



## REVISIÓN [REVIEW]

### AVANCES Y PERSPECTIVAS DE LA BIOTECNOLOGÍA GENÓMICA APLICADA A LA GANADERÍA EN MÉXICO

#### [ADVANCES AND PERSPECTIVES OF GENOMICS BIOTECHNOLOGY APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION IN MEXICO]

G.M. Parra-Bracamonte \*, A. M. Sifuentes Rincón, X. F. De la Rosa Reyna,  
W. Arellano Vera

*Laboratorio de Biotecnología Animal, Centro de Biotecnología Genómica, Instituto  
Politécnico Nacional. Boulevard del Maestro SN. Esq. Elías Piña, Col. Narciso  
Mendoza, Reynosa, Tamaulipas, México. C.P. 88710. Tel. 899.924.36.27, Ext. 87709,  
87743. \*E-mail: gparra@ipn.mx*

*\* Corresponding author*

#### RESUMEN

El desarrollo de la biotecnología genómica en el área animal, ha sido promovido como una realidad necesaria en México, y sus objetivos se enfocan fundamentalmente en el desarrollo, establecimiento e implementación de técnicas y métodos moleculares en beneficio de los sistemas pecuarios del país. En esta revisión se define el concepto de la biotecnología genómica y cómo el conocimiento de las herramientas moleculares y de los marcadores genéticos, derivados de esta disciplina puede ayudar a la ganadería (sobre todo enfocada a los sistemas productores de carne bovina), al mejoramiento en la producción y calidad de sus productos, y finalmente, exponer algunas perspectivas de aplicación para los sistemas de producción pecuaria en México.

**Palabras clave:** Biotecnología genómica; ganadería; marcadores genéticos.

#### INTRODUCCIÓN

México es un país con gran vocación ganadera; sus regiones agroecológicas han sostenido desde su comienzo, un grupo considerable de razas bovinas especializadas para producir básicamente leche y carne. El informe sobre los Recursos Genéticos Pecuarios (SAGARPA, 2002) indica que en México existen 45 razas bovinas representativas, sin embargo, este número puede ser mayor debido a que aún en décadas recientes, han existido programas que incentivan la introducción de nuevas razas como estrategia para hacer más rentables los sistemas de producción nacionales.

La ganadería bovina productora de carne en México, ha experimentado crecimiento sostenido explicado en función del aumento en la demanda de cárnicos, pero que desafortunadamente no ha alcanzado la

#### SUMMARY

Development of genomic biotechnology for animal sciences has been promoted as a reality in Mexico; and its objectives are focused in development and establishment of molecular technique and methodologies to be applied for improvement of livestock production. The present review defines the concept of genomics and how the knowledge of the molecular tools and genetic markers may help to livestock systems (focused in beef cattle systems), their production and quality of their products, and finally, to present some perspectives of current application for animal production systems in Mexico.

**Key words:** Genomic biotechnology; livestock; genetic markers.

autosuficiencia. Reportes de producción de 2010 indican que el consumo de 2.6 millones de toneladas métricas de carne bovina, requirió la importación de más de 400 mil toneladas de productos y subproductos cárnicos para sostener las demandas nacionales (FAS/USDA, 2010).

Por otro lado, la exportación de becerros oscila en 1.5 millones de cabezas anualmente, y es rutinariamente dependiente de la disponibilidad de forrajes en épocas de sequía y la demanda de los engordadores en los Estados Unidos que condiciona y movilizan los precios de compra en la frontera (Peel, 2005). Ambos sistemas han sido la “marca registrada” en la cadena productiva de la carne bovina de México, e incluso podría parecer que al cambiar esta dinámica comercial el sistema se vería comprometido con graves repercusiones monetarias a los ganaderos involucrados.

En el mismo sentido, el mejoramiento genético por décadas ha sido sinónimo de importación de germoplasma debido a la idea preconcebida de que en ocasiones, a pesar de no contar con una justificación plena, el material genético extranjero es mejor. Las cifras indican que anualmente la importación de ganado de pie de cría y de semen representan un valor total de 12.8 y 5.5 millones de dólares, respectivamente (Guin y Skaggs, 2005), lo que nos coloca también como un importador neto de germoplasma.

Podrían citarse muchos factores determinantes de la situación o el rezago en el sistema productor de carne bovina en México, como la necesidad de infraestructura y procedimientos para la clasificación de canales basado en calidad, la dificultad de integrar los sistemas agrícolas con los pecuarios, etc. Claramente existen problemas prioritarios que son necesarios de atender, la educación por encima de todos, es un aspecto fundamental para lograr el vínculo de la sociedad y particularmente del sector pecuario con el gremio científico poseedor del conocimiento que en muchos casos es muy difícil de transferir.

En este sentido, sobre todo desde la última década la gran avalancha de innovación en el campo de la biotecnología ha demostrado ser una herramienta viable para aprovechar el potencial innato de los organismos vivos como recurso para solventar las demandas alimentarias de las poblaciones humanas, y sin duda, los países en desarrollo no han sido ajenos a esta dinámica que ayudaría de sobremanera, a solucionar al menos parcialmente sus problemáticas básicas.

### **La biotecnología pecuaria en México**

Históricamente, la asignación y distribución de recursos (principalmente gubernamentales) para el desarrollo de la Biotecnología en México, ha dependido de evaluaciones llevadas a cabo por grupos académicos o de la iniciativa privada, definiendo la situación de las diferentes áreas en las cuales esta actividad puede incidir directamente en el aumento de la productividad y competitividad de los mercados mexicanos (Sasson, 1993).

Con los resultados de dos evaluaciones llevadas a cabo entre 1980 y 1990, se apoyó primeramente la aplicación de la Biotecnología Tradicional para el desarrollo de productos fermentados, la producción de leche y sus derivados, cereales, vinos y licores. Con base en la segunda evaluación se apoyaron las biotecnologías dirigidas a la producción de antibióticos, enzimas aminoácidos y estrategias biotecnológicas dirigidas al tratamiento de efluentes. Desafortunadamente, el área pecuaria no fue considerada como prioritaria para el desarrollo de las

herramientas biotecnológicas, por lo que de esas evaluaciones no se reportaron resultados de avances substanciales en el área.

En 2002, se publicó un estudio financiado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, en donde los autores, principalmente investigadores identificados como expertos en Biotecnología en diferentes áreas, realizaron una serie de actividades enfocadas a determinar el estado actual de la Biotecnología en México (Arriaga y Larqué, 2002). En este estudio, el tipo de biotecnología descrita como prioritaria fue aquella enfocada al análisis de los genomas, como base del conocimiento de la diversidad genética para la explotación dirigida y sustentable de la gran cantidad de recursos naturales con que cuenta México, y se determinó que el sector pecuario es una de las áreas con menor número de grupos académicos enfocados al desarrollo de proyectos de Investigación o de transferencia de tecnología. Además, los autores destacaron la participación de algunas dependencias en las que las principales áreas de estudio son el mejoramiento genético y la sanidad animal mediante la optimización, desarrollo y aplicación de nuevas herramientas de diagnóstico molecular.

A partir de entonces, el desarrollo de la biotecnología genómica ha sido promovido como una realidad necesaria en México, dentro de cuyos objetivos se encuentra el desarrollo, establecimiento e implementación de técnicas y métodos moleculares en beneficio de los sistemas pecuarios del país, como el de producción de carne que aunque con un crecimiento de 2.3% anual (Torres, 2011) requiere de fomento para el mejoramiento de los hatos ganaderos.

El presente manuscrito define el concepto de la biotecnología genómica y cómo el conocimiento de las herramientas moleculares derivado de esta disciplina puede ayudar a la ganadería (sobre todo enfocada a los sistemas productores de carne bovina), al mejoramiento en la producción y calidad de sus productos, y finalmente, exponer algunas perspectivas de aplicación para los sistemas de producción pecuaria en México.

### **Genómica**

El entendimiento de este concepto es prioritario para comprender su contexto y sus alcances. Genómica, se puede definir como la subdisciplina de la genética que involucra un conjunto de ciencias y técnicas para el estudio integral del funcionamiento, evolución y origen de los genomas (Hocquette *et al.*, 2007; Cañón, 2009). La genómica se ayuda del conocimiento derivado de otras ciencias como la biología molecular, bioquímica, informática, estadística, entre otras. Los genomas contienen toda la información genética codificada en la secuencia de ácido

desoxirribonucleico (ADN), que está contenido en el núcleo de todas las células. El genoma eucariota es producto de la combinación de dos genomas, es decir un individuo posee una muestra del genoma de cada uno de sus progenitores, sin embargo, debido a la recombinación que sufre durante su segregación el genoma resultante es variable entre los individuos de una familia y poblaciones..

De acuerdo al análisis de la secuencia nucleotídica del bovino, el genoma de esta especie alberga 22 mil genes que son encargados de la expresión, regulación e interacción de las proteínas producidas, algunas de las cuales juegan un papel vital dentro de la fisiología que rige la producción y reproducción animal, y que también constituyen parte de la alimentación humana, como las proteínas de la leche y la carne (The Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium et al., 2009).

Las últimas décadas de investigación muestran que los avances relacionados con la Genómica, particularmente animal, ha sido significativa. El término ADN es familiar para la mayoría de los ganaderos, esto gracias a su constante difusión en diferentes medios de comunicación impresos, televisivos, y los cada vez más entendidos medios virtuales (p.e. Internet). En ellos se concibe particularmente, que la principal ventaja de contar con la biotecnología basada en ADN está limitada a las pruebas de paternidad, sin embargo, el otro extremo de las opiniones o producto de la desinformación también asocia, erróneamente, esta disciplina con la manipulación genética (ingeniería genética) y la generación de los polémicos organismos genéticamente modificados. Actualmente, en el sector ganadero las expresiones como “la búsqueda de los genes” y “el animal tiene genes que mejoran...” son comunes, pero inexactos en su concepción. Lo anterior simplemente debido a que los mismos genes literalmente están presentes en todos los bovinos independientemente de la raza o individuo; sin embargo, la predisposición para promover alguna característica de importancia depende de la secuencia nucleotídica de cada uno de esos genes, ya que variaciones (alelos) en la secuencia nucleotídica del ADN pueden tener un efecto en la expresión de la característica de interés. Estas variaciones no siempre tienen un efecto directo sino que se suman a otras variaciones génicas y producen un efecto o cambio fenotípico, condición denominada desequilibrio de ligamiento, responsable de los efectos genéticos pleiotrópicos (Van Eenennaam, 2006). Actualmente cualquier variación génica puede ser detectada y caracterizada por medio de los marcadores moleculares conocidos también como marcadores genéticos.

## Marcadores genéticos

Los marcadores genéticos, son regiones específicas del ADN donde se ha encontrado variación que se asocia positiva o negativamente con un rasgo de interés (Sifuentes y Parra, 2011). Los marcadores pueden, pero no necesariamente necesitan estar dentro del gen, lo que los convierte en una herramienta disponible para la cría animal (Casas, 2002). Actualmente, se cuenta con marcadores de relativa facilidad de implementación y muy informativos como los microsatélites (STRs por sus siglas en inglés) y los polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs), entre otros (Casas, 2002; Garrick y Johnson, 2003).

En el análisis genético de caracteres cuantitativos, existen dos tipos de marcadores genéticos con información polimórfica que pueden ser usados para fomentar los programas de mejora genética en animales, los marcadores genéticos, aparentemente no funcionales ligados a QTLs conocidos como marcadores indirectos de tipo II, y las mutaciones causales o marcadores directos tipo III (O'Brien et al., 1999; Dekkers y Hospital, 2002; BIF 2002).

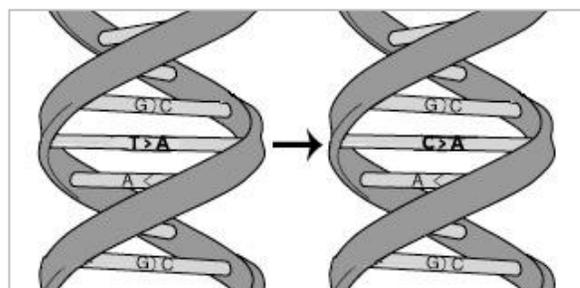


Figura 1. Los marcadores genéticos pueden consistir en cambios puntuales del genoma (SNP's).

Los marcadores de tipo II (microsatélites hipervariables, también llamados repeticiones cortas en tandem, short tandem repeats, STRs), son altamente informativos en evaluaciones de pedigrí, forenses y de población, debido a que existen cerca de 100,000 STRs distribuidos aleatoriamente a lo largo del genoma de los mamíferos, ya que incluyen múltiples alelos en sí mismos (O'Brien et al., 1999), estos marcadores han sido llamados indirectos o ligados, debido a que su ubicación ofrece sólo información indirecta sobre el efecto de un gen (Van der Werf y Kinghorn, 2000).

Los marcadores de tipo III, son polimorfismos comunes, dialélicos, de un solo nucleótido (SNPs) dentro de las regiones codificantes (exones), o más frecuentemente en intrones, regiones intragénicas no codificantes. Los SNPs, ocurren una vez cada 500 a 1000 pares de bases en el genoma humano, totalizando un estimado de 3 millones de SNPs en humanos y

mamíferos de diversidad genética comparable (O'Brien *et al.*, 1999). Son llamados mutaciones puntuales o funcionales cuando se asocian a algún carácter de interés (Dekkers y Hospital, 2002); sin embargo, se ha sugerido que la mejor forma de llamarles es variantes funcionales de secuencia, debido a que la palabra mutación tiene connotaciones evolutivas, habitualmente asociadas a anomalías (Notter, 2004). Estas variantes, pueden consistir en transiciones (cambios de purina por purina o pirimidina por pirimidina) o transversiones (cambios de purina por pirimidina y viceversa), con una probabilidad más alta de ocurrencia en las transversiones (Vignal *et al.*, 2002). Actualmente, al ser verificada su asociación son llamadas Nucleótidos de Características Cuantitativas (QTN, por sus siglas en inglés; Allan y Smith, 2008).

La transmisión de un marcador genético de padre a su cría, puede ofrecer información sobre la herencia de una región del cromosoma que rodea al marcador, y que puede abarcar algún QTL o QTN. El conocimiento de la transmisión del marcador puede proveer información sobre la probabilidad del mérito genético de las crías (Garrick y Johnson, 2003). Y aunque, la selección de los animales puede basarse solamente en información de los marcadores genéticos, la información del marcador puede omitir el efecto de otros genes, que igualmente pueden afectar la característica de interés (Van der Werf y Kinghorn, 2000). Por lo tanto, una selección óptima debe considerar el efecto poligénico, más que de un solo QTL y estar basada en información del fenotipo del animal (Van der Werf y Kinghorn, 2000; Thallman, 2004). El tipo de selección que se apoya con información de los marcadores genéticos es llamada selección asistida por marcadores moleculares (MAS, por sus siglas en inglés; Van der Werf y Kinghorn, 2000).

### Uso de los marcadores moleculares en la ganadería

Congruentemente con el propósito fundamental de la genética, la caracterización genómica por medio de los marcadores genéticos tiene como principal fin la identificación de la variación o variabilidad de las poblaciones. En este sentido, la disponibilidad de marcadores genéticos de diferente naturaleza pueden avocarse al estudio de las poblaciones ganaderas locales con dos propósitos primordiales, 1) Realizar estudios de diversidad, identificando la variabilidad inter e intra poblacional, con la ventaja adicional de consolidar un panel de marcadores (p.e. microsatélites) para sostener estudios de identidad ó asignación/verificación de paternidad y maternidad; y 2) Cuantificar frecuencias genotípicas y alélicas en regiones genómicas y/o genes (p.e. genes candidatos) que están o eventualmente pudieran estar asociados con características fenotípicas de interés comercial que

justifiquen su implementación a través de la inicialmente llamada, selección asistida por marcadores y que alternativamente puede ser llamada como manejo asistido por marcadores debido a las limitantes que conlleva su utilización como única herramienta de selección (Allan y Smith, 2008).

En México, ambos enfoques han sido abordados. En ellos el entendimiento sobre la aplicación práctica en la ganadería ha sido patente y sobre todo promovida considerando las características y limitantes de los sistemas de producción en el país.

### Estudios de variabilidad e identidad biológica

Los estudios de variabilidad han considerado primordialmente el uso de marcadores microsatélites, que exhiben una gran versatilidad. Actualmente son propuestos 31 marcadores microsatélites para realizar estudios de diversidad, escogidos básicamente por ser altamente polimórficos, codominantes y de fácil implementación (ISAG, FAO, 2007). Por lo cual son muy útiles en estudios de identificación biológica, trazabilidad, y asignación y verificación de paternidad y/o maternidad.

Brevemente, los procedimientos de asignación de identidad, verificación o asignación de progenitores, están basados primero en la genotipificación que determina cuál genotipo corresponde a cada individuo incluido en el estudio (Tabla 1); y si se considera que dentro de un genotipo existen dos alelos uno proveniente del padre y otro proveniente de la madre, el conocimiento *a priori* de la familia putativa dirige la búsqueda a incluir un panel que mediante probabilidades de exclusión (probabilidad de asignar erróneamente un individuo como padre, madre o a su propia identidad con respecto a otro individuo aleatoriamente escogido de la población), y del producto combinado de sus porcentajes permita diferenciar la segregación alélica y discernir entre un grupo de animales candidatos a los progenitores más probables de ser asignados.

Al respecto, Salazar-Marroquín *et al.*, (2004) lograron el establecimiento de un método semi-automatizado altamente específico para la caracterización genética de individuos pertenecientes a dos razas, Beefmaster y Charolais. El método se basó en la utilización de un panel de marcadores moleculares del tipo de ADN microsatelite, el cual demostró ser altamente polimórfico en poblaciones de las razas mencionadas. Para determinar la eficacia de estos marcadores, se estableció el número y tamaño de alelos por locus, así como la heterocigocidad esperada y el poder de exclusión. La heterocigocidad esperada fue 0.825 para la raza Beefmaster y 0.732 para la Charolais. Las probabilidades de exclusión estimadas en este estudio cuando se conocía el genotipo de al menos uno de los

padres, fueron 0.999935 y 0.999677 para Beefmaster y Charolais, respectivamente. El panel de marcadores probado resultó altamente informativo en ambas razas y por ende útil para la identificación de individuos. Posteriormente, Sifuentes-Rincón, *et al.*, (2006), analizaron la importancia de la asignación de paternidad en un hato de ganado Charolais de pié de cría manejado bajo empadre múltiple, y encontraron un 24% de asignaciones erróneas de paternidad. Complementariamente, los autores aplicaron un modelo animal para la comparación de valores y parámetros genéticos como son las diferencias esperadas de la progenie (DEPs), y encontraron que existe una marcada diferencia en el ordenamiento de los sementales verificados cuando se comparan las DEPs de becerros con paternidad asignada mediante el uso de marcadores moleculares y la asignación al azar (simulando la asignación fenotípica).

Esto apoyaba fuertemente la necesidad de verificar el pedigrí, sobre todo en reproductores seleccionados para ser subastados en programas gubernamentales de mejoramiento genético (p.e. Ganado Mejor), los cuales pueden alcanzar precios muy importantes, con lo que un registro erróneo de ciertos animales valuados como superiores puede estar condicionado por el sistema de manejo que limita el correcto establecimiento de la genealogía. Las evaluaciones genéticas actualmente, rutinarias para la mayoría de las Asociaciones de Criadores de ganado bovino de registro, necesariamente requieren del registro genealógico o pedigrí de sus animales, debido a que la Metodología del BLUP (Mejor predicción lineal insesgada), así lo requiere (Mrode, 1996) y por lo tanto la estructura de los datos condiciona la sobreestimación o subestimación de los parámetros y valores genéticos estimados.

El retorno a la inversión de un programa de mejoramiento genético basado en la genotipificación está directamente influenciado por el costo de las pruebas de paternidad. La genotipificación de ADN provee una extensión natural de asignar probabilidades diferenciales. Con un número suficiente de marcadores, asignar un solo toro a su becerro, es sencillo y posible para la mayoría sino todos los animales. Sin embargo en condiciones prácticas es muy difícil lograr esto, especialmente cuando el número de candidatos es grande ó cuando la relación entre ellos es cercana, es decir son medios hermanos o primos (Pollak, 2005).

Para solventar este problema, el consorcio nacional para la evaluación del ganado (NCEC, por sus siglas en inglés) propuso la creación de grupos ordenados de acuerdo a sus genotipos establecidos previamente a su lotificación y con esto aumentar la diversidad de genotipos entre toros y maximizar la probabilidad de becerros asignados de manera única a cada semental individualmente (Pollak, 2005).

Esta estrategia puede ser aprovechada sobre todo al considerar que uno de los principales problemas para los programas de mejoramiento genético es la mala asignación de los progenitores, datos reveladores de la NCEC indican que de un proyecto nacional en Estados Unidos se encontró el 9.8% de asignación errónea de paternidad en una población de 8500 becerros de 14 razas diferentes (Pollak, 2005).

Tabla 1. Ejemplo de casos para la asignación de paternidad en ganado bovino

	Genotipos			
	Toro 1	Toro 2	Toro 3	Toro 4
	140/140	134/146	152/140	152/140
Interpretación de casos:	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Un becerro con el genotipo 134/140 podría haber recibido un alelo de cualquiera de esos toros y por lo tanto ninguno de ellos podría excluirse como posible padre.</li> <li>• Un becerro con el genotipo 134/148 podría no tener como progenitores a los toros 1, 3 o 4, y puede haber recibido el alelo 134 del toro 2, y por proceso de eliminación el alelo 148 pudo provenir de la madre.</li> <li>• Un becerro de genotipo 130/152 pudo tener como progenitores a los toros 3 y 4. El hecho de que estos toros tengan el mismo genotipo en este locus marcador en particular, significa que deben ser analizados más <i>loci</i> para excluir estos toros como padres. Sí estos toros están emparentados entonces probablemente comparten el mismo genotipo en varios <i>loci</i>, en cuyo caso es necesario aumentar el número de marcadores para asignar correctamente a sólo uno de ellos como padre del becerro.</li> </ul>			

Adaptado de Evans y Van Eenennaam, 2005.

En México, recientemente, Arellano-Vera et al. (2009), corroboraron esta problemática al evaluar en un hato de ganado Braford de registro, la asignación de progenitores, encontrando un 90% error en la asignación de padres y madres; concluyendo que el uso de la asignación de paternidad para verificar la estructura genealógica (paternidad y maternidad) de hatos cuya certeza en el pedigrí es crítica para el mejoramiento genético de su raza, y en donde el sistema de manejo extensivo y empadre múltiple limitan el registro adecuado de la progenie al momento del parto es muy necesario.

Por otro lado, en 2005, López-Morales et al., demostraron que la metodología desarrollada es ampliamente adaptable para el estudio de especies relacionadas como es el caso de los ovinos (*Ovis aries*), lo cual ha abierto el campo de aplicación hacia el análisis de la diversidad genética de las diferentes razas de ganado bovino y ovino, así como otras especies de vida silvestre como el borrego cimarrón (*Ovis canadiensis*) (Abad-Zabaleta et al., 2011).

Similarmente, Sifuentes-Rincón et al. (2007b), al analizar hatos reproductores de ganado del Charolais en el noreste país, revelaron que aún en una misma región y con la misma raza pueden existir subdivisiones o "líneas" promovidas por la diferenciación en su variabilidad condicionada por el origen del material genético del que provienen (p.e. Irlanda, Francia, ó Estados Unidos). El conocimiento de este aspecto puede ser aprovechado, por ejemplo, para responder a las demandas de un mercado diverso aprovechando la existencia de líneas diferenciadas ó al hacer uso de esta divergencia mediante cruzamientos.

### **Uso de marcadores genéticos para el manejo asistido**

La selección asistida por marcadores moleculares (SAM) es el proceso de usar los marcadores genéticos para asistir la selección de los progenitores de las siguientes generaciones en un programa de mejoramiento genético (Van Eeneenam, 2006). Es importante considerar que este procedimiento tiene mayor potencial para características con baja heredabilidad (características en las que la medición individual es predictor inexacto debido a la alta influencia ambiental), difíciles o caras de medir (p. e. resistencia a enfermedades), que no se pueden medir hasta que el animal ha contribuido con la siguiente generación (longevidad reproductiva), que no son seleccionadas debido a que rutinariamente no son medidas (características de la canal como suavidad), y que son características correlacionadas con otras que no se quieren mejorar (los marcadores asociados con aumento en el marmoleo, usualmente no se asocian con grosor de grasa dorsal) (Van Eeneenam, 2006).

La SAM tiene como finalidad complementar los programas de mejoramiento genético basados en la estimación de valores genéticos, DEPs (Diferencias esperadas en la progenie) de tal forma que la información molecular es incluida en el proceso de estimación de valores genéticos (Allan y Smith, 2008). Sin embargo, la falta de información sobre marcadores que expliquen significativamente la mayor proporción de variabilidad genética sobre características de interés (sometidas a evaluaciones genéticas y estimación de DEPs) ha limitado su implementación (Dekkers, 2004).

En este sentido la estrategia de Manejo Asistido por Marcadores (MAM) tiene mayor potencial en auxiliar complementariamente el uso de las DEPs, no incluyendo la información en el modelo estadístico de evaluación, pero sí empleando el "score molecular" (Dekkers y Hospital, 2002) o presencia de alelos favorablemente asociados a caracteres de interés que ayuden a la selección de reproductores. Comercialmente el MAM consiste en combinar la información de evaluaciones de animales vivos con su información genética (ADN) para hacer decisiones de manejo (Kolath, 2009).

En la actualidad existen varias pruebas que identifican variantes favorables, primordialmente basadas en la identificación de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP por sus siglas en inglés) que posteriormente a estudios de asociación han sido identificados como QTNs (Nucleótidos de Característica Cuantitativa) también expresados como marcadores directos (Kuhn et al., 2005). Por lo tanto explican una proporción significativa de la variabilidad genética de la característica productiva (Tabla 2), y que paralelamente a una constante validación son comercializadas (Quaas et al., 2006; Van Eeneenam, et al., 2007).

La utilidad de la MAM está relacionada con características relacionadas a la calidad de la carne, como el marmoleo o contenido de grasa intramuscular, la suavidad de la carne o la resistencia al corte, características que comercialmente no son evaluadas mediante la estimación de DEPs y que poseen el potencial de ser seleccionadas sin la necesidad de sacrificar al animal.

Aunque ambos sistemas poseen ventajas relativas, en los siguientes años el conocimiento que pueda generarse con los estudios de asociación de genoma completo mediante la genotipificación masiva por medio de arreglos de miles de SNPs demostrará el verdadero potencial de la SAM y el MAM, una vez que el genoma sea caracterizado y sean identificadas más variaciones que significativamente afecten el fenotipo (Allan y Smith, 2008).

Tabla 2. Marcadores directos confirmados por su relación con características de calidad de la carne bovina.

Gen/Marcador	Cromosoma	Característica
CAPN1	29	Resistencia al corte, Suavidad
CAST	7	Resistencia al corte, Suavidad
LOX	7	Resistencia al corte, Suavidad
TG	14	Marmoleo
CSSM34/ETH10	5	Marmoleo
DGTA1	14	Contenido de grasa intramuscular
RORC	3	Marmoleo

Adaptado de Kuhn et al., 2005

En México, el efecto en la implementación de estos marcadores genéticos, es hasta ahora desconocido. Sin embargo, se conoce al menos la frecuencia en la que las variantes favorables se presentan en algunas poblaciones y razas bovinas, lo que ayuda a inferir las ventajas de contar con esta información. Los genes con SNPs que han sido estudiado y reportados durante la última década son Miostatina, Calpaína, Tiroglobulina e IGF-I (Sifuentes-Rincón et al., 2006, 2007a; Parra-Bracamonte, 2007; Bonilla, 2008; Parra-Bracamonte et al., 2009; Bonilla et al., 2010; De la Rosa-Reyna et al. 2010; Arellano et al., 2011).

### Miostatina

Uno de los primeros genes estudiados en México, fue el de la Miostatina, MSTN o Factor 8 de diferenciación celular (GDF8) que es un regulador negativo del crecimiento muscular. Los efectos de algunas variantes alélicas de MSTN se han reportado como desfavorables en su condición homocigótica en razas cárnicas (Bellinge et al., 2005, Lightner, 2005), pero también se ha puntualizado su gran potencial en cuanto a la producción de músculo en su condición heterocigótica (Casas et al., 1999; Keele y Fahrenkurug, 2001).

Sifuentes Rincón et al., (2006, 2007a), optimizaron la técnica de análisis de la variante Q204X y reportaron por primera vez su frecuencia en hatos ganaderos de la raza Charolais del Noreste de México. De manera general, encontraron que la frecuencia del alelo Q204X era de poco menos de 3%; sin embargo, la prevalencia encontrada de portadores heterocigotos fue de casi un 9%, lo que confiere relevancia al hecho de segregación del alelo. En el mismo sentido, Parra-Bracamonte et al., (2009), analizaron las frecuencias de esta variante en animales Charolais sometidos a prueba de comportamiento productivo y candidatos a sementales encontrando que la prevalencia del alelo no es diferente a estudios previos (3%, de portadores heterocigotos).

Al respecto, en México existe una percepción negativa sobre los animales con la característica de doble

musculatura. La apreciación problemática sobre este aparente problema, está relacionada a la alta tasa de partos distócicos que padecen las vacas con becerros poseedores de esta característica (Arthur, 1988; Casas et al., 1999, Bellinge et al., 2005; Lightner, 2005). Sin embargo, Casas et al., (1999) indicaron al evaluar la ganancia obtenida debido al incremento en kg de producción de carne al destete o al año por efecto de llevar una copia del alelo mh en ganado Piedmontes, que su efecto representa una mayor ventaja económica comparada al costo que supondría la atención de partos distócicos que ocurren en alrededor de 4% en mayor frecuencia en vacas que paren un animal heterocigoto. En términos prácticos, esto sugiere que por cada asistencia al parto requerida por producir animales heterocigotos habrá un incremento de 465 kg de producto en canal, lo que sin duda es una ganancia sustantiva comparada a la inversión por asistencia al parto (Casas et al., 1999).

La evidencia, para varias características de producción indica en diferentes razas y cruces portadores, que al menos una copia mh produce mayor producción de carne en canal, mayor crecimiento al destete y al año (Casas et al., 1999, Casas et al., 2004), llegando a observarse un efecto dominante en los animales heterocigotos. Recientemente, un estudio en animales Charolais apoyó la importancia de esta mutación en animales heterocigotos, reportando un efecto significativo en el aumento del rendimiento y masa muscular, disminución de colágeno en carne y un aumento de la suavidad de la carne, a expensas de la disminución de grasa intramuscular y el sabor de la carne (Allais et al., 2010).

Adicionalmente, estudios posteriores en MSTN, indican que la presencia del alelo Q204X se presenta en una considerable frecuencia también en la raza Charbray (Arellano et al., 2011), resultado del entrecruzamiento de las razas Charolais y Brahman (5/8 y 3/8, respectivamente). La estimación del 9% de portadores heterocigotos indica que la identificación de su efecto puntual sobre las características productivas y reproductivas es necesariamente de importancia.

## Calpaína

La Calpaína (CAPN), es una proteína responsable de la proteólisis postmortem en la carne (Koochmaraie, 1996). Existen al menos dos variantes alélicas del gen CAPN1 que a la fecha se encuentran comercialmente disponibles y sus efectos sobre la suavidad de la carne están en constante proceso de validación (Van Eenennaam *et al.*, 2007).

Parra-Bracamonte *et al.*, (2007) caracterizaron la frecuencia de variantes alélicas favorables en el gen de la Calpaína en animales de la raza Brahman, específicamente, las frecuencias de los SNPs 316, 530 y 4751, asociados a la suavidad de la carne de ganado *Bos taurus* (Smith *et al.*, 2000; Page *et al.*, 2002, 2004) y ganado *Bos indicus* (Casas *et al.*, 2005; White *et al.*, 2005) (Tabla 3). La importancia de este estudio residió particularmente en el hecho de que en las regiones tropicales el aporte del ganado *Bos indicus* y de la raza Brahman en particular es la base del componente genético, tanto de manera pura como en cruzamientos con *Bos taurus* para sistemas de producción de carne o doble propósito (Hoogesteijn, 1999). Sin embargo, de manera generalizada la influencia Cebú, aún en cruzamientos se asocia a la pobreza en calidad de la carne y especialmente para la suavidad, que es una característica fundamental para la satisfacción del consumidor.

En relación a ello, los resultados indicaron que copias alélicas favorables para suavidad de la carne (C en C316 y C4751) son segregados de manera importante en la población Brahman (Tabla 4). Esto sugería que mediante manejo asistido de los hatos se podría incrementar la frecuencia de genotipos homocigotos favorables para la suavidad de la carne en la población Brahman. Sin embargo; no obstante la alta frecuencia que pueda lograrse, también es importante mencionar que estudios de validación ayudarían a entender la proporción de variabilidad que explican estos marcadores en esta raza para la suavidad de su carne con la finalidad de justificar o no su implementación a nivel regional o nacional.

Otros estudios, realizado en ganado de razas Charolais (Parra-Bracamonte *et al.*, 2009), Brangus y Simmental (Datos no publicados) en toretes candidatos a sementales del Norte de México, indicó que la frecuencia de los alelos favorables en los dos marcadores de CAPN1 es suficiente para implementar sistemas de manejo tendientes a aumentar su prevalencia en la población (Tabla 4); sin embargo, la misma consideración antes expuesta sobre la validación de su efecto puntual es objeto de debate.

Los estudios de validación reportados no son consistentes (Van Eenennaam *et al.*, 2007; Smith *et al.*, 2009) para diferentes razas y en diferentes ambientes

de manejo, por lo tanto, la determinación del efecto en condiciones particulares requiere mayor atención. El único trabajo de validación con variables fenotípicas reportado a la fecha (Bonilla *et al.*, 2010), apoya lo anteriormente expuesto. En este reporte, la evaluación en diferentes regiones de México de cortes de carne bovina comercial, mostró efecto significativo de los genotipos del marcador 4751; sin embargo, el no considerar los antecedentes raciales de las canales evaluadas limita las aseveraciones concluyentes sobre su implementación generalizada.

## Tiroglobulina (TG5)

La grasa intramuscular o marmoleo es una característica de importancia fundamental al conferir sabor y jugosidad a la carne y tener un efecto de lubricación durante la masticación, lo que aumenta la satisfacción del consumidor (Thompson, 2004). Entre los genes identificados con participación en las características productivas relacionadas con el marmoleo se ha encontrado al gen de la Tiroglobulina (TG), el cual se expresa dentro del tejido de la glándula tiroidea y es secretada para activar las formas T3 (Triyodotironina) y T4 (tiroxina) involucradas en la regulación del metabolismo de lípidos y la deposición de grasa. Para este gen se ha reportado un polimorfismo TG -537 C/T en el cromosoma bovino 14 asociado con el marmoleo, que se localiza en la región 5' no traducible del gen y que está involucrado en la regulación del gen. Este SNP se ha relacionado con el grado de marmoleo o grasa intramuscular en la carne bovina (Barendse *et al.*, 2004).

Bonilla (2008) analizó las frecuencias de este SNP en poblaciones comerciales de ganado bovino mexicano, y encontró la presencia de dos genotipos, CC y CT, correspondientes al genotipo homocigoto con dos copias del alelo normal y respectivamente al genotipo con una copia del alelo normal y otra del mutado. La frecuencia del alelo favorable se encontró en un 10%, con 26% de animales portadores. Este estudio también incluyó el análisis de asociación que corroboró la asociación del marcador con el marmoleo cuantificado en cortes de canal de los animales muestreados, encontrándose que la presencia del alelo T significativamente aumenta la media de grasa intramuscular de 4.4 a 6.6%.

## Factor de Crecimiento Similar a la Insulina (IGF-I)

El IGF-I juega un papel fisiológico muy importante en el crecimiento y desarrollo de los mamíferos en órganos específicos y ha sido asociado con características de crecimiento en ganado bovino Angus (Ge *et al.*, 2001). En México, los resultados obtenidos sobre variantes alélicas en este gen son incipientes.

Tabla 3. Efecto de marcadores SNP del gen calpaína (CAPN) sobre la suavidad (Resistencia al corte) de la carne bovina.

Genotipo/Efecto sobre la suavidad			Población	Referencia original
CAPN316				
CC	CG	GG		
++	+	-	Simmental	Page et al., 2004
++	+	-	Ciclo 7	Page et al., 2004
N/P	-	-	Brahman	Casas et al., 2005
++	+	-	Ciclo 8	White et al., 2005
CAPN4751				
CC	CT	TT		
N/P	+	-	Brahman	White et al., 2005
++	+	-	Ciclo 7	White et al., 2005
++	+	-	Ciclo 8	White et al., 2005

Alelos en el genotipo: C = Citosina. G = Guanina. A = Adenina. T = Timina.

+: Efecto sobre la suavidad de la carne.

-: Sin efecto sobre la suavidad de la carne.

N/P: No se presentó el genotipo.

Ciclo 7. Angus, Hereford y MARCIII (¼ Angus, ¼ Hereford, ¼ Pinzgauer y ¼ Red Poll).

Ciclo 8. Crías de sementales de razas adaptadas al trópico (Brangus, Beefmaster, Bonsmara y Romosinuano) y Hereford y Angus, con vacas Angus o MARCIII.

Tabla 4. Frecuencias genotípicas y alélicas de dos marcadores del gen de la Calpaína en diferentes razas bovinas de México

CAPN4751			CAPN316				Raza			
Genotipos			Alelos		Genotipos			Alelos		
CC	CT	TT	C	T	CC	CG		GG	C	G
0.00	0.99	0.01	0.49	0.51	0.00	0.92	0.08	0.46	0.54	Brahman <sup>1</sup>
0.14	0.57	0.29	0.42	0.58	0.70	0.30	0.00	0.15	0.85	Charolais <sup>2</sup>
0.03	0.32	0.65	0.19	0.81	0.00	0.16	0.84	0.08	0.92	Simmental <sup>3</sup>
0.11	0.48	0.41	0.35	0.65	0.00	0.22	0.78	0.11	0.89	Brangus <sup>3</sup>
			0.35	0.65				0.32	0.67	Comercial <sup>4</sup>

<sup>1</sup>Parra-Bracamonte et al. (2007); <sup>2</sup>Parra-Bracamonte et al., (2009), <sup>3</sup>Datos no publicados; <sup>4</sup>Bonilla (2008, 2010).

Valerio et al. (2007) reportó en ganado Beefmaster y Charolais la frecuencia del polimorfismo SnaBI reportado por Ge et al. (2001) y NruI, un nuevo polimorfismo encontrado en el intron 4 del gen IGF-I. En este estudio se encontraron diferencias sustanciales para ambos marcadores en ambas razas. Para SnaBI, la prevalencia del alelo mutado fue 0.46 y 0.03 en Charolais y Beefmaster, respectivamente. En hatos de ganado Charolais de la región noreste de México, el polimorfismo IGF1/SnaBI se asoció con peso al destete, peso ajustado a los 210 días y ganancia de peso predestete (De la Rosa et al., 2010). Por otro lado para NruI, la frecuencia del alelo mutado fue mayor en la raza Beefmaster (0.70) y menor en la raza Charolais (0.28), aunque no se observó asociación con los rasgos de crecimiento evaluados.

Nuevamente la necesidad de validación sobre las características productivas de interés es un aspecto de consideración para la implementación de estas

mutaciones que putativamente tienen potencial para el manejo asistido.

### Implicaciones en el uso de marcadores moleculares

La naturaleza poligénica de los caracteres comercialmente importantes para la industria bovina, como la producción cárnica y las características de calidad de la carne han sido estudiadas intensamente durante la última década. Aunque, la aplicación de los marcadores moleculares en el área animal y particularmente en el ganado bovino para carne puede dar la equívoca impresión de simplicidad para el mejoramiento genético, la realidad es mucho más compleja. Las evidencias científicas apoyan la necesidad de validación de los marcadores comercialmente disponibles para obtener información que fundamente el efecto de las variantes alélicas en diferentes ambientes de producción, así como sus frecuencias en diferentes poblaciones y razas, y

finalmente el estudio de la interacción entre los genes, y determinación de efectos, aditivos, dominancia o recesividad, así como el efecto conjunto de varios genes sobre una misma característica (pleiotropía) (Hocquette *et al.*, 2005; Van Eenennaam *et al.*, 2007; Hocquette *et al.*, 2009; Van Eenennaam *et al.*, 2011).

Como ha sido analizado previamente, el aprovechamiento del potencial de ciertas variantes alélicas que han sido asociadas favorablemente a caracteres productivos pueden, 1) Proveer un sistema de generación de cruces terminales en los sistemas vaca-becerro (p.e. doble propósito) aprovechando el fenotipo expresado en animales destinados a engorde o exportación (p.e. Q204X), 2) Incentivar un nicho regional y nacional de consumo de carne con valor agregado caracterizado por su inocuidad y suavidad, 3) generar el tipo de animales en cantidad y calidad que demandan los mercados internacionales emergentes y, 4) aliviar la dependencia de productos y subproductos cárnicos (Parra-Bracamonte *et al.*, 2009).

Finalmente, la consideración sobre la validación de estos marcadores en las diferentes condiciones de manejo es necesaria para asegurar la eficacia en su implementación, evitando las pérdidas económicas innecesarias. Es indispensable puntualizar, que el advenimiento y disponibilidad de la biotecnología genómica no exenta a los sistemas de producción ganadera del uso de las metodologías de mejoramiento genético que por años han demostrado su eficacia, por el contrario, el uso sinérgico desde ambos enfoques asegurará el mejoramiento sostenido desde una perspectiva más amplia asegurando la integración de rasgos como la calidad de la canal.

## REFERENCIAS

- Abad-Zavaleta, J., Sifuentes-Rincón, A.M., Lafón, T.A., Gutiérrez, A.J., González, R.E., Ortega, G.J.A., Del Moral, S., Meza, H.C.A. 2011. Genetic diversity analysis of two desert bighorn sheep (*Ovis canadensis mexicana*) population in México. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 14 (1): 171- 178
- Agriculture Research Service, United States Department of Agriculture. 2009. Marker-Assisted Selection: Using New Tools in Biotechnology in an Applied Breeding Program. [Disponible en <http://www.ars.usda.gov/Research/docs.htm?docid=7203>].
- Allan, M.F., Smith T.P.L. 2008. Present and future applications of DNA technologies to improve beef production. *Meat Science* (80): 79-85.
- Allais, S., Levéziel, H., Payet-Duprat, N., Hocquette, J.F., Lepetit, J., Rousset, S., Denoyelle, C., Bernard-Capel, C., Journaux, L., Bonnot, A. Renand, G. 2010. The two mutations, Q204X and nt821, of the myostatin gene affect carcass and meat quality in young heterozygous bulls of French beef breeds. *Journal of Animal Science*. 88:446-454.
- Arellano-Vera, W., Sifuentes-Rincón, A.M., Garcidueñas-Piña, R., Parra-Bracamonte, G.M. 2009. Importancia de la verificación-asignación de progenitores en sistemas extensivos de pie de cría. *Revista Científica FCV-LUZ*, 1(1): 53-60.
- Arellano, V.W., Muñoz, M.C.Y., De la Rosa, R.X.F., López, B.L. A., Parra, B.G.M., Sifuentes, R.A.M. 2011. Identification of the Myostatin Q204X variant in Charbray cattle in Mexico. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*. 2(2):193-198.
- Arriaga, A.E., Larqué, S.A. 2002. Diagnóstico de la situación de la Biotecnología en México. En *Biotecnología Moderna para el desarrollo de México en el siglo XXI: retos y oportunidades*. Fondo de Cultura Económica. México.
- Arthur, P.F. 1995. Double-muscling in cattle: A review. *Australian Journal of Agriculture Research*; 46: 1943-1515.
- Barendse, W., Bunch, R., Thomas, M., Armitage, S., Baud, S., Donaldson, N. 2004. The TG5 thyroglobulin gene test for a marbling quantitative trait loci evaluated in feedlot cattle. *Australian Journal of Experimental Agriculture* 44: 669–674.
- Bellinge, R.H.S., Liberles, D.A., Iashi, S.P.A., O'brien, P.A., Tay, G.K. Myostatin and its implications on animal breeding: a review. *Animal Genetics*; 36:1-6.
- Beef Improvement Federation. 2002. Uniform guidelines for beef improvement programs. Beef Improvement Federation. 8th edition. Athens, GA. 161 p.
- Bonilla, C.C.A. 2008. Polimorfismo en los genes CAPN1 y TG y su asociación con la calidad de la carne bovina mexicana. Tesis de Maestría en Ciencias de la Producción y de la Salud Animal. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Nacional Autónoma de México. 59 p.

- Bonilla, C.A., Rubio, M.S., Sifuentes, A.M., Parra-Bracamonte, G.M., Arellano, V.W., Méndez, M.R.D., Berruecos, J.M., Ortiz, R. 2010. Association of CAPN1 316, CAPN1 4751 and TG5 markers with Mexican bovine meat quality traits. *Genetics and Molecular Research Evolution and Technology*. 9(4): 2395-2405.
- Cañon, J. 2009. Utilización de información molecular en programas de mejoramiento animal. *Revista Corpoica – Ciencia y Tecnología Agropecuaria* 7(1):5-15.
- Casas, E., Keele, J. W., Smith, T. P. L., Cundiff, L. V., Stone, R. T. 1999. Quantitative analysis of birth, weaning and yearling weights and calving difficulty in Piedmontese crossbreds segregating an inactive myostatin allele. *J. Anim. Sci.* 77(7):1686–1692.
- Casas, E. 2002. Identification of quantitative trait loci in beef cattle. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal* 10:54-61.
- Casas, E., Bennet, G.L., Smith, T.P.L., Cundiff, L.V. 2004. Association of myostatin on early calf mortality, growth and carcass composition traits in crossbreed cattle. *Journal of Animal Science*; 82:2913-2929.
- Casas, E., White, S.N., Riley, D.G., Smith, T.P.L., Breneman, R.A., Olson, T.A., Johnson, D.D., Coleman, S.W., Bennett, G.L., Chase, Jr. C.C. 2005. Assessment of single nucleotide polymorphisms in genes residing on chromosomes 14 and 29 for association with carcass composition traits in *Bos indicus* cattle. *Journal of Animal Science* 83:13–19.
- De la Rosa-Reyna, X., Martínez-Montoya, H., Valerio-Castrellón, V., Sifuentes-Rincón, A.M., Parra-Bracamonte, M. 2010. Polymorphisms in IGF-1 gene and its effect on growth traits in Mexican beef cattle. *Genetics and Molecular Research Evolution and Technology* 9(2): 875-883.
- Dekkers, J.C.M., Hospital, F. 2002. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nature Reviews of Genetics* 3:22-32.
- Dekkers, J.C.M. 2004. Commercial application of marker and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. *Journal of Animal Science* 82(Supplement 13):E313-E328.
- Evans, J., Van Eenennaam, A. 2005. Livestock identification. Emerging management systems in animal identification. November. [Disponible en Línea: <http://animalscience.ucdavis.edu/animalID/>]
- FAS/USDA. 2010. Livestock and Poultry: World Markets and Trade. United States Department of Agriculture, Foreign Agriculture Service. October. 31 p.
- Garrick, D.J., Johnson, P.L. 2003. Examples of marker-assisted selection in sheep and cattle improvement in New Zealand. In *Proceedings: 8th Genetic Prediction Workshop “Molecular Approaches to Genetic Improvement”*, Kansas City, Missouri, December 4-6. Pp. 16-34.
- Ge, W., Davis, M.E., Hines, H.C., Irvin, K.M., Simmen R.C.M. 2001. Association of a genetic marker with blood serum insulin-like growth factor-I concentration and growth traits in Angus cattle. *Journal of Animal Science* 79:1757-1762.
- Guin, C., Skaggs, R. 2005. North American beef and cattle trade: A current perspective. Cooperative Extension Service, Technical Report 40. New Mexico State University. 12 p.
- Hocquette, J.F., Renand, G., Levéziel, H., Picard, B., Cassar-Malek I. 2005. Genetic effects on beef meat quality. In *proceedings of Eight Annual Langford Food Industry Conference: The Science of Beef Quality*, 18-19 May, University of Bristol, British Society of Animal Science. Pp. 13-18.
- Hocquette, J.F., Lehnert, S., Barendse, W., Cassar-Malek, I., Picard B. 2007. Recent advances in cattle functional genomics and their application to beef quality. *Animal* 1:159-173.
- Hocquette, F.J., Cassar-Malek, I., Bernard-Capel, C., Picard, B. 2009. Functional genomics and new markers for beef production- minireview. *Animal Science Papers and Reports*, 27(4):273-280.
- Hoogesteijn, R. 1999. ¿Por qué Cebú para regiones tropicales?. En: *La Cátedra del Cebú: 1º Ciclo de Conferencia Raza Brahman*. Universidad Nacional Experimental de los Llanos Occidentales Ezequiel Zamora. Guanare, Venezuela. ASOCEBU. Disponible en [http://www.asocebu.org/catedra\\_cebu/cebu-web/conte/marbrah.htm](http://www.asocebu.org/catedra_cebu/cebu-web/conte/marbrah.htm)
- ISAG/FAO. 2007. Report of the ISAG/FAO advisory group on animal genetic diversity. May. 6 p. [Disponible en: <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/010/a1250e/annexes/Reports%20from%20International%20Organizations/ISAG.pdf>]

- Keele, J.W., Fahrenkrug S.C. 2001. Optimum mating systems for the myostatin locus in cattle. *Journal of Animal Science*; 79:2016-2022.
- Kolath, B. 2009. Feedlot marker assisted management. In *Proceedings of the Beef Improvement Federation 41st Annual Research Symposium April 30-May 3, Sacramento, California*. pp. 103-106.
- Kühn, C., Leveziel, H., Renand, G., Goldammer, T., Scwerin, M., Williams J. 2005. Genetic markers for beef quality. In: "Indicators of milk and beef quality", J.F. Hocquette and S. Gigli (eds), EAAP Publ. 112, Wageningen Academic Publishers, Wageningen, The Netherlands, pp. 23-32.
- Nooter, D.R. 2004. Multiple-trait selection in a single-gene world. In: 36th Annual Meeting, Beef Improvement Federation, May 25-28, Sioux Falls SD. pp. 26-31.
- Lightner, J.K. 2005. Mutations, selection and the quest for meatier livestock. *TJ* 19(2):18-20.
- López-Morales, C.A., Osorio-Ávalos, A., Sifuentes-Rincón, A.M. 2005. Análisis de la diversidad genética de razas de ovinos mediante el uso de microsatélites. En: H. González R. y C. Jacinto H. (Editores): *Avances de Biotecnología Agropecuaria y Forestal en México*. Asociación Nacional de Biotecnología Agropecuaria y Forestal. pp. 217-222.
- Mrode, R.A. 1996. *Linear models for the prediction of animal breeding values*. CAB International. 187 p.
- O'Brien, S.J., Menotti-Raymond, M., Murphy, W.J., Nash, W.G., Wienberg, J., Stanyon, R., Copeland, N.G., Jenkins, N.A., Womack J.E., Marshall, G.J.A. 1999. The promise of comparative genomics in mammals. *Genome Review* 286:458-481.
- Page, B.T., Casas, E., Heaton, M.P., Cullen, N.G., Hyndman, D.L., Morris, C.A., Crawford, A.M., Wheeler, T.L., Koohmaraie, M., Keele, J.W., Smith, T.P. 2002. Evaluation of single-nucleotide polymorphisms in CAPN1 for association with meat tenderness in cattle. *Journal of Animal Science* 80:3077-3085.
- Page, B.T., Casas, E., Quaas, R.L., Thallman, R.M., Wheeler, T.L., Shackelford, S.D., Koohmaraie, M., White, S.N., Bennett, G.L., Keele, J.W., Dikeman, M.E., Smith, T.P. 2004. Association of markers in the bovine CAPN1 gene with meat tenderness in large crossbred populations that sample influential industry sires. *Journal of Animal Science* 82:3474-3481.
- Parra-Bracamonte, G.M., Sifuentes-Rincón, A.M., Martínez-González, J.C., Cienfuegos-Rivas, E., Tewolde, A. 2007. Polimorfismo en el gen de la  $\mu$ -Calpaína en ganado Brahman de registro de México. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal* 15(1):33-38.
- Parra-Bracamonte, G.M., Sifuentes-Rincón, A.M., Arellano-Vera, W., Almanza-González, A., De la Rosa-Reyna, X. 2009. Tipificación de tres marcadores genéticos de caracteres de importancia comercial en ganado Charolais: implicaciones en la ganadería para carne en México. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*. 22:(Septiembre): 257-266.
- Peel, D.S. 2005. The mexican cattle and beef industry: Demand, production and trade. *Western Economics Forum*. 4(1):14-18.
- Pollak, E.J. 2005. Application and impact of new genetic technologies on beef cattle breeding: 'a real world' perspective. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 45(8):739-748.
- Quaas, R.L., 2006. Validation of comercial DNA tests for quantitative beef traits. In *Proceedings of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13-18, Belo Horizonte, Brasil*.
- Salazar-Marroquín, E.L., González-Paz, M., Del Bosque-González, A., Reséndez-Pérez, D., Barrera-Saldaña H.A., Sifuentes-Rincón, A.M. 2004. Evaluación de marcadores microsatélites para la identificación de individuos, en dos razas de ganado bovino de carne de la región noreste de México. *Revista Técnica Pecuaria en México*, 42(3):429-435.
- Sasson A. 1993. *Biotechnologies in developing countries: present and future*. UNESCO Publishing. Francia. Pp. 411-427.
- Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación, SAGARPA. 2002. *Informe sobre la Situación de los Recursos Genéticos Pecuarios (RGP)*. 50 p.
- Sifuentes-Rincón, A.M., Parra-Bracamonte, M., De la Rosa-Reyna, X.F., Sánchez-Varela, A., Rosales-Alday, J. 2006. Importancia de la identificación biológica en la evaluación genética en ganado de carne cuando se utiliza

- empadre múltiple. *Revista Técnica Pecuaria en México* 44(3): 389-398.
- Sifuentes-Rincón, A.M., Puentes-Montiel, H., Moreno-Medina, V.R., De la Rosa-Reyna, X.F., Rosales-Alday, J. 2007. Frecuencia del alelo Q204X del gen Miostatina en hatos de Ganado del Noreste de México. *Revista Técnica Pecuaria en México* 45(1):85-92.
- Sifuentes-Rincón, A.M., Puentes-Montiel, H., Parra-Bracamonte, G.M. 2007. Assessment of genetic structure in Mexican charolais herds using microsatellite markers. *Electronic Journal of Biotechnology* 10(4):492-499.
- Sifuentes-Rincón, A.M., Parra-Bracamonte G.M. 2011. ¿Cuál es el valor de las Pruebas de ADN para la ganadería de carne en México? *Simmental-Simbrah: Las verdaderas razas de doble propósito*. 21(febrero): 16-18.
- Smith, T.P.L., Casas, E., Rexroad, T.P.III, Kappes, S.M., Keele, J.W.. 2000. Bovine CAPN1 maps to a region of BTA29 containing a quantitative trait locus for meat tenderness. *Journal of Animal Science* 78:2589–2594.
- Smith, T., Thomas, M.G., Bidner, T.D., Paschal, J.C., Franke, D.E.. 2009. Single nucleotide polymorphisms in Brahman steers and their association with carcass and tenderness traits. *Genetics and Molecular Research Evolution and Technology* 8:39-46.
- Thallman, R.M. 2004. DNA testing and marker assisted selection. In proceedings of 36th Annual Meeting, Beef Improvement Federation, Sioux Falls, S.D. May 25-28. Pp. 20-25.
- The Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium, Elsik, C.G., Tellam, R.L., Worley, K.C. *The Genome Sequence of Taurine Cattle: A Window to Ruminant Biology and Evolution*. *Science*, 324:522-528.
- Thompson, J.M. 2004. The effects of marbling on flavour and juiciness scores of cooked beef, after adjusting to a constant tenderness. *Australian Journal of Experimental Agriculture* 44(7): 645-652.
- Torres, R. 2011. Ganadería Nacional, potencial poco explotado. *Tierra Fértil: La revista del campo*. 34(Abril):8-13.
- Van Eenennaam, A. 2006. DNA-Based Biotechnologies, Pages 66-73 in the National Beef Cattle Evaluation Consortium Beef Sire Selection Manual. 66-73. [Disponible en Línea: [http://animalscience.ucdavis.edu/animalbiotech/My\\_Laboratory/Publications/NBCEC-SireSelectionManualChapter.pdf](http://animalscience.ucdavis.edu/animalbiotech/My_Laboratory/Publications/NBCEC-SireSelectionManualChapter.pdf)]
- Van Eenennaam, A.L., Li, J., Thallman, R.M., Quaas, R.L., Dikeman, M.E., Gill, C.A., Franke, D.E., Thomas, M.G. 2007. Validation of comercial DNA test for quantitative beef quality traits. *Journal of Animal Science*; 85: 891-900.
- Van Eenennaam, A.L., Van Der Werf, J.H.J., Goddard, M.E. 2011. The value of using DNA markers for beef bull selection in the seedstock sector. *Journal of Animal Science* 89:307-320.
- Van der Werf, J., Kinghorn, B. 2000. Basic of marker assisted selection. In: *Course notes: Identifying and Incorporating Genetic Marker and Major Genes in Animal Breeding Programs*. Belo Horizonte, Brazil. 31 May-5 June. 15:119-127
- Valerio, C.V.I., Sifuentes, R.A.M., Parra, B.G.M., De la Rosa, R.X.F. 2007. Polimorfismo en el gen IGF1 en ganado bovino. En *Memorias de la XLIII Reunión Nacional de Investigación Pecuaria*. Universidad autónoma de Sinaloa, Culiacán, Sinaloa, 19 a 21 de Noviembre. p 209.
- Vignal, A., Milan, D., San Cristobal, M., Eggen, A. 2002. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics Selection and Evolution* 34:275-305.
- White, S.N., Casas, E., Wheeler, T.L., Shakelford, S.D., Koohmaraie, M., Riley, D.G., Chase, C.C.Jr., Johnson, D.D., Keele, J.W., Smith T.P.L. 2005. A new single nucleotide polymorphism in CAPN1 extends the current tenderness marker test to include cattle of *Bos indicus*, *Bos taurus*, and crossbred descent. *Journal of Animal Science* 83:2001-2008.

*Submitted May 30, 2011– Accepted August 28, 2011  
Revised received September 2009, 2011*