

Estudio del valor proteico de la carne de cerdo mediante electroforesis

Study of the protein value of pork meat using electrophoresis

<https://doi.org/10.5281/zenodo.20313673>

AUTORES: Ambar Valeria Arévalo Ledesma¹

César Abraham Chela Ilumiguano²

Alejandra Elizabeth Barrionuevo Maridueña³

María Fernanda Quinteros Meneses⁴

DIRECCIÓN PARA CORRESPONDENCIA: amarevalo@mailes.ueb.edu.ec

Fecha de recepción: 28 / 09 / 2025

Fecha de aceptación: 30 / 11 / 2025

RESUMEN

A nivel global, la porcicultura representa una de las industrias cárnicas más importantes del sector agroalimentario. En Ecuador, el consumo de carne ha aumentado de forma sostenida, siendo la de cerdo la segunda más demandada después del pollo. Su producción se desarrolla principalmente bajo tres sistemas de crianza: explotación continua, crianza tradicional y zonas de expendio libre. No obstante, existen pocos estudios que comparen el contenido nutricional y proteico de la carne según su origen. El objetivo de esta investigación fue determinar el valor proteico de la carne de cerdo mediante electroforesis

¹ <https://orcid.org/0009-0000-7479-1827>, Universidad Estatal de Bolívar, amarevalo@mailes.ueb.edu.ec

² <https://orcid.org/0009-0002-2192-2744>, Universidad Estatal de Bolívar, cechela@mailes.ueb.edu.ec

³ <https://orcid.org/0000-0002-9126-9085>, Universidad Estatal de Bolívar, abarrionuevo@ueb.edu.ec

⁴ <https://orcid.org/0000-0002-7378-0082>, Universidad Estatal de Bolívar, mquinteros@ueb.edu.ec

vertical (SDS-PAGE), con el fin de obtener un perfil detallado de las fracciones proteicas según su peso molecular (PM). Se identificaron doce proteínas, entre ellas miosina pesada, alfa-actina, enolasa, troponinas y miosinas ligeras. Esta caracterización es relevante para la investigación y la industria, pues permite optimizar procesos tecnológicos, mejorar la funcionalidad de los aislados proteicos y garantizar su valor nutricional. El análisis estadístico reveló diferencias significativas en el contenido proteico según la procedencia de la carne. La proveniente de crianza tradicional presentó el mayor valor (23,84%), mientras que la de explotación continua registró el menor (22,89%). Estos resultados sugieren la influencia de factores como la alimentación, las condiciones de crianza y el estrés pre y post sacrificio sobre la composición proteica. En conclusión, evaluar las prácticas de manejo integral es fundamental para optimizar la calidad nutricional de la carne de cerdo.

Palabras Clave: Dumas, electroforesis, SDS PAGE, proteínas, poliacrilamida, PM, procedencia.

ABSTRACT

Globally, pig farming is one of the most important meat industries in the agri-food sector. In Ecuador, meat consumption has increased steadily, with pork being the second most popular meat after chicken. Production mainly takes place under three farming systems: continuous farming, traditional farming, and free-range areas. However, there are few studies comparing the nutritional and protein content of meat according to its origin. The objective of this research was to determine the protein value of pork using vertical electrophoresis (SDS-PAGE) in order to obtain a detailed profile of the protein fractions according to their molecular weight (MW). Twelve proteins were identified, including heavy myosin, alpha-actin, enolase, troponins, and light myosins. This characterization is relevant for research and industry, as it allows for the optimization of technological processes, improvement of the functionality of protein isolates, and guarantee of their nutritional value. Statistical analysis revealed significant differences in protein content depending on the origin of the meat. Meat from traditional farming had the highest value (23.84%), while meat from continuous farming had the lowest (22.89%). These results

suggest the influence of factors such as feed, farming conditions, and pre- and post-slaughter stress on protein composition. In conclusion, evaluating integrated management practices is essential for optimizing the nutritional quality of pork.

Keywords: Dumas, electrophoresis, SDS PAGE, proteins, polyacrylamide, PM, provenance.

INTRODUCCIÓN

La porcicultura a nivel global, ha tenido un gran avance gracias a las técnicas de mejoramiento genético, dietas balanceadas y el manejo de explotaciones bajo rigurosas normas de sanidad y bienestar animal, estos factores han mejorado la ley de oferta y demanda de los productos derivados del cerdo, realzando el consumo de carne de calidad, situándose en segundo lugar a nivel global en consumo y fuente de proteína.

A nivel de Latinoamérica se estima que el consumo de carne de cerdo tendrá un crecimiento significativo del 14,2 % respecto a 2030, llegando a los 10,7 Mt. El consumo de carne de cerdo en el Ecuador ha tenido un crecimiento muy importante en los últimos años, logrando representar el 8 % del PIB a nivel agropecuario del país. Actualmente, las familias ecuatorianas tienen un consumo per cápita que ha llegado a una cifra de 12 kilos, situándose un escalón arriba del consumo de la carne de res e intermedio del consumo de la carne de pollo, teniendo un aumento significativo del 3 % en comparación al 2023 (Coba, 2024).

La industria porcícola en el país, ha centrado su interés en producir carne de calidad que alcance a suplir las necesidades de los consumidores, utilizando procesos de crianza muy rigurosos, mismos que enriquecen y elevan el nivel nutricional de la carne. Estos procesos se han venido llevando a cabo por la manipulación de dietas ricas en nutrientes, tanto en granjas de explotación continua o la crianza de animales de manera tradicional. La carne de cerdo tiene un valor muy significativo dentro de las dietas de consumo diarias, con un porcentaje de 18-20% teniendo un alto valor de proteína y siendo una fuente fundamental de aminoácidos esenciales para el ser humano (Melo, 2024).

Por lo cual, la presente investigación tiene como objetivo estudiar del valor proteico de la carne de cerdo mediante electroforesis SDS-PAGE.

METODOLOGÍA

1. Métodos y datos a tomarse

Obtención de las muestras

Se tomaron 18 muestras de carne de cerdo de diversas parroquias pertenecientes al cantón Guaranda: parroquia Gabriel Ignacio de Veintimilla, parroquia de Guanujo y parroquia Ángel, divididas en 3 tratamientos: 6 muestras de carne de cerdo de crianza tradicional, 6 muestras de carne de cerdo de granjas de producción y 6 muestras aleatorias de lugares de expendio. En todas las muestras se tuvo como referencia 453,59 gramos o su equivalente a una libra, todas las muestras fueron tomadas de los miembros posteriores de los cerdos de la parte del jamón.

Análisis bromatológicos

- **Humedad:** Se pesaron 3 g de muestra en una cápsula vacía la misma que fue colocada en la estufa a 130°C por 1 hora. Al transcurrir este tiempo se registró el peso final para mediante cálculo matemático obtener el porcentaje de humedad de las muestras según como establece la norma AOAC 925.10.

- **Ceniza:** Se estandarizó los pesos de 18 crisoles en una mufla a una temperatura de 500°C durante 60 min, dejamos enfriar en un desecador por 50 minutos y tomamos el peso del crisol vacío. Se pesó 1 g de muestra de carne de cerdo en el crisol y esta fue llevada a la mufla a 500°C por 8 horas para permitir la combustión completa de los compuestos orgánicos. Transcurrido este tiempo se sacó los crisoles al desecador por 40 minutos para registrar el peso del crisol más las cenizas según norma AOAC 923.03

- **Fibra:** Iniciamos tomando los datos del peso de los recipientes (Matraz Erlenmeyer) vacíos, encerramos la balanza analítica y colocamos 0,50 gramos de nuestras

muestras. En los recipientes aforamos a un volumen de 100 ml con ácido sulfúrico y llevamos a digestión por una hora. En el transcurso de la digestión estandarizamos el peso de papel filtro en una estufa a 130°C por una hora. Utilizamos recipientes (Matraz Erlenmeyer) y un embudo, colocamos el papel filtro, teniendo armado nuestro equipo para captar la fibra, vertemos nuestra muestra que se llevó a digestión y filtramos. Una vez filtrado todo, retiramos el papel filtro y lo llevamos a una estufa por 20 minutos, pasado el tiempo, retiramos y dejamos en un desecador por 40 minutos, tomamos el peso del filtro y mediante calculo obtenemos la cantidad de fibra.

- **Grasa:** Para la determinación de grasa iniciamos con la estandarización del peso de los cazos en la estufa a 130 °C durante una hora. Posteriormente, se pesó 1 gramo de muestra en papel filtro y se colocó en la máquina extractora de grasa. La muestra se sacó del hexano y se esperó durante 20 minutos con las llaves abiertas. Después, se colocó el hexano a 80 °C junto con las muestras en la máquina durante 40 minutos, manteniendo las llaves abiertas. Una vez transcurrido el tiempo, se cerraron las llaves y se esperó durante 40 minutos para que se evapore el hexano. Finalmente, los cazos se sacaron y los trasladamos a la estufa hasta que se evapore por completo el hexano, y después se pesaron los cazos para obtener la cantidad de grasa presente en la muestra.

Preparación de las muestras y obtención del aislado Proteico

- **Liofilización:** Antes de realizar este proceso las muestras estuvieron a -20 °C. Se utilizó el liofilizador marca CHRIST modelo Alpha 1-4LD plus, preparando el equipo a -54.9 °C por 20 min a 0,03 milibares para llegar al proceso de sublimación y en el secado secundario se utilizó las mismas condiciones conocido como desorción, dado que no se utiliza altas temperaturas, se preserva la estructura original de los productos lo que nos permitió conservar la estructura proteica. Esta fase duró 3 días.

- **Obtención del aislado proteico:** Se obtuvo mediante revisión bibliográfica, aplicando el método descrito por Hinostrosa Guanilo (2023) con modificaciones dado el tipo de muestra utilizado la cual se detalla a continuación:

Se pulverizó la muestra liofilizada utilizando un mortero para obtener una consistencia fina que nos facilitó el tratamiento posterior y nos aseguramos que la solución pueda interactuar uniformemente con la muestra.

Se trabajó con un peso muestral de 7g para el tratamiento 1 (T1) y de 5g para el tratamiento 2 y 3 (T2 y T3) todo de manera exacta garantizando los resultados.

Se homogenizó la muestra con una mezcla de agua destilada (67 ml) y 50 ml adicionales de acuerdo con el tratamiento específico. La relación 1/9 de muestra/volumen se utilizó para asegurar que el material se disuelva y mezcle adecuadamente.

La solubilización, durante esta etapa, el pH de la mezcla se ajustó con una base NaOH (5N), ya que el pH inicial es muy bajo. Se ajustó a un pH 10 para asegurarnos que la solubilización de las proteínas se lleve a cabo de manera efectiva.

La muestra se depositó en tubos colectores, esta mezcla se sometió a la primera centrifugación a 5000 rpm durante 25 minutos para separar la grasa y los precipitados. Este paso nos ayudó para asegurarnos que las fracciones solubles de las proteínas se separen de las fracciones insolubles.

Se obtuvo un sobrenadante el cual se extrajo cuidadosamente utilizando pipetas, lo que nos permite la eliminación de las fracciones no deseadas dejando así el material de interés en este caso el aislado proteico.

A continuación, el pH se ajustó al punto isoeléctrico de las proteínas mediante la adición de ácido HCl (2N), lo que provocó la precipitación de las proteínas en su estado más estable obteniendo un pH de 5.5 con exactitud.

Se realizó una segunda centrifugación a 5000 rpm por 25 minutos para separar el precipitado de proteínas del sobrenadante, lo que permitió aislar las proteínas de manera efectiva.

Después de la centrifugación, se obtuvo el precipitado proteico que contiene las proteínas de interés en su forma concentrada, se eliminó el sobrenadante y el precipitado proteico se congela a -20 °C para preservar la estructura proteica.

Finalmente, el precipitado proteico congelado se llevó a liofilización para realizar el siguiente análisis, en este caso electroforesis SDS Page.

Obtención del % de proteína mediante el método de Dumas:

- Cuantificación de proteína mediante Analizador elemental: En este análisis se obtuvo la proteína mediante el porcentaje de nitrógeno, se tomó 60 mg de muestra fresca y liofilizada para formar pastillas con papel de plata, la cápsula se introdujo al equipo analizador elemental a una temperatura (900 °C) para proceder a la reducción y purificación de gases; eliminando CO₂, H₂O, SO₂ y quedándonos N₂ (Nitrógeno) este gas pasó por un detector de conductividad térmica (TCD) y cuantifica la señal generada.

El cálculo del contenido de proteína se dio por una fórmula general y un factor de conversión 6.25 usualmente utilizado para alimentos en general (Pferdmenges, 2025).

Fórmula General:

$$\text{Proteína (\%)} = \text{Nitrógeno (\%)} \times F$$

Donde F es el factor de conversión

Método Bradford (BSA)

- Cuantificación de concentración de proteínas mediante el método de Bradford (BSA): En este método se observó la concentración de proteína en una solución con base a un colorante estándar azul de Coomassie el cual se unió a las proteínas presentes en una muestra. El colorante cambió el color de la muestra dependiendo de la cantidad de proteína a la cual se pudo unir. Al principio, el azul de Coomassie fue marrón, y a medida que se unió a la proteína en la muestra se tornó azul, cuanta más proteína hubo en la muestra, más saturado fue el color azul. Las muestras con menor cantidad de proteína permanecieron de color marrón o azul claro.

En el método de Bradford, la curva de calibración se elaboró utilizando soluciones estándar de albúmina sérica bovina (BSA) con concentraciones conocidas de 25, 50, 100, 250, 500, 750 y 1000 µg/mL. Cada estándar se preparó en tubos eppendorf con 200 mg de muestra

para mantener la estabilidad proteica. A cada tubo se añadió 100 μL reactivo de Bradford, agitando suavemente para homogenizar. Tras una incubación de 10 minutos a temperatura ambiente, se midió la absorbancia a 595 nm en un espectrofotómetro UV-Vis. Los datos obtenidos mostraron una relación directa entre la concentración de proteína y la absorbancia, ajustándose a una recta con un coeficiente de determinación R^2 cercano a 0,99, lo que garantizó la confiabilidad del método. Esta curva fue la referencia para interpolar las absorbancias de las muestras de carne de cerdo, permitiendo calcular sus concentraciones proteicas de forma precisa dentro del rango de detección del ensayo.

Caracterización del perfil proteico de los aislados mediante la técnica de electroforesis SDS - PAGE

- Preparación de muestras: En este proceso se reflejan las 18 muestras de los aislado proteicos liofilizados de las cuales se pesó 200mg por cada tratamiento en tubos eppendorf, a continuación, diluimos la muestra con 100 μL de agua destilada tipo 1 y agitamos en el vortex marca (Vortex MIXER modelo VM-300), para obtener el precipitado también se utilizó el termoagitador que nos ayudó a separar por completo y preparar para correr en los pocillos del gel.

Además, a las muestras se añadió una preparación de agua destilada 1110 μL , Tris DSM pH 6,8% 360 μL , glicerol 780 μL y por último SDS al 10 % y Azul de Bromofenol

- Preparación de Gel de Resolución o separador al 12%: En tubos falcón , la mezcla del gel se formuló combinando 3,3 ml agua destilada, tipo 1, se utilizó 4 mL de una solución de poliacrilamida al 30 % como agente formador de la matriz del gel, lo cual permitió la separación de proteínas según su peso molecular (PM), también se utilizó 2,5 ml de buffer Tris 1,5M pH 8,8 como tampón de separación que estabilizó el pH durante la electroforesis, y 100 μL de SDS 10% (Dodecil sulfato de sodio) el cual es un detergente aniónico que actuó como desnaturizante de proteínas. Posteriormente, se añadió Persulfato de Amonio 10% (PSA) 100 μL como iniciador de la polimerización y 4 μL de TEMED mismo que actuó como catalizador. Agitamos la solución ligeramente para homogenizar todos los reactivos. Se esperó aproximadamente 15 minutos hasta que el gel polimerice.

- Preparación de Gel de Apilamiento o Concentrador al 5%: Conocido también como gel de arriba, en este proceso de preparación se inició con la mezcla de reactivos en un tubo Falcón. Primero, se incorporó 3,4 ml de agua destilada para ajustar el volumen de la solución. A continuación 830 μ L de poliacrilamida al 30%, seguida de 630 μ L de Tris 1M pH 6,8 su función principal es actuar como un tampón. Posteriormente 50 μ L de SDS al 10%, justo antes de verter la mezcla en las placas se agregó 50 μ L de Persulfato de Amonio al 10 %, ya que, la polimerización interviene de manera rápida, para finalizar se añadió 5 μ L TEMED, esta solución se mezcló de manera suave para evitar formación de burbujas y tener problemas al cargar el gel en la placa de vidrio hasta el borde superior; luego se colocó el peine con cuidado para formar los pocillos y se dejó polimerizar por aproximadamente 15 minutos.

- Preparación de placas de vidrio: Las placas de vidrio estuvieron completamente limpias para así poder armar nuestra cámara de electroforesis, nos aseguramos de que no existan fugas de líquido depositando un poco de agua destilada, una vez realizado este paso retiramos el líquido con ayuda de papel filtro. A partir del fijo superior del vidrio medimos 1.5 cm hacia abajo y colocamos una marca que nos permita determinar hasta donde se debe asentar el gel de resolución. Una vez sujetas las placas al soporte se procedió a llenarlas con las respectivas soluciones.

Corrida de la muestra: En primer lugar, preparamos las piezas para el equipo de electroforesis y vertimos el Buffer de corrida o Buffer Running que contiene 3 g/l de Tris HCL; 15 g/l de glicina y SDS 1 g/l, al ser 2 geles la cámara se llenó hasta cubrirlos por completo, en el gel con ayuda de una micropipeta cargamos 10 μ L de muestras en cada pocillo, cabe destacar que en el primer pocillo se corrió el LADDER O ESTANDAR que nos ayudará a determinar las bandas proteicas. Tapamos y colocamos los electrodos para generar un campo eléctrico, se trabajó con SDS y 2-mercaptoetanol a 150 voltios por 90 minutos con 50mA o hasta que se hayan corrido las muestras hasta el filo de la cámara electroforética.

Para teñir los geles se utilizó Azul de Comassie, este último se preparó con reactivos dados como el etanol al 90%, ácido acético glacial, agua destilada y azul de Comassie R – 250.

Homogenizamos hasta obtener el tinte y lo conservamos en frascos Ámbar.

Una vez terminada la corrida abrimos la cámara de electroforesis, extrajimos las placas de vidrio, en dos recipientes colocamos alrededor de 50 ml Azul de Comassie donde desmontamos con cuidado los geles resultantes. Los mismos fueron teñidos por 2 horas en agitación constante con ayuda del agitador orbital, al teñir este gel este se vuelve azul.

Posterior a este proceso para poder observar las bandas proteicas lo desteñimos con una mezcla que tiene 50% de metanol, 5% de ácido acético y 45% de agua destilada en intervalos de 15 a 30 minutos por 3 horas hasta que se termine la solución y el gel esté transparente.

- Resultados de los geles: Para realizar la lectura de las bandas de los geles utilizamos el sistema de foto documentación marca ANALITYKJENA modelo GelTowe, con un software Vision Works. Los geles fueron interpretados de acuerdo a su peso molecular.

RESULTADOS

Procedencia y peso de las muestras

Tabla 1. *Procedencia y estandarización de pesos de las muestras de los diferentes tratamientos y zonas*

Zona	Muestras de carne de cerdo					
	Carne de cerdo de crianza tradicional		Carne de cerdo de Granjas de explotación continua		Carne de cerdo de lugares de expendio	
Veintimilla	T1R1	453,59 g	T2R1	453,59 g	T3R1	453,59 g
	T1R2	453,59 g	T2R2	453,59 g	T3R2	453,59 g
Guanujo	T1R3	453,59 g	T2R3	453,59 g	T3R3	453,59 g
	T1R4	453,59 g	T2R4	453,59 g	T3R4	453,59 g
Angel Polivio Ch.	T1R5	453,59 g	T2R5	453,59 g	T3R5	453,59 g
	T1R6	453,59 g	T2R6	453,59 g	T3R6	453,59 g

Nota: Se seleccionó la misma cantidad de muestra para todos los tratamientos 453,59 o su equivalente a 1 libra.

La presente tabla es un indicador de la cantidad de muestra; en todos los tratamientos se evidencia el mismo peso para así poder comparar y mantener una homogeneidad en las condiciones de los análisis, asegurándonos así interferencias en los resultados.

En un estudio realizado por Lawrie y Ledward en el año 2006, nos mencionan que el control del tamaño y peso de las muestras en análisis de calidad de carne es fundamental para obtener resultados que sean replicables, evitando interferencias o cifras que puedan afectar al valor nutricional de la carne.

3.2. Color de las muestras

Tabla 2. *Color de las muestras de la carne de cerdo*

Muestras de carne de cerdo					
Carne de cerdo de crianza tradicional		Carne de cerdo de Granjas de explotación continua		Carne de cerdo de lugares de expendio	
T1R1	Rosado	T2R1	Rosado claro	T3R1	Rosado
T1R2	Rosado	T2R2	Rosado claro	T3R2	Rosado
T1R3	Rosado	T2R3	Rosado claro	T3R3	Rosado
T1R4	Rosado	T2R4	Rosado claro	T3R4	Rosado
T1R5	Rosado	T2R5	Rosado claro	T3R5	Rosado
T1R6	Rosado	T2R6	Rosado claro	T3R6	Rosado

Nota: El color es un breve indicador de la mioglobina, calidad, frescura y condiciones de crianza o sacrificio.

Las muestras carne de los cerdos de procedencia de crianza tradicional y los lugares de expendio presentan similitud en la tonalidad, sin embargo, las muestras de carne de los cerdos de granjas de producción se diferencian significativamente.

Mancini en el año 2005, nos menciona que el color se debe a la presencia de la mioglobina, esta proteína se encarga de almacenar oxígeno en los músculos de los animales. Reiterando que los animales que presentan mayor actividad o movimiento tienden a tener la carne más rosada, mientras que los animales que no presentan movimiento o actividad física al momento de su desarrollo, tienden a presentar menos niveles de mioglobina, por ende, los

animales en hacinamiento o estabulación tienden a tener un color de tejido más pálido o rosado claro.

Chamorro (2017) nos menciona que, la tonalidad de la carne nos ayuda a percibir el sabor, ternura, sanidad y valor nutricional; otros factores que no se han medido aún y que influyen es la cantidad de estrés antes del sacrificio, produciendo un color oscuro en la carne.

Propiedades bromatológicas

3.3. Humedad

Tabla 3. Exámen bromatológico de humedad

Análisis bromatológico de Humedad 3 Gramos de Muestra			
Tipo	Zona	% Humedad	Promedio
Carne de cerdo de crianza tradicional	Veintimilla	T1R1	64,00
		T1R2	61,99
	Guanujo	T1R3	62,53
		T1R4	60,55
	Angel P. Ch	T1R5	52,76
		T1R6	60,55
Carne de cerdo de granjas de explotación continua	Veintimilla	T2R1	60,07
		T2R2	60,77
	Guanujo	T2R3	60,98
		T2R4	60,02
	Angel P. Ch	T2R5	62,08
		T2R6	60,33
Carne de cerdo de lugares de expendio	Veintimilla	T3R1	65,14
		T3R2	62,01
	Guanujo	T3R3	59,85
		T3R4	62,11
	Angel P. Ch	T3R5	69,67
		T3R6	65,75
Gran media			61,73

Nota: Se realizó un promedio de los tratamientos por zonas y posteriormente la comparación.

El tratamiento con mayor cantidad de humedad en las muestras corresponde con la carne de los cerdos de lugares de expendio, sin embargo, estos resultados pueden reflejar la

manipulación o sometimiento de las muestras a soluciones artificiales para mantener la humedad en las carnes.

En estudios realizados por Aberle et al., en el año 2012 nos mencionan que, el porcentaje de humedad presente está estrechamente ligado con el contenido de grasa, un ejemplo de esto es: carnes con mayor cantidad de grasa suelen tener menor cantidad de humedad. Esto nos ayuda a interpretar que la carne de los lugares de expendio fue manipulada y se retiró en gran cantidad la grasa que estaba presente.

3.4. Ceniza

Tabla 4. Examen bromatológico de ceniza

Análisis bromatológico de Ceniza 1 Gramo de muestra			
Tipo	Zona	% Ceniza	Promedio
Carne de cerdo de crianza tradicional	Veintimilla	T1R1	0,87
		T1R2	0,92
	Guanujo	T1R3	0,82
		T1R4	0,82
	Angel P. Ch	T1R5	0,68
		T1R6	0,92
Carne de cerdo de granjas de explotación continua	Veintimilla	T2R1	0,95
		T2R2	1,03
	Guanujo	T2R3	1,36
		T2R4	0,96
	Angel P. Ch	T2R5	1,42
		T2R6	0,99
Carne de cerdo de lugares de expendio	Veintimilla	T3R1	1,00
		T3R2	0,98
	Guanujo	T3R3	1,06
		T3R4	0,94
	Angel P. Ch	T3R5	1,06
		T3R6	1,15
Gran Media			0,99

Nota: Se realizó un promedio de los tratamientos por zonas y posteriormente la comparación.

Pudimos evidenciar que las muestras de carne de los cerdos de granjas de producción presentan un alto contenido de ceniza en relación con los otros tratamientos. Esto se puede

atribuir a la dieta, cuya finalidad es obtener animales más grandes y gordos en un menor tiempo.

Belitz et al. (2009), nos indican que el contenido de cenizas de muestras de alimentos es un indicador de la cantidad de minerales presentes. Macrominerales (calcio, fósforo, potasio y magnesio) y micro minerales (hierro, zinc, cobre y selenio).

3.5. Fibra

Tabla 5. Exámen bromatológico de fibra

Análisis bromatológico de Fibra 0,5 Gramos de muestra				
Tipo	Zona	% fibra	Promedio	
Carne de cerdo de crianza tradicional	Veintimilla	T1R1	1,01	1,002
		T1R2	1,00	
	Guanujo	T1R3	1,00	
		T1R4	1,00	
	Angel P. Ch	T1R5	1,00	
		T1R6	1,00	
Carne de cerdo de granjas de explotación continua	Veintimilla	T2R1	1,00	1,002
		T2R2	1,00	
	Guanujo	T2R3	1,00	
		T2R4	1,01	
	Angel P. Ch	T2R5	1,00	
		T2R6	1,00	
Carne de cerdo de lugares de expendio	Veintimilla	T3R1	1,00	1,002
		T3R2	1,00	
	Guanujo	T3R3	1,00	
		T3R4	1,00	
	Angel P. Ch	T3R5	1,00	
		T3R6	1,01	
Gran media			1,002	

Nota: Se realizó un promedio de los tratamientos por zonas y posteriormente la comparación

La fibra es una característica de los alimentos de origen vegetal, por lo cual en los resultados podemos evidenciar la cantidad nula de fibra, siendo visible los pesos homogéneos de los filtros.

Belitz et al., en su libro “Food Chemistry” publicado en el año 2009 nos menciona que, la fibra solo está presente en alimentos que derivan de los vegetales. Los productos cárnicos de cualquier origen siempre se caracterizan por altas concentraciones de proteínas y lípidos, por lo que, carecen de carbohidratos.

3.6. Rendimiento

Tabla 6. Rendimiento de concentrado proteico obtenido a partir de 5 a 7 gramos de liofilizado

Rendimiento de concentrado proteico 5 a 7 gramos				
Tipo	Zona	% Rendimiento	Promedio	
Carne de cerdo de crianza tradicional	Veintimilla	T1R1	5,24	10,46
		T1R2	8,24	
	Guanujo	T1R3	12,76	
		T1R4	11,90	
	Angel P. Ch	T1R5	12,65	
		T1R6	11,98	
Carne de cerdo de granjas de explotación continua	Veintimilla	T2R1	5,27	10,61
		T2R2	7,28	
	Guanujo	T2R3	6,81	
		T2R4	3,80	
	Angel P. Ch	T2R5	16,51	
		T2R6	24,01	
Carne de cerdo de lugares de expendio	Veintimilla	T3R1	20,13	15,79
		T3R2	10,32	
	Guanujo	T3R3	19,63	
		T3R4	11,42	
	Angel P. Ch	T3R5	17,21	
		T3R6	16,00	
Gran Media			12,28	

Nota: Se realizó un promedio de los tratamientos por zonas y posteriormente la comparación

Se tomó el tratamiento más alto, mismo que corresponde a las muestras del tratamiento de la carne de cerdo de los lugares de expendio, sin embargo, estos resultados pueden haber sido influenciados por la manipulación de las muestras y recorte de grasa acompañada de la

perdida de agua, estos factores aumentan la cantidad de rendimiento, pero no su calidad ni cantidad de proteínas.

Lawrie y Warries en su investigación realizada en el año 2017 nos indican que el rendimiento de un concentrado proteico es un indicador de tejido magro con respecto al contenido de grasa.

Cuantificación de proteínas por el método de Dumas en muestras frescas

3.7. Comparación de porcentajes de proteínas más altos de los 3 tratamientos en carne fresca

Tabla 6. Comparación de los 3 tratamientos en base a su promedio de proteína obtenido

Tratamientos	Promedio % de Proteína
Carne de cerdo de crianza tradicional	23,845
Carne de cerdo de granjas de explotación continua	22,8925
Carne de cerdo de venta libre	23,2825
Gran media	23,34

Nota: Se realizó un promedio de los tratamientos por zonas y posteriormente la comparación

Hemos tomado como mejor tratamiento al tratamiento uno, correspondiente a la carne de cerdo de crianza tradicional, sin embargo, la diferencia no es muy notoria.

Baldi en sus investigaciones realizadas en el año 2020 nos indica que, la nutrición y los sistemas de crianza en sistemas intensivos están optimizados para un crecimiento rápido y eficiente, aumentando así mayor deposición de grasa en los músculos y disminuyendo la cantidad de proteína presentes en la carne en comparación con los cerdos que provienen de crianzas tradicional, debido a su crecimiento más lento o sus dietas menos intensivas en energía, disminuyendo la cantidad de grasa y sus músculos más desarrollados aumentando así el porcentaje de proteína y valor nutricional.

Cuantificación de proteínas por el método de Dumas de los concentrados proteicos

3.8. Comparación de porcentajes de proteínas más altos de los 3 tratamientos en concentrados proteicos.

Tabla 7. Comparación de los 3 tratamientos en base a su promedio de proteína obtenido de los concentrados proteicos

Tratamientos	Promedio % de proteína
% de Proteína medido del Aislado Proteico de la Carne de cerdo de Crianza tradicional	92,3767
% de Proteína medido del Aislado Proteico de la Carne de cerdo de Granjas de Explotación Continua	87,19
% de Proteína medido del Aislado Proteico de la Carne de cerdo de Lugares de expendio	90,6267
Media	90,0644667

Nota: Se realizó un promedio de los tratamientos por zonas y posteriormente la comparación

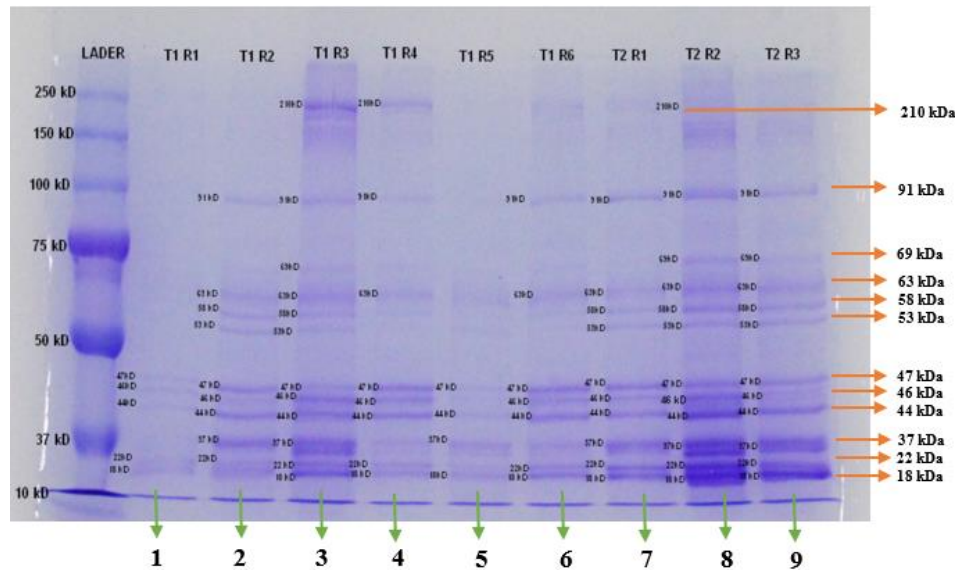
En la cuantificación de proteína de los concentrados proteicos hemos podido evidenciar que existe una diferencia notoria y significativa en los tratamientos; observando que el tratamiento de la carne de cerdo de crianza tradicional sobresale y sobrepasa la media. Demostrando así que la crianza tradicional da mejores resultados en rendimiento nutricional y bienestar animal.

No se ha podido realizar una discusión con otros autores, ya que, no existen estudios relacionados que nos permitan comparar nuestros resultados del concentrado proteico en carne de cerdo.

Caracterización de proteínas de los aislados proteicos mediante electroforesis vertical

3.9. Gel de poliacrilamida 1.

Figura 1. Gel de poliacrilamida en los cuales se representan: Tratamiento 1 (T1R1 – T1R6) y Tratamiento 2 (T2R1 – T2R3)



El gel describe un perfil electroforético SDS PAGE de las diferentes muestras del aislado proteico de la carne de cerdo, estas proteínas son características de las partes musculares del cerdo con pesos moleculares que van desde 18 kDa hasta 210. Las bandas más prominentes y consistentes a lo largo de las 9 muestras nos permiten revelar la presencia de por lo menos 12 proteínas distintas.

Proteínas de alto peso molecular (>100 kDa)

- Banda de lader nos presenta un PM de ~210 kDa que corresponden probablemente a la Miosina pesada, estas aparecen intermitentemente en las bandas 3,4 y 8 la miosina es la proteína más abundante y su presencia variable nos indica diferentes grados de posible proteólisis.

Proteínas de peso molecular medio (50-100 kDa)

- En este caso las bandas ~91 kDa correspondientes a Bandas 2,3,4 y 6,7,8,9: son consistentes con posibles proteínas como alfa-actinina, tropomiosina, enolasa-1 y elastina. Su presencia en múltiples muestras indica buena conservación de estas proteínas.
- Bandas 58–69 kDa (~63 kDa dominante, y algunos fragmentos) sugieren actina, desmina, enolasa o sus derivados fragmentados, presentes de forma constante.

Proteínas de bajo peso Molecular

- Bandas ~47 kDa y 44 kDa: eventualmente corresponden a alfa-enolasa, G-actina y creatina quinasa. Su duplicación indica proteínas con modificaciones o fragmentación post extracción presente en las bandas del gel completamente.
- Bandas 37 kDa: podrían incluir troponina T y otros fragmentos del complejo contráctil. Presente con bandas más prominentes en 2,3,5,7,8 y9.
- Bandas de 22 kDa y 18 kDa: Reflejan subunidades de troponina C (TnC) y degradación adicional de miosinas ligeras. En donde solo la banda 5 no presenta ninguna proteínas o peso molecular de 22 kDa, Sin embargo, la banda 2 no ostenta ningún tipo de estructura.

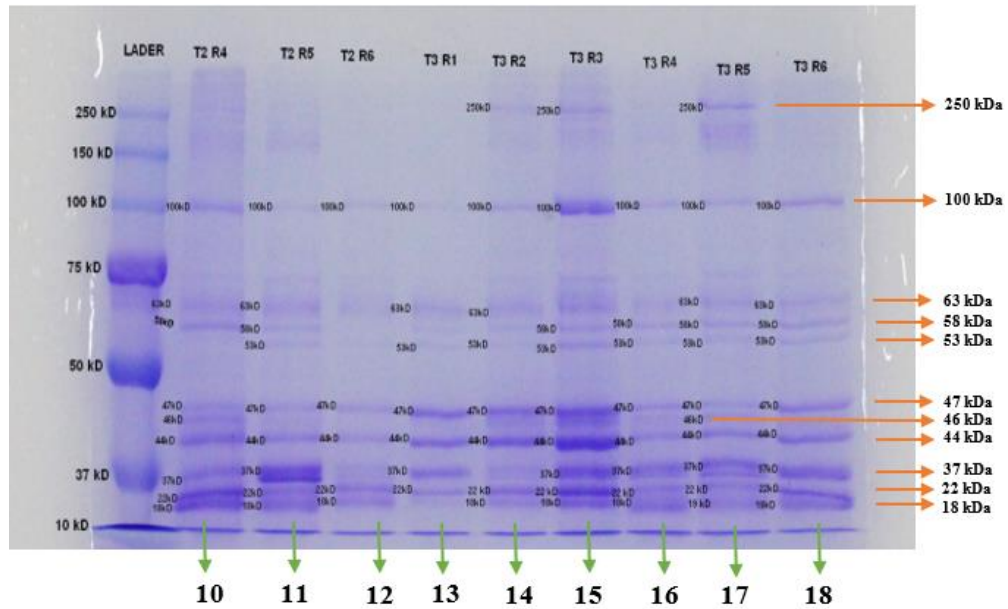
En estudios enfocados en la carne de cerdo, las proteínas estructurales como la miosina pesada (Myosin Heavy Chain), la actina, las cadenas ligeras de miosina, la tropomiosina, la troponina T, I y C, así como la desmina, han sido analizadas con técnicas de electroforesis SDS-PAGE combinada con proteómica de abajo-arriba. Un estudio reciente encontró diferencias significativas en la abundancia de isoformas de miosina pesada y actina entre muestras clasificadas por textura y purga, asociando mayor abundancia de myosin-1, myosin-4 y actina con cortes más tiernos. Se observó también variaciones en la abundancia de tropomiosina y troponina T, subrayando que estas proteínas del filamento delgado juegan un rol clave en la calidad final del producto cárnico (Johnson L. Z., 2024).

La desmina, miembro importante del citoesqueleto, y la troponina C (TnC, alrededor de 18 kDa), fueron identificadas como más abundantes en muestras con menor pérdida de jugo (low purge) en cortes envejecidos. Este hallazgo sugiere que la degradación proteolítica es un aspecto central en el fenómeno de jugosidad: conforme estas proteínas se degradan, liberan fragmentos solubles detectables en la fracción sarcoplásmica extraída en condiciones iónicas bajas, lo cual fue revelado mediante SDS-PAGE seguido de análisis proteómico de banda cortada y cuantificación por densitometría (Johnson L. Z., 2023)

Además, mediante SDS-PAGE 1D y western blot, se ha monitoreado específicamente la degradación de desmina (~55 kDa) durante el envejecimiento postmortem. La intensidad de la banda intacta de desmina fue cuantificada y comparada con referencia interna, revelando que en muestras con mayor degradación la desmina disminuía significativamente, correlacionándose con cambios en la firmeza y textura de la carne. Estas técnicas permiten evaluar no solo cuantitativamente, sino también cualitativamente, el estado de proteínas clave como las troponinas y proteínas ligeras de miosina, reforzando la utilidad de SDS-PAGE como herramienta de control de calidad en carne de cerdo (Johnson L. Z., 2023).

3.9. Gel de poliacrilamida 2.

Figura 2. *Gel de poliacrilamida en los cuales se representan: Tratamiento 2 (T2R4 – T2R6) y Tratamiento 3 (T3R1 – T3R6)*



Proteínas de Alto Peso Molecular (>75 kDa):

La presencia consistente de la banda de miosina pesada en todas las muestras nos indica una buena preservación de las proteínas miofibrilares principales durante el proceso de aislamiento y liofilización. Esta proteína es fundamental en la estructura del músculo y su presencia sugiere que las condiciones de procesamiento no fueron lo suficientemente severas como para causar una degradación significativa de las proteínas de mayor tamaño. Las bandas 14,15 y 17 nos revelan un peso molecular de 250 kDa respectivamente a la proteína descrita.

Proteínas de Peso Molecular Intermedio (37-75 kDa):

En este rango se observa un patrón interesante con múltiples bandas. Las bandas de 63 kDa asociadas con enolasa 1, 58 kDa, y 53 kDa corresponden probablemente a diferentes isoformas de proteínas sarcoplasmáticas y algunas proteínas miofibrilares menores o elastina. La alfa-actina (47 kDa) muestra una presencia consistente en todas las bandas, lo cual es esperado ya que es una de las proteínas más abundantes en el músculo esquelético. La presencia de estas proteínas en el rango de 44 kDa podría indicar posibles proteínas nativas o estables como la actina globular o creatina quinasa (CK).

Algunas bandas como 10,11,13,15,16,17 y 18 nos muestran una fracción adicional a 37 kDa, probablemente relacionada con fragmentos proteolíticos Troponina T.

Proteínas de Bajo Peso Molecular (<30kDa):

Las bandas en el rango de 22 kDa y 18 kDa distribuidas en bandas 10,11,12,14,15,16 y 18 sugieren la presencia de proteínas menores del músculo, posiblemente incluyendo algunas cadenas ligeras de miosina, troponinas, y otras proteínas regulatorias.

En la banda 17 se observa una fracción única de 19 kDa, lo que podría indicar una variante específica de troponina C (TnC) o miosinas ligeras, lo que también podría considerarse es un producto de degradación propia del músculo.

Los resultados del análisis electroforético mediante SDS-PAGE del concentrado de proteína de grillo (*Gryllus assimilis*) revelaron un perfil proteico distintivo que contrasta significativamente con el patrón de bandas observado en las proteínas de carne de cerdo.

Quinteros et al. (2022) en su investigación determinaron que el perfil proteico del concentrado de proteína de grillo se estableció entre los rangos de 37 kDa a 250 kDa, identificándose bandas proteicas con pesos moleculares de 37 kDa, 45 kDa, 50 kDa, 75 kDa, 150 kDa y 250 kDa, siendo la banda de 45 kDa la que mostró la mayor intensidad de tinción, indicando su mayor concentración. En contraste con las bandas de alto peso molecular características de las proteínas miofibrilares de mamíferos presentes en la carne de cerdo (como miosina de cadena pesada ~200 kDa y actina ~42 kDa), el concentrado de grillo exhibe un patrón de migración que incluye proteínas específicas de artrópodos en rangos moleculares diferenciados. Quinteros et al. (2022) reportaron que las muestras CPC 12 mostraron adicionalmente bandas de bajo peso molecular de 5 kDa y 10 kDa, las cuales no se encuentran típicamente en el perfil proteico de la carne de cerdo.

Finalmente, el estudio de Johnson et al. (2024) también evidenció que el perfil proteómico de cortes más tiernos se caracteriza por una degradación controlada de proteínas miofibrilares y la liberación de fragmentos solubles detectables mediante SDS-PAGE. La disminución de desmina y troponinas intactas se correlacionó con un pH post-mortem

menos pronunciado y una ruptura moderada de las membranas celulares, lo que favorece un producto final más jugoso y tierno. Estos datos subrayan cómo técnicas robustas como SDS-PAGE pueden implementar un control de calidad predictivo en entornos de procesamiento cárnico, respaldado por evidencia proteómica cuantitativa.

DISCUSIÓN

La homogeneidad en los pesos de las muestras (453,59 g) no fue un factor arbitrario; como señalan Lawrie y Ledward (2006), este control es vital para que los análisis de calidad sean replicables y el valor nutricional no se vea sesgado por variaciones en el tamaño de la muestra durante la liofilización o el secado.

El hallazgo más notable en cuanto a la apariencia fue la palidez en la carne de granjas de explotación continua. Según Mancini (2005), esto responde a una menor concentración de mioglobina derivada del hacinamiento o estabulación, donde la falta de actividad física reduce la necesidad de almacenamiento de oxígeno en el músculo. En contraste, la carne de crianza tradicional retiene un color rosado más intenso. Además, la tonalidad es un predictor crítico de la calidad sensorial; Chamorro (2017) vincula el color no solo con la sanidad, sino con factores de estrés pre-sacrificio que pueden alterar el sabor y la ternura, aunque en este estudio no se registraron tonalidades oscuras que indicaran estrés crónico

En el análisis bromatológico, la elevada humedad en carnes de expendio sugiere una posible manipulación mediante soluciones artificiales o la retirada excesiva de grasa. Aberle et al. (2012) explican que existe una relación inversamente proporcional entre grasa y humedad; por tanto, un mayor porcentaje hídrico suele ser indicativo de un tejido magro modificado. Por otro lado, el alto contenido de cenizas en cerdos de granja se atribuye a dietas intensivas diseñadas para un crecimiento acelerado, las cuales son ricas en macro y microminerales (Belitz et al., 2009).

Respecto al valor proteico, la crianza tradicional demostró una superioridad cualitativa, alcanzando un 92,37% de proteína en el aislado. Baldi (2020) sostiene que los sistemas intensivos priorizan la deposición de grasa muscular para rapidez, mientras que el

crecimiento más lento y las dietas menos energéticas del sistema tradicional favorecen un desarrollo muscular más denso y proteico.

El perfil electroforético confirmó la integridad de las proteínas miofibrilares. La presencia de miosina pesada (~210 kDa) y actina (~47 kDa) en casi todas las muestras indica que el proceso de aislamiento y liofilización fue lo suficientemente suave para no causar proteólisis severa. Sin embargo, la variabilidad en bandas de bajo peso molecular (18-37 kDa) coincide con lo expuesto por Johnson (2023, 2024), quien asocia la degradación de la desmina y las troponinas con la maduración post-mortem, un factor que define la jugosidad y la ternura final del producto cárnico.

CONCLUSIONES

Se cuantificó la proteína de la carne de cerdo por el método de Dumas; en muestras frescas y en concentrados proteicos. Resultando como mejor tratamiento la carne de cerdo de crianza tradicional, en fresco con un 23,84% de proteína y en el concentrado proteico con un 92,37%.

La caracterización de proteínas de los aislados proteicos mediante electroforesis vertical nos permitió obtener un perfil detallado de las fracciones proteicas en función de su PM, lo que nos facilitó identificar las distintas bandas con peso molecular que van desde 18 kDa hasta 250 kDa, destacando los tratamientos T2R2, T3R3 y T3R5 con mayor cantidad de proteínas presentes así mismo con amplitud de rango y prominente intensidad de tñido.

Se determinó la correlación entre la cantidad y calidad de la carne con su proveniencia de acuerdo a la diferencia significativa detallada con el análisis del paquete estadístico, refiriendo que la calidad depende y cambia de acuerdo a la concentración proteica de cada muestra. Según datos presentados T12 proveniente de la parroquia Ángel P. Chávez de granjas de explotación continuas presente mayor rendimiento y de calidad según mg de proteína.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aberle, E. D., Forrest, J. C., Gerrard, D. E., & Mills, E. W. (2012). *Principles of Meat Science* (5.^a ed.). Kendall Hunt Publishing.
- Baldi, G. S. (2020). *Meat Production and Processing*. Bolonia: Congreso Internacional de Ciencia y Tecnología de la Carne.
- Belitz, H. D., Grosch, W., & Schieberle, P. (2009). *Food Chemistry* (4.^a ed.). Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-540-69934-7>
- Coba, G. (2024, 22 de septiembre). Cinco factores que explican el aumento del consumo de carne de cerdo en Ecuador. *Primicias*. <https://www.primicias.ec/noticias/economia/consumo-carne-cerdo-ecuador-inversion/>
- Chamorro, J. (2017). *Evaluación de las características organolépticas y parámetros de calidad en canales bovinas*. [Tesis de Grado, Universidad Técnica del Norte]. Repositorio Digital UTN.
- Hinostrosa Guanilo, A. E. (2023). Determinación de las propiedades funcionales y fisicoquímicas de aislado proteico liofilizado extraído por solubilización y precipitación isoeléctrica a partir de bazo de vacuno [Tesis de grado, Universidad Nacional Agraria La Molina]. Repositorio Institucional UNALM.
- Johnson, L. Z., & Zhai, C. (2023). Distinct myofibrillar subproteomic profiles are associated with the instrumental texture of dry-cured pork loins. *Journal of Animal Science*, 101(Supplement_3), 231–232. <https://doi.org/10.1093/jas/skad281.282>
- Johnson, L. Z., et al. (2024). Proteomic and metabolomic profiling of aged pork loin chops reveals molecular phenotypes linked to meat tenderness. *Journal of Animal Science*, 102, skae051. <https://doi.org/10.1093/jas/skae051>
- Lawrie, R. A., & Ledward, D. A. (2006). *Lawrie's Meat Science* (7.^a ed.). Woodhead Publishing. <https://doi.org/10.1533/9781845691615>
- Mancini, R. A., & Hunt, M. C. (2005). Current research in meat color. *Meat Science*, 71(1), 100–121. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2005.03.003>
- Melo, M. F. (2024, 18 de julio). ¿En qué países se consume más carne? *Statista*. <https://es.statista.com/grafico/32652/encuestados-en-paises-seleccionados-que-consumen-carne-regularmente/>
- Quinteros, M. F., Martínez, J., Barrionuevo, A., Rojas, M., & Carrillo, W. (2022). Functional, antioxidant and anti-inflammatory properties of cricket protein concentrate (*Gryllus assimilis*). *Biology*, 11(5), 776. <https://doi.org/10.3390/biology11050776>