



COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS MONTECILLO

POSTGRADO DE RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD

GANADERÍA

**EXPRESIÓN DE LA PROTEÍNA ESTEAROIL-CoA
DESATURASA EN CORDEROS COMPLEMENTADOS CON
*Saccharomyces cerevisiae***

ADRIAN GLORIA TRUJILLO

T E S I S
PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE:

DOCTOR EN CIENCIAS

MONTECILLO, TEXCOCO, ESTADO DE MÉXICO

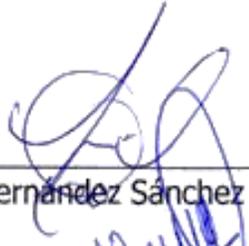
2017

La presente tesis titulada: **Expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa en corderos complementados con *Saccharomyces cerevisiae***, realizada por el alumno: **M.C. Adrian Gloria Trujillo** bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

DOCTOR EN CIENCIAS
RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD
GANADERÍA

CONSEJO PARTICULAR

CONSEJERO



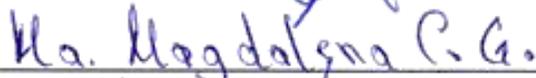
Dr. David Hernández Sánchez

ASESOR



Dr. Omar Hernández Mendo

ASESOR



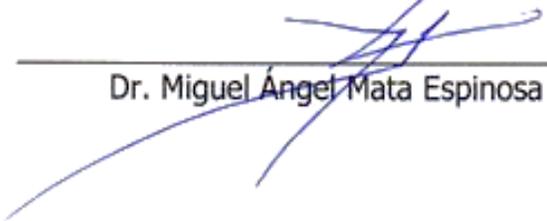
Dra. María Magdalena Crosby Galván

ASESOR



Dr. Edgar Meraz Romero

ASESOR



Dr. Miguel Angel Mata Espinosa

Montecillo, Texcoco, Estado de México, Febrero de 2017

RESUMEN GENERAL

EXPRESIÓN DE LA PROTEÍNA ESTEAROIL-CoA DESATURASA EN CORDEROS COMPLEMENTADOS CON *Saccharomyces cerevisiae*

Adrian Gloria Trujillo, D.C.
Colegio de Postgraduados, 2017

El objetivo del estudio fue evaluar el efecto de *Saccharomyces cerevisiae* (Sc) en el proceso de biohidrogenación ruminal (BH), expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa (SCD) y composición de ácidos grasos en músculo *Longissimus dorsi* (LD) de ovinos alimentados con una dieta alta en concentrado. Para medir la BH, cuatro carneros Ramboulet (25.82±1.95kg) con cánula ruminal y duodenal fueron complementados con Sc [T1, dieta comercial (80:20; concentrado: forraje); T2, T1 + 3 g Sc animal⁻¹ d⁻¹; T3, T1 + 5 g Sc animal⁻¹ d⁻¹ y T4, T1 + 10 g Sc animal⁻¹ d⁻¹]. Los animales se distribuyeron en un diseño cross-over 4 x 4 con muestreos cada cuatro horas, durante 12 horas por tres días. Las variables evaluadas fueron pH ruminal, ácidos grasos volátiles y nitrógeno amoniacal, en las cuales no se observaron cambios (P>0.05) con la complementación de Sc. De manera similar, los niveles de BH de ácidos grasos de cadena larga resultaron similares (P>0.05) entre tratamientos (TR) (Oleico; T1: 80.04, T2: 79.89, T3: 80.89, T4: 81.03%, Linoleico; T1: 90.27, T2: 89.60, T3: 90.92, T4: 90.51% y Linolénico; T1: 88.61, T2: 87.89, T3: 88.65, T4: 88.84%). Para evaluar la expresión de la proteína SCD y su efecto en el perfil de ácidos grasos en músculo LD, 32 corderos machos Hampshire fueron distribuidos en los TR antes establecidos (T1, T2, T3 y T4), con ocho repeticiones por TR, distribuidos en un diseño completamente al azar. Se evaluaron variables de comportamiento, canal, perfil de ácidos grasos y expresión de la proteína SCD en músculo LD. La inclusión de niveles crecientes de Sc redujo el consumo de materia seca (P=0.001), ganancia diaria de peso (P= 0.015) y conversión alimenticia (P=0.011). Los niveles de expresión de la enzima SCD fueron afectados por Sc, lo que disminuyó las concentraciones de C_{16:1} (P=0.08) y C_{18:1} (r = 69.74; P=0.054) e incrementó la sumatoria de isómeros C_{18:1 trans10} y C_{18:1 trans11} (P=0.04), C_{18:2} (r = -0.75, P= 0.0317), α-C_{18:3} (P=0.03) y C_{20:4 Ω6} (P=0.03). La adición de Sc en la dieta afecta los ácidos grasos depositados en la carne, al modificar la expresión de la proteína SCD en músculo *Longissimus dorsi*.

Palabras clave: *Saccharomyces cerevisiae*, biohidrogenación ruminal, estearoil-CoA desaturasa, corderos, *Longissimus dorsi*

ABSTRACT

STEAROYL-CoA DESATURASE PROTEIN EXPRESION IN LAMBS

SUPPLEMENTED WITH *Saccharomyces cerevisiae*

Adrian Gloria Trujillo, D.C.

Colegio de Postgraduados, 2017

This aim of this study was to evaluate the effect of supplement *Saccharomyces cerevisiae* (Sc) on rumen biohydrogenation, stearoyl-CoA desaturase protein expression and fatty acid profile in *Longissimus dorsi* muscle of lambs feeding with a high concentrate diet. For rumen biohydrogenation analysis, four male Ramboulet rams provided with rumen and duodenal canulae were supplemented with increasing levels of Sc [T1, basal diet (80:20; concentrate: forage); T2, T1 + 3 g Sc animal⁻¹ d⁻¹; T3, T1 + 5 g Sc animal⁻¹ d⁻¹ y T4, T1 + 10 g Sc animal⁻¹ d⁻¹]. Animals were distributes in a 4 x 4 Latin square design with four evaluation periods, three days for each period, and four sampling per day at intervals of four hours. pH, short-chain fatty acids and ammonia nitrogen in rumen fluid were evaluated. No significant differences were founded (P>0.05) when Sc was supplemented. In the same way, unsaturated fatty acid biohydrogenation were similar between treatments (P>0.05; Oleic; T1: 80.04, T2: 79.89, T3: 80.89, T4: 81.03%, Linoleic; T1: 90.27, T2: 89.60, T3: 90.92, T4: 90.51% y Linolenic; T1: 88.61, T2: 87.89, T3: 88.65, T4: 88.84%). In the second study, the SCD protein expression and its effect on LD muscle fatty acid composition were evaluated using 32 male Hampshire lambs, which were distributed in four treatments (T1, T2, T3 and T4, the same evaluated in the first study) in a completely randomized design. Animal performanece, carcass characteristics, fatty acid profile and SCD protein expression in *Longissimus dorsi* were evaluated. Sc reduced dry matter intake (P=0.001), average daily gain (P=0.015) and feed conversion (P=0.011). The SCD protein expression was affected for Sc, so affect LD muscle fatty acid profile because C16:1 (P=0.08) y C18:1 (r = 69.74; P=0.054) were reduced, whereas C18:1 trans10 y trans11 (P=0.04), C18:2 (r = -0.75, P= 0.0317), α -C18:3 (P=0.03) y C20:4 Ω 6 (P=0.03) increase. The Sc supplementation is an alternative to reduce the SCD protein expression and meat fatty acid manipulation in lambs.

Keywords: *Saccharomyces cerevisiae*, ruminal biohydrogenation, stearoil-CoA desaturase, lambs, *Longissimus dorsi*.

DEDICATORIAS

A DIOS

Porque él es quien nos guía, y nos da fuerzas para seguir adelante. Él nos acompaña en todas nuestras decisiones y caminos que tomamos en nuestra vida.

Amen

A MI ESPOSA

María Elena Sosa Castillo

Porque ella ha estado conmigo en cada instante de mi formación, me apoyó, me impulsó, pero sobre todo por su amor.

A MIS PADRES

Elpidio Gloria Cruz y María Delia Trujillo Torres

Porque ustedes son quienes me dieron las bases para mi formación, me educaron con todo su amor y cariño, me apoyaron en todo momento para ser la persona que soy el día de hoy.

A MIS HERMANOS

Porque ustedes son personas a las que admiro, respeto y quiero.

A MI BISABUELO

José Trinidad Cruz Quintero[†]

Siempre te llevare en mi corazón “Mi viejo grande”.

Mil gracias, a todos.

ATTE
M.C. Adrian gloria Trujillo

AGRADECIMIENTOS

Al **Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT)** por la beca otorgada para la realización de mis estudios de doctorado.

Al **Colegio de Postgraduados** por ser la institución que me brindo el espacio para realizar mis estudios a lo largo de estos siete años.

Al **Dr. David Hernández Sánchez** por ser mi formador y amigo, persona de todo mi respeto y admiración.

A mi consejo particular; **Dr. Omar Hernández Mendo, Dra. María Magdalena Crosby Galván, Dr. Edgar Meraz Romero y Dr. Miguel Angel Mata Espinosa.** Ustedes mi guiaron, aconsejaron y formaron.

A la **Ing. Elsa Margarita Crosby Galván**, por ser un gran apoyo durante mi estancia en laboratorio, por ser una gran persona con un gran sentido del deber y responsabilidad.

A todos mis amigos por ser un gran pilar en mi formación, por ser un gran respiro en los momentos difíciles y por todos los momentos de alegre convivencia.

Y a todos aquellos que durante mi estancia en el Colegio de Postgraduados, fueron parte fundamental de mi formación.

ATTE

M.C. Adrian Gloria Trujillo

ÍNDICE

RESUMEN GENERAL.....	iii
ABSTRACT.....	iv
Introducción general	1
Literatura citada	2
CAPÍTULO I. BIOMARCADORES NUTRIGENÓMICOS RELACIONADOS CON LA DEPOSICIÓN DE ÁCIDOS GRASOS EN LA CANAL DE CORDEROS.....	5
Resumen.....	5
Abstract.....	6
Introducción	6
Epigenética.....	8
Nutrigenómica.....	9
Nutrigenómica focalizada a la producción de carne de corderos	10
Biomarcadores como herramienta para el estudio de la calidad de la carne en corderos	11
Aplicación de la proteómica en el estudio de la calidad de carne de corderos	11
Epigenética y metabolismo de ácidos grasos en la canal de corderos	13
Polimorfismos relacionados con el metabolismo de ácidos grasos en la canal y la calidad de la carne de corderos	18
Conclusiones	19
Literatura citada	19
CAPÍTULO II. COMPOSICIÓN DE ÁCIDOS GRASOS Y BIOHIDROGENACIÓN RUMINAL DE CARNEROS COMPLEMENTADOS CON <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	29
Resumen.....	29
Abstract.....	30
Introducción	30
Materiales y métodos	31
Animales, tratamientos y diseño experimental	31
Toma de muestras	31
Análisis de laboratorio	32
Bromatológico y variables ruminales	32
Análisis estadístico.....	34
Resultados.....	34

Variables ruminales	34
Composición de ácidos grasos en líquido ruminal y biohidrogenación	36
Discusión.....	38
Variables ruminales	38
Composición de ácidos grasos en líquido ruminal y biohidrogenación	39
Conclusiones	40
Literatura citada	40
CAPÍTULO III. <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ADICIONADO A LA DIETA AFECTA LA EXPRESIÓN DE LA PROTEÍNA ESTEAROIL-COA DESATURASA EN CORDEROS	45
Resumen.....	45
Abstract.....	46
Introducción	46
Materiales y métodos	48
Localización, animales y tratamientos	48
Variables de comportamiento, digestibilidad y muestreo de la canal.....	48
Análisis químicos.....	49
Bromatológico.....	49
Perfil de ácidos grasos	50
Expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa (SCD).....	51
Aislamiento de microsomas.....	51
Limpieza de las proteínas microsomales	51
SDS-PAGE	52
Cuantificación de la expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa (SCD)	53
Análisis experimental.....	53
Resultados	53
Comportamiento animal y digestibilidad aparente	53
Evaluación y características físico-químicas de la canal	54
Expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa (SCD) y perfil de ácidos grasos en carne. 55	
Discusión.....	57
Comportamiento animal y digestibilidad aparente	57
Rendimiento y características físico-químicas de la canal	58
Expresión de la proteína esteroil-CoA desaturasa (SCD) y perfil de ácidos grasos en carne ..	60

Conclusiones	61
Literatura citada	62
Conclusiones generales	69

ÍNDICE DE CUADROS

Capítulo 1

Cuadro 1.	Genes involucrados en el metabolismo lipídico en músculo semitendinoso de corderos.....	15
-----------	---	----

Capítulo 2

Cuadro 1.	Análisis químico del alimento para engorda de corderos y de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	33
Cuadro 2.	Concentración de ácidos grasos volátiles (AGV) en líquido ruminal de corderos complementados con niveles crecientes de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	35
Cuadro 3.	Composición de ácidos grasos (% del total de ésteres de ácidos grasos metilados) en líquido ruminal de carneros complementados con niveles crecientes de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	36
Cuadro 4.	Biohidrogenación ruminal de ácidos grasos de cadena larga (%) en carneros complementados con niveles crecientes de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	39

Capítulo 3

Cuadro 1.	Análisis químico del alimento para engorda de corderos y de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	49
Cuadro 2.	Variables de comportamiento animal y digestibilidad aparente de corderos complementados con niveles crecientes de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	54
Cuadro 3.	Evaluación y características físico- químicas de la canal de corderos complementados con niveles crecientes de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	54
Cuadro 4.	Perfil de ácidos grasos (% del total de ésteres de ácidos grasos metilados) de la carne de corderos complementados con niveles crecientes de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	55
Cuadro 5.	Expresión de la proteína esteroil-CoA desaturasa en músculo <i>Longissimus dorsi</i> de corderos complementados con <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	56

ÍNDICE DE FIGURAS

Capítulo 1

Figura 1.	pH y nitrógeno amoniacal en líquido ruminal de carneros complementados con niveles crecientes de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	35
	

Introducción general

La carne de cordero es fuente de proteínas, lípidos, vitaminas y microminerales (Cabrera y Saadoun, 2014), y sus características intrínsecas o extrínsecas están determinadas por el sistema de producción (Sañudo *et al.*, 2007). En corderos, los sistemas de producción intensivos mejoran la cobertura de y deposición de grasa intramuscular (Oliveira *et al.*, 2017). Sin embargo, las concentraciones de ácidos grasos saturados se incrementan. Mientras que los ácidos grasos poliinsaturados y aquellos derivados del metabolismo ruminal, como los ácidos grasos *trans* y ácidos grasos conjugados (CLA), se reducen (Francisco *et al.*, 2015). Esta situación genera una percepción negativa de la carne de cordero, al considerarse un producto no saludable (Vera *et al.*, 2009) relacionado con enfermedades cardiovasculares (FAO, 2010).

La implementación de estrategias apropiadas de alimentación pueden mejorar la calidad nutricional de la carne (Bessa *et al.*, 2015), reducir la proporción de ácidos grasos saturados e incrementar la proporción de polinsaturados en los productos de corderos destinados al consumo humano (Mapiye *et al.*, 2012; Lestingi *et al.*, 2015). En este sentido, la modificación en la composición de la grasa de rumiantes a través de la nutrición es posible, pero está fuertemente limitada por el ecosistema microbiano ruminal que isomeriza e hidrogena los ácidos grasos insaturados de la dieta (Oliveira *et al.*, 2016), y de los mecanismos moleculares que controlan la composición de los ácidos grasos en la carne (Mazzucco *et al.*, 2016), mediante los cambios en los niveles de expresión de genes relacionados con el metabolismo de los ácidos grasos (Dervishi *et al.*, 2011).

La síntesis endógena de ácidos grasos insaturados y *cis*9, *trans*11 CLA es catalizada por la proteína estearoil-CoA desaturasa (Vasta *et al.*, 2009), la cual es una enzima ácido graso mono-desaturasa microsomal que se relaciona con la deposición de grasa y la composición de los ácidos grasos en la carne (García-Fernández *et al.*, 2010), a partir de sustratos originados por la biohidrogenación ruminal, como el ácido esteárico y el ácido *trans*-vaccénico (Bessa *et al.*, 2015), cuya síntesis está en función de la estabilidad del ecosistema ruminal. El uso de dietas altas en concentrado tiene efectos negativos en el ecosistema ruminal, por lo que el uso de probióticos ha sido estudiado para mitigar estos efectos adversos en rumiantes (Wencelová *et al.*, 2015). En este sentido, *Saccharomyces cerevisiae* es un probiótico que previene la acidosis ruminal al eliminar el oxígeno presente en el rumen e incrementar las poblaciones de bacterias

ácido lácticas, estimulando el crecimiento de bacterias celulolíticas que son responsables de la biohidrogenación ruminal (Chaucheyras-Durand *et al.*, 2008; Bayat *et al.*, 2015), lo que mejoraría el aprovechamiento de los lípidos ingeridos en el alimento (Titi *et al.*, 2008).

Considerando estos antecedentes y la falta de investigación que relacione el uso de *Saccharomyces cerevisiae* con el metabolismo de ácidos grasos en corderos, los objetivos de la presente tesis fueron: i) documentar los mecanismos moleculares y nutrigenómicos relacionados con el metabolismo de ácidos grasos en corderos , ii) evaluar la inclusión de niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae* en el proceso de biohidrogenación de corderos alimentados con una dieta alta en concentrado, iii) medir la expresión de la proteína esteroil-CoA desaturasa, y las concentraciones de ácidos grasos de cadena larga en músculo *Longissimus dorsi* de corderos complementados con niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae*.

Literatura citada

Bayat, A. R., Kairenius, P., Stefanski, T., Leskinen, H., Comtet-Marre, S., Forano, E., Chaucheyras-Durand, F., Shingfield, J. K. 2015. Effect of camelia oil or live yeasts (*Saccharomyces cerevisiae*) on ruminal methane production, rumen fermentation, and milk fatty acid composition in lactating cows fed grass silage diets. *Journal of Dairy Science*. 98, 3166-3181.

Bessa, R. J. B., Alves, S. P., Santos-Silva, J. 2015. Constraints and potentials for the nutritional modulation of the fatty acid composition of ruminant meat. *European Journal of Lipid Science and Technology*. 177, 1325–1344.

Cabrera, M. C., Saadoun, A. 2014. Review. An overview of the nutritional value of beef and lamb meat from South America. *Meat Science*. 98, 435–444.

Chaucheyras-Durand, F., Walker, N. D., Bach, A. 2008. Effects of active dry yeasts on the rumen microbial ecosystem: Past, present and future. *Animal Feed Science Technology*. 145, 5–26.

Dervishi, E., Serrano, C., Joy, M., Serrano, M., Rodellar, C., Calvo, J. H. 2011. The effect of feeding system in the expression of genes related with fat metabolism in semitendinous muscle in sheep. *Meat Science*. 89, 91-97.

FAO. 2010. Fats and fatty acids in human nutrition (FAO report of an expert consultation). FAO, Rome. <http://www.fao.org/3/a-i1953e.pdf>

Francisco, A., Dentinho, M. T., Alves, S. P., Portugal, P. V., Fernandes, F., Sengo, S., Jerónimo, E., Oliveira, M. A., Costa, P., Sequeira, A., Bessa, R. J. B., Santos-Silva, J. 2015. Growth performance, carcass and meat quality of lambs supplemented with increasing levels of a tanniferous bush (*Cistus ladanifer* L.) and vegetable oils. *Meat Science*. 100, 275-282.

García-Fernández, M., Gutiérrez-Gil, B., García-Gámez, E., Sánchez, J., Arranz, J. 2010. Detection of quantitative trait loci affecting the milk fatty acid profile on sheep chromosome 22: role of the stearoyl-CoA desaturase gene in Spanish Churra sheep. *Journal of Dairy Science*. 93, 348–357.

Lestingi, A., Facciolongo, A.M., De Marzo, D., Nicastro, F., Toteda, F. 2015. The use of faba bean and sweet lupin seeds in fattening lamb feed. 2. Effects on meat quality and fatty acid composition. *Small Ruminant Research*. 131, 2-5.

Mapiye, C., Aldai, N., Turner, T. D., Aalhus, J. L., Rolland, D. C., Kramer, J. K. G., Dugan, M. E. R. 2012. The labile lipid fraction of meat: From perceived disease and waste to health and opportunity. *Meat Science*. 92, 210–220.

Mazzucco, P. J., Goszczynski, E. D., Ripoli, V. M., Melucci, M. L., Pardo, M. A., Colatto, E., Rogberg-Muñoz, A., Mezzadra, C. A., Depetris, G. J., Giovambattista, G., Villarreal, E. L. 2016. Growth, carcass and meat quality traits in beef from Angus, Hereford and cross-breed grazing steers, and their association with SNPs in genes related to fat deposition metabolism. *Meat Science*. 114, 121–129.

Oliveira, A. M., Alves, P. S., Santos-Silva, J., Bessa J. B. R. 2016. Effects of clays used as oil adsorbents in lamb diets on fatty acid composition of abomasal digesta and meat. *Animal Feed Science and Technology*. 213, 64–73.

Oliveira, A. M., Alves, P. S., Santos-Silva, J., Bessa, J. B. R. 2017. Effect of dietary starch level and its rumen degradability on lamb meat fatty acid composition. *Meat Science*. 123, 166-172.

Sañudo, C., Alfonso, M., San Julián, R., Thorkelsson, G., Valdimarsdottir, T., Zygoiannis, D., Stamataris, C., Piasentier, E., Mills, C., Berge, P., Dransfield, E., Nute, G. R., Enser, M., Fisher,

- A. V. 2007. Regional variation in the hedonic evaluation of lamb meat from diverse production systems by consumers in six European countries. *Meat Science*. 75, 610–621.
- Titi, H. H., Dmour, R. O., Abdullah, A. Y. 2008. Growth performance and carcass characteristics of Awassi lambs and Shami goat kids fed yeast culture in their finishing diet. *Animal Feed Science and Technology*. 142, 33–44.
- Vasta, V., Priolo, A., Scerra, M., Hallett, G. K, Wood, D. J., Doran, O. 2009. D9 desaturase protein expression and fatty acid composition of *Longissimus dorsi* muscle in lambs fed green herbage or concentrate with or without added tannins. *Meat Science*. 82, 357–364.
- Vera, R., Aguilar, C., Lira, R., Toro, P., Barrales, L., Pena, I., Briones, I. 2009. Feeding dry olive cake modifies subcutaneous fat composition in lambs, noting cake resistance to degradation and peroxidation. *Chilean Journal of Agricultural Research*. 69(4), 548–559.
- Wencelová, M., Váradyová, Z., Mihaliková, K., Cobanová, K., Plachá, I., Pristas, P., Jalc, D., Kisidayová, S. 2015. Rumen fermentation pattern, lipid metabolism and the microbial community of sheep fed a high-concentrate diets supplemented with a mix of medicinal plants. *Small Ruminant Research*. 125, 64–72.

CAPÍTULO I. BIOMARCADORES NUTRIGENÓMICOS RELACIONADOS CON LA DEPOSICIÓN DE ÁCIDOS GRASOS EN LA CANAL DE CORDEROS

Gloria T.A¹.,* Hernández S. D¹., Hernández M. O¹., Crosby G. M. M¹., Meraz R. E²., Mata E. M. A³.

Resumen

Actualmente el incremento en el consumo de carne de ovino a nivel mundial se enfrenta a la demanda de proveer alimentos saludables, de alto valor nutricional y cortes de alta calidad, provenientes de canales con buena conformación, alto rendimiento, adecuado contenido de grasa y alto porcentaje de carne magra. En este sentido, la grasa intramuscular tiene una importante influencia en la palatabilidad de la carne, determina la jugosidad, sabor y ternura, variables que dependen del tipo de ácidos grasos en el tejido adiposo. La nutrición, por lo tanto, desempeña un papel importante en la mejora de estas características, al entender los procesos fisiológicos que, derivados del efecto de la alimentación, expliquen la relación del nutriente con la expresión del gen, mediante biomarcadores nutrigenómicos (proteínas y polimorfismos) y herramientas genómicas involucrados en el metabolismo de ácidos grasos en la canal de corderos. El uso de la nutrigenómica en el estudio de la calidad de la carne, permite identificar los cambios en la expresión de genes relacionados con el metabolismo graso (LPL, ACACA, FASN, FABP4, SCD, DGAT1, CPT1B, PRKAA2, LEP). Así mismo, la diferencia en la deposición de estos ácidos grasos afecta las variables organolépticas, relacionadas con la calidad de la carne de cordero, resaltando la importancia de la nutrición en la producción de carne de calidad y deseable desde el punto de vista de salud del consumidor.

Palabras clave: Nutrigenómica, corderos, expresión de genes, calidad de la carne, metabolismo de ácidos grasos.

¹ Postgrado en Ganadería, Instituto de Recursos Genéticos y Productividad, Colegio de Postgraduados, Campus Motecillo, km 36.5, Carretera México-Texcoco, Montecillo, Municipio de Texcoco, Edo. de México.

*sanchezd@colpos.mx

² Centro de Enseñanza, Investigación y Extensión en Producción Animal en Altiplano (CEIEPAA). FMVZ-UNAM. Tequisquiapan, Querétaro. México.

³ Sistemas Pecuarios, Unidad Regional Universitaria de Zonas Áridas (URUZA). Bermejillo, Durango. Universidad Autónoma Chapingo (UACH)

Abstract

Actually, the increasing of mutton intake around the world confronts to the demand of provide healthy and high nutritional foods, high quality cuts originated from carcass with good conformation, high yielding, adequate fat content and high percentage of lean meat. In this way, intramuscular fat has an important influence on meat palatability, juiciness, flavour and tenderness. These parameters are dependent of kind of fatty acids presents in adipose tissue. Hence, nutrition has an important role in how physiological processes explain the relationship between nutrition and gene expression through nutrigenomics biomarkers (proteins and polymorphisms) and genomic tools related with fatty acids metabolism in meat. The use of nutrigenomic in the study of meat quality let to identify the changes in expression of genes related to fat metabolism (LPL, ACACA, FASN, FABP4, SCD, DGAT1, CPT1B, PRKAA2, LEP). Likewise, the difference in certain fatty acid deposition affect organoleptic parameters related with mutton quality what stand out the importance of nutrition in meat quality production and desirable from a healthy point of view.

Keywords: Nutrigenomic, lambs, gene expression, meat quality, fatty acid metabolism.

Introducción

La carne de ovino es un producto de importancia mundial y son los diferentes sistemas de producción de esta especie, los que determinan la calidad del músculo, la composición de la carne y sus características nutricionales (Ponnampalam *et al.*, 2016). La expansión de este mercado se atribuye a la alta demanda relacionada con una oferta limitada, donde la calidad del producto es primordial, básicamente referente a la cantidad y calidad de la grasa, así como al grado de marmoleo (Souza *et al.*, 2016). Desde esta perspectiva, la grasa intramuscular tiene una importante influencia en la palatabilidad de la carne, debido a su contribución específica en la jugosidad, sabor y terneza (Pannier *et al.*, 2014; Lambe *et al.*, 2017). Por lo que, el control en la deposición de lípidos en el músculo es de vital importancia para satisfacer las demandas del consumidor (Fernández *et al.*, 1999). En este sentido, la nutrición desempeña un papel importante en la mejora de estas características de calidad (Ponnampalam *et al.*, 2016). En corderos, la dieta como factor ambiental, afecta la composición de ácidos grasos, mismos que determinan el valor nutricional de la carne, debido a su asociación con la cantidad y composición

del tejido adiposo intramuscular (Wood *et al.*, 2004). Se ha demostrado el efecto que tiene la nutrición animal y la variación genética en las características de la canal y la composición de ácidos grasos de la carne, mediante el estudio de mecanismos moleculares relacionados con la expresión de genes (Mazzuco *et al.*, 2016). El nivel de expresión está asociado con la calidad de la carne (Picar *et al.*, 2012), por lo que este fenotipo se puede predecir desde el nacimiento, a través de biomarcadores (genes, proteínas o metabolitos) determinados por la genómica funcional o de expresión (Picard *et al.*, 2015), para estudiar el efecto de los nutrientes sobre la regulación de los genes a través de la proteómica (Martínez-Mayorga y Peña, 2016). Con este antecedente, el objetivo de esta revisión es discutir los mecanismos nutrigenómicos involucrados en la deposición y composición de la grasa en músculo, como factor determinante de la calidad en la carne de corderos.

Importancia de la grasa en la calidad de la carne de corderos

La producción de corderos se ha incrementado sustancialmente por un aumento en el consumo de la carne de esta especie (Zhao *et al.*, 2016). La carne de cordero es ampliamente consumida alrededor del mundo y su calidad depende del resultado de la variación genética y el acondicionamiento ambiental del animal (Tzer-Yang *et al.* 2015). Su composición química está constituida de 73% de agua, 21% de fracciones de proteína, <1% de carbohidratos, vitaminas y minerales y 5% de lípidos, la cual puede variar de 2 a 10% (Cruz-González *et al.*, 2014) dependiendo de la dieta, y determina la cantidad y calidad del producto final (Bezerra *et al.*, 2016).

La grasa está constituida de 55 a 60% de ácidos grasos saturados (Feiner, 2016), posee baja relación de ácidos grasos polinsaturados y alta relación de ácidos grasos n-3/n-6 (Cabbidu *et al.*, 2010), situación que ha generado la percepción de un producto no saludable (Vera *et al.*, 2009), cuya grasa está relacionada con la incidencia de enfermedades coronarias, artritis y cáncer (Corpet, 2011). En respuesta a esta situación, la investigación se ha enfocado a la modificación del contenido de ácidos grasos en carne, basándose en mejorar las concentraciones de ácidos grasos polinsaturados (Hocquette *et al.*, 2010). Si bien la calidad de la carne se ha relacionado positivamente con el contenido de lípidos totales y estos a su vez con la jugosidad y sabor de la misma, hay una tendencia de los consumidores a disminuir la cantidad de ácidos grasos saturados, lo que ha generado la necesidad de entender la relación entre el contenido de grasa, la

composición de los ácidos grasos y la palatabilidad, a fin de asegurar que la terneza, sabor y jugosidad no se vean comprometidos con la selección de ganado que produzca carne de mejor calidad nutricional (Ellies-Oury *et al.*, 2016). De acuerdo con la literatura, los ácidos grasos polinsaturados están negativamente correlacionados con la terneza y la jugosidad, mientras que la correlación entre ácidos grasos monoinsaturados y la terneza parece positiva (Garmyn *et al.*, 2011). Esta relación se debe a un incremento paralelo en el contenido de ácidos grasos saturados y monoinsaturados, mientras que el contenido de ácidos grasos polinsaturados se modifica solamente en un grado mínimo; es bien conocido que los ácidos grasos polinsaturados están presentes en los fosfolípidos de la membrana celular en mayor proporción, mientras que los ácidos grasos saturados se encuentran en los triglicéridos de los adipocitos localizados en depósitos intracelulares (Ellies-Oury *et al.*, 2016).

Por lo tanto, el incremento en el contenido de la grasa intramuscular no está correlacionado con un incremento intramuscular en el contenido de ácidos grasos polinsaturados, pero sí con un aumento en el contenido de triglicéridos (Ellies-Oury *et al.*, 2016). Por lo tanto, el incremento total de la grasa intramuscular estará limitado por la fracción de triglicéridos (Wood *et al.*, 2008), consecuentemente es común que muchos de los altos contenidos de ácidos grasos saturados y monoinsaturados sean ofrecidos en las porciones de carne con más grasa. Los ácidos grasos polinsaturados son diluidos por los ácidos grasos saturados y monoinsaturados cuando el contenido intramuscular de lípidos se incrementa (Ellies-Oury *et al.*, 2016).

Considerando la información antes descrita, hay un interés creciente en identificar los factores causales de la variación de los ácidos grasos en rumiantes, para implementar medidas apropiadas que permitan modular la fracción de sus componentes (Berhane *et al.*, 2016). Por lo que es importante entender, mediante tecnologías genómicas, los procesos moleculares que son base de la calidad de la carne, que dependen de la bioquímica *post mortem* del músculo (D'Alessandro y Zolla, 2013) y de la relación entre los nutrientes con la regulación y respuesta de los genes, mediante la nutriepigénica (Lindroth *et al.*, 2015).

Epigenética

La epigenética es un conjunto complejo de procesos de desarrollo que se encuentran entre el genotipo y fenotipo, se relaciona con modificaciones químicas o estructurales de la cromatina, complejo de DNA envuelto por nucleosomas formado por un núcleo de proteínas histonas, en la

cual se controla la actividad transcripcional de genes, y se mantiene la integridad cromosómica entre los estados condensados y no condensados en organismos superiores (Lindroth *et al.*, 2015; Deichmann, 2016). La epigenética considera la regulación de la expresión de los genes, los cuales son parcial o completamente apagados en un proceso denominado silenciamiento genético, el cual está determinado por la metilación del DNA y la modificación de histonas (Ahmadi *et al.* 2017).

La acetilación y metilación de las histonas tienen efecto inhibitorio sobre la transcripción, se ha demostrado que las enzimas que unen los grupos metil y acetil a las histonas de los nucleosomas no son secuencias específicas del DNA, aunque es necesario un factor proteico con secuencia específica que permita esta unión en el lugar correcto. A pesar de ello, las modificaciones en las histonas no son estables y no son fielmente copiadas por lo que desaparecen después de pocas generaciones de células (Deichmann, 2016). La modificación epigenética mejor caracterizada es la metilación del DNA, la cual ocurre en mamíferos, en las citosinas y guaninas (CpG); la mayoría de las relaciones CpG en el genoma son metiladas todo el tiempo, excepto en elementos de regulación como los promotores y potenciadores. La metilación del DNA en los promotores y potenciadores resulta en el silenciamiento genético; no obstante, su presencia en el cuerpo del gen también puede relacionarse con la activación del gen, indicando que la metilación del DNA tiene diferentes roles dependiendo del lugar donde aparezca (Lindroth *et al.*, 2015).

Las modificaciones químicas que regulan la expresión de genes están moduladas por nutrientes, metabolitos y componentes bioactivos del alimento, que enfatizan la relación entre los nutrientes y los cambios epigenéticos, esto incorpora a la epigenética dentro de la nutrigenómica con el fin de explicar la relación de los nutrientes sobre la regulación y respuesta de los genes (Lindroth *et al.*, 2015), y así identificar los polimorfismos y su relación con la expresión y respuesta génica mediante la proteómica y metabolómica (Martínez-Mayorga y Peña, 2016).

Nutrigenómica

La nutrigenómica estudia la influencia del alimento o los constituyentes del alimento sobre el transcriptoma (De Santis *et al.*, 2016). Permite investigar, acceder y entender la variedad de respuestas obtenidas a través de una dieta determinada, la cual es aplicada entre individuos y grupos poblacionales (Sales *et al.*, 2014). En la nutrigenómica, los nutrientes actúan como señales que las células interpretan como información relacionada con el ambiente y responden

según las necesidades, modificando las vías metabólicas mediante la regulación de los genes y la expresión de proteínas (Muller y Kersten, 2003). Dawson (2006) lo define como un dogma central que describe el flujo de información bioquímica del DNA a RNA y después a proteína. En una célula, las proteínas corresponden al producto final de un gen y la regulación en la expresión de este gen, está determinada por factores epigenéticos influenciados por el ambiente (Gobert *et al.*, 2014). La ingestión de nutrientes genera respuestas biológicas sustentadas por redes enlazadas con procesos fisiológicos, como la absorción del alimento, la transformación molecular, el transporte de nutrientes, la absorción molecular, el almacenamiento celular, los mecanismos de acción celulares, metabolismo y eliminación (Corcuff y Merched, 2016).

En este sentido, la manipulación de la dieta es herramienta clave para influir en los estándares de producción de los rumiantes y los mecanismos moleculares que permiten examinar los efectos de la nutrición sobre la expresión génica y su relación con el rendimiento del ganado (Dawson, 2006).

Nutrigenómica focalizada a la producción de carne de corderos

La nutrigenómica permite entender la relación entre la nutrición, genética, fertilidad y desarrollo muscular (Dawson, 2006). Los factores como la raza del animal, el control del estrés al sacrificio, la manipulación de la dieta y las estrategias nutricionales, son herramientas clave que influyen en la producción de la carne de cordero (Paredi *et al.*, 2013).

En este sentido, el tipo de alimentación no sólo condiciona los estándares de producción del animal, sino además la calidad del producto cárnico. De esta manera, Boughalmi y Araba (2016) establecieron que la calidad de la carne de corderos alimentados en pastoreo es mejor que la de corderos en estabulación. Idea que fue confirmada por Manso *et al.* (2016) al determinar que el tipo y cantidad de grasa, así como el forraje en dietas para borregos, son los factores a considerar para producir carne con un perfil graso saludable.

Se ha demostrado que la nutrición animal y la variación genética intervienen en parámetros relacionados con la canal y la composición de ácidos grasos en la carne, a través de mecanismos moleculares que controlan la variación de los niveles de expresión del mRNA de genes relacionados con el metabolismo de los ácidos grasos (Dinh *et al.*, 2010; Dervishi *et al.*, 2011; Mazzuco *et al.*, 2016).

Los sistemas de pastoreo son reconocidos por producir ganado con menos grasa y con propiedades benéficas para la salud humana, por su composición de ácidos grasos (Latimori *et al.*, 2008). Sin embargo, Mazzucco *et al.* (2016) no encontraron relación entre el sistema de pastoreo y la presencia de polimorfismos en genes que están relacionados con el metabolismo lipídico y la deposición de grasa intramuscular; no obstante, determinaron que el polimorfismo del gen leptina estaba asociado con la grasa intramuscular y la composición de ácido oleico (C18:1 n-9) y docosapentanoico (22:5 n-3), e influía también en el contenido total de ácidos grasos saturados y monoinsaturados. En contraste, Scerra *et al.* (2007) y Dervishi *et al.* (2010) indican que en corderos el sistema de alimentación no afecta la infiltración total de grasa intramuscular, pero si se mejora el perfil graso y calidad de la grasa.

Biomarcadores como herramienta para el estudio de la calidad de la carne en corderos

La llegada de técnicas recientes en el análisis del DNA marca el inicio de nuevos campos en la genómica; disciplina científica que mapea, secuencia y analiza la información del DNA (Blasco y Toro, 2014). El conocimiento del genoma y el desarrollo de herramientas de secuenciación han permitido la expansión de la genómica funcional en el análisis simultáneo de cientos o miles de polimorfismos genéticos (SNPs con chips), transcripciones (transcriptómica), proteínas (proteómica) y metabolitos (metabolómica), cuyos niveles de expresión o abundancia están asociados con un fenotipo de interés como la calidad de la carne (Picard *et al.*, 2012).

El uso de marcadores para la selección genómica tiene potencial para el mejoramiento de características de reproducción, parámetros de la canal, calidad de la carne y eficiencia alimenticia (Hayes *et al.* 2013). En este sentido, el uso de biomarcadores contribuye a optimizar el balance sostenible entre la productividad, la calidad del producto y el bienestar animal (Bendixen *et al.*, 2011). Estos biomarcadores permitirán predecir el nivel de calidad de la carne desde el nacimiento con el uso de SNP, o durante el crecimiento hasta el sacrificio con la detección de genes, proteínas y metabolitos (Picard *et al.*, 2015).

Aplicación de la proteómica en el estudio de la calidad de carne de corderos

La proteómica estudia las proteínas expresadas en una célula, tejido o fluido, órgano, sistema o población (Paredi *et al.*, 2013). Las proteínas sintetizadas corresponden al producto final de un gen a través de factores epigenómicos influenciados por factores ambientales; esta visión holística permite el monitoreo de la expresión génica y perfiles proteicos para determinar la

función de cada proteína y sus interacciones. Actualmente, se hace uso de estudios proteómicos para relacionar caracteres de calidad mediante biomarcadores, para obtener mayor conocimiento sobre la fisiología y biología de los animales, músculos, células o moléculas (Gobert *et al.*, 2014).

Estudios proteómicos basados en el metabolismo celular han sido desarrollados para conocer la estimulación de la adipogénesis y la acumulación de grasa intramuscular (Katsumata, 2011). La deposición de la grasa intramuscular involucra eventos que inician y mantienen la proliferación de preadipocitos, la diferenciación de preadipocitos en adipocitos y la maduración de adipocitos con la disminución del crecimiento muscular (Lee *et al.*, 2010). Químicamente la grasa intramuscular es el resultado de la acumulación de fosfolípidos, triglicéridos y colesterol (Sadkowski *et al.*, 2014). En los músculos de mamíferos los triglicéridos son almacenados en los adipocitos intramusculares y en las miofibrillas, como gotas de grasa localizadas cerca de la mitocondria (Essén-Gustavsson *et al.*, 1994).

La importancia de la proteómica en la ciencia animal ha sido descrita y demostrada en la producción animal, a través de los procesos involucrados en la transformación del músculo a carne (Eckersall *et al.*, 2012). Los atributos de calidad en la carne como color, textura, sabor y jugosidad tienen un fuerte impacto en la satisfacción del consumidor, por ejemplo, el tipo de fibras musculares influyen en el color, la terneza y el pH (Wu *et al.*, 2014), mientras que el contenido de grasa intramuscular se relaciona con la terneza y jugosidad (Gagaoua *et al.*, 2014). Además, los marcadores de calidad pueden ser el reflejo de las diferentes vías metabólicas que contribuyen al desarrollo de la terneza de la carne (Ouali *et al.*, 2013), la cual está determinada en un 30% por el tipo de fibras, colágeno y lípidos intramusculares (Chriki *et al.*, 2013). El contenido de grasa intramuscular juega un papel importante en la aceptabilidad y calidad de la carne, su deposición varía considerablemente entre individuos, en función del sistema de producción y la genética (Pethick *et al.*, 2004).

En el animal, los lípidos se distribuyen en diferentes tejidos; no obstante, en los sistemas de producción de carne, la deposición controlada de grasa en músculo es de vital importancia para satisfacer las demandas del consumidor; de esta manera, Lambe *et al.* (2017) documentan que, en cortes de carne de ovino, un mínimo de 3 a 5% de grasa intramuscular es recomendado,

principalmente por su relación con la jugosidad y el sabor. Esto recalca la importancia de la grasa intramuscular en la determinación de la terneza.

Epigenética y metabolismo de ácidos grasos en la canal de corderos

La función, descripción y número de acceso al GenBank de los diferentes genes relacionados con el metabolismo graso en corderos se muestran en el Cuadro 1.

Dervishi *et al.* (2011) sugieren que cambios en el perfil de ácidos grasos debido al sistema de alimentación implican cambios en los niveles de expresión del mRNA de genes relacionados con el metabolismo graso; estos autores demostraron que corderos alimentados en pastoreo mostraban niveles menores de expresión de los genes lipogénicos ACACA y FASN en el tejido adiposo subcutáneo y mesentérico, debido a una mayor oxidación de ácidos grasos, promovida por el gen CPT1B para la producción de energía. En contraste, con los sistemas de confinamiento donde hay una mayor regulación de los genes relacionados con la adipogénesis.

En otro estudio, Zhao *et al.* (2016) indicaron que la restricción alimenticia en corderos afectaba el desarrollo de la masa músculo-esquelética en respuesta a una reducción del volumen miofibrilar. Además, estos autores identificaron que la insulina como factor de crecimiento (IGF-1 e IGF-2) juegan un papel importante en el desarrollo, regeneración e hipertrofia del músculo (Erbay *et al.*, 2003), y que la expresión del mRNA para IGF-1 se reduce en corderos alimentados con dietas hipocalóricas (Zhao *et al.*, 2016). Así mismo, para la expresión del gen HSL que codifica para la enzima lipasa sensible a hormonas, y regula enzimas relacionadas con la catálisis de triglicéridos para liberar ácidos grasos que serán transferidos a tejidos que requieren energía. En corderos, la expresión del gen HSL en grasa subcutánea, músculo *Longissimus dorsi*, bíceps femorales y músculo cardíaco disminuye cuando el nivel de energía en la dieta se incrementa (Ying-Jie *et al.*, 2012). Por lo que, su regulación permite modificar la deposición de la grasa intramuscular y por lo tanto, mejorar el contenido de agua, sabor y terneza de la carne (Ying-Jie *et al.*, 2012).

Urrutia *et al.* (2015) determinaron que la complementación con chía y linaza enj corderos aumentaban las concentraciones del ácido α -linolénico en el tejido adiposo intramuscular del *Longissimus dorsi* y disminuían los niveles de expresión del gen ACACA y SCD, en respuesta al efecto inhibitorio de los ácidos grasos polinsaturados n-3 provenientes de la dieta; así mismo, la

expresión del gen LPL se redujo por la inclusión de chía, mientras que la expresión de los genes FADS1 y FADS2 se afectaba negativamente por la inclusión de linaza en la dieta. Estos resultados se asemejan a los reportados por Bezerra *et al.* (2016), quienes demostraron que la suplementación con semillas de linaza o chía en corderos mejoraba la calidad de la carne al incorporar ácidos grasos benéficos para la salud del consumidor.

El gen esteroil CoA desaturasa (SCD, por sus siglas en inglés), codifica para la enzima SCD, también llamada Δ -9 desaturasa y se localiza a nivel de retículo endoplásmico, es responsable de la conversión de ácidos grasos saturados a monoinsaturados, así como la desaturación del ácido *trans* vaccénico a ácido linoleico conjugado (Corl *et al.*, 2001). La SCD cataliza la introducción del primer doble enlace *cis* en la posición Δ 9 en sustratos grasos de acetyl-CoA, por lo que los cambios en la actividad de esta enzima se reflejan en la composición de los fosfolípidos celulares, ésteres de colesterol y triglicéridos (Paton y Ntambi, 2009).

Vasta *et al.* (2009) encontraron que el incremento en la expresión de la enzima Δ -9 desaturasa se relacionaba con un efecto modulador de los taninos sobre la fermentación ruminal y el proceso de biohidrogenación. Este comportamiento definió el tipo de ácidos grasos absorbidos por el epitelio intestinal y determinó la calidad de la grasa intramuscular, en base a la composición de los ácidos grasos (Minieri *et al.*, 2014).

Cuadro 1. Genes involucrados en el metabolismo lipídico en músculo semitendinoso de corderos.

Gen	Enzima que codifica	Descripción
LPL	Lipoproteína lipasa [NM_001009394]	Codifica una enzima glucoproteica la cual limita la velocidad de la hidrólisis de triglicéridos e interviene en la diferenciación y maduración de células adiposas. Además controla la repartición de triglicéridos entre el tejido adiposo y muscular.
ACACA	α acetil coenzima A carboxilasa [NM_001009256]	Interviene en la biosíntesis de ácidos grasos de cadena larga, además cataliza la carboxilación dependiente de ATP de acetil-CoA para formar malonil-CoA (sustrato para la síntesis de ácido palmítico).
FASN	Ácido graso sintasa [GQ150557.1]	Cataliza la síntesis de palmitato a partir de acetil-CoA y malonil- CoA, en presencia de NADPH, en ácidos grasos saturados de cadena larga.
FABP4	Proteína de unión de ácidos grasos [EU301804]	Suministra ácidos largos de cadena larga como fuentes importantes de energía para mantenimiento y crecimiento del músculo, forzando a los ácidos grasos de cadena larga hacia la grasa almacenada en las fibras musculares.
SCD	Enzima estearoil CoA desaturasa [AJ001048]	Regula la velocidad de las enzimas responsables de convertir el palmitoil y estearoil-CoA a palmitoil u oleoil- CoA. En rumiantes, participa en la formación de ácido linoleico conjugado (CLA) a partir de ácido <i>trans</i> - vaccénico en tejido muscular.
DGAT1	Enzima acil- CoA: diacilglicerol aciltransferasa- 1 [EU178818]	Juega un rol central en la síntesis de triglicéridos. Cataliza la reacción de diacilglicerol y acil-CoA grasos a triglicéridos.
CPT1B	Carnitina palmitoil	Forma parte del sistema de transportadores mitocondriales al acarrear los ácidos grasos al interior de la mitocondria, además es una enzima clave en el control de la

	transferasa 1 [AJ272435]	oxidación de los ácidos grasos de cadena larga.
PRKAA2	Subunidad catalítica 2 α [NM_001112816]	Es un regulador que controla el metabolismo de la glucosa y lípidos. Está implicado en el control del contenido del tejido adiposo.
LEP	Hormona leptina [EF534374]	Está implicada en la regulación del consumo de alimento, gasto de energía y balance energético. Actúa en los receptores del sistema nervioso central para inhibir el consumo de alimento y promover el gasto de energía vía la estimulación de la proteína quinasa activada por AMP en el músculo esquelético.

Dervishi *et al.* (2011)

No obstante, Sañudo *et al.* (2013) afirman que altas concentraciones de ácidos grasos polinsaturados en la carne de cordero se relacionan con un sabor rancio, derivado de la oxidación de estos ácidos grasos. Sin embargo, Sañudo *et al.* (2000) señalan que la presencia de antioxidantes como el α -tocoferol, protegen los ácidos grasos polinsaturados incorporados en la membrana celular, y se correlaciona positivamente con el sabor de la carne de corderos. En este contexto, González-Calvo *et al.* (2014) determinaron que la suplementación de α -tocoferol en corderos generaba una sobre- expresión del gen lipoproteína lipasa (LPL) en *Longissimus dorsi* y tejido adiposo por efecto de una mayor transferencia de α - tocoferol en lipoproteínas de alta densidad (HDL), lo que permitió incrementar la absorción intestinal y las concentraciones plasmáticas de α -tocoferol por un aumento en la expresión del gen SRBP1 (regulador de proteínas de unión de esteroides), relacionado con el metabolismo del colesterol y ácidos grasos.

El uso de antioxidantes en la evaluación de la calidad de la carne incorpora *Saccharomyces cerevisiae* (Sc) como aditivo alimenticio para aportar selenio de forma orgánica y mejorar la estabilización oxidativa en productos cárnicos (Baltic *et al.*, 2015). *Saccharomyces cerevisiae* mejora el consumo de materia seca, la utilización de nutrientes y el rendimiento en rumiantes, al incrementar la digestibilidad de la fibra y la estabilización del ambiente ruminal (Pal *et al.*, 2010). Además, esta levadura es usada para mejorar la salud, el rendimiento productivo y mejorar las características de la canal (Estrada-Angulo *et al.*, 2013). Rufino *et al.* (2013) reportaron que la inclusión de Sc en la dieta de corderos disminuyó el espesor de grasa dorsal, por una menor concentración de metionina y cistina en la levadura, e inhibió el crecimiento microbiano ruminal que redujo la producción de acetato, comprometiendo la deposición de grasa en la canal, y afectando la calidad de la carne (Coleman *et al.*, 2016). Uno de los principales efectos de Sc es la estimulación del crecimiento de bacterias celulolíticas, responsables de biohidrogenar los ácidos grasos provenientes del alimento (Polan *et al.*, 1964). Estos antecedentes sugieren el uso de Sc como alternativa para mejorar la calidad de la carne. En este sentido, Dervishi *et al.* (2011) y Scollan *et al.* (2014) indican que el potencial para modificar la composición de ácidos grasos en músculo mediante la nutrición, es determinado por la biohidrogenación y los niveles de expresión de los genes relacionados con el metabolismo de ácidos grasos. Sin embargo, aunque no hay estudios que evalúen el efecto de Sc sobre la expresión de estos

genes, está documentado que la complementación con niveles crecientes de Sc (3 y 5 g animal⁻¹ d⁻¹) reduce las concentraciones de ácido mirístico, palmítico, oleico y linoleico en el músculo *Longissimus dorsi* de corderos (Gloria *et al.*, 2013).

Polimorfismos relacionados con el metabolismo de ácidos grasos en la canal y la calidad de la carne de corderos

Los polimorfismos en genes que influyen en características específicas, y la comprensión de los efectos biológicos de estas variaciones, permite la aplicación eficiente de los datos genómicos en la selección animal (Nanekarani y Goodarzi, 2014). Los marcadores usados en la selección genómica son polimorfismos a nivel de un nucleótido o SNP, que permiten determinar el genotipo individual por cientos de miles de SNP a un costo razonable, además de que los animales pueden seleccionarse a temprana edad y para características cuya medición sería difícil o cara (Hayes *et al.*, 2013). La selección genómica se refiere al uso de marcadores genéticos en todo el genoma para predecir el valor de crianza de los candidatos seleccionados (Meuwissen *et al.*, 2001).

Un ejemplo que se relaciona con la evaluación de mutaciones en genes implicados en características de la canal de corderos, es el estudio de la calpastatina y callipyge. El gen calpastatina está localizado en el cromosoma ovino 5 (Nanekarani y Goodarzi, 2014) y participa en la degradación de la proteína miofibrilar del músculo esquelético (Goll *et al.*, 2003), además regula la tasa de crecimiento y la terneza de la carne (Aali *et al.*, 2014). Así mismo, el gen callipyge está localizado en la zona telomérica del cromosoma ovino 18, origina un fenotipo con hipertrofia muscular en los músculos pélvicos, y confiere a los corderos incrementar el porcentaje de rendimiento, incremento del área del ojo de la costilla, composición de grasa deseable; aunque también producen canales más delgadas y con menor terneza (Penick *et al.*, 2017). En este sentido, Nanekarani y Goodarzi (2014) determinaron la presencia de tres polimorfismos para el gen calpastatina en corderos Lori (alelos AA, AB y BB). Sin embargo, sólo identificaron un alelo correspondiente al genotipo AA para el gen callipyge, debido a que únicamente los individuos heterocigotos que heredan la mutación callipyge, pueden mostrar el fenotipo.

Por otro lado, Avilés *et al.* (2016) determinaron que la presencia de mutaciones en el gen SCD 231 se relacionan con altas concentraciones de ácido palmitoleico (C16:1 *cis*-9), pero

no modifican las concentraciones de los ácidos palmítico (C16:0), esteárico (C18:0) y oleico (C18:1). En contraste, Aali *et al.* (2016) mediante un análisis SSCP (confirmación de polimorfismos en cadena simple) revelaron dos patrones de bandeo, correspondientes al genotipo homocigoto A (SCD1/SCD1; alelo SCD1) y el genotipo heterocigoto B (SCD1/SCD2; alelo SCD2), siendo el genotipo A más frecuente que el genotipo B. Sus resultados demostraron que el genotipo A afectaba las proporciones del ácido linoleico, araquidónico, eicosapentaenoico, docosahexaenoico, saturados y monoinsaturados. En contraste, el genotipo B (SCD2) se relacionaba con concentraciones más altas del ácido linoleico, linolénico, araquidónico, eicosapentaenoico, docosahexaenoico y menores concentraciones de oleico y ácidos grasos saturados.

Conclusiones

La demanda creciente de productos alimenticios de alto valor nutricional ha incrementado la implementación de la nutrigenómica en la producción animal. Con base a esto, la nutrición se posiciona como un factor determinante en la calidad de la canal de corderos, al intervenir en la deposición de ácidos grasos en la grasa intramuscular. Los mecanismos epigenéticos relacionados con polimorfismos, permiten cuantificar la variabilidad genética entre individuos, como una estrategia innovadora de selección en la mejora de la producción animal. Así como la obtención de productos competitivos de alto valor nutricional que satisfagan las demandas del consumidor. Es necesario, por lo tanto, el desarrollo de investigaciones que incluyan estudios genómicos en la producción animal, con el fin de hacer más eficientes las prácticas de manejo y estrategias nutricionales en base al potencial genético del animal.

Literatura citada

- Aali, M., Moradi-Shahrbabak, M., Moradi-Shahrbabak, H., Sadeghi, M. 2014. Detecting novel SNPs and breed-specific haplotypes at calpastatin gene in Iranian fat- and thin-tailed sheep breeds and their effects on protein structure. *Gene*. 537, 132–139.
- Aali, M., Moradi-Shahrbabak, H., Moradi-Shahrbabak, M., Sadeghi, M., Kohram, H. 2016. Polymorphism in the SCD gene is associated with meat quality and fatty acid composition in Iranian fat- and thin-tailed sheep breeds. *Livestock Science*. 188, 81–90.

- Ahmadi, M., Gharibi, T., Dolatia, S., Rostamzadeh, D., Aslani, S., Baradaran, B., Younesi, V., Yousefi, M. 2017. Epigenetic modifications and epigenetic based medication implementations of autoimmune diseases. *Biomedicine & Pharmacotherapy*: 87, 596–608.
- Avilés, C., Horcada, A., Polvillo, O., Membrillo, A., Anaya, G., Molina, A., Alcalde, M. J., Panea, B. 2016. Association study between variability in the SCD gene and the fatty acid profile in perirenal and intramuscular fat deposits from Spanish goat populations. *Small Ruminant Research*. 136, 127-131.
- Baltić, M. Z., Dokmanovic, S. M., Basi, M., Zenunovic, A., Ivanovic, J., Markovic, R., Janjic, J., Mahmutovic, H. 2015. Effects of selenium yeast level in diet on carcass and meat quality, tissue selenium distribution and glutathione peroxidase activity in ducks. *Animal Feed Science and Technology*. 210, 225–233.
- Bendixen, E., Danielsen, M., Hollung, K. 2011. Farm animal proteomics — A review. *Journal of proteomics*. 74, 282-293.
- Berhane, A. H., Zhang, W., Wang, E., Yang, D., Yi, Y., Juo, J. 2016. Fatty acid synthase (FASN) gene polymorphism and early lactation milk fat composition in Xinong Saanen goats. *Small Ruminant Research*. 138, 1-11.
- Bezerra, L. S., Barbosa, A. M., Carvalho, G. G. P., Simionato, J. I., Freitas, J. E., Araujo, M. L. G. M. L., Pereira, L., Silva, R. R., Lacerda, E. C. Q., Carvalho, B. M. A. 2016. Meat quality of lambs fed diets with peanut cake. *Meat Science* 121, 88–95.
- Blasco, A., Toro, M. A. 2014. A short critical history of the application of genomics to animal breeding. *Livestock Science*. 166, 4-9.
- Boughalmi, A., Araba, A. 2016. Effect of feeding management from grass to concentrate feed on growth, carcass characteristics, meat quality and fatty acid profile of Timahdite lamb breed. *Small Ruminant Research*. 144, 158-163.
- Cabbidu, A., Salis, L., Tweed, J. K. S., Molle, G., Decandia, M., Lee, M. R. F. 2010. The influence of plant polyphenols on lipolysis and biohydrogenation in dried forages at different phenological stages: in vitro study. *Journal Scientific Food Agriculture*. 90, 829–835.

- Chriki, S., Renand, G., Picard, B., Micol, D., Journaux, L., Hocquette, J. F. 2013. Meta-analysis of the relationships between beef tenderness and muscle characteristics. *Livestock Science*. 155, 424–434.
- Coleman, W. L., Hickson, E. R., Schreurs, M. N., Martin, N. P., Kenyon, R. P., Lopez-Villalobos, N., Morris, T. S. 2016. Carcass characteristics and meat quality of Hereford sired steers born to beef-cross-dairy and Angus breeding cows. *Meat Science*. 121, 403–408.
- Corcuff, J. B., Merched, A. J. 2016. Chapter 3 – Nutrigenomics and Nutrigenetics: The Basis of Molecular Nutrition. In *Molecular Basis of Nutrition and Aging*. Pages 21-29. Academic Press. <http://dx.doi.org/10.1016/B978-0-12-801816-3.00003-0>
- Corl, B. A., Baumgard, L. H., Dwyer, D. A., Griinari, J. M., Phillips, B. S., Bauman, D. E. 2001. The role of (9)-desaturase in the production of cis-9, trans-11CLA. *Journal of Nutritional Biochemistry*. 12, 622–630.
- Corpet, D. E. 2011. Red meat and colon cancer: should we become vegetarians, or can we make meat safer? *Meat Science*. 89, 310–316.
- Cruz-González, M. I., Sánchez-Machado, D. I., López-Cervantes, J., Munguia-Xochihua, J. A., Molina-Barrios, R. M., Rivera-Acuña, F., Hernández-Chávez, J. F. 2014. Caracterización del perfil de ácidos grasos en carne de borrego de engorda utilizando cromatografía de gases. *Nacameh*. 8(1), 39–49.
- Dawson, K. A. 2006. Nutrigenomics: Feeding the genes for improved fertility. *Animal Reproduction Science*. 96, 312–322.
- De Santis, C., Bartie, K. L., Olsen, R. E., Taggart, J. B., Tocher, D. R. 2016. Nutrigenomic profiling of transcriptional processes affected in liver and distal intestine in response to a soybean meal-induced nutritional stress in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Comparative Biochemistry and Physiology, Part D*. 15, 1–11.
- D'Alessandro, A., Zolla, L. 2013. Review. Meat science: From proteomics to integrated omics towards system biology. *Journal of proteomics*. 78, 558-577.
- Deichmann, U. 2016. Epigenetics: The origins and evolution of a fashionable topic. *Developmental Biology*. 416, 249–254.

- Dervishi, E., Serrano, C., Joy, M., Serrano, M., Rodellar, C., Calvo, J. H. 2010. Effect of the feeding system on the fatty acid composition, expression of the $\Delta 9$ -desaturase Peroxisome Proliferator-Activated Receptor Alpha, Gamma, and Sterol Regulatory Element Binding Protein 1 genes in the semitendinous muscle of light lambs of the Rasa Aragonesa breed. *BMC Veterinary Research*. 6, 40.
- Dervishi, E., Serrano, C., Joy, M., Serrano, M., Rodellar, C., Calvo, J. H. 2011. The effect of feeding system in the expression of genes related with fat metabolism in semitendinous muscle in sheep. *Meat Science*. 89, 91–97.
- Dinh, T. T. N., Blanton, J. R., Riley, D. G., Chase, C. C., Coleman, S. W., Phillips, W. A. Thompson, L. D. 2010. Intramuscular fat and fatty acid composition of longissimus muscle from divergent pure breeds of cattle. *Journal of Animal Science*. 88(2), 756–766.
- Estrada-Angulo, A., Valdés, Y. S., Carrillo-Muro, O., Castro-Pérez, B. I., Barreras, A., López-Soto, M. A., Plascencia, A., Dávila-Ramos, H., Ríos, F. G., Zinn, R. A. 2013. Effects of feeding different levels of chromium-enriched live yeast in hairy lambs fed a corn-based diet: Effects on growth performance, dietary energetics, carcass traits and visceral organ mass. *Animal Production Science*. 53, 308–315.
- Eckersall, P. D., de Almeida, A. M., Miller, I. 2012. Proteomics, a new tool for farm animal science. *Journal of Proteomics*. 75, 4187- 4189.
- Ellies-Oury, M. P., Cantalapiedra-Hijar, G., Durand, D., Gruffat, D. Listrat, A., Micol, D., Ortigues-Marty, I., Hocquette, J. F., Chavent, M., Saracco, J., Picard, B. 2016. An innovative approach combining Animal Performances, nutritional value and sensory quality of meat. *Meat Science*. 122, 163-172.
- Erbay, E., Park, I. H., Nuzzi, P. D., Schoenherr, C. J., Chen, J. 2003. IGF-2 transcription in skeletal myogenesis is controlled by mTOR and nutrients. *Journal of Cell Biology*. 163, 931–936.
- Essén-Gustavsson, B., Karlsson, A., Lundström, K., Enfält, A. C. 1994. Intramuscular fat and muscle fibre lipid contents in halothane-gene-free pigs fed high or low protein diets and its relation to meat quality. *Meat Science*. 38(2), 269–277.

- Feiner, G. 2016. Chapter 1. Meat and fat. In Salami. Practical Science and Processing Technology. <http://dx.doi.org/10.1016/B978-0-12-809598-0.00001-9>
- Fernández, X., Monin, G., Talmant, A., Mourot, J., Lebret, B. 1999. Influence of intramuscular fat content on the quality of pig meat-2. Consumer acceptability of muscle *Longissimus lumborum*. Meat Science. 53, 67–72.
- Gagaoua, M., Durand, D., Micol, D., Santé-Lhoutellier, V., Terlouw, C., Ellies-Oury, M. P., Boudjellal, A., Hocquette, J. F., Picard, B. 2014. Biomarkers of meat sensory qualities of Angus beef breed: Towards the development of prediction equations. In: 15èmes JSMTV. Viandes & Produits Carnés, ClermontFerrand. pp. 137–138.
- Garmyn, A. J., Hilton, G. G., Mateescu, R. G., Morgan, J. B., Reecy, J. M., Tait, R. G. 2011. Estimation of relationships between mineral concentration and fatty acid composition of longissimus muscle and beef palatability traits. Journal of Animal Science. 89, 2849–2858.
- Gloria, T. A., Hernández, S. D., Hernández, M. O., Crosby, G. M. M., Pinto, R. R., Meraz, R. E., Ramírez, B. J. E. 2014. Animal performance and fatty acids levels in lambs carcass supplemented with *Saccharomyces cerevisiae*. Ecosistemas y Recursos Agropecuarios. 1(2), 87-96.
- Gobert, M., Sayd, T., Gatellier, P., Santé-Lhoutellier, V. 2014. Application to proteomics to understand and modify meat quality. Meat Science. 98, 539-543.
- Goll, D.E., Thompson, V. F., Li, H., Wei, W., Cong, J. 2003. The calpain system. Physiological Reviews. 83, 731–801.
- González-Calvo, L., Joy, M., Alberti, C., Ripoll, G., Molino, F., Serrano, M., Calvo, J. H. 2014. Effect of finishing period length with α -tocopherol supplementation on the expression of vitamin E-related genes in the muscle and subcutaneous fat of light lambs. Gene 552, 225–233.
- Hayes, B. J., Lewin, H. A., Goddard, M. E. 2013. The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity, and adaptation. Trends in Genetics. 29(4), 206-214.

- Hocquette, J. F., Richardson, R. I., Prache, S., Medale, F., Duffy, G., Scollan, N. D., 2010. The future trends for research on quality and safety of animal products. *Italian Journal of Animal Science*. 4, 49–72.
- Katsumata, M. 2011. Promotion of intramuscular fat accumulation in porcine muscle by nutritional regulation. *Journal of Animal Science*. 82(1), 17–25.
- Lambe, N. R., McLean, K. A., Gordon, J., Evans, D., Clelland, N., Bunger, L. 2017. Prediction of intramuscular fat content using CT scanning of packaged lamb cuts and relationships with meat eating quality. *Meat Science* 123, 112–119.
- Latimori, N. J., Kloster, A. M., García, P. T., Carduza, F. J., Grigioni, G., Pensel, N. A. 2008. Diet and genotype effects on the quality index of beef produced in the Argentine Pampeana region. *Meat Science*. 79(3), 463–469.
- Lee, S. H., Gondro, C., Van der Werf, J., Kim, N. K., Lim, D. J., Park, E. W., Oh, S. J., Gibson, J. P., Thompson, J. M. 2010. Use of a bovine genome array to identify new biological pathways for beef marbling in Hanwoo (Korean Cattle). *BMC Genomics*. 11, 623.
- Lindroth, A. M., Park, J. H., Yoo, Y., Park, J. Y. 2015. Chapter 11 – Nutriepigenomics: Personalized Nutrition Meets Epigenetics. In *Personalized Epigenetics*. Academic Press. Pages 317-347. <http://dx.doi.org/10.1016/B978-0-12-420135-4.00011-5>
- Manso, T., Gallardo, B., Salvá, A., Guerra-Rivas, C., Mantecón, A. R., Lavín, P., de la Fuente, M. A. 2016. Influence of dietary grape pomace combined with linseed oil on fatty acid profile and milk composition. *Journal of Dairy Science*. 99(2), 1111-1120.
- Martínez-Mayorga, K., Peña, M. C. 2016. Chapter 14 – Role of Nutrition in Epigenetics and Recent Advances of In Silico Studies. In *Epi-Informatics: Discovery and Development of Small Molecule Epigenetic Drugs and Probes*. Academic Press. Pages 385-397. <http://dx.doi.org/10.1016/B978-0-12-802808-7.00014-9>
- Mazzucco, J. P., Goszczynski, D. E., Ripoli, M. V., Melucci, L. M., Pardo, A. M., Colatto, E., Rogberg-Muñoz, A., Mezzadra, C. A., Depetris, G. J., Giovambattista, G., Villareal, E. L. 2016. Growth, carcass and meat quality traits in beef from Angus,

- Hereford and cross-breed grazing steers, and their association with SNPs in genes related to fat deposition metabolism. *Meat Science* 114, 121–129.
- 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.
- Minieri, S., Buccioni, A., Rapaccini, S., Pezzati, A., Benvenuti, D., Serra, A., Mele, M. 2014. Effect of Quebracho tannin extract on soybean and linseed oil biohydrogenation by solid associated bacteria. An in vitro study. *Italian Journal of Animal Science*. 13(3267), 604–608.
- Muller, M., Kersten, S. 2003. Nutrigenomics: goals and strategies. *Nature Reviews Genetics*. 4, 315–322.
- Nanekarani, S., Goodarzi, M. 2014. Polymorphism of Candidate Genes for Meat Production in Lori Sheep. *IERI Procedia*. 8, 18–23.
- Ouali, A., Gagaoua, M., Boudida, Y., Becila, S., Boudjellal, A., Herrera-Méndez, C. H., Sentandreu, M. A. 2013. Review Biomarkers of meat tenderness: Present knowledge and perspectives in regards to our current understanding of the mechanisms involved. *Meat Science*. 95, 854-870.
- Pal, K., Paul, S. K., Biswas, P., Patra, A. K., Bhunia, T., Pakhira, M. C. 2010. Responses of addition of yeast (*Saccharomyces cerevisiae*) from rice distillers grains with solubles with or without trace minerals on the performance of Black Bengal kids. *Small Ruminant Research*. 94, 45–52.
- Pannier, L., Pethick, D. W., Geesink, G. H., Ball, A. J., Jacob, R. H., Gardner, G. E. 2014. Intramuscular fat in the *Longissimus* muscle is reduced in lambs from sires selected for leanness. *Meat Science*. 96, 1068–1075.
- Paredi, G., Sentandreu, M. A., Mozzarelli, A., Fadda, S., Hollung, K., Marthino de Almeida, A. 2013. Muscle and meat: New horizons and applications for proteomics on a farm to fork perspective. *Journal of Proteomics*. 88, 58-82.
- Paton, C. M., Ntambi, J. M. 2009. Biochemical and physiological function of stearoyl-CoA desaturase. *American Journal of Physiology- Endocrinology y Metabolism*. 297, E28-3E7.

- Penick, M., Hyun-Wook, K., Setyabrata, D., Waddell, N. J., Bidwell, A. C., Brad, K. H. Y. 2017. Callipyge genotypic effects on meat quality attributes and oxidation stability of ovine *M. longissimus*. *Small Ruminant Research*. 146, 5–12.
- Pethick, D. W., Harper, G. S., Oddy, V. H. 2004. Growth, development and nutritional manipulation of marbling in cattle: A review. *Animal Production Science*. 44(7), 705–715.
- Picard, B., Lebret, B., Cassar-Malek, I., Liaubet, L., Berri, C., Le Bihan-Duval, E., Hocquette, J. F., Renand, G. 2015. Recent advances in omic technologies for meat quality management. *Meat Science*. 109, 18–26.
- Picard, B., Lefèvre, F., Lebret, B. 2012. Meat and fish flesh quality with proteomic applications. *Animal Frontiers*, 2(4), 18–25.
- Polan, C. E., McNeill, J. J., Tove, S., B. 1964. Biohydrogenation of unsaturated fatty acids by rumen bacteria. *Journal of Bacteriology*. 88, 1056-1064.
- Ponnampalam, E. N., Holman, B. W. B., Scollan, N. D. 2016. Sheep: Meat. In *Encyclopedia of Food and Health*. Pages 750-757. <http://dx.doi.org/10.1016/B978-0-12-384947-2.00620-6>
- Rufino, L. D. A., Pereira, O. G., Ribeiro, K. G., Valadares, F. S. C., Cavali, J., Paulino, P. V. R. 2013. Effect of substitution of soybean meal for inactive dry yeast on diet digestibility, lamb's growth and meat quality. *Small Ruminant Research*. 111, 56–62.
- Sadkowski, T., Ciecierska, A., Majewska, A., Oprządek, J., Dasiewicz, K., Ollik, M., Wicik, Z., Motyl, T. 2014. Transcriptional background of beef marbling — Novel genes implicated in intramuscular fat deposition. *Meat Science* 97, 32–41.
- Sales, N. M. R., Pelegrini, P. B., Goerch, M. C. 2014. Nutrigenomics: definitions and advances of this new science. *Journal of Nutrition and metabolism*. <http://dx.doi.org/10.1155/2014/202759>.
- Sañudo, C., Enser, M., Campo, M. M., Nute, G. R., Maria, G., Sierra, I., Wood, J. D. 2000. Fatty acid composition and sensory characteristics of lamb carcasses from Britain and Spain. *Meat Science*. 54, 339-346.

- Sañudo, C., Muela, E., Campo, M. M. 2013. Key Factors Involved in Lamb Quality from Farm to Fork in Europe. *Journal of Integrative Agriculture*. 12(11), 1919-1930.
- Scerra, M., Caparra, P., Foti, F., Galofaro, V., Sinatra, M. C., Scerra, V. 2007. Influence of ewe feeding systems on fatty acid composition of suckling lambs. *Meat Science*. 76, 390–394.
- Scollan, D. N., Dannenberger, D., Nuernberg, K., Richardson, I., MacKintosh, S., Hocquette, Jean-Francois, Moloney, P.A. 2014. Enhancing the nutritional and health value of beef lipids and their relationship with meat quality. *Meat Science* 97, 384–394.
- Souza, D.A., Selaive-Villarreal, A. B., Pereira, E. S., Silva, E. M. C., Oliveira, R. L. 2016. Effect of the Dorper breed on the performance, carcass and meat traits of lambs bred from Santa Inês sheep. *Small Ruminant Research*. 145, 76–80.
- Tzer-Yang, Y., Morton, J. D., Clerens, S., Dyer, J. M. 2015. In-depth characterisation of the lamb meat proteome from *longissimus lumborum*. *Eu PA Open Proteomics*. 6, 28–41.
- Urrutia, O., Soret, B., Insausti, K., Mendizabal, J. A., Purroy, A., Arana, A. 2015. The effects of linseed or chia seed dietary supplementation on adipose tissue development, fatty acid composition, and lipogenic gene expression in lambs. *Small Ruminant Research*. 123, 204-211.
- Vasta, V., Priolo, A., Scerra, M., Hallett, G. K., Wood, D. J., Doran, O. 2009. D⁹ desaturase protein expression and fatty acid composition of *Longissimus dorsi* muscle in lambs fed green herbage or concentrate with or without added tannins. *Meat Science*. 82, 357–364.
- Vera, R., Aguilar, C., Lira, R., Toro, P., Barrales, L., Pena, I., Briones, I. 2009. Feeding dry olive cake modifies subcutaneous fat composition in lambs, noting cake resistance to degradation and peroxidation. *Chilean Journal of Agricultural Research*. 69(4), 548–559.

- Wood, J., Richardson, R., Nute, G., Fisher, A., Campo, M., Kasapidou, E., Sheard, P., Enser, M. 2004. Effects of fatty acids on meat quality: a review. *Meat Science*. 66, 21–32.
- Wood, J. D., Enser, M., Fisher, A. V., Nute, G. R., Sheard, P. R., Richardson, R. I., Hughes S. I., Whittington F. M. 2008. Fat deposition, fatty acid composition and meat quality: A review. *Meat Science*. 78, 343–358.
- Wu, G., Farouk, M. M., Clerens, S., Rosenvold, K. 2014. Effect of beef ultimate pH and large structural protein changes with aging on meat tenderness. *Meat Science*. 98, 637–645.
- Ying-Jie, Z., Yue-Qin, L., Shan-Yan, C., Jie, S. 2012. Effects of Dietary Energy Level on the Expression of the HSL Gene in Different Tissues of Sheep. *Journal of Integrative Agriculture*. 11(7), 1167-1172.
- Zhao, J. X., Liu, X. D., Li, K., Liu, W. Z., Ren, Y. S., Zhang, J. X. 2016. Different dietary energy intake affects skeletal muscle development through an Akt-dependent pathway in Dorper Small Thin-Tailed crossbred ewe lambs. *Domestic Animal Endocrinology*. 57, 63–70.

CAPÍTULO II. COMPOSICIÓN DE ÁCIDOS GRASOS Y BIOHIDROGENACIÓN RUMINAL DE CARNEROS COMPLEMENTADOS CON *Saccharomyces cerevisiae*

Gloria T.A¹., Hernández S. D¹., Hernández M. O¹., Crosby G. M. M¹., Meraz R. E²., Mata E. M. A³.

Resumen

Cuatro carneros de la raza Rambouillet (72.35±4.6kg) provistos con cánula ruminal y duodenal fueron complementados con dosis crecientes de *Saccharomyces cerevisiae* (Sc) (T1, dieta comercial; T2, T1 + 3 g Sc animal⁻¹ d⁻¹; T3, T1 + 5 g Sc animal⁻¹ d⁻¹ y T4, T1 + 10 g Sc animal⁻¹ d⁻¹). El objetivo fue evaluar el efecto de Sc en la biohidrogenación ruminal de ácidos grasos de cadena larga. Los animales se distribuyeron en un diseño cross-over 4 x 4, con cuatro periodos de evaluación, cada periodo de evaluación fue de tres días, con muestreos cada cuatro horas, durante 12 horas por día. Las variables evaluadas en fluido ruminal fueron pH, ácidos grasos volátiles y nitrógeno amoniacal, en las cuales no se observaron cambios (P>0.05) con la complementación de Sc; de manera similar los niveles de biohidrogenación de ácidos grasos de cadena larga resultaron similares (P>0.05) entre los tratamientos complementados con Sc y el grupo testigo (Oleico; T1: 80.04, T2: 79.89, T3: 80.89, T4: 81.03%, Linoleico; T1: 90.27, T2: 89.60, T3: 90.92, T4: 90.51% y Linolénico; T1: 88.61, T2: 87.89, T3: 88.65, T4: 88.84%), y coinciden con las concentraciones de ácido oleico, linoleico y linolénico reportadas en el perfil graso de líquido ruminal. En conclusión, Sc no modifica la dinámica ruminal, ni la biohidrogenación de ácidos grasos de cadena larga.

Palabras clave: Biohidrogenación, *Saccharomyces cerevisiae*, carneros, composición de ácidos grasos, líquido ruminal.

¹ Postgrado en Ganadería, Instituto de Recursos Genéticos y Productividad, Colegio de Postgraduados, Campus Motecillo, km 36.5, Carretera México-Texcoco, Montecillo, Municipio de Texcoco, Edo. de México. *sanchezd@colpos.mx

² Centro de Enseñanza, Investigación y Extensión en Producción Animal en Altiplano (CEIEPAA). FMVZ-UNAM. Tequisquiapan, Querétaro. México.

³ Sistemas Pecuarios, Unidad Regional Universitaria de Zonas Áridas (URUZA). Bermejillo, Durango. Universidad Autónoma Chapingo (UACH)

Abstract

Four rams Ramboulet (72.35 ± 4.6 kg) with ruminal and duodenal canulae were supplemented with increasing levels of *Saccharomyces cerevisiae* (Sc) [T1, basal diet (80:20; concentrate: forage); T2, T1 + 3 g Sc animal⁻¹ d⁻¹; T3, T1 + 5 g Sc animal⁻¹ d⁻¹ y T4, T1 + 10 g Sc animal⁻¹ d⁻¹]. The aim of this study was to evaluate the effect of Sc on long-chain fatty acids biohydrogenation. Animals were distributed in a cross-over design 4 x 4, with four evaluation periods, three days by periods and the sampling had 4 hours-intervals during twelve hours per day. pH, volatile fatty acids and ammonia in ruminal fluid were evaluated. These variables weren't affected by Sc ($P > 0.05$). In the same way, Sc didn't affect long-chain fatty acids biohydrogenation ($P > 0.05$) (Oleic; T1: 80.04, T2: 79.89, T3: 80.89, T4: 81.03%, Linoleic; T1: 90.27, T2: 89.60, T3: 90.92, T4: 90.51% y Linolenic; T1: 88.61, T2: 87.89, T3: 88.65, T4: 88.84%). In conclusion, Sc didn't modify rumen dynamic and long-chain fatty acids biohydrogenation.

Keywords: Biohydrogenation, *Saccharomyces cerevisiae*, rams, fatty acid profile, ruminal fluid.

Introducción

En años recientes, se han desarrollado investigaciones enfocadas a la composición de ácidos grasos en productos obtenidos de rumiantes y su efecto en la salud humana (Ishlak *et al.*, 2015). Cada uno de estos ácidos grasos está influenciado por factores intrínsecos del animal, como la edad, raza, sexo y el tipo de alimentación (Ballin, 2010). Sin embargo, los lípidos de la dieta que son hidrolizados a ácidos grasos libres en el rumen, son aprovechados por la flora microbiana en un proceso denominado biohidrogenación (Cruz-González *et al.*, 2014). En la biohidrogenación, las poblaciones bacterianas, principalmente las celulolíticas, reducen el número de dobles enlaces en la cadena de carbono de los ácidos grasos (Buccioni *et al.*, 2012), generando ácidos grasos saturados (palmítico y esteárico) y monoinsaturados (Cruz-González *et al.*, 2014). No obstante, cuando el nivel de alimento concentrado en la dieta es alto, hay una reducción en el número de bacterias celulolíticas (Buccioni *et al.*, 2012). Esta situación favorece la saturación parcial de ácidos grasos insaturados como el linoleico y linolénico, de los cuales se derivan productos intermedios como el ácido *trans*-vaccénico e isómeros del ácido linoleico conjugado, que actúan como

indicadores de un ambiente ruminal alterado (Apás *et al.*, 2015). A este respecto, *Saccharomyces cerevisiae* (Sc), estabiliza el pH ruminal (Throne *et al.*, 2009), al optimizar la concentración de bacterias celulolíticas (Jurkovich *et al.*, 2014) y mejorar el aprovechamiento de los lípidos en el alimento ingerido (Titi *et al.*, 2008), así como incrementar la producción de AGV (Xiao *et al.*, 2016). Con base en lo anterior, el objetivo de este estudio fue evaluar la biohidrogenación ruminal y la composición de ácidos grasos de cadena larga en líquido ruminal de carneros complementados con niveles crecientes de Sc y alimentados con una dieta alta en concentrado.

Materiales y métodos

Animales, tratamientos y diseño experimental

El estudio se realizó en las instalaciones de la Granja Experimental del Colegio de Postgraduados, localizada en Montecillo, Texcoco, Estado de México. El protocolo experimental relacionado con el manejo de los animales fue aprobado por el Comité de Ética del Programa de Ganadería. Se utilizaron cuatro carneros Rambouillet canulados en rumen y duodeno, con un peso vivo de 72.35 ± 4.6 kg. Los animales se distribuyeron en un diseño cross – over 4 x 4. Cada periodo experimental consistió de 13 d, de los cuales 10 d fueron usados para la adaptación de los animales a la dieta, y 3 días restantes para muestrear líquido ruminal. Los tratamientos (T) evaluados fueron: T1 = 80% de alimento balanceado Engorda Cordero Plus® y 20% de alfalfa achicalada, T2 =T1 + 3 g animal⁻¹ d⁻¹ de *Saccharomyces cerevisiae* (Yea Sacc¹⁰²⁶, Alltech; Sc), T3 =T1 + 5 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc y T4 =T1 + 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc. Los carneros fueron alojados en jaulas metabólicas individuales y alimentados dos veces por día con raciones iguales a las 8:00 y 18:00 h. Los animales tuvieron agua a libre acceso durante todo el estudio.

Toma de muestras

Para determinar la composición de ácidos grasos de cadena larga, se tomaron 50 mL de líquido ruminal del saco ventral del rumen, cada 4 horas durante las primeras 12 horas de 3 días consecutivos, generando seis muestras por día por cada carnero. En las muestras recolectadas se midió el pH e inmediatamente fueron vaciadas sin filtrar en tubos de plástico de 50 mL y colocadas en hielo para su transporte, y posteriormente congelarlas a -20°C hasta su análisis. Una muestra compuesta de 50 mL se obtuvo de cada horario de

medición considerando los 3 días de muestreo; estas se vertieron en viales de vidrio y se deshidrataron en liofilizadora (Labconco, USA), durante dos días a -50 °C y 0.1 psi. La muestra seca fue pulverizada en un molino para café (Krupps, USA) y almacenada en papel encerado a -20 °C hasta su análisis.

Para la determinación de ácidos grasos volátiles (AGV) (Erwin *et al.*, 1961). El líquido ruminal recolectado fue filtrado con cuatro capas de manta de cielo, vertiéndose 4 mL del filtrado en un tubo con ácido metafosfórico al 25%, en una relación 4:1. Las muestras se analizaron en un cromatógrafo de gases (HP6890, USA), con una columna capilar HP-FFAP 19091F-433 (Agilent, USA), película 0.25 micras, longitud de 30 m y diámetro de 0.25 mm. Se utilizó nitrógeno como gas acarreador, flujo de hidrógeno de 33 mL min⁻¹, el flujo de aire de 330 mL min⁻¹. Se utilizó nitrógeno como Make up (14 mL min⁻¹). La temperatura del inyector fue de 230°C y del detector 240°C. Las condiciones del horno fueron: Rampa 1, velocidad de 65° min⁻¹, temperatura de 95° y tiempo de 0.15 min. Rampa 2: velocidad de 15°C min⁻¹, temperatura de 145°C y tiempo de 6 min, con una corrida total de 9.94 min.

El nitrógeno amoniacal se determinó mediante la técnica de McCullough (1967), y las muestras se midieron en un espectrofotómetro modelo CARY 1E (Varian, USA) a 630 nm.

Análisis de laboratorio

Bromatológico y variables ruminales

El alimento ofrecido y levadura complementada se analizaron con base a materia seca (MS, %), proteína total (PT, %) y porcentaje de cenizas (AOAC, 2005), fibra detergente neutro (FDN, %) y fibra detergente ácida (FDA, %) (Goering y Van Soest, 1972) y extracto etéreo (EE, %) (Nielsen, 2010) (Cuadro 1).

La composición de ácidos grasos de cadena larga en líquido ruminal se determinó con base a las técnicas descritas por Palmquist y Jenkins (2003), Jenkins (2010) y Cesaro *et al.* (2013). Se pesaron 0.5 g de contenido ruminal liofilizado, al que se le agregaron 2 mL de metóxido de sodio en metanol (0.5 M, Sigma, Cat. 403067). Se agitó en vórtex (Mixer, USA) y se incubó en baño María a 50 °C por 10 min. La muestra se dejó enfriar por 5 min y se adicionaron 3 mL de ácido clorhídrico metanólico (5%, 1.37 M, Sigma, Cat. 33050-U).

Se agitó en vórtex e incubó en baño María a 78 °C por 12 min. Se dejó enfriar por 7 min y se añadieron 3 mL de hexano (J.T.Baker, Cat. 9309-02) y 5 mL de K₂CO₃ (6%, 0.43 M, Merck, Cat.409449). La muestra se agitó en vórtex y se centrifugó a 2500 x g por 5 min, se extrajo la fracción de hexano (sobrenadante) y se vació en un tubo de polipropileno (16 mL) con 0.5 g de sulfato de sodio (Sigma, Cat. S-6264) y 0.1 g de carbón activado (J.T.Baker, Cat. E345-07). La muestra se agitó en vórtex y se centrifugó a 1500 x g por 5 min. La fase limpia de hexano se extrajo con microfiltros (17 mm-0.45µm, Catalogo: A2SRI00002, Titan) en un vial para cromatografía (Thermo Scientific, Cat. C4000-2W).

Las muestras se analizaron en un cromatógrafo de gases (HP 6890, USA) con inyector automático (HP 7683, USA) y una charola de muestras con automuestreador, con columna capilar Supelco SPTM 2560 (USA) de 100 m x 0.25 mm x 0.2 µm (película) a una presión de 199.94 kPa. Las condiciones del detector fueron: flujo de aire de 330 mL min⁻¹, flujo de hidrógeno de 33 mL min⁻¹ a una temperatura de 260 °C. Las condiciones del inyector (250°C) fueron: helio como gas acarreador con un Make up de 18 mL min⁻¹ a una presión de 199.94 kPa y un tiempo de corrida de 62 min. La rampa de temperatura fue: rampa 1: velocidad de 1°C min⁻¹, temperatura de 140°C, tiempo de 2.95 min, rampa 2: velocidad de 3°C min⁻¹, temperatura de 210°C, rampa 3: velocidad de 0.7°C min⁻¹, temperatura de 235°C. Para la identificación de los tiempos de retención de los esteres metílicos se utilizó el estándar FAME C4 – C24 (Supelco, 18919).

Cuadro 1. Análisis químico del alimento para engorda de corderos y de *Saccharomyces cerevisiae*

Componente	Muestra	
	Alimento ^b	YS1026*
Materia seca, %	97.12	95.64
Humedad, %	2.87	4.36
Proteína total, %	18.66	28.4
FDN, %	36.88	30.18
FDA, %	31.65	17.15
Extracto etéreo, %	5.23	5.18
Cenizas, %	11.72	6.66
CIA [£] , %	0.32	0.20
Composición de ácidos grasos, % del total de esteres de ácidos grasos metilados.		
Mirístico	0.31	0.2

Palmítico	18.72	17.32
Palmitoleico	0.37	1.54
Heptadecanoico	0.11	0.08
Esteárico	1.85	3.05
Eladico	0.58	0.14
Oleico	30.17	21.48
Linoleico	43.06	50.12
Araquídico	0.75	0.84
Linolénico	3.82	2.13

^b Alimento para corderos (Cordero Plus®, Grupo Unión, Tepexpan).

* Levadura *Saccharomyces cerevisiae* (Yea Sacc¹⁰²⁶, Alltech de México).

[‡] Cenizas insolubles en ácido.

Análisis estadístico

Los datos de las variables de pH, N-NH₃, AGV y composición de ácidos grasos de cadena larga fueron analizadas con el procedimiento PROC MIXED de SAS (2013, Statistical Analysis System[®]) versión 9.0 en un diseño cross – over 4 x 4. El modelo estadístico incluyó el efecto fijo de los tratamientos y el tiempo. Las medias de tratamientos fueron separadas con la opción “PDIF” de “LSMEANS”.

La variable de biohidrogenación se analizó con un PROC GLM de SAS (2013). Se realizaron polinomios ortogonales para probar el efecto lineal, cuadrático y cúbico con los tratamientos evaluados y la comparación de medias se realizó mediante la prueba de Tukey (Steel *et al.*, 1997).

Resultados

VARIABLES RUMINALES

La suplementación con niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae* (Sc) en carneros alimentados con una dieta alta en concentrado (80%), no evidenció diferencias (P>0.05) en el pH ruminal, nitrógeno amoniacal (N-NH₃) (Figura 1) y concentraciones de AGV (Cuadro 2).

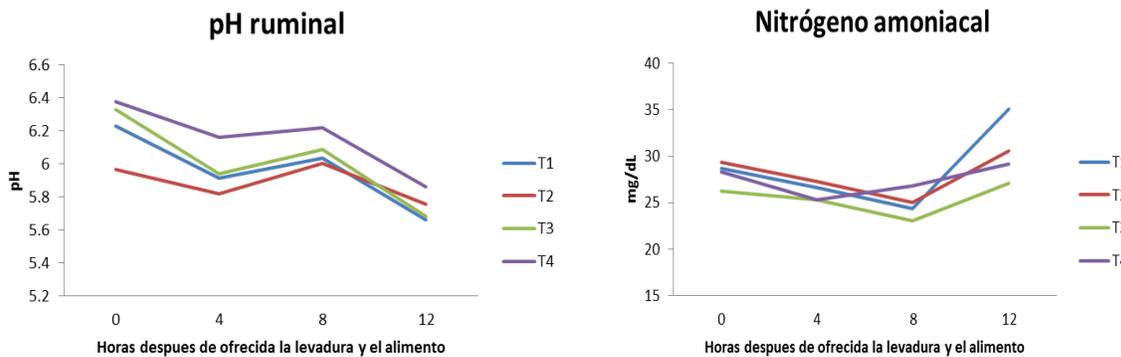


Figura 1. pH y nitrógeno amoniacal en líquido ruminal de carneros complementados con niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae*[&]. T1 =dieta comercial: forraje (80:20), T2 =T1 + 3 g animal⁻¹ d⁻¹ de *Saccharomyces cerevisiae* (Yea Sacc¹⁰²⁶, Alltech; Sc), T3 =T1 + 5 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc y T4 =T1 + 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc.

Cuadro 2. Concentración de ácidos grasos volátiles (AGV) en líquido ruminal de corderos complementados con niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae*

Horario	Tratamientos				EEM	P
	T1	T2	T3	T4		
Total de AGV, mMol L ⁻¹						
0	71.16	61.22	60.93	65.51	6.867	0.753
4	70.27	71.42	68.74	68.68	6.867	0.986
8	70.02	72.97	72.64	74.72	6.867	0.962
12	85.73	77.19	80.27	76.70	6.867	0.803
Ácido acético, %						
0	67.65	67.73	66.85	67.86	1.833	0.972
4	65.57	66.23	65.49	65.45	1.833	0.985
8	68.14	67.56	66.02	66.82	1.833	0.860
12	66.11	65.97	65.39	66.32	1.833	0.981
Ácido propiónico, %						
0	13.35	12.78	13.76	13.76	1.143	0.909
4	16.08	15.35	17.12	17.48	1.143	0.675
8	14.99	14.88	16.44	16.37	1.143	0.729
12	17.45	17.11	18.57	18.70	1.143	0.754
Ácido butírico, %						

0	15.29	15.68	15.77	14.72	0.896	0.844
4	15.24	15.55	14.48	13.88	0.896	0.679
8	14.05	14.76	14.83	13.91	0.896	0.844
12	13.85	14.33	13.47	12.40	0.896	0.645
Relación A: P [‡] , %						
0	5.23	5.40	5.02	4.97	0.419	0.879
4	4.16	4.49	3.92	3.77	0.419	0.728
8	4.65	4.69	4.09	4.13	0.419	0.711
12	3.85	4.01	3.61	3.58	0.419	0.871
Otros ^Δ , %						
0	3.71	3.82	3.63	3.66	0.332	0.971
4	3.10	2.88	2.91	3.20	0.332	0.879
8	2.82	2.81	2.72	2.91	0.332	0.975
12	2.59	2.59	2.58	2.58	0.332	1.000

[‡] Relación acético: propiónico.

^Δ Calculado como la sumatoria del ácido isobutírico, isovalérico y valérico.

T1 = 80% de alimento balanceado Engorda Cordero Plus® y 20% de alfalfa achicalada, T2 = T1 + 3 g animal⁻¹ d⁻¹ de *Saccharomyces cerevisiae* (Yea Sacc¹⁰²⁶, Alltech; Sc), T3 = T1 + 5 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc y T4 = T1 + 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc.

Composición de ácidos grasos en líquido ruminal y biohidrogenación

No se observaron diferencias significativas en la composición de ácidos grasos (Cuadro 3) de líquido ruminal (LR) de carneros alimentados con niveles crecientes de Sc y una dieta alta en concentrado (80:20). Las concentraciones de palmítico (PAL) no difirieron (P>0.05) entre tratamientos en los diferentes horarios de muestreo, mientras que los niveles de esteárico (EST) no originaron cambios en la tasa de biohidrogenación (BH, Cuadro 4) de ácido oleico (OLE), linoleico (LN) y linolénico (LNN), con respecto al grupo testigo.

Cuadro 3. Composición de ácidos grasos (% del total de ésteres de ácidos grasos metilados) en líquido ruminal de carneros complementados con niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae*

Ácido graso	Tratamientos						
	Horario [¥]	T1	T2	T3	T4	EEM	P
Mirístico							
0		1.18	0.86	1.12	1.10	0.168	0.392
4		1.14	0.93	1.16	1.28	0.168	0.288
8		1.07	1.02	1.23	1.18	0.168	0.658
12		1.25	1.00	1.09	1.18	0.168	0.542

Palmítico						
0	33.27	31.39	32.66	31.02	1.968	0.833
4	33.81	33.42	32.89	34.15	1.968	0.973
8	32.70	34.40	35.06	32.62	1.968	0.762
12	35.26	34.27	31.11	32.82	1.968	0.475
Esteárico						
0	23.21	28.36	25.66	28.59	2.697	0.608
4	18.13	19.86	19.34	20.16	2.697	0.972
8	21.43	20.25	19.04	21.50	2.697	0.943
12	15.16	17.86	21.37	19.78	2.697	0.567
Σ C18:1 <i>trans</i> 10 y C18:1 <i>trans</i> 11						
0	8.46	7.97	7.93	8.11	0.555	0.942
4	8.97	8.82	8.72	8.45	0.555	0.956
8	8.92	8.68	8.40	9.10	0.555	0.891
12	8.95	9.23	9.36	8.92	0.555	0.958
Oleico						
0	13.17	11.87	11.91	11.67	0.835	0.574
4	15.14	14.02	13.79	13.71	0.835	0.601
8	13.83	13.70	13.36	13.76	0.835	0.980
12	15.70	15.28	14.27	14.71	0.835	0.639
Linoleico						
0	6.70	5.92	6.51	6.00	0.694	0.819
4	9.04	8.73	8.53	7.69	0.694	0.559
8	7.72	7.65	7.68	7.77	0.694	0.999
12	10.17	9.53	9.39	9.45	0.694	0.846
Linolénico						
0	0.56	0.46	0.56	0.51	0.074	0.725
4	0.73	0.79	0.75	0.60	0.074	0.318
8	0.70	0.65	0.71	0.75	0.074	0.802
12	0.86	0.82	0.83	0.82	0.074	0.973
CLA c9 t11						
0	0.53	0.66	0.70	0.70	0.213	0.926
4	0.58	0.80	0.58	0.71	0.213	0.852
8	0.85	0.60	0.69	0.76	0.213	0.862
12	0.25	0.33	0.36	0.48	0.213	0.905

T1 = 80% de alimento balanceado Engorda Cordero Plus® y 20% de alfalfa achicalada, T2 = T1 + 3 g animal⁻¹ d⁻¹ de *Saccharomyces cerevisiae* (Yea Sacc¹⁰²⁶, Alltech; Sc), T3 = T1 + 5 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc y T4 = T1 + 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc.

¥ Horas después de ofrecer la levadura *Saccharomyces cerevisiae*.

* Error estándar de la media.

Discusión

VARIABLES RUMINALES

La inclusión de 3, 5 y 10 g animal⁻¹ d⁻¹ (3.2×10^9 UFC g⁻¹) de *Saccharomyces cerevisiae* en rumen no modificaron el pH y nitrógeno amoniacal (N-NH₃). Los resultados observados en esta investigación contrastan con lo reportado por Vyas *et al.* (2014) quienes argumentan que la estabilización del pH ruminal es uno de los efectos principales identificados en *Saccharomyces cerevisiae* (Sc), por reducir la acumulación de lactato, mediante la estimulación del crecimiento de bacterias utilizadoras de ácido láctico (Nisbet y Martin, 1991), en respuesta a la presencia de metabolitos como vitaminas, aminoácidos y ácidos orgánicos, provenientes de la levadura, lo que resulta en un incremento en la fermentación de la dieta y mayor producción de AGV, como lo reportan Ahmed *et al.* (2015) al incluir 0.5 g kg⁻¹ MS de Sc (8×10^8 UFC g⁻¹) en la dieta de corderos. Sin embargo, las concentraciones de AGV reportadas en este estudio no mostraron cambios con la complementación de Sc, resultados similares a los reportados Li *et al.* (2016) quienes no encontraron cambios en las concentraciones de AGV y N-NH₃ al complementar 14 g d⁻¹ de Sc en vaquillas, pero si observaron una mejora en el pH ruminal, mientras que Malekkhahi *et al.* (2016) al utilizar 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc (20×10^9 UFC animal⁻¹ d⁻¹) no identificaron mejoras en estas variables (pH y N-NH₃).

La variabilidad entre resultados con la complementación de Sc, está relacionada con el tipo de dieta, huésped y microorganismos ruminales (Chaucheyras-Durand *et al.*, 2008), en este estudio Sc no mejoró el pH y las concentraciones de AGV; sin embargo, estas variables no fueron alteradas con la inclusión de una dieta alta en concentrado aporta a los carneros, debido al efecto que tuvo el nivel de proteína en la dieta (18.66%), característica común en engordas comerciales, y que actuó como un amortiguador al contrarrestar las concentraciones de ácido, en respuesta a un aumento en los ácidos absorbidos del rumen y el amoníaco adicional producido por el catabolismo de los aminoácidos (Tripathi y Karim, 2011). En este sentido, la ausencia de efectos de Sc en el pH ruminal no afectó las concentraciones de N-NH₃, ya que su mayor absorción se relaciona con pH altos (Martineau *et al.*, 2011), aunque cabe indicar que los niveles de pH reportados en este estudio permanecieron dentro del intervalo normal para dietas altas en concentrado, el cual, según Owens *et al.* (1998) oscila entre 5.5 y 6.5.

Composición de ácidos grasos en líquido ruminal y biohidrogenación

La complementación con Sc (0, 3, 5 y 10 g animal⁻¹ d⁻¹) en carneros, no mostró efectos significativos sobre la biohidrogenación ruminal (BH). Las concentraciones de EST e isómeros intermediarios de la BH (Σ C18:1 *trans*10/C18:1 *trans*11 y cis-9 *trans*-11 CLA: Ácido ruménico, AR) permanecieron estables entre tratamientos con un pH ruminal mayor o igual a 5.6, 4 horas después de ofrecido el alimento. Este resultado contrasta con lo esperado al ofrecer una dieta alta en concentrado, la cual incrementaría la fermentación de la dieta, la producción de AGV y la disminución del pH, afectando así, a las poblaciones bacterianas, especialmente las celulolíticas, en su eficiencia de saturación de los AGI, como lo reportan Fuentes *et al.* (2011) quienes al evaluar el efecto del pH sobre la BH, relacionaron una mayor concentración de LN y LNN y una reducción en la concentración de EST a medida que el pH disminuía (<5.6). No obstante, Griinari y Bauman (2006) señalan que en dietas altas en concentrado hay una acumulación de ácido *trans* vaccénico debido a un exceso de AG libres en rumen, los cuales inhiben la hidrogenación final a EST (Váradyová *et al.*, 2007; Buccioni *et al.*, 2012). En este sentido, Fuentes *et al.* (2009) señalan que una elevada proporción de OLE, LN y LNN en líquido ruminal inhiben la BH, pero nuestros resultados demuestran que el porcentaje de BH de LN Y LNN (Cuadro 4) fueron adecuados y coincidieron con los reportados por Doreau y Ferlay (1994) con intervalos de 0.7 - 0.95 y 0.85 – 1.0, en contraste a los reportados con dietas altas en concentrado donde la BH de LNN (0.40 – 0.70) y LN (0.50 - 0.70) se vio disminuida.

Cuadro 4. Biohidrogenación ruminal de ácidos grasos de cadena larga (%) en carneros complementados con niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae*

Ácido graso	Tratamientos					Efectos		
	T1	T2	T3	T4	EEM	L	C ²	C ³
Oleico	80.04	79.89	80.89	81.03	0.81	0.48	0.91	0.71
Linoleico	90.27	89.60	90.92	90.51	0.54	0.65	0.90	0.42
Linolénico	88.61	87.89	88.65	88.84	0.76	0.80	0.72	0.72
Total	66.31	66.32	67.55	64.42	1.57	0.68	0.52	0.61

EEM: Error estándar de la media, L: Efecto lineal; C²: Efecto cuadrático; C³: Efecto cúbico
T1 = 80% de alimento balanceado Engorda Cordero Plus® y 20% de alfalfa acicalada, T2 =T1 + 3 g animal⁻¹ d⁻¹ de *Saccharomyces cerevisiae* (Yea Sacc¹⁰²⁶, Alltech; Sc), T3 =T1 + 5 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc y T4 =T1 + 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc.

Tianzhang *et al.* (2016) mencionan que los cambios en la BH están en función del tipo de ácidos grasos en la dieta y que la conversión de LNN y LN a EST por la flora microbiana puede ser inhibida por alta cantidad de AGI en el alimento, principalmente dietas con altos niveles de grano (Doreau *et al.*, 2016). Sin embargo, este efecto no se observó en el presente estudio, a pesar de haber ofrecido una dieta con 80% de concentrado, en donde el 48% de su perfil graso se conformaba de LN y que además fue complementada con Sc, cuya concentración de LN correspondía al 50% del perfil graso. Con base a lo anterior, Ratledge y Evans (1989) consideran que la cantidad de lípidos en Sc (5%) no es sustancial para generar cambios en las concentraciones de ácidos grasos e intermediarios específicos de la BH ruminal (Bayat *et al.*, 2015), ya que para este estudio la máxima cantidad de LN aportado por cada 10 g de Sc fue de 0.248 g, desafortunadamente no hay estudios que evalúen el efecto de Sc sobre la biohidrogenación ruminal, aunque autores como Li *et al.* (2016) al complementar 14 g d⁻¹ de Sc han documentado cambios en el pH ruminal, uno de los principales factores que afectan la biohidrogenación.

Conclusiones

Con base a los resultados obtenidos en este estudio y bajo las condiciones antes establecidas, se concluye que la complementación con niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae* en carneros no cambia el proceso de biohidrogenación ruminal cuando se aportan dietas altas en concentrado.

Literatura citada

- AOAC. Association of Official Analytical Chemists, Official methods of analysis of AOAC International. 2005. 18th edition. USA. 176 p.
- Ahmed, M. H., Elghandour, M. M. Y., Salem, A. Z. M., Zeweil, H. S., Kholif, A. E., Klieve, A. V., Abdelrassol, A. M. A. 2015. Influence of *Trichoderma reesei* or *Saccharomyces cerevisiae* on performance, ruminal fermentation, carcass characteristics and blood biochemistry of lambs fed *Atriplex nummularia* and *Acacia saligna* mixture. Livestock Science. 180, 90–97.

- Apás, A. L., Arena, M. E., Colombo, S., González, S. N. 2015. Probiotic administration modifies the milk fatty acid profile, intestinal morphology, and intestinal fatty acid profile of goats. *Journal of Dairy Science*. 98, 47–54.
- Ballin, N. Z. 2010. Review: Authentication of meat and meat products. *Meat Science*. 86, 577-587.
- Bayat, A. T., Kairenius, P., Stefanski, T., Leskinen, H., Comtet-Marre, S., Forano, E., Chaucheryas-Durand, F., Shingfield, K. J. 2015. Effect of camelina oil or live yeasts (*Saccharomyces cerevisiae*) on ruminal methane production, rumen fermentation, and milk fatty acid composition in lactating cows fed grass silage diets. *Journal of Dairy Science*. 98, 3166–3181.
- Buccioni, A., Decandia, M., Minieria, S., Molle, G., Cabiddu, A. 2012. Lipid metabolism in the rumen: New insights on lipolysis and biohydrogenation with an emphasis on the role of endogenous plant factors. *Animal Feed Science and Technology*. 174, 1–25.
- Cesaro, G., Tagliapietra, F., Grigoletto, L., Cecchinato, A., Dannenberger, D., Bittante, G., Schiavon, S. 2013. Fecal sample preparation methods for gas chromatography analysis of fatty acids of ruminants fed different amounts of rumen protected conjugated linoleic acids (CLA). *Animal Feed Science and Technology*. 183, 184–194.
- Chaucheyras-Durand, F., Walker, N. D., Bach, A. 2008. Effects of active dry yeast on the rumen microbial ecosystem: past, present and future. *Animal Feed Science Technology*. 145, 5–26.
- Cruz-González, M. I., Sánchez-Machado, D. I., López-Cervantes, J., Munguia-Xochihua, J. A., Molina-Barrios, R. M., Rivera-Acuña, F., Hernández-Chávez, J. F. 2014. Caracterización del perfil de ácidos grasos en carne de borrego de engorda utilizando cromatografía de gases. *Nacameh*. 8(1), 39-49.
- Doreau, M., Ferlay, A. 1994. Digestion and utilization of fatty acids by ruminants. *Animal Feed Science Technology*. 45, 379–396.

- Doreau, M., Meynadier, A., Fievez, V., Ferlay, A. 2016. Chapter 19. Ruminal Metabolism of Fatty Acids: Modulation of Polyunsaturated, Conjugated, and *Trans* Fatty Acids in Meat and Milk. Handbook of Lipids in Human Function. 521 – 542 pp. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/B978-1-63067-036-8.00019-6>
- Erwin, E. S., Marco, G. J., Emery, E. 1961. Volatile fatty acid analysis of blood and rumen fluid by gas chromatography. Journal Dairy Science. 44, 1768-1776.
- Fuentes, M. C., Calsamiglia, S., Cardozo, P. W., Vlaeminck, B. 2009. Effect of pH and level of concentrate in the diet on the production of biohydrogenation intermediates in a dual-flow continuous culture. Journal of Dairy Science. 92, 4456–4466.
- Fuentes, M. C., Calsamiglia, S., Fievez, V., Blanch, M., Mercadal, D. 2011. Effect of pH on ruminal fermentation and biohydrogenation of diets rich in omega-3 or omega-6 fatty acids in continuous culture of ruminal fluid. Animal Feed Science and Technology. 169, 35–45.
- Goering, H. K., Van Soest, P. J. 1972. Forage Fiber Analyses (Apparatus, Reagents, Procedures and some Applications). Agricultural Handbook. USA. 379 p.
- Griinari, J. M., Bauman, D. E. 2006. Milk fat depression: concepts, mechanism and management application. Ruminant Physiology Digestion. Metabolism and Impact Nutrition on Gene Expression, Immunology and Stress. Wageningen Academic Publishers, Amsterdam. 591 p.
- Ishlak, A., Günal, M., AbuGhazaleh, A. A. 2015. The effects of cinnamaldehyde, monensin and quebracho condensed tannin on rumen fermentation, biohydrogenation and bacteria in continuous culture system. Animal Feed Science and Technology. 207, 31-40.
- Jenkins, T.C. 2010. Technical note: Common analytical errors yielding inaccurate results during analysis of fatty acids in feed and digesta samples. Journal of Dairy Science. 93, 1170–1174.
- Jurkovich, V., Brydl, E., Kutasi, J., Harnos, A., Kovács, P., Könyves, L., Muravölgyi, Z., Fébel, H. 2014. The effects of *Saccharomyces cerevisiae* strains on the rumen

- fermentation in sheep fed with diets of different forage to concentrate ratios. *Journal of Applied Animal Research*. 42(4), 481-486.
- Li, S., Yoon, I., Scott, M., Khafipour, E., Plaizier, J.C. 2016. Impact of *Saccharomyces cerevisiae* fermentation product and subacute ruminal acidosis on production, inflammation, and fermentation in the rumen and hindgut of dairy cows. *Animal Feed Science and Technology*. 211, 50–60.
- Malekkhahi, M., Tahmasbi, A. M., Naserian, A. A., Danesh-Mesgaran, M., Kleen, J. L., AlZahal, O., Ghaffari, M. H. 2016. Effects of supplementation of active dried yeast and malate during sub-acute ruminal acidosis on rumen fermentation, microbial population, selected blood metabolites, and milk production in dairy cows. DOI: <http://dx.doi.org/doi:10.1016/j.anifeedsci.2015.12.018>
- McCullough, H. 1967. The determination of ammonia in whole blood by direct colorimetric method. *Clinical Chemical Acta*. 17, 297:304.
- Martineau, R., Sauvant, D., Ouellet, D. R., Côrtes, C., Vernet, J., Ortigues, M. I., Lapierre, H. 2011. Relation of net portal flux of nitrogen compounds with dietary characteristics in ruminants: A meta-analysis approach. *Journal of Dairy Science*. 94, 2986–3001.
- Nielsen, S. 2010. *Food Analysis Laboratory Manual*, (Kluwer Academic/Plenum Publishers, New York). 177 p.
- Nisbet, D. J., Martin, S. A., 1991. Effect of a *Saccharomyces cerevisiae* culture on lactate utilization by the ruminal bacterium *Selenomonas ruminantium*. *Journal of Animal Science*. 69, 4628–4633.
- Owens, F. N., Secrist, D. S., Hill, W. J., Gill, D. R. 1998. Acidosis in cattle: a review. *Journal of Animal Science*. 76, 275-286.
- Palmquist, D.L., Jenkins, T.C. 2003. Challenges with fats and fatty acid methods. *Journal of Animal Science*. 81: 3250-3254.
- Ratledge, C., Evans, C. T., 1989. *Lipids and their metabolism*, (Academic Press, London). 455 p.

- SAS Institute. 2013. SAS version 9.4. SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Steel, R.G. D., Torrie, J. H., Dickey, D. A. 1997. Principles and procedures of statistics, a biometrical approach. 3rd edition. McGraw-Hill Co. Inc. New York. 666 p.
- Throne, M., Bach, A., Ruiz-Moreno, M., Stern, M. D., Linn, J. G. 2009. Effects of *Saccharomyces cerevisiae* on ruminal pH and microbial fermentation in dairy cows. Yeast supplementation on rumen fermentation. *Livestock Science*. 124, 261–265.
- Tianzhang, Z., Yong, Ma., Yanghua, Q., Hailing, L., Kun, L., Zhaoyun, Zuo., Xiaonan, Lu. 2016. Effect of dietary oil sources on fatty acid composition of ruminal digesta and populations of specific bacteria involved in hydrogenation of 18-carbon unsaturated fatty acid in finishing lambs. *Small Ruminant Research*. <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.06.012>
- Titi, H. H., Dmour, R. O., Abdullah, A. Y. 2008. Growth performance and carcass characteristics of Awassi lambs and Shami goat kids fed yeast culture in their finishing diet. *Animal Feed Science and Technology*. 142, 33–44.
- Tripathi, M. K., Karim, S. A. 2011. Effect of yeast cultures supplementation on live weight change, rumen fermentation, ciliate protozoa population, microbial hydrolytic enzymes status and slaughtering performance of growing lamb. *Livestock Science*. 135, 17–25.
- Váradyová, Z., Kisidayová, S., Siroka, P., Jalc, D. 2007. Fatty acid profiles of rumen fluid from sheep fed diets supplemented with various oils and effect on the rumen ciliate population. *Czech Journal of Animal Science*. 52(11), 399–406.
- Vyas, D., Uwizeye, A., Yang, W. Z., Beauchemin, K. A. 2014. Importance of yeast viability for reducing the effects of ruminal acidosis in beef heifers during and following an imposed acidosis challenge. *Animal Feed Science and Technology*. 197, 103–113.
- Xiao, J. X., Alugongo, G. M., Chung, R., Dong, S. Z., Li, S. L., Yoon, I., Wu, Z. H., Cao, Z. J. 2016. Effects of *Saccharomyces cerevisiae* fermentation products on dairy calves: Ruminal fermentation, gastrointestinal morphology, and microbial community. *Journal of Dairy Science*. 99, 5401–5412.

CAPÍTULO III. *Saccharomyces cerevisiae* ADICIONADO A LA DIETA AFECTA LA EXPRESIÓN DE LA PROTEÍNA ESTEAROIL-COA DESATURASA EN CORDEROS

Gloria T.A^{1,*}, Hernández S. D¹., Hernández M. O¹., Crosby G. M. M¹., Meraz R. E²., Mata E. M. A³.

Resumen

El sistema de alimentación implica cambios en los niveles de expresión del mRNA de genes relacionados con el metabolismo de ácidos grasos. Un incremento en la expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa (SCD) podría mejorar la acumulación de ácidos grasos monoinsaturados y ácido ruménico (C_{18:2 cis9, trans11}) en la carne de corderos. Por lo anterior, el objetivo de esta investigación fue evaluar el efecto de incluir *Saccharomyces cerevisiae* (Sc) en la dieta de corderos sobre la expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa en el músculo *Longissimus dorsi*. Con este fin, 32 corderos machos (25.82±1.95 kg) de la raza Hampshire, fueron distribuidos en los siguientes tratamientos; T1: Dieta concentrada (20:80, forraje: concentrado), T2: T1 + 3 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc, T3: T1 + 5 g animal⁻¹ d⁻¹ Sc y T4: T1 + 10 g animal⁻¹ d⁻¹ Sc. La inclusión de niveles crecientes de Sc redujo el consumo de materia seca (P=0.001), la ganancia diaria de peso (P= 0.015) y la conversión alimenticia (P=0.011). Los niveles de expresión de la enzima SCD fueron afectados por Sc generando una correlación positiva (r = 69.74; P=0.054) y una correlación negativa (r = -0.75, P= 0.0317) entre la densidad de expresión de SCD y las concentraciones de C_{18:1} y C_{18:2}, respectivamente. Así mismo, Sc disminuyó las concentraciones de C_{16:1} (P=0.08) e incrementó la sumatoria de isómeros C_{18:1 trans10} y C_{18:1 trans10} (P=0.04), α-C_{18:3} (P=0.03) y C_{20:4 Ω6} (P=0.03), siendo el T3 (5 g animal⁻¹ d⁻¹ de *Saccharomyces cerevisiae*) donde se muestra la mejor concentración de ácidos grasos insaturados en carne, sin incrementar drásticamente las concentraciones de isómeros C_{18:1 trans}, lo que mejoró la calidad nutricional de la grasa intramuscular en la carne de corderos.

¹ Postgrado en Ganadería, Instituto de Recursos Genéticos y Productividad, Colegio de Postgraduados, Campus Motecillo, km 36.5, Carretera México-Texcoco, Montecillo, Municipio de Texcoco, Edo. de México. *sanchezd@colpos.mx

² Centro de Enseñanza, Investigación y Extensión en Producción Animal en Altiplano (CEIEPAA). FMVZ-UNAM. Tequisquiapan, Querétaro. México.

³ Sistemas Pecuarios, Unidad Regional Universitaria de Zonas Áridas (URUZA). Bermejillo, Durango. Universidad Autónoma Chapingo (UACH)

Palabras clave: Estearoil- CoA desaturasa, *Saccharomyces cerevisiae*, corderos, perfil de ácidos grasos, *Longissimus dorsi*.

Abstract

The feeding system involves changes in expression of genes related with fatty acid metabolism. Increments in stearoyl-CoA desaturase (SCD) protein expression could improve unsaturated fatty acids and rumenic acid ($C_{18:2}$ *cis*⁹, *trans*¹¹) content in meat of lamb meat. This study examined the effects of *Saccharomyces cerevisiae* on animal performance and carcass parameters, fatty acid composition and SCD protein expression in the *Longissimus dorsi* muscle in lambs. Thirty- two male Hampshire breed lambs (25.82 ± 1.95 kg) were distributed in four treatments: T1: basal diet (20:80, forage: concentrate), T2: T1 + 3 g of Sc animal⁻¹ d⁻¹, T3: T1 + 5 g of Sc animal⁻¹ d⁻¹ y T4: T1 + 10 g of Sc animal⁻¹ d⁻¹. Sc reduced dry matter intake (P=0.001), daily weight gain (P= 0.015) and feed conversation (P=0.011). Sc affected SCD protein expression. A positive ($r = 69.74$; P=0.05) and negative correlation ($r = -0.75$, P= 0.0317) were found between SCD protein expression and $C_{18:1}$ and $C_{18:2}$ concentrations, respectively. In the same way, Sc reduced $C_{16:1}$ (P=0.08) and increased $C_{18:1}$ *trans*¹⁰ y *trans*¹¹ (P=0.04), α - $C_{18:3}$ (P=0.03) y $C_{20:4}$ Ω_6 (P=0.03). The supplementation with 5 g of Sc animal⁻¹ d⁻¹ produced the best unsaturated fatty acid concentrations in meat, without isomers $C_{18:1}$ *trans* increasing drastically, so that improve nutritional quality of intramuscular fat in lambs.

Keywords: Stearoil- CoA desaturase, *Saccharomyces cerevisiae*, lambs, fatty acid profile, *Longissimus dorsi*.

Introducción

Los sistemas intensivos en la producción de corderos, se relacionan con altas tasas de crecimiento y eficiencia alimenticia, mejoras en la calidad de la canal, rendimiento, mayor deposición de grasa intramuscular y color (Priolo *et al.*, 2001); sin embargo, la grasa depositada se caracteriza por una menor proporción de ácidos grasos polinsaturados omega-3, ácido ruménico (*cis*-9 *trans*-11, CLA) y vaccénico (*trans*-11 $C_{18:1}$), lo que contrasta con las demandas actuales del mercado, que exige productos ricos en ácidos grasos polinsaturados y CLA, relacionados con la prevención de enfermedades cardiovasculares (Panedo *et al.*, 2013; Sanchez-Villegas y Martínez-González, 2013).

El ácido ruménico es un isómero del ácido linoleico conjugado (CLA) presente en la grasa de rumiantes, que posee propiedades anticancerígenas (Yang *et al.*, 2015). Se considera un componente funcional y nutracéutico en la carne de rumiantes (Matencio *et al.*, 2017). El ácido ruménico se origina por la desaturación endógena del ácido vaccénico, reacción catalizada por la esteroil-CoA desaturasa (SCD) (Bessa *et al.*, 2015), la cual cataliza en los tejidos la desaturación del enlace *cis*- Δ^9 en ácidos grasos saturados (Aali *et al.*, 2016), por lo que es un regulador clave de la deposición de grasa y composición de ácidos grasos en músculo.

Dervishi *et al.* (2011) establecen que los cambios en el perfil de ácidos grasos derivados del sistema de alimentación, implican cambios en los niveles de expresión del mRNA de genes relacionados con el metabolismo de ácidos grasos. Un incremento en la expresión de la enzima Δ^9 -desaturasa podría mejorar la acumulación de ácidos grasos monoinsaturados y CLA en la carne de corderos (Vasta *et al.*, 2009). En este sentido, el desarrollo de estrategias nutricionales que disminuyan los niveles de ácidos grasos saturados en alimentos derivados de rumiantes, es un objetivo primordial; sin embargo, este proceso es afectado por la actividad microbiana ruminal mediante la biohidrogenación de ácidos grasos poliinsaturados de la dieta produciendo isómeros de CLA y vaccénico, cuyas concentraciones en tejido se ven disminuidas cuando se reducen las poblaciones de bacterias celulolíticas en rumen, al utilizar dietas ricas en almidón (Oliveira *et al.*, 2016).

Ante este panorama, *Saccharomyces cerevisiae* toma importancia por su contribución en los procesos de fermentación ruminal, al incrementar las poblaciones de bacterias celulolíticas (Gaggia *et al.*, 2010), responsables de la biohidrogenación y la producción de ácido vaccénico, principal sustrato de la enzima SCD (Oliveira *et al.*, 2016). El objetivo de este estudio fue evaluar el comportamiento productivo, características de la canal y la expresión de la proteína SCD en el músculo *Longissimus dorsi* de corderos complementados con *Saccharomyces cerevisiae* bajo un sistema de producción intensivo y su relación con el perfil de ácidos grasos en la carne.

Materiales y métodos

Localización, animales y tratamientos

El estudio se realizó en las instalaciones de la unidad metabólica del Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, ubicado en Texcoco, Estado de México. El experimento tuvo una duración de 73 días de los cuales 15 días correspondieron al periodo de adaptación. El protocolo experimental relacionado con el manejo de los animales fue aprobado por el Comité de Ética del Posgrado en Ganadería de esta Institución.

Un total de 32 corderos machos de la raza Hampshire con un peso vivo de 25.82 ± 1.95 kg fueron desparasitados (Closantil® 5%: 1 mL 5 kg^{-1} PV e Ivomec® 1%: 1 mL 50 kg^{-1} PV), vitaminados (Vigantol® ADE: 2 mL cordero⁻¹), vacunados (Bobact® 8: 2.5 mL animal⁻¹) y distribuidos en un diseño completamente al azar en cuatro tratamientos (T) T1: 80% de alimento balanceado Engorda Cordero Plus® y 20% de alfalfa achicalada, T2: T1 + 3 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc, T3: T1 + 5 g animal⁻¹ d⁻¹ Sc y T4: T1 + 10 g animal⁻¹ d⁻¹ Sc, con ocho animales por tratamiento. Los animales se alojaron en jaulas metabólicas individuales acondicionadas con comedero y bebedero, y el alimento se ofreció a razón del 5% del peso vivo aportado en dos porciones al día (9:00 y 18:00 h), y el agua se ofreció *ad libitum*.

Variables de comportamiento, digestibilidad y muestreo de la canal

Se evaluó el consumo de materia seca por día (g d⁻¹) mediante el pesaje del alimento ofrecido menos el rechazado. La ganancia diaria de peso se obtuvo pesando los animales al inicio del experimento y posteriormente cada 15 días antes de ofrecer el alimento. La conversión alimenticia se calculó como la relación entre la cantidad de alimento consumido y la ganancia de peso vivo.

La digestibilidad aparente de los nutrientes se determinó por el método de cenizas insolubles en ácido (Geerken *et al.*, 1987), mediante la colecta total de heces durante tres días. Se obtuvieron muestras compuestas por unidad experimental.

Se midió el espesor de grasa dorsal y el área de musculo *Longissimus dorsi* a la altura de la 12^a y 13^a costilla (al inicio y al día 55 del experimento). Se utilizó un equipo de ultrasonografía Sonovet 600 (Universal Medical System, USA) con un transductor de 7.5 Mhz. Al día 57 se obtuvo líquido ruminal por sonda esofágica para medir el pH, concentración de AGV y nitrógeno amoniacal (N-NH₃). Al final del estudio (día 58) cinco

animales por tratamiento fueron sacrificados, e inmediatamente se extrajo el músculo *Longissimus dorsi* derecho y se dividió en dos porciones: una fue usada para determinar la composición de ácidos grasos y la otra porción se usó para el análisis de la expresión de la proteína Δ^9 -desaturasa. Las muestras de la primera porción se transportaron al laboratorio en hielo seco y se conservaron a -20°C hasta su análisis. Las muestras de tejido de la segunda porción fueron vertidas en nitrógeno líquido por 90 s, se envolvieron individualmente en papel aluminio y fueron almacenadas en hielo seco para su traslado al laboratorio, donde fueron almacenadas a -80 °C en un ultracongelador 88000 (Thermoscientific, USA).

Análisis químicos

Bromatológico

Muestras representativas del alimento ofrecido a los corderos y heces recolectadas, fueron deshidratadas en una estufa de aire forzado a 50°C y procesadas en un molino Wiley (USA) con criba de 1 mm. Para el perfil bromatológico de la carne, 50 g de tejido muscular fueron liofilizados en viales de 120 mL, previamente pesados. En las muestras de alimento, *Saccharomyces cerevisiae* (Sc), heces y tejido muscular se determinó el contenido de materia seca (MS), proteína total (PT) y cenizas (AOAC, 2005), fibra detergente neutro (FDN) y ácido (FDA) utilizando los protocolos de ANKOM Technology (2006), excepto para el tejido muscular. La determinación de extracto etéreo en muestras del alimento, Sc y tejido muscular, se realizó según la metodología descrita por Nielsen (2010). El perfil bromatológico realizado en las diferentes muestras se presenta en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Análisis químico del alimento para engorda de corderos y de *Saccharomyces cerevisiae*

Componente	Muestra	
	Alimento ^b	YS1026*
Materia seca, %	97.57	95.64
Humedad, %	2.43	4.36
Proteína, %	15.93	28.4
FDN, %	29.05	30.18
FDA, %	14.90	17.15
Extracto etéreo, %	1.77	5.18
Cenizas, %	9.55	6.66

CIA [‡] , %	0.03	0.20
Perfil de ácidos grasos, % del total de esterres de ácidos grasos metilados		
Mirístico	0.72	0.2
Palmítico	27.27	17.32
Palmitoleico	-	1.54
Heptadecanoico	0.90	0.08
Esteárico	3.59	3.05
Eládico	1.75	0.14
Oleico	36.38	21.48
Linoleico	23.68	50.12
Araquídico	0.76	0.84
Linolénico	2.93	2.13

[‡] Alimento para corderos (Cordero Plus®, Grupo Unión, Tepexpan).

* Levadura *Saccharomyces cerevisiae*.

[‡] Cenizas insolubles en ácido.

Perfil de ácidos grasos

El perfil de ácidos grasos en alimento, *Saccharomyces cerevisiae* y tejido muscular se determinó con base a las técnicas descritas por Palmquist y Jenkins (2003), Jenkins (2010) y Cesaro *et al.* (2013). Se pesó 0.5 g de muestra, se agregaron 2 mL de metóxido de sodio en metanol (0.5 M, Cat. 403067, Sigma) y se agitó en vórtex (Mixer, USA) y se incubó en baño María a 50°C por 10 min. La muestra se dejó enfriar por 5 min y se añadieron 3 mL de ácido clorhídrico metanólico (5%, 1.37 M, Sigma, Cat. 33050-U), se agitó en vórtex e incubó en baño María a 78 °C por 12 min. Se dejó enfriar por 7 min y se añadieron 3 mL de hexano (J.T.Baker, Cat. 9309-02) y 5 mL de K₂CO₃ (6%, 0.43 M, Merck, Cat. 409449). La muestra se agitó en vórtex y se centrifugó a 2500 x g por 5 min, se extrajo la fracción de hexano (sobrenadante) y se vació en un tubo de polipropileno (16 mL) agregando 0.5 g de sulfato de sodio (Sigma, Cat. S-6264) y 0.1 g de carbón activado (J.T.Baker, Cat. E345-07). La muestra se agitó en vórtex y se centrifugó a 1500 x g por 5 min. La fase limpia de hexano se extrajo y se pasó a través de microfiltros (17 mm-0.45µm, Titan, Cat. 44513-N) a un vial para cromatografía (Thermo Scientific, Cat. C4000-2W).

Las muestras se analizaron en un cromatógrafo de gases (HP 6890, USA) provisto con inyector automático (HP 7683, USA) y charola de muestras con automuestreador. Se utilizó una columna capilar Supelco SPTM 2560 (USA) de 100 m x 0.25 mm x 0.2 µm a una

presión de 199.94 kPa. Las condiciones del detector fueron: flujo de aire de 330 mL min⁻¹, flujo de hidrógeno de 33 mL min⁻¹ a una temperatura de 260 °C, las condiciones del inyector (250°C) fueron: helio como gas acarreador con un Make up de 18 mL min⁻¹ a una presión de 199.94 kPa y un tiempo de corrida de 62 min. La rampa de temperatura fue: rampa 1: velocidad de 1°C min⁻¹, temperatura de 140°C, tiempo de 2.95 min, rampa 2: velocidad de 3°C min⁻¹, temperatura de 210°C, rampa 3: velocidad de 0.7°C min⁻¹, temperatura de 235°C. Para la identificación de los tiempos de retención de los esteres metílicos se utilizó el estándar C4 – C24 (Supelco, 18919).

Expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa (SCD)

Aislamiento de microsomas

Los microsomas se aislaron por centrifugación diferenciada (Vasta *et al.*, 2009), a partir de 5 g de tejido del músculo *Longissimus dorsi* previamente conservado a – 80 °C. El tejido fue homogenizado en 25 mL de buffer de extracción Tris-sacarosa (Tris-HCl 10 mM, sacarosa 250 mM, pH 7.4) y centrifugado a 13,500 g durante 10 min. El sobrenadante que contenía las fracciones citosólicas y microsomales fue colectado, y su volumen se midió para adicionar la cantidad de CaCl₂ (J.T. Baker, Cat. F45337) necesaria para una concentración final de 8 mM. El pellet microsomal fue obtenido por centrifugación a 17,500 g por 1 h. Se descartó el sobrenadante y el pellet resultante se resuspendió en un buffer que contenía KCl (150 mM, Merck, Cat. 409449) y Tris-HCl (10 mM, pH 7.4, Promega, Cat. H5131). La solución resuspendida se transfirió a un tubo Eppendorf nuevo de 1.5 mL. La concentración de proteína microsomal se midió en un BioPhotometer (Eppendorf, USA), utilizando albumina sérica de bovino como estándar para determinar la curva de calibración (concentraciones: 0; buffer de resuspensión, 1.5, 3 y 4.5 mg mL⁻¹). Las muestras se midieron en una dilución 1:20, utilizando celdas desechables y un volumen de 1 mL. Se registró el valor de absorción A₂₈₀ corregido por el factor de turbidez A₃₂₀. Las concentraciones de proteína microsomal se reportaron en µg µL⁻¹.

Limpieza de las proteínas microsomales

A 50 µg de muestra se adicionaron 200 µl de ácido tricloroacético (ATA, 15%, J.T. Baker, Cat. 0414-01). Se incubó a 4 °C por 1 h y se centrifugó a 13,000 g por 15 min. Se descartó

el sobrenadante y se lavó el precipitado dos veces con 1 mL de acetona y entre cada lavado, se centrifugó a 13,000 g por 5 min. Se descartó el sobrenadante y finalmente se realizó otro lavado con 1 mL de solución acetona: agua (9:1), se centrifugó a 13,000 g durante 5 min, se desechó el sobrenadante y se dejó secar durante 1 hora en campana de flujo con la tapa del tubo abierta. Las muestras se almacenaron a -20 °C hasta su análisis.

SDS-PAGE

A las muestras de proteína microsomal previamente tratadas con ATA-acetona, se les adicionaron 25 µl de buffer reductor 1X [β -mercaptoetanol (Sigma, Cat. M6250) al 4.54% del buffer no reductor (Buffer no reductor 2X: amortiguador del gel superior, Tris-HCl 0.25M pH 6.8, 59.5 mM; SDS, 10%, azul de bromofenol (Sigma, Cat. B8026), glicerol y agua)]. Se incubaron en agua a 95°C durante 5 min y posteriormente se colocaron en hielo para provocar choque térmico. De esta manera, 3 µL buffer reductor más proteína microsomal fueron separados en un gel de stacking [gel inferior 10%: 20.25 mL de agua desionizada; 12.5 mL de amortiguador separador, Tris-HCl 1.5M; 500 µl de SDS al 10%; 16.75 mL de acrilamida (Promega, Cat. V3115)/bisacrilamida (Promega, Cat. V3141) (29.2:0.8); 175 µl de APS y 42.5 µl de Temed; gel superior 4%: 12 mL de agua desionizada; 5.04 mL de amortiguador separador; 264 µl de SDS al 10%; 2.64 mL de acrilamida/bisacrilamida (29.2:0.8); 167 µl de APS y 23 µl de Temed] y se corrieron a 70 V durante 10 min, para que la muestra entrara y después a 150 V durante 50 min, con un buffer de corrida TBE 1X (Tris base, 0.09 M; ácido bórico, 0.09 M; EDTA, 2 mM; SDS, 0.1%; pH 8.0-8.3). Se utilizó como referencia de peso el marcador HyperPage Prestained Protein Marker (1.2 µL, Bioline, Cat. 33060). Al término de la corrida, el gel se fijó con 200 mL de solución de etanol al 10% y ácido acético al 0.5%, por 5 min. Se desechó la solución y se enjuagó dos veces con agua destilada, después se tiñó con 250 mL de solución de nitrato de plata al 0.1% (Sigma, Cat. 209139) por 8 min. Se recuperó la solución y el gel se enjuagó con agua destilada; el bandeo se reveló con una solución de NaOH (3%) y formaldehído (0.5%) hasta que las bandas fueran visibles, se desechó la solución y se enjuagó el gel tres veces con agua destilada, finalmente se le agregaron 200 µl de solución EDTA (3%, J.T. Baker, Cat. 4040-04).

Cuantificación de la expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa (SCD)

Una vez revelado el gel, este se fotodocumentó en un equipo MagorScience, y la expresión de la proteína SCD se determinó por densidad, mediante el programa SmartView Pro 1100 Imager System.

Análisis experimental

Las variables de estudio se analizaron mediante un PROC GLM de SAS (2013) utilizando como covariable el peso vivo inicial para el consumo de materia seca (CMS), ganancia diaria de peso (GDP) y conversión alimenticia (CA); así mismo, para las variables espesor de grasa dorsal (EG) y área del músculo *Longissimus dorsi* (AML) se utilizó como covariable EG y AML inicial. La comparación de medias se realizó mediante la prueba de Tukey (Steel *et al*, 1997). El perfil de ácidos grasos de cadena larga en carne se evaluó mediante polinomios ortogonales y se determinó el coeficiente de correlación entre la densidad de expresión de la enzima estearoil-CoA desaturasa y el perfil de ácidos grasos de la carne mediante el procedimiento CORR de SAS (2013).

Resultados

Comportamiento animal y digestibilidad aparente

La inclusión de niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae* (Sc) en la dieta de corderos engordados en condiciones intensivas mejoró ($P=0.011$) la conversión alimenticia (Cuadro 2); sin embargo, la dosis más alta de Sc ($10 \text{ g animal}^{-1} \text{ d}^{-1}$) disminuyó el consumo de materia seca (CMS, $P=0.001$) y la ganancia diaria de peso (GDP, $P=0.015$). El peso final de los corderos y la digestibilidad aparente de los nutrientes no fueron afectados ($P>0.05$) con la complementación de la levadura.

Cuadro 2. Variables de comportamiento animal y digestibilidad aparente de corderos complementados con niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae**

Variable	T1	T2	T3	T4	EEM	P
Comportamiento animal						
Peso inicial, kg	25.76	26.15	25.85	25.52	0.344	0.941
Peso final, kg	43.13	44.12	43.68	43.44	0.380	0.848
CMS, kg d ⁻¹	1.75 ^a	1.72 ^a	1.71 ^a	1.47 ^b	0.030	0.001
GDP, g d ⁻¹	325.65 ^{ab}	336.26 ^a	340.25 ^a	292.16 ^b	5.962	0.015
CA, kg MS kg PV ⁻¹	7.66 ^a	5.73 ^b	5.60 ^b	5.53 ^b	0.278	0.011
Digestibilidad aparente, %						
MS	81.42	81.48	81.23	79.25	0.845	0.7732
MO	78.95	79.02	78.73	76.48	0.958	0.7732
FDN	68.57	66.52	67.02	62.86	1.414	0.5569
FDA	67.25	63.8	64.15	60.06	1.642	0.5145
NT	78.90	80.20	80.04	77.76	0.965	0.8128

* Yea Sacc¹⁰²⁶ Alltech.

T1: Dieta experimental, T2: T1 + 3 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc, T3: T1 + 5 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc, T4: T1 + 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc.

CMS: Consumo de materia seca; GDP: Ganancia diaria de peso; CA: Conversión alimenticia; EEM: Error estándar de la media. MS: Materia seca; MO: Materia orgánica; FDN: Fibra en detergente neutro; FDA: Fibra en detergente ácido y NT: Nitrógeno total.

a, b y c: medias con diferente literal en la misma fila indican diferencia estadística.

Evaluación y características físico-químicas de la canal

El área del músculo *Longissimus dorsi* y el espesor de grasa dorsal de los corderos no presentaron cambios (P>0.05) entre los tratamientos evaluados (Cuadro 3). La complementación con Sc tampoco afectó (P>0.05) el peso y rendimiento de la canal caliente y pH, de igual manera, el perfil bromatológico de la carne y sus características físico-químicas no se modificaron (P>0.05, Cuadro 3) con la inclusión de Sc.

Cuadro 3. Evaluación y características físico- químicas de la canal de corderos complementados con niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae**

Variable	T1	T2	T3	T4	EEM	P
AML, mm ²	1203	1206	1197.38	1117.38	17.870	0.1026
EG, mm	3.88	4.13	4.00	3.88	0.071	0.5636
PCC, kg	23.24	23.16	22.44	23.26	0.295	0.7544
RCC, %	53.86	52.56	51.42	53.56	0.648	0.5743
pH	6.30	6.18	6.07	6.33	0.098	0.8121
Humedad (%)	73.45	73.54	73.20	73.63	0.344	0.9788
Proteína (%)	19.83	20.25	20.28	19.95	0.248	0.9117

EE (%)	4.30	3.73	3.60	3.97	0.199	0.6564
Cenizas (%)	1.18	1.29	1.27	1.22	0.035	0.6882
CRA	0.32	0.29	0.29	0.29	0.011	0.7003
<i>L</i>	32.82	31.84	31.97	33.03	0.557	0.8578
<i>A</i>	16.99	16.67	16.35	17.05	0.299	0.8541
<i>b</i>	2.96	3.86	2.76	2.95	0.206	0.2379

* Yea Sacc¹⁰²⁶, Alltech.

T1: Dieta experimental, T2: T1 + 3 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc, T3: T1 + 5 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc, T4: T1 + 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc.

AML: Área del músculo *Longissimus dorsi*; EG: Espesor de grasa; PCC: Peso canal caliente; RCC: Rendimiento en canal caliente; EE: Extracto etéreo; CRA: Capacidad de retención de agua.

EEM: Error estándar de la media.

Expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa (SCD) y perfil de ácidos grasos en carne

La inclusión de 5 y 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de *Saccharomyces cerevisiae* (Sc) disminuyó de forma lineal (P=0.03) las concentraciones del ácido oleico (P= 0.08) y palmitoleico (P=0.08) en el músculo *Longissimus dorsi* (Cuadro 4). Las concentraciones del ácido linoleico (P=0.02) y gran parte de los isómeros C_{18:1} *trans* 10 y *trans* 11 (P=0.04) se incrementaron linealmente con el uso de la levadura, mientras que las concentraciones de linolénico (P=0.03) y araquidónico se incrementaron de forma cuadrática para T2 y T3, sin observarse cambios (P>0.05) en T1 y T4.

Cuadro 4. Perfil de ácidos grasos (% del total de ésteres de ácidos grasos metilados) de la carne de corderos complementados con niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae**

Ácido graso	Tratamientos				EEM	Efecto		
	T1	T2	T3	T4		L	Q	C
C12:0	0.09	0.10	0.11	0.10	0.01	0.43	0.49	0.74
C14:0	2.58	2.41	2.63	2.44	0.10	0.84	0.96	0.42
C14:1 Ω5	0.11	0.14	0.08	0.08	0.02	0.36	0.62	0.34
C15:0	0.31	0.37	0.38	0.32	0.02	0.75	0.11	0.83
C16:0	26.17	24.56	25.81	25.82	0.34	0.95	0.25	0.20
C16:1 Ω7	2.49	2.30	2.31	2.02	0.09	0.08	0.75	0.51
C17:0	1.14	1.18	1.27	1.07	0.05	0.74	0.23	0.44
17:1, <i>cis</i> 10	0.93	0.96	0.96	0.72	0.04	0.10	0.12	0.57
C18:0	13.44	13.32	13.15	13.82	0.35	0.77	0.60	0.79

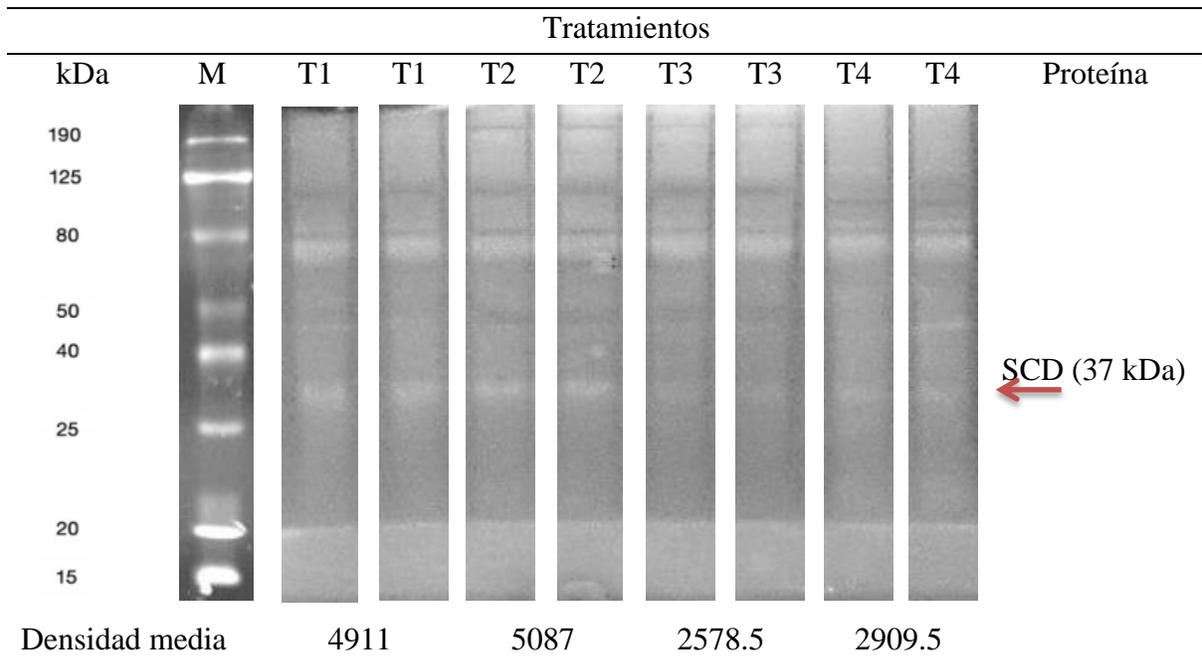
C18:1 <i>iso trans</i>	4.58	5.06	4.98	6.95	0.38	0.04	0.29	0.40
C18:1 Ω9	41.82	41.90	40.44	38.34	0.61	0.03	0.34	0.86
C18:2 Ω6	4.71	5.31	5.75	6.27	0.24	0.02	0.93	0.91
C20:0	0.05	0.12	0.05	0.07	0.02	0.95	0.49	0.16
C20:5 Ω3	0.12	0.14	0.10	0.11	0.01	0.40	0.92	0.28
C18:3 Ω3	0.34	0.43	0.46	0.40	0.02	0.14	0.03	0.85
18:2 <i>c9 t11</i>	0.35	0.49	0.35	0.41	0.04	0.90	0.65	0.22
20:4 Ω6	0.77	1.23	1.17	0.87	0.08	0.76	0.03	0.72

* Yea Sacc¹⁰²⁶ Alltech.

T1: Dieta experimental, T2: T1 + 3 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc, T3: T1 + 5 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc, T4: T1 + 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc. L: Efecto lineal; C²: Efecto cuadrático; C³: Efecto cúbico; EEM: Error Estándar de la Media

La inclusión de 5 y 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc en la dieta de corderos disminuyó la expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa en el músculo *Longissimus dorsi* (Cuadro 5). El cambio en la expresión de la proteína SCD, se correlacionó con la disminución en la concentración del ácido oleico (C_{18:1}) (r = 0.70, P=0.70) y con el incremento en la concentración del ácido linoleico (C_{18:2}) (r = -0.75, P=0.03).

Cuadro 5. Expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa en músculo *Longissimus dorsi* de corderos complementados con niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae**



* Yea Sacc¹⁰²⁶ Alltech.

T1: Dieta experimental, T2: T1 + 3 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc, T3: T1 + 5 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc, T4: T1 + 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc.

M: Marcador para proteínas HyperPAGE Prestained Protein Marker (10 kDa a 190 kDa); SCD: Esteroil-CoA desaturasa; kDa: Peso molecular en kiloDaltons

Discusión

Comportamiento animal y digestibilidad aparente

A pesar de que en la literatura está documentado el incremento en el consumo de materia seca (CMS) causado por Sc al estimular la fermentación ruminal (Desnoyers *et al.*, 2009; Brewer *et al.*, 2014; Hernández-García *et al.*, 2015), en el presente estudio la complementación con 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc disminuyó el CMS en corderos alimentados con una dieta concentrada. Este efecto podría relacionarse con la capacidad de Sc de incrementar la flora microbiana y optimizar el aprovechamiento de los componentes de la dieta (Elghandour *et al.*, 2014), reflejándose en una mejora de la conversión alimenticia, como ocurrió en el presente estudio, al incluir niveles crecientes de la levadura. Por otro lado, Fonty y Chaucheyras-Durand (2006) han documentado el aumento de bacterias fibrolíticas ruminales con el uso de Sc, las cuales incrementan la degradabilidad de la MS al utilizar las paredes celulares (Lascano *et al.*, 2009); sin embargo, el alto nivel de concentrado y el bajo contenido de FDN (29.05%) de la dieta en el presente estudio impidió observar respuesta positiva en esta variable al complementar con Sc. Mousa *et al.* (2012) destacaron la importancia de la proporción forraje: concentrado en la dieta de rumiantes, observando mayor digestibilidad de la MS, proteína y fibra cuando se incluyen 5 y 7.5 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc y 40% de forraje en la dieta de corderos; no obstante, el nivel de forraje ofrecido a los corderos del presente estudio fue de 20%, y es congruente con lo reportado por Issakowicz *et al.* (2013) quienes no observaron cambios en la digestibilidad de los nutrientes al adicionar 5 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc en una dieta concentrada (80%; 29.4% FDN) para corderos.

La reducción ($P < 0.05$) en la ganancia diaria de peso (GDP) y el peso inicial de los corderos complementados con 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc no repercutió en el peso final de los animales, el cual no fue influenciado por el peso inicial. La respuesta en la GDP con la inclusión de Sc se explica por el bajo CMS observado en este estudio, el cual estuvo en función del contenido de proteína en la dieta (15.9%) y la inclusión de Sc (Kawas *et al.*, 2007). Está

documentado que la adición de Sc en dietas con niveles de proteína inferiores a 12.5%, se relaciona con incrementos en la degradación del alimento y las variables de comportamiento animal, por efecto de la levadura (Castillo *et al.*, 2006); entre éstas, la ganancia diaria de peso (Kawas *et al.*, 2007), la cual depende del incremento en el CMS y conversión alimenticia, derivado de mejoras en los coeficientes de digestibilidad de la materia orgánica (MO), nitrógeno (N) y FDN. Estas variables, en el presente estudio fueron similares entre tratamientos ($P>0.05$), y contrastan con lo reportado por Haddad y Goussous (2005) quienes los relacionan positivamente con un incremento en la GDP de corderos, al complementar $3 \text{ g animal}^{-1} \text{ d}^{-1}$ de Sc.

La similitud del peso final entre los tratamientos evaluados observada en este estudio podría estar relacionada con el nivel de concentrado ofrecido a los corderos. Se ha reportado un incremento significativo en la masa muscular de animales alimentados con altos niveles de concentrado, principalmente por el alto nivel de energía consumida en la dieta (Issakowicz *et al.*, 2013), aunado a un posible mayor flujo de proteína microbiana con la inclusión de la levadura, la cual solo es benéfica en situaciones donde la proteína es deficiente en la dieta (Zicarelli *et al.*, 2016); sin embargo, la respuesta en el crecimiento animal depende de factores como el tipo y la cantidad de levadura utilizada, el valor nutritivo del alimento, la relación forraje: concentrado, el contenido de proteína en la dieta (Domínguez-Vara *et al.* 2009), la especie y edad del animal, estado fisiológico y estrategia de nutrición (Mousa *et al.*, 2012).

Rendimiento y características físico-químicas de la canal

Está documentado que el peso final de los corderos explica en buena medida los cambios en el espesor de grasa dorsal (EG), área del músculo *Longissimus dorsi* (AML) y rendimiento de la canal caliente (RCC) (Hernández-García *et al.*, 2015); en este sentido, la similitud observada entre el peso final de los corderos ($P>0.05$) en los tratamientos evaluados en esta investigación, explica la ausencia de cambios en dichas variables al depender directamente del peso al que se sacrifican los animales. Congruente con estos resultados, Bueno *et al.* (2000) afirman que la deposición de grasa es afectada de manera lineal y positiva por la edad del animal, lo que también podría explicar la naturaleza de los resultados encontrados en el presente estudio, ya que los animales fueron sacrificados a una

edad apropiada (130 d), en la que la grasa se distribuye eficientemente y provee una cobertura homogénea, sin llegar a ser excesiva, como ocurrió en la investigación realizada por Issakowicz *et al.* (2013) al aportar 5 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc en la dieta de corderos alimentados con 80% de concentrado.

Por otro lado, Rufino *et al.* (2013) relacionaron un mayor contenido de proteína en carne cuando el espesor de grasa subcutánea es menor; sin embargo, los resultados de este estudio indicaron un contenido similar ($P>0.05$) de proteína y grasa en la carne de los corderos con los tratamientos evaluados (Cuadro 3). No obstante, los valores de proteína total, humedad, extracto etéreo y cenizas determinados en este estudio, se ubican dentro de los valores promedio reportados para carne de cordero, los cuales son de 75% de humedad, 19% de proteína total, 4% de grasa y 1% de materia mineral (Prata, 1999). Swyers *et al.* (2014) afirman que la inclusión de Sc incrementa la concentración de propionato en dietas concentradas, y se relaciona con incrementos en la deposición de grasa intramuscular, optimización del marmoleo y la calidad de la canal, y mejora las propiedades sensoriales de la carne (Campo *et al.*, 2003); pero en este estudio, la inclusión de Sc no afectó el porcentaje de grasa intramuscular.

El Cuadro 3 presenta los componentes de color de la carne (L , a y b) y la capacidad de retención del agua (CRA), los cuales no fueron afectados por la inclusión de niveles crecientes de Sc en la dieta. Se ha reportado que la complementación con este aditivo incrementa la CRA, derivado de un aumento en el número de moléculas de agua enlazadas a las proteínas musculares, en respuesta a un mayor porcentaje de proteína total en la carne (Hascik *et al.*, 2009). Esta variable, incrementa el diámetro de las fibras musculares por una estructura miofibrilar más abierta y con menor capacidad de reflejar la luz en la superficie de la carne (Colmenarez *et al.*, 2014). Estas características, ofrecen un color más oscuro derivado de un incremento en el valor del componente a (color rojo) (Milewski y Zaleska, 2011), lo cual explica que los valores del componente a en este estudio fueran similares entre tratamientos (Cuadro 3), ya que Sc no modificó los porcentajes de proteína total en la carne, descartando cualquier efecto sobre la CRA y el color.

Expresión de la proteína esteroil-CoA desaturasa (SCD) y perfil de ácidos grasos en carne

La expresión de la enzima esteroil-CoA desaturasa (SCD) fue menor ($P < 0.05$) en el músculo *Longissimus dorsi* de corderos complementados con 5 y 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de *Saccharomyces cerevisiae* (Sc). Este comportamiento, se relacionó con una menor concentración de ácido oleico (C_{18:1}), y palmitoleico (C_{16:1}) (Cuadro 4), los cuales son sintetizados por la desaturación del ácido palmítico (C_{16:0}) y esteárico (C_{18:0}) vía la enzima SCD (Dervishi *et al.*, 2011); no obstante, a estos cambios la concentración de C_{16:0} y C_{18:0} fueron similares entre tratamientos.

En rumiantes, la incorporación de los ácidos grasos en el tejido muscular precedentes de la dieta es afectada por la biohidrogenación microbiana del rumen (Vasta *et al.*, 2009). DeVries y Chevaux (2014) señalan que la complementación de Sc en la dieta de rumiantes crea condiciones favorables para bacterias celulolíticas, que responsables de isomerizar y biohidrogenar los ácidos grasos insaturados de la dieta, los cuales implican cambios en los niveles de expresión de la proteína SCD (Vasta *et al.*, 2009). En este sentido, se ha demostrado el efecto inhibitorio de los ácidos grasos polinsaturados en la actividad de la enzima SCD (Urrutia *et al.*, 2015), incrementando las concentraciones de α -C_{18:3} e isómeros C_{18:1trans} en músculo, efecto similar al observado en el presente estudio, en donde las proporciones de α -C_{18:3}, y la sumatoria de C_{18:1trans10} y C_{18:1trans11} se incrementaron con la inclusión de 3, 5 y 10 g animal⁻¹ d⁻¹ de Sc, probablemente por un aumento en la cantidad de α -C_{18:3} que escapó del proceso de biohidrogenación y se incorporó en el tejido adiposo intramuscular (Urrutia *et al.*, 2015). No obstante, estos resultados contrastan con la capacidad de Sc de optimizar la biohidrogenación ruminal, al estabilizar el pH e incrementar la actividad microbiana (Chaucheyras- Durand *et al.*, 2008), aunado a que los niveles de α -C_{18:3} aportados por la dieta y por la levadura apenas alcanzaban el 2.93 y 2.13% del perfil graso, respectivamente.

Así mismo, la inclusión de niveles crecientes de Sc no cambió la síntesis y deposición endógena del ácido ruménico (C_{18:2 cis9, trans11}), como lo reportaron Mileswski y Zaleska (2011) al complementar la dieta con 50 g kg⁻¹ MS de Sc, pero si incremento la sumatoria de C_{18:1trans10} y C_{18:1trans11}. Bessa *et al.* (2015) indican que las concentraciones de C_{18:2 cis9, trans11} en musculo se originan de la desaturación endógena del C_{18:1 trans11} catalizada por la SCD,

lo que, según nuestros resultados debería haberse relacionado con una menor concentración de $C_{18:2\ cis9, trans11}$ al disminuirse la expresión de la enzima SCD con la complementación de la levadura; no obstante, las concentraciones de $C_{18:1trans10}$ y $C_{18:1trans11}$ en este estudio se incrementaron, lo que podría relacionarse con la acumulación del isómero $C_{18:1 trans10}$ y una baja concentración de $C_{18:1trans11}$ por efecto del alto nivel de concentrado ofrecido en la dieta (Bravo-Lamas *et al.*, 2016), lo que comprometería la calidad nutricional de la carne, ya que la presencia de este isómero se relaciona con cambios no saludables en los lípidos de la sangre y problemas cardiovasculares del consumidor (Bauchart *et al.*, 2007). Sin embargo, estos resultados no son concluyentes ya que no se reportaron las concentraciones de estos isómeros individualmente, de manera tal que nos permita conocer el comportamiento de cada uno.

Estos cambios en el perfil de ácidos grasos de la grasa intramuscular con el uso de Sc, permiten modificar la cantidad de ácidos grasos esenciales en la carne; no obstante, es importante considerar la epigenética propiciada por la interacción entre la levadura y el genotipo del animal. Al respecto, está documentado que el gen responsable de codificar para la proteína SCD en el metabolismo graso, es responsable de la variación en el fenotipo observado para la deposición de grasa y la composición de los ácidos grasos en la carne de rumiantes (García-Fernández *et al.*, 2010). De esta manera se ha identificado la variación de ácidos grasos entre los diferentes alelos para el gen que codifica la enzima SCD (SCD-1 y SCD-2) en corderos, encontrándose que la variación entre genotipos impacta las concentraciones de $C_{18:1}$, $C_{18:2}$, $C_{18:3}$, araquidónico ($C_{20:4\ n-6}$), eicosapentaenoico ($C_{20:5}$) y docohexaenoico ($C_{22:6}$); sin embargo, en este estudio no se evaluó la variación genotípica del gen SCD y el efecto de la inclusión de Sc, lo que resalta la importancia de generar investigación dirigida a identificar estos polimorfismos y el efecto de incluir Sc en la dieta para modificar el perfil de ácidos grasos en la carne (Ward *et al.*, 1998), potencializando la actividad de la enzima SCD como regulador en la síntesis, deposición, oxidación y composición de ácidos grasos en los lípidos de la canal y la carne (Warensjö *et al.*, 2007).

Conclusiones

La complementación de niveles crecientes de *Saccharomyces cerevisiae* en la dieta de corderos se presenta como una alternativa para mejorar la calidad nutricional de la carne, al

reducir la expresión de la proteína estearoil-CoA desaturasa e incrementar las concentraciones de $C_{18:2 \Omega 6}$, $C_{18:3 \Omega 3}$, $C_{20:4 \Omega 6}$, ácidos grasos beneficios para la salud del consumidor. Este hallazgo genera una herramienta nutrigenómica para la manipulación del perfil graso en la carne, por lo que es necesario incrementar la investigación relacionada con la identificación de polimorfismos en el gen que codifica para la proteína SCD y su interacción con la complementación de *Saccharomyces cerevisiae*.

Con base a las condiciones y resultados obtenidos en el presente estudio, se recomienda la inclusión de $5 \text{ g animal}^{-1} \text{ d}^{-1}$ de Sc, por incrementar las concentraciones de ácidos grasos polinsaturados, sin afectar drásticamente las concentraciones de ácidos grasos monoinsaturados e isómeros $C_{18:1trans10}$ y $C_{18:1trans11}$.

Literatura citada

- Aali, M., Moradi-Shahrbabak, H., Moradi-Shahrbabak, M., Sadeghi, M., Kohram H. 2016. Polymorphism in the SCD gene is associated with meat quality and fatty acid composition in Iranian fat- and thin-tailed sheep breeds. *Livestock Science*. 188, 81–90.
- ANKOM Technology. 2006. Operator's manual ANKOM ^{200/220} Fiber Analyzer. Ankom Technology, Macedon, New York. USA. 27 p.
- AOAC. 2005. Association of Official Analytical Chemists, Official methods of analysis of AOAC International. 18th edition. USA. 176 p.
- Bauchart, D., Roy, A., Lorenz, S., Chardigny, J. M., Ferlay, A., Gruffat, D., Durand, D. 2007. Butters varying in trans 18:1 and *cis*-9, *trans*-11 conjugated linoleic acid modify plasma lipoproteins in the hypercholesterolemic rabbit. *Lipids*. 42, 123–133. <http://dx.doi.org/10.1007/s11745-006-3018-0>.
- Bessa, J. B. R., Alves, P. S., Santos-Silva, J. 2015. Constraints and potentials for the nutritional modulation of the fatty acid composition of ruminant meat. *European Journal of Lipid Science and Technology*. 117, 1325-1344.
- Bravo-Lamas, L., Barron, L. J. R., Kramer, J. K. G., Etaio, I., Aldai, N. 2016. Characterization of the fatty acid composition of lamb commercially available in

- northern Spain: Emphasis on the trans-18:1 and CLA content and profile. *Meat Science*. 117, 108–116. <http://dx.doi.org/10.1016/j.meatsci.2016.02.043>.
- Brewer, M. T., Anderson, K. L., Yoon, I., Scott, M. F., Carlson, S. A. 2014. Amelioration of salmonellosis in pre-weaned dairy calves fed *Saccharomyces cerevisiae* fermentation products in feed and milk replacer. *Veterinary Microbiology*. 172, 248–255.
- Bueno, M. S., Cunha, E. A., Santos, L. E., Roda, D. S., Leinz, F. F. 2000. Características de carcaça de cordeiros Suffolk abatidos em diferentes idades. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 29, 1803–1810.
- Campo, M. M., Nute, G. R., Wood, J. D., Elmore, S. J., Mottram, D. S., Enser, M. 2003. Modelling the effect of fatty acids in odour development of cooked meat in vitro: part I-sensory perception. *Meat Science*. 63, 367-375.
- Castillo, C., Hernández, J., Méndez, J., Llena, J., Pereira, V., López-Alonso, M., Benedito, J. L. 2006. Influence of grain processing on acid base balance in feedlot steers. *Veterinary Research Communications*. 30, 823–837.
- Chaucheyras-Durand, F., Walker, N. D., Bach, A. 2008. Effects of active dry yeasts on the rumen microbial ecosystem: Past, present and future. *Animal Feed Science Technology*. 145, 5–26.
- Cesaro, G., Tagliapietra, F., Grigoletto, L., Cecchinato, A., Dannenberger, D., Bittante, G., Schiavon, S. 2013. Fecal sample preparation methods for gas chromatography analysis of fatty acids of ruminants fed different amounts of rumen protected conjugated linoleic acids (CLA). *Animal Feed Science and Technology*. 183, 184–194.
- Colmenarez, D., Pargas-Alvarado, H., Zapata, Th., Cordero, G., Fuentes, M., Puzzar, E. 2014. Efecto de la edad al sacrificio sobre el color y la capacidad de retención de agua de la carne de toros provenientes del Brasil. *Gaceta de Ciencias Veterinarias*. 19(2), 46-53.
- Dervishi, E., Serrano, C., Joy, M., Serrano, M., Rodellar, C., Calvo, J. H. 2010. Effect of the feeding system on the fatty acid composition, expression of the $\Delta 9$ -desaturase,

- Peroxisome Proliferator-Activated Receptor Alpha, Gamma, and Sterol Regulatory Element Binding Protein 1 genes in the semitendinous muscle of light lambs of the Rasa Aragonesa breed. *BMC Veterinary Research*. 6, 1–11.
- Dervishi, E., Serrano, C., Joy, M., Serrano, M., Rodellar, C., Calvo, J. H. 2011. The effect of feeding system in the expression of genes related with fat metabolism in semitendinous muscle in sheep. *Meat Science* 89, 91–97.
- Desnoyers, M., Giger-Reverdin, S., Bertin, G., Duvaux-Ponter, C., Sauvant, D. 2009. Meta-analysis of the influence of *Saccharomyces cerevisiae* supplementation on ruminal parameters and milk production of ruminants. *Journal of Dairy Science*. 92, 1620–1632.
- DeVries, T. J., Chevaux, E. 2014. Modification of the feeding behavior of dairy cows through live yeast supplementation. *Journal of Dairy Science*. 97, 6499–6510.
- Domínguez-Vara, I. A., González-Muñoz, S. S., Pinos-Rodríguez, J. M., Bórquez-Gastélum, J. L., Bárcena-Gama, R., Mendoza-Martínez, G., Zapata, L. E., Landois-Palencia, L. L. 2009. Effects of feeding selenium-yeast and chromium-yeast to finishing lambs on growth, carcass characteristics, and blood hormones and metabolites. *Animal Feed Science and Technology*. 152, 42–49.
- Elghandour, M. Y. M., Vázquez, C. J. C., Salem, A. Z. M., Kholif, A. E., Martínez, C. J. S., Camacho, M. L., Cerrillo-Soto, M. A. 2014. Effects of *Saccharomyces cerevisiae* at direct addition or pre-incubation on *in vitro* gas production kinetics and degradability of four fibrous feeds. *Italian Journal of Animal Science*. 13, 295-301.
- Fonty, G., Chaucheyras-Durand, F. 2006. Effects and modes of action of live yeasts in the rumen. *Biologia*. 61, 741–750.
- Gaggia, F., Mattarelli, P., Biavati, B. 2010. Probiotics and prebiotics in animal feeding for safe food production. *International Journal of Food Microbiology*. 141, S15–S28.
- García-Fernández, M., Gutiérrez-Gil, B., García-Gámez, E., Sánchez, J., Arranz, J. 2010. Detection of quantitative trait loci affecting the milk fatty acid profile on sheep chromosome 22: role of the stearoyl-CoA desaturase gene in Spanish Churra sheep. *Journal of Dairy Science*. 93, 348–357.

- Geerken, C. M., Calzadilla, D., González, R. 1987. Aplicación de la técnica de dos marcadores para medir el consumo de pasto y la digestibilidad de la ración de vacas de pastoreo suplementadas con concentrado. *Pastos y forrajes*. 10, 266–273.
- Haddad, S. G., Goussous, S. N. 2005. Effect of yeast culture supplementation on nutrient intake, digestibility and growth performance of Awassi lambs. *Animal Feed Science and Technology*. 118, 343–348.
- Hascik, P., Kacaniova, M., Novakova, I., Fikselova, M., Kulisek, V., Vavrisinova, K., Arpasova, H. 2009. Effect of probiotics on protein production in fattening chicken meat. *Slovak Journal of Animal Science*. 42, 22–26.
- Hernández-García, P. A., Lara-Bueno, A., Mendoza-Martínez, G. D., Bárcena-Gama, J. R., Plata-Pérez, F. X., López-Ordaz, R., Martínez-García, J. A. 2015. Effects of feeding yeast (*Saccharomyces cerevisiae*), organic selenium and chromium mixed on growth performance and carcass traits of hair lambs. *Journal of Integrative Agriculture*. 14(3), 575–582.
- Issakowicz, J., Bueno, M. S., Sampaio, A. C. K., Duarte, K. M. R. 2013. Effect of concentrate level and live yeast (*Saccharomyces cerevisiae*) supplementation on Texel lamb performance and carcass characteristics. *Livestock Science*. 155, 44–52.
- Jenkins, T.C. 2010. Technical note: Common analytical errors yielding inaccurate results during analysis of fatty acids in feed and digesta samples. *Journal of Dairy Science*. 93, 1170–1174.
- Kawas, J. R., García-Castillo, R., Garza-Cazares, F., Fimbres-Durazo, H., Olivares-Sáenz, E., Hernández-Vidal, G., Luc, C. D. 2007. Effects of sodium bicarbonate and yeast on productive performance and carcass characteristics of light-weight lambs fed finishing diets. *Small Ruminant Research*. 67, 157–163.
- Lascano, G. J., Zanton, G. I., Suarez-Mena, F. X., Heinrichs, A. J. 2009. Effect of limit feeding high- and low-concentrate diets with *Saccharomyces cerevisiae* on digestibility and on dairy heifer growth and first-lactation performance. *Journal of Dairy Science*. 92, 5100–5110.

- Matencio, A., Hernández-Gil, G. C. J., García-Carmona, F., López-Nicolás, J. M. 2017. Physicochemical, thermal and computational study of the encapsulation of rumenic acid by natural and modified cyclodextrins. *Food Chemistry*. 216, 289–295.
- Mileswski, S., Zaleska, B. 2011. The effect of dietary supplementation with *Saccharomyces cerevisiae* dried yeast on lambs meat quality. *Journal of Animal and Feed Sciences*. 20, 537–545.
- Mousa, K. M., El-Malky, O. M., Komonna, O. F., Rashwan, S. E. 2012. Effect of Some Yeast And Minerals On The Productive And Reproductive Performance In Ruminants. *Journal of American Science*. 8(2), 291-303.
- Nielsen, S. 2010. *Food Analysis Laboratory Manual*, (Kluwer Academic/Plenum Publishers, New York). 177 p.
- Oliveira, A. M., Alves, P. S., Santos-Silva, J., Bessa, J. B. R. 2016. Effects of clays used as oil adsorbents in lamb diets on fatty acid composition of abomasal digesta and meat. *Animal Feed Science and Technology*. 213, 64–73.
- Palmquist, D.L., Jenkins, T.C. 2003. Challenges with fats and fatty acid methods. *Journal of Animal Science*. 81, 3250-3254.
- Penedo, A. L., Nunes, C. J., Gama, S. M. A., Leite, C. P. E., Quirico-Santos, T. F., Torres, A. G. 2013. Intake of butter naturally enriched with *cis*9, *trans*11 conjugated linoleic acid reduces systemic inflammatory mediators in healthy young adults. *Journal of Nutritional Biochemistry*. 24, 2144–2151.
- Prata, L. F. 1999. *Higiene e inspeção de carnes, pescado e derivados*. Jaboticabal, Funep São Paulo. 349 p.
- Priolo, A., Micol, D., Agabriel, J. 2001. Effects of grass feeding systems on ruminant meat colour and flavour. A review. *Animal Research*. 50, 185–200. <http://dx.doi.org/10.1051/animres:2001125>.
- Rufino, L. D. A., Pereira, O. G., Ribeiro, K. G., Valadares-Filho, S. C., Cavali, J., Paulino, P. V. R. 2013. Effect of substitution of soybean meal for inactive dry yeast on diet digestibility, lamb's growth and meat quality. *Small Ruminant Research*. 111, 56–62.

- Sanchez-Villegas, A., Martinez-Gonzalez, M. A. 2013. Diet, a new target to prevent depression?. BMC Medicine. 11, 3-6.
- SAS. 2013. Statistical analysis system SAS Institute, version 9.2. Cary, NC, USA.
- Steel, R.G. D., Torrie, J. H., Dickey, D. A. 1997. Principles and procedures of statistics, a biometrical approach. 3rd edition. McGraw-Hill Co. Inc. New York. 666 p.
- Swyers, K. L., Wagner, J. J., Dorton, K. L., Archibeque, S. L. 2014. Evaluation of *Saccharomyces cerevisiae* fermentation product as an alternative to monensin on growth performance, cost of gain, and carcass characteristics of heavy-weight yearling beef steers. Journal of Animal Science. 92, 2538–2545.
- Urrutia, O., Soret, B., Insausti, K., Mendizabal, J. A., Purroy, A., Arana, A. 2015. The effects of linseed or chia seed dietary supplementation adipose tissue development, fatty acid composition, and lipogenic gene expression in lambs. Small Ruminant Research. 123, 204–211.
- Vasta, V., Priolo, A., Scerra, M., Hallet, G. K., Wood, D. J., Doran, O. 2009. Δ^9 desaturase protein expression and fatty acid composition of *Longissimus dorsi* muscle in lambs fed green herbage or concentrate with or without added tannins. Meat Science. 82, 357–364.
- Ward, J. R., Travers, T. M., Richards, E. S., Vernon, G. R., Salter, M. A., Buttery, J. P., Barber, C. M. 1998. Stearoyl-CoA desaturase mRNA is transcribed from a single gene in the ovine genome. Biochimica et Biophysica Acta. 1391, 145–156.
- Warensjö, E., Ingelsson, E., Lundmark, P., Lannfelt, L., Syvänen, A. C., Vessby, B., Risérus, U. 2007. Polymorphisms in the SCD1 gene: associations with body fat distribution and insulin sensitivity. Obesity. 15, 1732–1740.
- Yang, B., Chen, H., Stanton, C., Ross, R. P., Zhang, H., Chen, Q. Y., Chen, W. 2015. Review of the roles of conjugated linoleic acid in health and disease. Journal of Functional Foods. 15, 314–325.
- Zicarelli, F., Addi, L., Tudisco, R., Calabrò, S., Lombardi, P., Cutrignelli, M.I., Moniello, G., Grossi, M., Tozzi, B., Musco, N., Infascelli, F. 2016. The influence of diet

supplementation with *Saccharomyces cerevisiae* or *Saccharomyces cerevisiae* plus *Aspergillus oryzae* on milk yield of Cilentana grazing dairy goats. Small Ruminant Research. 135, 90–94.

Conclusiones generales

La complementación de *Saccharomyces cerevisiae* en corderos alimentados con dietas altas en concentrado, no modifica la biohidrogenación ruminal del ácido oleico, linoleico y linolénico provenientes de la dieta.

Saccharomyces cerevisiae a pesar de disminuir el consumo de materia seca y ganancia diaria de peso, y mejorar la conversión alimenticia, no modificó la digestibilidad aparente de los nutrientes y el peso al sacrificio de los corderos.

La inclusión de *Saccharomyces cerevisiae* en la dieta de corderos se presenta como una estrategia nutrigenómica en la manipulación de los mecanismos epigenéticos relacionados con el metabolismo graso, al reducir la expresión de la proteína esteroil-CoA desaturasa e incrementar la deposición de C_{18:2} Ω₆, C_{18:3} Ω₃, C_{20:4} Ω₆, en carne, y son benéficos para la salud del consumidor.