sentido se han descrito y contrastado fehacientemente diferentes metodologías que permiten su estudio. En relación con el proceso de degradación, aunque se reconoce su importancia, su estudio se ha visto limitado por la dificultad metodológica y obtención de mediciones consistentes. El presente ensayo pretende mostrar la puesta en marcha de un método que permita medir simultáneamente los procesos de síntesis y degradación, mediante la utilización de agua deuterada (^2H_2O).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 14 cerdos macho [Pietrain × (Landrace × Large White)] de 40,5 ± 4,33 kg de peso vivo, alimentados *ad libitum* con un pienso comercial adecuado a su fase de crecimiento. Tras 15 días de adaptación, los animales fueron distribuidos aleatoriamente en dos lotes experimentales, el grupo tratamiento (Tr: n=8) y el control (C: n=6). El grupo Tr recibió una dosis única de 9,65 ml ^2H_2O/kg de tejido magro (Kremer *et al.*, 2012). Tras la administración del isótopo se realizaron dos sacrificios seriados al cabo de 4 y 11 días, respectivamente, a razón de 4 cerdos del grupo Tr y 3 del grupo C por sacrificio. Se procedió a la extracción de sangre en vena yugular a todos los animales al inicio del ensayo y a los días correspondientes al sacrificio. Inmediatamente después del sacrificio, se tomaron muestras de tejido hepático y muscular (*longissimus dorsi* y *biceps femoris*). El tratamiento de las muestras se inició con la extracción de aminoácidos (AAs) libres tisulares y plasmáticos (Piraud *et al.*, 2005; Li *et al.*, 2015), así como los AAs ligados a la proteína de los tejidos (Colgrave *et al.*, 2008). Para determinar el enriquecimiento en deuterio, los AAs se analizaron por cromatografía líquida y espectrometría de masas, con un sistema UPLC/XevoTQS. El análisis estadístico se realizó mediante un modelo mixto utilizando el software JMP Pro12 y el test de comparación múltiple Tukey.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis se focalizó en la Alanina (Ala) dada su mayor capacidad de intercambio de deuterio (Holmes *et al.*, 2015). Los análisis plasmáticos mostraron un aumento significativo en el enriquecimiento en Ala deuterada (D-Ala) al cabo de 4 días de la administración de ^2H_2O, seguido de un descenso notable a los 11 días, aunque el nivel de enriquecimiento fue siempre superior al natural (C; $P<0.001$). La misma tendencia se evidenció en los AAs libres en los diferentes tejidos, que fueron perdiendo su enriquecimiento con el tiempo, a medida que la D-Ala fue incorporándose a la proteína (Holm *et al.*, 2013). Esto se tradujo en un incremento en el enriquecimiento de AAs ligados, especialmente evidente en músculo, mientras que el hígado alcanzó antes el *plateau*, momento en el que síntesis y degradación se equilibraron.

CONCLUSIÓN

El presente ensayo demuestra que se puede obtener información relevante sobre los procesos de síntesis y degradación proteica mediante el uso de ^2H_2O en cerdos en crecimiento. Futuros estudios en diferentes escenarios permitirán comprobar la sensibilidad de dicha técnica.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Colgrave *et al.*, 2008. J. Chromatogr. A. 1212: 150–153. • Holm *et al.*, 2013. Am. J. Physiol. Endocrinol. Metab. 304: 895–907. • Holmes *et al.*, 2015. Methods in Enzimology 561: 219-276. • Kremer *et al.*, 2012. Animal 6: 2041–2047. • Li *et al.*, 2015. Br. J. Nutr. 113: 739–748. • Piraud *et al.*, 2005. Rapid Commun. Mass Spectrom. 19: 1587–1602.

Agradecimientos: Al personal del CEP, y también a J.C. Melo y F. Vilaró por su asistencia técnica.