

## FACTORES GENÉTICOS QUE INFLUENCIAN LA COMPOSICIÓN DE LECHE BOVINA

La composición de la leche es regulada por varios factores siendo uno de los más importantes la genética. A nivel de sólidos totales (grasa y proteína) o del tipo de ácido graso o proteínas en leche, se puede observar que existen diferencias entre razas y/o biotipos, y dentro de cada raza entre los individuos (Kelsey et al., 2003).



Por ejemplo, bovinos de raza Holstein-Friesian producen mayores volúmenes de leche respecto a bovinos Jersey, mientras que estos tienen un mayor contenido de sólidos totales en leche (Tabla 2.1). Por otro lado, razas de Europa central como Montbeliarde tienen un mayor contenido de ácido linoleico conjugado (CLA). Varios autores han determinado que el porcentaje de variabilidad del perfil de ácidos grasos y proteínas de la leche que es determinado por el componente genético (heredabilidad) está entre bajo a moderado, pudiendo alterarse la composición mediante selección genética (Soyeurt y Gengler, 2008; Bove y et al., 2008; Arnould y Soyeurt, 2009; ver Tabla 2.2).

Raza	Producción (L/ordeña)	Grasa (%)	Proteína (%)	ST (%)
Jersey	7,97	4,6	3,6	8,2
Normanda	7,25	4,4	3,6	8,0
Guernsey	7,61	4,5	3,3	7,8
Roja Noruega	9,06	4,2	3,5	7,7
Roja Sueca	9,06	4,2	3,5	7,7
Brown Suizo	9,38	4,0	3,3	7,3
Montbeliarde	8,15	3,8	3,4	7,2
Ayrshire	8,11	3,9	3,1	7,0
Overo Colorado	5,04	3,5	3,3	6,8
Holstein F.	10,56	3,6	3,0	6,6

**Tabla 2.1. Contenido de sólidos totales y producción de leche en bovinos lecheros según raza. ST, sólidos totales (grasa + proteína).**

## Herramientas de mejoramiento genético

La concentración de sólidos totales corresponde a una variable continua y por tanto puede ser analizada mediante herramientas cuantitativas. Las diferencias en calidad o composición de leche que se observan entre animales de igual o distinta raza pueden transmitirse a la progenie, y por lo tanto son heredables. Se ha descrito que alrededor del 60% de la variación de los componentes de la leche es hereditario, y por tanto depende de factores genéticos, enfatizando la importancia que tiene la selección de reproductores que mejoren algún componente de la leche. Si bien un gran porcentaje de productores a nivel mundial, incluido Chile, ha privilegiado el biotipo o razas de animales que producen más litros de leche por sobre una concentración dada de grasa o proteína, esta tendencia ha cambiado en varios países, donde se ha ponderado favorablemente la producción de leche con un mayor contenido de sólidos totales a través de un esquema de pago a productores. Esto, debido a que gran parte de los requerimientos de la industria están asociados a producción de leche en polvo, queso, mantequilla y otros derivados lácteos, en los cuales es más eficiente disminuir el contenido de agua. Así, el trabajo mediante programas de mejoramiento genético ha permitido aumentar el contenido de sólidos en leche seleccionando aquellos animales que poseen los alelos (o genes) favorables para esta característica, en otras palabras, que poseen un mayor potencial para producción de sólidos. En Chile, durante el último tiempo también se ha comenzado a pagar un valor adicional por sólidos, tendencia que podría aumentar en el futuro.

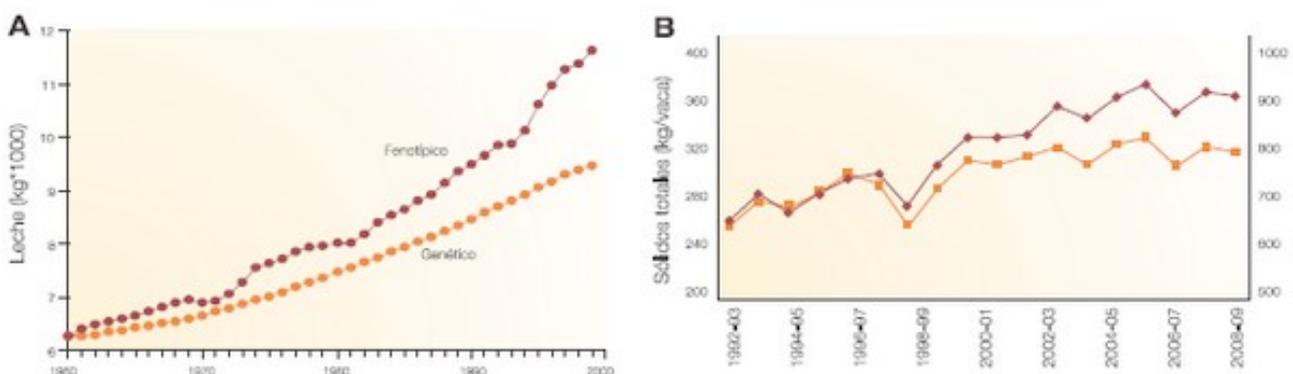
AG	Jersey	Montbe	Guernsey	B. Suizo	Normanda	B. Blue	Red/White
C4:0	-3,67	-5,50		10,90	-2,75		
C6:0	9,51	-2,54	20,73	4,77	0,85		
C8:0	20,60	1,02	13,16	9,08	5,10		
C10:0	30,34	6,98	14,29	9,15	9,30		
C10:1	70,83	-16,67	12,50				
C12:0	32,22	6,46	7,59	10,38	10,77	-0,11	0,32
C14:0	6,75	2,61	5,64	3,64	1,87	-0,30	0,13
C14:1	-4,76	-28,09	-11,31	-14,87	-10,11		
C15:0	-2,04		-6,80	-6,76			
C16:0	-0,80	-11,49	7,20	-0,37	-8,15	-0,69	-0,15
C18:0	6,74	10,89	4,64	-5,13	14,93	-0,49	-0,08
C16:1	-13,11		-7,14	7,30		-0,54	-0,52
C18:1	11,72	5,37	-11,15	0,98	1,37	-0,21	-0,31
C18:2	-1,02	5,94	-4,92	5,27	3,96	-0,09	-0,23
CLA	13,07	-6,82	-5,11				
C18:3	-11,15	1,22	-19,79	-4,77	-6,10		

**Tabla 2.2. Diferencias en el contenido de ácidos grasos en leche (g/dL) en razas bovinas en comparación a Holstein. Montbe: Montbeliarde; B. Suizo: Brown-suizo; B. Blue: Belgian blue. (Modificado de Soyeurt y Gengler, 2008).**

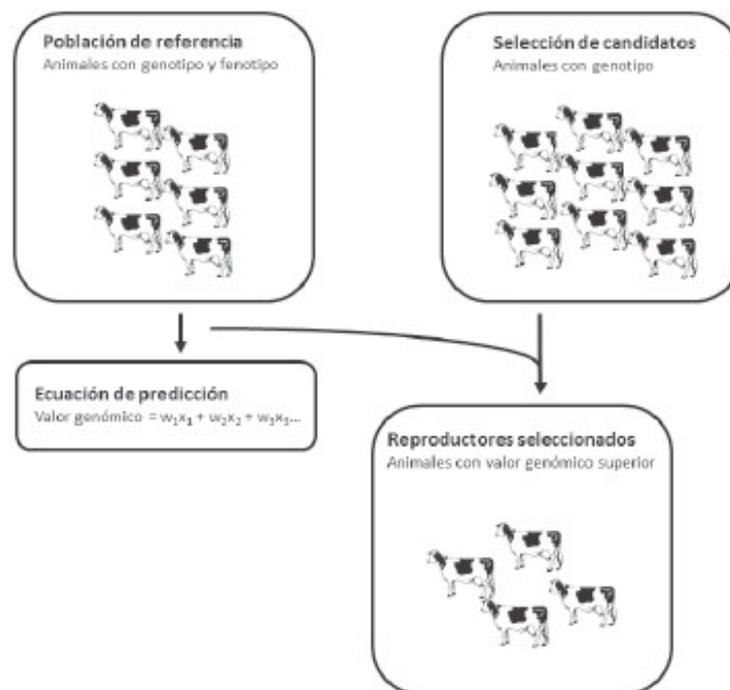
Los programas de mejoramiento genético han utilizado principalmente dos estrategias: cruzamientos interraciales y selección genética. El sistema de cruzamientos se utiliza a nivel predial y consiste en incorporar a nuestro rebaño una raza de mayor contenido de sólidos (grasa y/o proteína) mediante el uso de semen de una gran variedad de toros probados. Así, la progenie (F1) se beneficiará del vigor híbrido o "heterosis". Sin embargo, este sistema requiere un ordenamiento importante de los registros genealógicos del plantel y la identificación animal inequívoca. Además, el productor debe tener absoluta claridad de su objetivo de mejoramiento a corto, mediano y largo plazo, y las implicancias de trabajar con una u otra raza. La selección genética corresponde a la identificación de los mejores animales reproductores y por tanto

requiere un número de animales importante, aplicándose a nivel poblacional (cientos o miles de animales, diversos rebaños). El proceso se lleva a cabo mediante técnicas matemático-estadísticas que utilizan datos productivos y genealógicos y la variabilidad propia de los planteles, logrando identificar aquellos animales que portan genes (o alelos) que mejoran la característica de interés, aunque no necesariamente se conoce cuál es ese gen o su forma (variante). Una de las ventajas del sistema de selección genética que ofrece la posibilidad de trabajar con reproductores de cada raza, y por tanto el productor no necesita cambiar de raza, sin embargo, el proceso es lento y requiere un escenario de organización como programa de mejoramiento genético. En todos los países donde se ha utilizado esta herramienta se puede observar como resultado un mejoramiento permanente y acumulativo (Figura 2.1).

El contenido de grasa y proteína total en leche así como el perfil de composición de cada uno de ellos está determinado en parte por la expresión y/o actividad de enzimas (tipo de proteínas) que constituyen las vías metabólicas que regulan la biosíntesis, actividad y degradación de éstos. Cada una de estas enzimas es codificada por un gen específico, cuya expresión o variante (alelo) han sido blanco de estudio (genes candidatos) ya que pueden asociarse o determinar el contenido y composición de la leche. Durante los últimos años se ha comenzado a trabajar con herramientas de genética molecular, los llamados marcadores genéticos o moleculares, que permiten estudiar y disectar en detalle la participación de genes particulares o conjuntos de genes u otras regiones del genoma en la regulación de la producción y composición de la leche. Así, hoy en día se ha desarrollado la tecnología de selección genómica, la cual permite identificar el potencial genético de un animal para diferentes características productivas, y predecir el desempeño de sus crías. Básicamente, se trata de estimar el mérito genético de animales reproductores en base a su genotipo, al comparar su información genética respecto de una población de animales, en los que además de esta información, se ha determinado su mérito real al medir la productividad de su progenie (ej: hijas y nietas; población referencia). Así, se genera una ecuación de predicción y animales que tengan la misma información debieran manifestar igual desempeño (Figura 2.2). La información de marcadores moleculares se basa en la variabilidad natural que existe en la secuencia de ADN de un individuo y su asociación a diversas características, especialmente aquellas difíciles de medir mediante los métodos de selección convencionales (por ejemplo, de baja heredabilidad; difícil, onerosa o tardía medición del fenotipo; medible sólo en un sexo). Es importante señalar que dicha información es adicional y complementaria a la obtenida en programas convencionales, y ambas tecnologías debieran utilizarse para obtener el mayor progreso genético.



**Figura 2.1. Aumento promedio en la producción de leche individual (A) y sólidos totales (B) a través del tiempo. En A se muestra efecto de ganancia genética sobre la producción real de leche en EE.UU. (Modificado de Dekkers y Hospital, 2001). B, producción de sólidos totales por vaca (verde) y por hectárea (gris) en Nueva Zelanda.**



**Figura 2.2** Esquema resumiendo etapas de la selección genómica. La determinación del genotipo en una población animal que además posee una estimación real del mérito genético (población de referencia) por la medición de la característica de interés en su progenie permite la generación de una ecuación de predicción genómica la cual se utiliza para identificar los animales reproductores (mejorantes) dentro de un población que sólo cuenta con información de genotipo (selección de candidatos).

### Genes asociados a la composición grasa de la leche

Se ha descrito que los genes *Dgat1* y *Scd1* juegan un papel fundamental en la composición de la grasa láctea ya que codifican enzimas importantes para la síntesis de triglicéridos y ácidos grasos (Schennink et al., 2008) y han sido propuestos como candidatos para estudiar el efecto de marcadores. En el bovino, estos genes se encuentran localizados en los cromosomas 14 y 26, respectivamente.

El gen *Dgat1* (que codifica para la misma enzima responsable del último paso de la biosíntesis de triglicéridos) el cual se expresa en la glándula mamaria y en tejido adiposo influye sobre la composición de la leche, determinando la concentración de la grasa y proteína. Se ha descrito que el polimorfismo K232A en este gen explica un 50% de la variación genética del porcentaje de grasa en leche en varias razas (Grisart et al., 2002).

La variante lisina (K) de este polimorfismo se asocia a un descenso en la producción de leche pero con un incremento en el porcentaje de grasa y proteína láctea (Winter et al., 2002), mientras que la variante Alanina (A) se relaciona a un aumento en la producción de leche, con una caída en la producción de grasa y también proteína debido a la síntesis deficiente de triglicéridos en la glándula mamaria. Animales con la variante K tienen una mayor actividad enzimática de DGAT1 en comparación con aquellos con la variante A (Grisart et al., 2004). Por otro lado, se ha descrito que el alelo A se asocia a un perfil de leche con menor contenido de ácidos grasos saturados (AGS) y más ácidos moninsaturados (AGMI; Schennink et al., 2007), lo cual sugiere una composición que sería beneficiosa para la salud humana. En concordancia con esto, en el presente trabajo se determinó el perfil de composición de grasa que difiere según la combinación de alelos que llevan los animales. Aquellos animales con genotipo AA producen leche con un menor contenido de grasa y proteína total y AGS, y mayor contenido de AGPI y ácidos omega 3 y

omega 6 (Tabla 2.3). Es interesante que algunos FA como láurico y mirístico, los cuales se han asociados a enfermedades coronarias, estén menos representados.

FA	Genotipo <i>Dgat1</i>		
	AA	AK	KK
Leche (L)	19,32 <sup>a</sup>	22,17 <sup>a</sup>	20,48 <sup>a</sup>
Grasa	3,78 <sup>c</sup>	4,37 <sup>b</sup>	5,68 <sup>a</sup>
Proteína	3,50 <sup>b</sup>	3,70 <sup>a</sup>	3,92 <sup>a</sup>
SFA	66,42 <sup>b</sup>	67,46 <sup>ab</sup>	69,29 <sup>a</sup>
Láurico (C12)	3,18 <sup>b</sup>	3,43 <sup>a</sup>	3,27 <sup>ab</sup>
Mirístico (C14)	11,15 <sup>b</sup>	11,65 <sup>a</sup>	11,12 <sup>ab</sup>
Palmitico (C16)	29,62 <sup>a</sup>	30,60 <sup>a</sup>	30,79 <sup>a</sup>
MUFA	29,59 <sup>a</sup>	28,65 <sup>a</sup>	27,34 <sup>a</sup>
PUFA	3,99 <sup>a</sup>	3,89 <sup>ab</sup>	3,37 <sup>b</sup>
Linoleico (C18:2)	1,19 <sup>a</sup>	1,32 <sup>a</sup>	1,12 <sup>a</sup>
CLA 9c 11t	1,33 <sup>a</sup>	1,30 <sup>a</sup>	1,17 <sup>a</sup>
<i>n</i> -3	0,86 <sup>a</sup>	0,78 <sup>b</sup>	0,70 <sup>b</sup>
<i>n</i> -6	0,20 <sup>a</sup>	0,14 <sup>b</sup>	0,13 <sup>ab</sup>

**Tabla 2.3. Efecto del genotipo del marcador DGAT1 K232A sobre el contenido de grasa y proteína y la composición de la grasa de la leche según el genotipo en bovinos lecheros de la región de Los Ríos.**

ab Letras iguales dentro de la fila no indican diferencia significativa ( $P > 0,05$ ). AGS: ácidos grasos saturados; AGMI: ácidos grasos monoinsaturados; AGPI: ácidos grasos poliinsaturados; N3: ácidos omega 3; N6: ácidos omega 6; N6:N3: proporción N6/N3; CLA cis9 t11: ácido linoleico conjugado.

Es interesante que la distribución de estas variantes genéticas son dependientes de la raza. Estudios de nuestro grupo en rebaños lecheros de la región de Los Ríos han determinado que la variante K que favorece el contenido de grasa es más frecuente en bovinos de raza Jersey (76%), la cual se caracteriza por su alto nivel de grasa y proteína, en comparación con bovinos Holstein (33%), Overo colorado (26%), Montbeliarde (4%) y Frisón negro (3%; Tabla 4; Dezamour et al., 2013).

Biotipo	N° Vacas	Frecuencias alélicas	
		K	A
Holstein	58	34	66
Jersey	51	72	28
Frisón negro	52	3	97
Montbeliarde	50	4	96
Overo colorado	58	27	73

**Tabla 2.4. Frecuencias alélicas (%) de las variantes K y A para el marcador DGAT1 K232A en rebaños lecheros de la región de Los Ríos**

La enzima  $\Delta$ -9 desaturasa, la cual es codificada por el gen *Scd1*, genera ácidos grasos monoinsaturados (AGMI) y CLA en la glándula mamaria, por lo que es considerada una enzima lipogénica. El gen *Scd1*, el cual es altamente variable (polimórfico) en bovinos, ha recibido especial atención pues se relaciona al perfil de ácidos grasos de la canal de la carne y de la leche (Mele y col., 2007; Mioli et al, 2007). El polimorfismo más estudiado corresponde al marcador A293V, donde se produce una sustitución de valina, el aminoácido conservado, por alanina. Este polimorfismo tiene efectos importantes sobre la composición de la leche. En el presente trabajo se ha determinado que el alelo "C" predomina en distintas razas lecheras, acorde con lo descrito por Moiola et al. (2007), pero distinto al reporte de Mele et al. (2007) donde se reporta "T" como el alelo más frecuente en bovinos Holstein, indicando la incorporación de esa variante como resultado del proceso de selección de animales. Sin embargo, se han descrito algunas diferencias entre razas. En bovinos Jersey, por ejemplo, se observa que la actividad de SCD1 es menor en relación a bovinos Holstein, y por tanto los últimos tienen mayor contenido de CLA. Resultados del presente estudio corroboran esta respuesta. En relación al genotipo, se encontró que el genotipo CC se asocia a un menor contenido de láurico, mirístico y palmítico, menor contenido de PUFA, mayor nivel de Omega 3, pero una menor proporción n-6:n-3. Por su lado, el genotipo TT se asocia a mayor contenido de CLA, acorde al reporte de Mele et al. (2005) en bovinos Holstein. También se corroboró la asociación de la variante T con una mayor producción de leche pero ausencia de efecto sobre contenido de grasa o proteína. Al respecto, la literatura no muestra una respuesta concluyente.

FA	Genotipo <i>Scd1</i>		
	CC	CT	TT
Leche (L)	19,33 <sup>b</sup>	23,35 <sup>a</sup>	22,35 <sup>ab</sup>
Grasa	4,24 <sup>a</sup>	4,19 <sup>a</sup>	4,23 <sup>a</sup>
Proteína	3,64 <sup>a</sup>	3,70 <sup>a</sup>	3,51 <sup>a</sup>
SFA	67,48 <sup>a</sup>	67,15 <sup>a</sup>	69,17 <sup>a</sup>
Láurico (C12)	3,22 <sup>b</sup>	3,36 <sup>ab</sup>	3,69 <sup>a</sup>
Mirístico (C14)	11,11 <sup>c</sup>	11,57 <sup>b</sup>	12,40 <sup>a</sup>
Palmítico (C16)	30,56 <sup>b</sup>	30,59 <sup>b</sup>	32,77 <sup>a</sup>
MUFA	28,18 <sup>a</sup>	28,14 <sup>a</sup>	26,52 <sup>a</sup>
PUFA	3,68 <sup>b</sup>	4,28 <sup>a</sup>	4,16 <sup>ab</sup>
Linoleico (C18:2)	1,17 <sup>b</sup>	1,47 <sup>a</sup>	1,52 <sup>a</sup>
CLA 9c 11t	1,23 <sup>b</sup>	1,50 <sup>a</sup>	1,52 <sup>a</sup>
n-3	0,84 <sup>a</sup>	0,83 <sup>ab</sup>	0,72 <sup>b</sup>
n-6:n-3	2,13 <sup>b</sup>	2,67 <sup>a</sup>	3,47 <sup>a</sup>

Tabla 2.5. Efecto del genotipo del marcador SCD1 A293V sobre el contenido de grasa y proteína y la composición de la grasa de la leche según el genotipo en bovinos lecheros de la región de Los Ríos.

ab Letras iguales dentro de la fila no indican diferencia significativa ( $P > 0,05$ ). AGS: ácidos grasos saturados; AGMI: ácidos grasos monoinsaturados; AGPI: ácidos grasos poliinsaturados; N3: ácidos omega 3; N6: ácidos omega 6; N6:N3: proporción N6/N3; CLA cis9 t11: ácido linoleico conjugado.

### Genes asociados a la composición proteica de la leche

Como ya se describió, el gen *Dgat1* incide fuertemente en la composición de la proteína total pero a nivel de tipo de proteínas, los genes que codifican para caseínas y proteínas del suero tienen efectos específicos sobre la composición y algunas propiedades tecnológicas.

Las caseínas alfaS1, beta, alfaS2 y kappa son codificadas por los genes *Csn1s1*, *Csn2*, *Csn1s2* y *Csn3*, respectivamente, los cuales se agrupan en el cromosoma 6 (Figura 2.3). Estos genes en conjunto (supercluster) se heredan a la progenie de forma simple (herencia mendeliana) con una heredabilidad moderada. Los genes de las caseínas presentan variaciones (polimorfismos) que generan un número de alelos variable: 9 para *Csn1s1*, 12 para *Csn2*, 4 para *Csn1s2* y 14 para *Csn3*. Como cada animal es portador sólo de dos alelos para cada gen, la combinatoria resultante de las distintas variantes alélicas para cada caseína es muy alta. Dicha combinación se llama haplotipo. En nuestro laboratorio hemos determinado las frecuencias genéticas más importantes para estos marcadores en rebaños lecheros de la región de Los Ríos encontrando que las variantes más frecuentes para *Csn1s1*, *Csn2*, *Csn1s2* y *Csn3* son B, A1, A y A, respectivamente (ver Tabla 2.6 para *Csn3*).

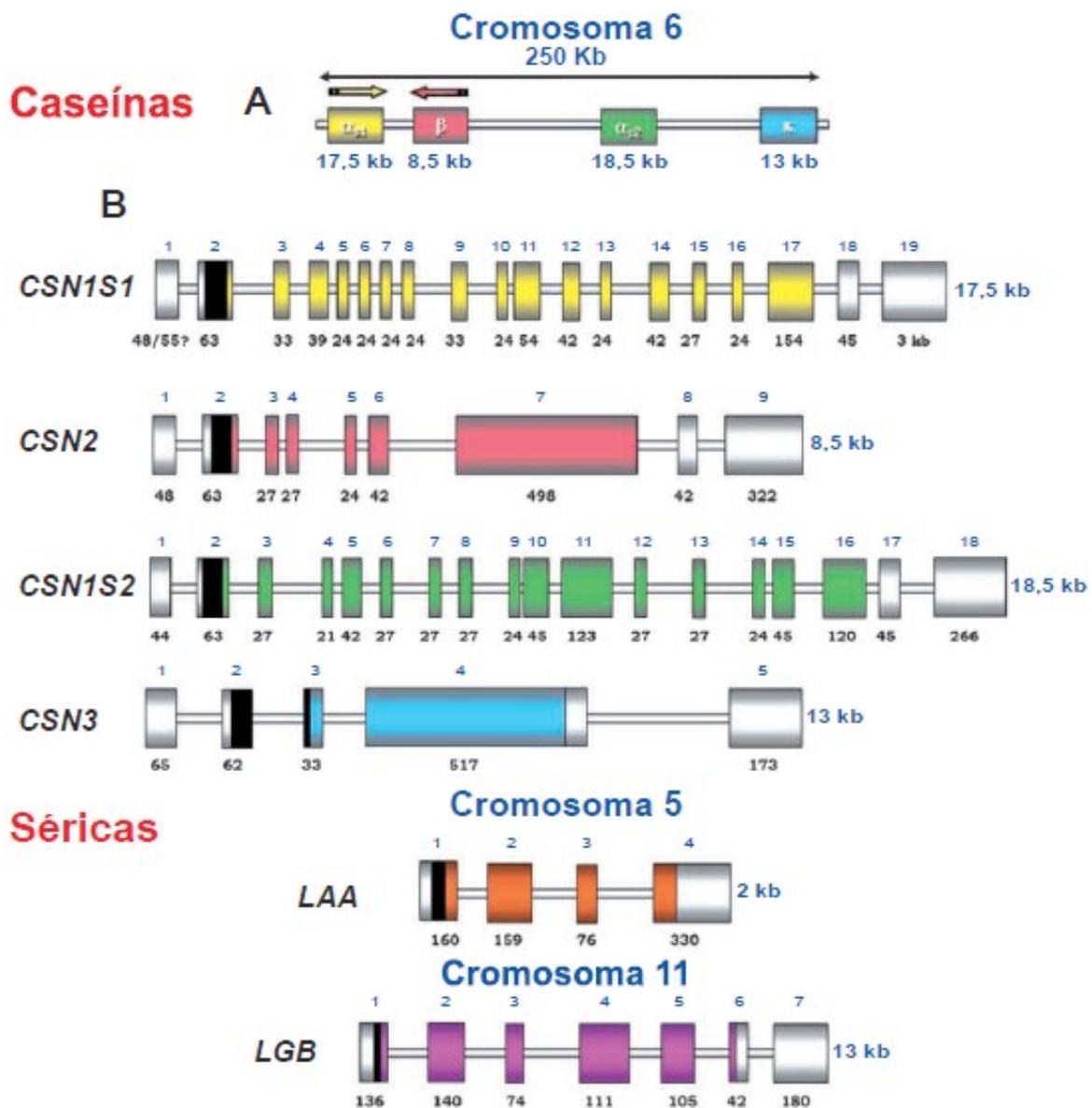


Figura 2.3. Estructura y organización de los genes codificantes para caseínas y proteínas séricas en el bovino. A, organización genómica del locus de caseínas. B, organización estructural de los genes. LAA, alfa-lactoalbúmina; LGB, beta-lactoglobulina (Modificado de Caroli et al., 2009).

**Varios** reportes han demostrado que existe una relación entre las variantes de caseínas y las características productivas de la leche, como cantidad de litros producidos y/o rendimiento y composición de proteínas. Para Csn1s1, las 12 variantes se nombran desde la A hasta la L, produciendo múltiples combinaciones alélicas. En general, la variante más frecuente es B y algunos autores han descrito que animales con genotipo BB tienen un rendimiento significativamente mayor en litros de leche que los animales con genotipo BC. Este último genotipo es el más frecuente en animales Jersey, que en general no producen un volumen muy importante de leche.

Biotipo	N° Vacas	Frecuencias alélicas		
		A	B	C
Holstein	57	71	25	4
Jersey	49	23	76	1
Frisón negro	47	66	32	2
Montbeliarde	42	48	52	0
Overo colorado	45	58	36	6

Las variantes más comunes para Csn2 son A1, A2 y B pudiendo generar seis posibles combinaciones alélicas: A1A1, A1A2, A2A2, A1B, A2B y BB. Entre estas, la variante B es favorable para conferir propiedades óptimas para la formación del cuajo, paso crítico en la elaboración de quesos (Caroli et al., 2009), aunque junto a la variante A1 se han relacionado en algún grado a enfermedades cardiovasculares y diabetes tipo 1. También se han descrito algunas diferencias por raza: bovinos Holstein producen leche que es rica en la variante A1 mientras que animales Guernsey con A2.

### **El gen para κ-caseína (Csn3) presenta 14 variantes siendo las más frecuentes A y B.**

Estudios en bovinos Holstein y Jersey muestran que la leche producida por animales con genotipo BB contiene mayores niveles de sólidos totales (grasa y proteína), además de correlacionarse con un mayor rendimiento en litros de leche, respecto de aquellos animales que tienen el alelo AA ó AB (Tsiaras et al., 2005; Comin et al., 2008). Se calcula que esta variante puede ofrecer un promedio de 2.000 Kg. más de leche durante toda la vida productiva del animal, estimando en aprox. un 3% las diferencias en el contenido proteico de la leche entre los animales κ-caseína AA y BB. Por otro lado, la leche producida por animales con genotipo BB posee propiedades superiores para la manufacturación de queso como menor tiempo de renina (coagulación) y un cuajo más firme, debido a una mayor estabilidad en la formación de las micelas (Caroli et al., 2009). Esta leche tiene un mayor contenido de κ-caseína formando micelas pequeñas, lo que favorece una mayor retención de sólidos y mayor resistencia a temperatura, resultando en un rendimiento superior (5-10%) durante la producción de queso comparado con el rendimiento obtenido a partir de leche producida por animales con genotipo AA, la que tiene un menor contenido de κ-caseína y micelas más grandes. Es interesante que el estudio de la frecuencia de estas variantes en rebaños lecheros de la región de Los Ríos muestra que el alelo B sólo se encuentra más frecuentemente en bovinos Jersey (76%) y Montbeliarde (52%; Tabla 2.6), corroborando resultados anteriores en frisonas de La Araucanía en donde se reportó la mayor frecuencia del alelo A (Felmer y Butendieck, 1998). Por el contrario a lo descrito para κ-caseína B, las variantes alélicas G y E han sido relacionadas con propiedades reológicas de la leche

adversas como propiedades de coagulación deficientes (variante G) y efectos negativos sobre la formación del cuajo (variante E; Caroli et al., 2009).

Como fue mencionado anteriormente, los genes que codifican para los 4 tipos de caseínas de la leche están codificados en un súper locus y se ha considerado de gran utilidad el análisis del haplotipo completo por sobre el análisis de cada uno de los genes por separado dado que el estudio de haplotipos considera la interacción entre los genes, entregando más información. Otros han sugerido la necesidad de separar el súper locus que codifica para las caseínas en dos bloques, uno que agrupe a  $\alpha$ S1- $\beta$ - $\alpha$ S2 caseína y otro para  $\kappa$ -caseína, describiendo una alta asociación entre el primer bloque con rendimiento y concentración de proteínas en leche. Un estudio en 30 razas bovinas mostró que las variantes alélicas más frecuentes fueron para  $\alpha$ S1-caseína, variantes B y C;  $\beta$ -caseína, A2 y A1;  $\alpha$ S2-caseína, A y  $\kappa$ -caseína, B, A y H, siendo la combinación B/A1/A/A la de mayor frecuencia para el haplotipo  $\alpha$ S1-caseína /  $\beta$ -caseína /  $\alpha$ S2-caseína /  $\kappa$ -caseína (Jann et al., 2004). Este haplotipo puede tener variaciones geográficas pero ha sido corroborado en nuestro estudio, incluyendo la predominancia de la variante B en bovinos Jersey. En bovinos Holstein y Finnish Ayrshire el haplotipo B-A1-B para  $\alpha$ S1- $\beta$ - $\kappa$  caseína ha sido asociado con un incremento en el porcentaje de grasa y proteínas en la leche, pero inversamente correlacionado con el rendimiento de leche; mientras el haplotipo C-A2-B ha sido asociado con una disminución en el rendimiento y concentración de proteínas (Bonfatti et al., 2010; Caroli et al., 2009). En conjunto, estos reportes muestran que haplotipos distintos tienen efectos específicos sobre las características productivas en las diferentes razas de bovinos. Niveles aumentados de caseína y en particular  $\kappa$  o  $\alpha$ S1-caseína pueden aumentar el valor de la proteína y mejorar las características de la leche. Diferentes enfoques han sido realizados para alcanzar este objetivo incluyendo ingeniería genética y transgenia. Brophy et al. (2003) generaron bovinos transgénicos que sobreexpresaban  $\beta$  y  $\kappa$ -caseínas, los cuales producían leche con un mayor contenido de caseína y proteína totales sin alterar el perfil de ácidos grasos, aminoácidos y vitaminas.

Sin embargo, la comercialización de esta leche enfrenta diversos desafíos éticos para el consumidor, además de requerir una serie de estudios sobre el impacto real sobre las propiedades funcionales de la leche y su efecto en la salud de los consumidores.

En relación a las proteínas del suero, las más importantes son  $\beta$ -lactoglobulina (BLG) y  $\alpha$ -lactoalbúmina (ALA) las que tienen efectos sobre las propiedades tecnológicas y funcionales de la leche.

BLG es la principal proteína del suero y se han descrito dos variantes alélicas mayoritarias: A y B, cuyas frecuencias difieren entre diferentes poblaciones de bovinos lecheros.

Estudios en bovinos Holstein han descrito su asociación a parámetros productivos como rendimiento de caseínas (y proteínas) y porcentaje de grasa, lo cual trae como consecuencia un incremento en la producción de queso (variante B). La variante A se asocia con un mayor nivel de BLG y proteínas totales del suero de la leche, y con un menor contenido de caseínas y grasa, así como con un menor rendimiento en litros de leche (Requena et al., 2007). Se ha sugerido que la variante B puede asociarse a mayor cantidad de caseínas. Por su parte ALA participa en la biosíntesis de lactosa, el principal azúcar contenido en la leche. Hasta ahora se han descrito sólo 3 variantes: A, B y C, las que se relacionan a producción de leche y sólidos totales. En bovinos Holstein, la variante A se asocia con mayor producción de leche y mayor rendimiento de proteínas y grasa.

A su vez, la variante B ha sido asociada con un mayor porcentaje de proteína y grasa, observándose valores intermedios en los animales heterocigotos, (Requena et al., 2007).

## **Conclusiones y comentarios finales**

Los antecedentes recién expuestos señalan que factores genéticos como raza y genotipo son importantes para establecer la composición de la leche, tanto a nivel de proteína y grasa total, así como a nivel del tipo de proteínas (caseínas y proteínas séricas) y tipo de ácidos grasos. Estos efectos deben ser considerados junto con otras intervenciones como factores ambientales, principalmente la alimentación a la cual son sometidos los animales, así como factores propios del animal como estado de lactancia o edad.

A nivel de raza, hay biotipos que favorecen la producción de leche por sobre el contenido de sólidos totales (grasa y proteína). Los bovinos Holstein-Friesian han sido seleccionados para producir grandes volúmenes de leche y en comparación a bovinos Jersey presentan un bajo contenido de sólidos totales. A este nivel es importante el marcador K232A presente en el gen Dgat1, el cual corresponde a un gen mayor que determina fuertemente el contenido de grasa y proteína en leche. Así, este marcador se ha incorporado a los programas de evaluación genómica para identificar animales con mayor mérito genético para esta característica. Como se ha descrito, bovinos Jersey presentan una mayor frecuencia del alelo K, el cual favorece un mayor contenido de sólidos totales. No obstante, la presencia de animales heterocigotos para este marcador pudiera utilizarse para aumentar su frecuencia mediante cruzamientos.

Dado que por lejos el principal tipo de ácido graso en leche corresponde a su estado saturado (AGS), no es extraño que bovinos Jersey presenten un alto contenido de éste, en desmedro de ácidos grasos insaturados (AGMI y/o AGPI). Diferencias a nivel de algunas actividades enzimáticas que participan en la conversión de AGS a AGMI como la delta-9 desaturasa explican que animales Holstein presenten en leche mayor contenido de AGMI pero también de CLA. El genotipo TT (variante A) para el marcador A293 del gen Scd1 se ha asociado a estas mismas respuestas, mayor contenido de AGMI y CLA no sólo en leche sino que también en carne. El caso de ácidos omega 6 u omega 3 es distinto, donde sus niveles están más fuertemente determinados por la dieta, en especial el tipo de forrajes y/o suplementos que son variables respecto al contenido de AGPI.

En el caso de las caseínas, las proteínas más abundantes de la leche, existe un número importante de variantes las cuales determinan no sólo el tipo de proteína, sino que con esto algunas de las variables fisicoquímicas que afectan la transformación de la leche a cuajo y con esto la producción de queso. De especial interés es la  $\kappa$ -caseína, donde la variante B del gen Csn3 es importante para aumentar el contenido de proteína y también grasa, y favorecer un tipo de micela que favorece la coagulación y rendimiento quesero.

En un futuro más cercano que lejano, los plantales de animales podrán ser clasificados respecto a su información genética, tipo de manejo y alimentación, pudiendo direccionar su producción según el interés particular de los agricultores, y considerando criterios económicos, pero también en relación del tipo de producto a generar. Hoy cada vez más los mercados están requiriendo alimentos sanos, funcionales, o con características que los diferencian de cualquier commodity, pudiendo corresponder a leche o derivado lácteos diferenciados, enriquecidos o carentes de alguno de sus componentes, generando un valor adicional.

Artículo hecho por: Andrés M. Carvajal a & Bredford Kerr b. a Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Remehue, Osorno. b Centro de Estudios Científicos (CECs), Valdivia .  
Publicado Originalmente en Manuales INIA Chile  
FUENTE.

[http://web.altagenetics.com/espanol/DairyBasics/Details/11263\\_Factores-geneticos-que-influyen-la-composicion-de-la-leche-bovina.html](http://web.altagenetics.com/espanol/DairyBasics/Details/11263_Factores-geneticos-que-influyen-la-composicion-de-la-leche-bovina.html)