

## POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIDO SIMPLE ASOCIADOS A CALIDAD DE CARNE EN POBLACIONES CRIOLLO Y TRANSFRONTERIZAS<sup>1</sup>

***Axel Villalobos-Cortés<sup>2</sup>; Ginnette Rodríguez-Espino<sup>3</sup>; Selma Franco-Schafer<sup>4</sup>***

### RESUMEN

Se determinó el polimorfismo de cinco marcadores SNP asociados a calidad de carne DGAT1, TG1, MSTN80, MSTN42 y MSTN99 mediante secuenciación NGS. El polimorfismo del DGAT1, (g.1802265A>G) se encuentra ubicado en el cromosoma 14 del genoma bovino; Tiroglobulina, TG1, (g.9487659A>G) ubicado en el mismo cromosoma, además tres variantes del gen de Miostatina, MSTN80 (g.6213980A>C), rs110065568; MSTN42 (g.6215942T>C), rs137528458 y MSTN99 (g.6218499A>G), c.938G>A localizados en el cromosoma 2. El análisis de los SNP se realizó mediante el panel de secuenciación. La preparación de librerías se realizó siguiendo el flujo de trabajo del fabricante y se secuenciaron mediante la metodología de amplificación en puente y secuenciación por síntesis en un equipo MISEQ. Los marcadores que mostraron ser más informativos fueron DGAT1 y MSTN42, siendo el marcador DGAT1 el que presentó mayores valores de Hob y He con valores de 0,424 y 0,430, respectivamente y los valores más bajos para Hob y He se observaron en MSTN42 con 0,322 y 0,328, respectivamente. Se logró determinar el polimorfismo en los genotipos sometidos al presente estudio, sin embargo, se observó fijación de alelos de los marcadores SNP de TG1, MSTN80 y MSTN99 en todos los genotipos. Se reporta por primera vez el marcador MSTN42 en razas y genotipos criollos y transfronterizos en Panamá. Los resultados apuntan en la factibilidad de realizar mejoramiento genético para producción de carne de calidad, particularmente en bovinos criollos Guaymí y Guabalá. Se requiere incrementar las poblaciones para mejorar la precisión de los marcadores utilizados en el presente estudio.

**Palabras clave:** Bioinformática, biotecnología, ganadería, genoma, marmoleado.

<sup>1</sup>Recepción: 19 de marzo de 2024. Aceptación: 14 de agosto de 2024. Investigación-Innovación estudios genómicos de los recursos zoogenéticos y su interacción con efectos bióticos y abióticos, Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá (IDIAP), de igual manera con fondos parciales del Sistema Nacional de Investigación de la Secretaría Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación (SENACYT).

<sup>2</sup>IDIAP, Laboratorio de Análisis y Biología Molecular Aplicada (LABMA), Ciudad del Saber. Ph.D. Conservación y Mejora Animal. e-mail: [villalobos.axel@gmail.com](mailto:villalobos.axel@gmail.com); ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0003-4223-0560>

<sup>3</sup>IDIAP, Estación Experimental El Ejido, Panamá. M.Sc. Producción Animal. e-mail: [gincarmen@yahoo.es](mailto:gincarmen@yahoo.es); ORCID iD: <https://orcid.org/0009-0000-2620-4093>

<sup>4</sup>IDIAP, Divisa-Panamá. Laboratorio de Salud Animal. M.Sc. en Epidemiología Veterinaria. e-mail: [pkfranco91@gmail.com](mailto:pkfranco91@gmail.com); ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0003-1526-2938>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

## EVALUATION OF SNP MARKERS ASSOCIATED WITH QUALITY OF MEAT IN CREOLE AND CROSS-BORDER POPULATIONS

### ABSTRACT

The polymorphism of five SNP markers associated with meat quality, DGAT1, TG1, MSTN80, MSTN42, and MSTN99, was determined by NGS sequencing. The polymorphism of DGAT1 (g.1802265A>G) is located on chromosome 14 of the bovine genome; Thyroglobulin, TG1, (g.9487659A>G) located on the same chromosome, and three variants of the Myostatin gene, MSTN80 (g.6213980A>C), rs110065568; MSTN42 (g.6215942T>C), rs137528458, and MSTN99 (g.6218499A>G), c.938G>A located on chromosome 2. SNP analysis was performed using the sequencing panel. Library preparation was carried out following the manufacturer's workflow and sequenced using bridge amplification and sequencing by synthesis on a MISEQ system. The most informative markers were DGAT1 and MSTN42, with DGAT1 showing the highest Hob and He values of 0.424 and 0.430 respectively, and the lowest Hob and He values observed in MSTN42 with 0.322 and 0.328 respectively. Polymorphism was determined in the genotypes subjected to this study; however, fixation of TG1, MSTN80, and MSTN99 SNP alleles was observed in all genotypes. The MSTN42 marker is reported for the first time in native and cross-border breeds and genotypes in Panama. The results suggest the feasibility of genetic improvement for quality meat production, particularly in Guaymí and Guabalá native cattle. Increasing populations is required to improve the precision of the markers used in this study.

**Keywords:** Bioinformatics, biotechnology, molecular markers, meat quality, livestock.

### INTRODUCCIÓN

La secuenciación de alto rendimiento y la bioinformática ha hecho que el uso de polimorfismo de nucleótido simple (SNP) sea progresivamente más popular (Heaton et al., 2002). Estos marcadores se encuentran distribuidos por todo el genoma y pueden localizarse tanto en regiones codificantes como no codificantes (Sachidanandam et al., 2001). La diversidad de distintos SNP permite estimar la estructura de la raza de animales individualmente, utilizando datos genómicos (Frkonja et al., 2012; Hulsegge et al., 2013). El contenido de grasa en la producción de carne requiere atención debido a que al mejorar la relación de deposición magra a grasa implica mejor eficiencia en la conversión de



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

alimentos, disminución en el costo de la cría y menor presión sobre los abastecimientos mundiales de alimento (Sillence, 2004). El marmoleado es muy importante, ya que está correlacionado con la grasa intramuscular, lo que se relaciona con los hábitos del consumidor y el establecimiento de precios de la carne (Killinger et al., 2004).

Varios trabajos de asociación afirman que el gen del diacilglicerol O-aciltransferasa 1 (DGTA1) es marcador de los rasgos de deposición de grasa (Kühn et al., 2004; Tantia et al., 2006). Este gen se asocia con incremento en la concentración de ácidos grasos en leche y perfil de ácidos grasos insaturados en bovinos y caprinos, así como el marmoleo en ganado de carne, principalmente en *Bos taurus* (Demeter et al., 2009; Armstrong et al., 2011). El gen DGAT1, K232A (rs109234250) genera dos variantes alélicas alelo A alanina en ubicación 232 del polipéptido y alelo K, lisina en la misma posición (Armstrong et al., 2011).

Los datos reportados para el gen DGAT1 muestran que existe predominancia de alelos y genotipos asociados con bajo porcentaje de grasa y concuerdan con lo hallado en razas criollas como el Criollo Uruguayo puro (Rincón et al., 2006). En razas de *Bos taurus* es usual esta tendencia, a diferencia de lo que ocurre en razas *Bos indicus* y genotipos lecheros y de carne seleccionados para un mayor contenido graso en la leche, como el Jersey, (Kaupe et al., 2004; Casas et al., 2005; Gill et al., 2009).

El gen TG codifica la hormona tiroglobulina, la precursora de triyodotironina y tetrayodotironina, involucrada en el desarrollo de células grasas (Ailhaud et al., 1992; Darimont et al., 1993). También está relacionada con los niveles de deposición de grasa intramuscular. Este gen presenta un SNP en un elemento repetitivo arriba del promotor que ha sido asociado a variaciones en los niveles del veteado de la carne en ganado vacuno y se incluye en pruebas comerciales de ADN. Debido a que las yodotironinas afectan los adipocitos y los niveles de la hormona tiroidea influyendo en la proporción de grasa de la leche, se espera que el espesor de la grasa subcutánea y el porcentaje de grasa se vean influenciados por los polimorfismos de TG (Folley y Malpress, 1948).



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

La miostatina (MSTN), también conocida como factor de crecimiento y diferenciación 8 (GDF8), es uno de los principales reguladores del desarrollo del músculo esquelético (Beyer et al., 2013). Es un gen altamente conservado en mamíferos, y actúa reduciendo el tamaño muscular. Los animales con esta deficiencia muestran un aumento en la masa del músculo esquelético conocido como doble musculatura (mh). Se han descrito mutaciones en MSTN en numerosas especies, particularmente en bovinos (Grobet et al., 1997) como la variante MYO\_C313Y, reportada en razas como la Gasconne, Piedmontese y Parthenaise (McClure and McClure, 2016; Bongiorno et al., 2016; Aiello et al., 2018). Algunas variantes se utilizan actualmente como método de selección genómica como la variante p. Phe94L (F94L) en la raza Limousine, particularmente en peso al nacimiento, facilidad de parto, peso al destete (Lee et al., 2019).

El objetivo de este trabajo es estimar la frecuencia alélica y genotípica de cinco polimorfismos de nucleótido simple asociados a calidad de carne, DGAT1, TG1, MSTN80, MSTN42 y MSTN99 en algunos genotipos criollos y transfronterizos mediante secuenciación NGS.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Se determinó el polimorfismo de cinco marcadores SNP asociados a calidad de carne DGAT1, TG1, MSTN80, MSTN42 y MSTN99 mediante secuenciación NGS. El polimorfismo del diacilglicerol aciltransferasa 1, DGAT1, (g.1802265A>G) se encuentra ubicado en el cromosoma 14 del genoma bovino; Tiroglobulina, TG1, (g. 9487659A>G) ubicado en el mismo cromosoma, además tres variantes del gen de Miostatina, MSTN80 (g.6213980A>C), rs110065568; MSTN42 (g.6215942T>C), rs137528458 y MSTN99 (g.6218499G>A), c.938G>A localizados en el cromosoma 2.

Se tomaron muestras aleatorias de 73 animales de diversos genotipos puros, Criollos Guaymí (GUY) y Guabalá (GUA), transfronterizos Brahman (BRAH), Holstein (HO) y Senepol (SEN) y cruzados (europeo x cebú (EXC) e Indefinidos (SRD). Se obtuvieron muestras de sangre en finca de productores colaboradores y en fincas ganaderas del IDIAP, utilizando tubos con EDTA de 5 ml.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

La extracción de ADN se llevó a cabo mediante mini columnas por centrifugación utilizando un kit comercial; el rendimiento de ADN obtenido fue no menor a 50 ng, medido a través de un cuantificador fluorométrico.

El análisis de los SNP se realizó mediante el panel reducido de secuenciación *Truseq Bovine Parentage*, obtenido a partir de un chip de ADN, BovineSNP50 (Matukumalli et al., 2009). La preparación de librerías se realizó siguiendo el flujo de trabajo del fabricante. Una vez amplificadas y normalizadas las librerías, se verificó la calidad mediante un analizador de fragmentos, resultando en un tamaño esperado de entre 200 y 300 bp. Luego se procedió a secuenciarlas utilizando la metodología de amplificación en puente y secuenciación por síntesis en un equipo MISEQ™. Los datos fueron exportados al programa Sequence Genotyper para su procesamiento y análisis. Para evaluar la variabilidad genética dentro de cada población, se calcularon los siguientes parámetros: Equilibrio Hardy-Weinberg, Frecuencia alélica y genotípica, heterocigosis observada (Hob) y esperada (He) e Índice de Shannon mediante el programa Genetix v. 4.02 y Genalex 6.5 (Belkhir et al., 2004; Peakall y Smouse, 2012).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los marcadores TG1, MSTN80 y MSTN99 resultaron monomórficos dentro de este estudio. Los marcadores que mostraron ser más informativos fueron DGAT1 y MSTN42, siendo el marcador DGAT1 el que presentó mayores valores de Hob y He con valores de 0,424 y 0,430 respectivamente y los valores más bajos para Hob y He se observaron en MSTN42 con 0,322 y 0,328 respectivamente, como se muestra en el Cuadro 1. Estos valores de diversidad son relevantes debido a que permite una estimación de la capacidad de resiliencia de las especies a las variaciones climáticas (Notter, 1999). Los resultados de Hob y He del gen DGAT1 fueron ligeramente mayores respecto a razas criollas de la región de Rocha de Uruguay con Hob=0,416 y He=0,391 y Cerro Largo, Hob=0,211 y He=0,193 (Armstrong et al., 2011) en un estudio orientado al mejoramiento genético de la carne bovina.

La media general del índice de Shannon en todos los marcadores fue ( $I=0,218$ ), mayor a lo reportado por Pashaei et al. (2009) en la raza Holstein ( $I=0,110$ ) y la raza nativa



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Mazarandanian de Pakistán (0,210). Según la prueba de Chi-cuadrado, las frecuencias genotípicas de DGAT1 y MSTN42 están fuera del desequilibrio de Hardy Weinberg ( $p>0,05$ ), indicando que la presión de selección en ambos marcadores es baja.

**Cuadro 1. Medida de índice de Shannon (I), Heterocigosis observada (Hob) y Heterocigosis esperada (He) y HWE de marcadores asociados a producción de leche.**

Marcador	I	Hob	He	HWE
DGAT1	0,586	0,424	0,430	*
TG1	0,000	0,000	0,000	monomórfico
MSTN80	0,000	0,000	0,000	monomórfico
MSTN42	0,502	0,322	0,328	ns
MSTN99	0,000	0,000	0,000	monomórfico
Media	0,218	0,149	0,146	

\*: significativa; ns: no significativa

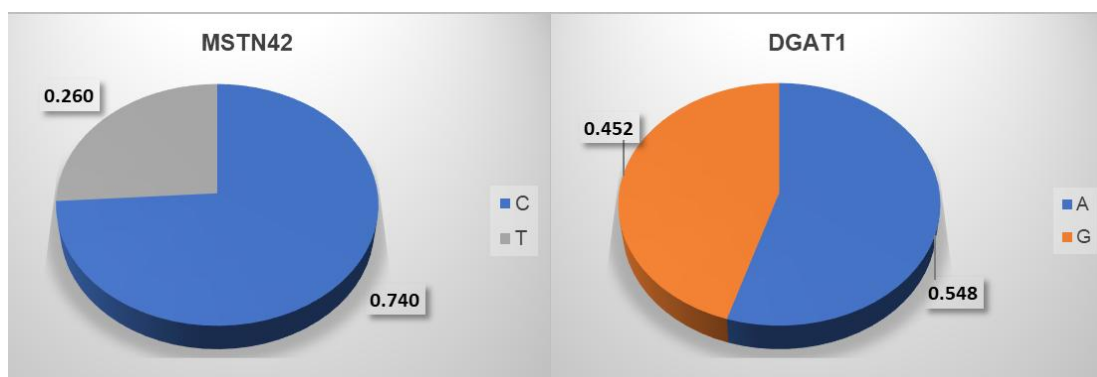
En el cuanto a los valores de diversidad en relación a los genotipos, la Guabalá, presentó los dos marcadores con valores más altos DGAT1 (Hob =0,412; He=0,438) y MSTN42 (Hob=0,50; He=0,375), seguidos de la Holstein, DGAT1 (Hob =0,600; He=0,420) y MSTN42 (Hob =0,400; He=0,320) la raza Senepol, DGAT1 (Hob =0,600; He=0,420), MSTN42 (Hob =0,200; He=0,420) y Guaymí (Hob =0,412; He=0,438), MSTN42 (Hob =0,471; He=0,484). La raza Brahman presentó los valores más bajos de DGTA1 (Hob =0,067; He=0,180) y MSTN42 (Hob =0,133; He=0,124) lo que podría ser atribuida a las diferencias entre las especies ya que las razas taurinas presentan mejores parámetros de calidad de carne que las cebuinas (Ramírez-Barboza et al., 2016). No se observó polimorfismo en ninguno de los genotipos para el TG1 con 100% de presencia del SNP de referencia G, sin embargo, se han reportado polimorfismos en ganado criollo uruguayo con la finalidad de desarrollar programas de mejoramiento genético en carne (Armstrong et al., 2011). Tampoco se observó en MSTN80 presentando el 100% de la frecuencia alélica de C y MSTN99 con 100% de frecuencia de alelo G, calificados como monomórficos en este estudio. Polimorfismos de la variante MSTN80 fue reportada por Grobet et al. (1997) y Lee et al. (2019) como una sustitución conservadora de fenilalanina a leucina en la posición de aminoácido 94 en el primer exón, debido a una transversión C>A en la posición de nucleótido 282 del gen de miostatina (c.282C>A), en las razas



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Angus y Limousine. Además, Kambadur et al. (1997) y Libor (2008) reportaron la variante MSTN99 como una transición G>A en el nucleótido 938, en el cromosoma 2 en la raza Piamontesa y Gascona europeas.

Se observó que las frecuencias más altas son la del alelo A de DGAT1, con 0,548 y C de MSTN42 con 0,740 (Ver Figura).



**Figura. Frecuencias génicas globales para los marcadores polimórficos MSTN42 y DGTA1.**

Las frecuencias genotípicas globales por marcador fueron, para DGAT1, AA=0,300, AG=0,495 y GG=0,204 y MSTN42 TT=0,068, TC=0,385 y CC=0,547 (Cuadro 2).

**Cuadro 2. Frecuencia alélica del SNP DGAT1 y MSTN42 de cinco distintos genotipos.**

Marcador	DGAT1		MSTN42	
	A	G*	T	C*
Genotipo				
BRAH	<b>0,900</b>	0,100	0,067	<b>0,933</b>
HO	0,300	<b>0,700</b>	0,200	<b>0,800</b>
SEN	0,300	<b>0,700</b>	<b>0,700</b>	0,300
GUY	0,324	0,676	0,412	<b>0,588</b>
GUA	0,400	0,600	0,250	<b>0,750</b>
E X C	0,500	0,500	0,167	0,833
SRD	0,750	0,250	0,179	0,821

\*Alelo de referencia



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)



El genotipo con mayor frecuencia de alelo A (alternativo) en DGTA1 fue BRAH A = 0,900 y para G (alelo de referencia) las mayores fueron la HO y SEN con G = 0,700 y de manera recíproca fueron los valores más bajos para los alelos correspondientes. En el caso de MSTN42, la raza Brahman presentó la frecuencia más alta del alelo de referencia, C=0,933 seguido de la Holstein con C=0,800. Por otro lado, la raza Senepol presentó la frecuencia más alta del alelo alternativo T=0,700. Sin encontrar reportes de este marcador en referencias consultadas hasta el momento. Sin embargo, datos de frecuencia alélica se han reportado mediante el proyecto NextGen: IRBT, en la Vaca *Bos taurus* iraní, que presentan valores similares (C=0,812 y T=0,188) a la vaca Holstein y los cruces EXC y SRD reportados en este trabajo (ensembl.org, 2018).

Estos resultados apuntan que los marcadores polimórficos encontrados pueden ser de utilidad en los programas de mejoramiento sumando a la selección cuantitativa, sin embargo, se requiere un mayor análisis, incrementando el número de animales y razas.

## CONCLUSIONES

- Se logró determinar el polimorfismo en los marcadores DGAT1, MSTN42 en los genotipos sometidos al presente estudio, sin embargo, se observó fijación de alelos de los marcadores SNP de TG1, MSTN80 Y MSTN99 en todos los genotipos.
- Se reporta por primera vez el marcador MSTN42 en razas y genotipos criollos y transfronterizos en Panamá.
- Los resultados apuntan en la factibilidad de realizar mejoramiento genético para producción de carne de calidad, particularmente en bovinos criollos Guaymí y Guabalá.
- Se requiere incrementar las poblaciones con la finalidad de mejorar la precisión y resolución de los marcadores utilizados en el presente estudio.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)



## REFERENCIAS

- Aiello, D., Patel, K., & Lasagna, E. (2018). The myostatin gene: An overview of mechanisms of action and its relevance to livestock animals. *Animal Genetics*, *49*, 505-519.  
<https://doi.org/10.1111/age.12696>
- Ailhaud, G., Grimaldi, P., & Negrel, R. (1992). Cellular and molecular aspects of adipose tissue development. *Annual Review of Nutrition*, *12*, 207-233.  
<https://doi.org/10.1146/annurev.nu.12.070192.001231>
- Armstrong, E., Peñagaricano, F., Artigas, R., De Soto, L., Corbi, C., Llambí, S., Rincón, G., & Postiglioni, A. (2011). Marcadores moleculares asociados al veteado de la carne en bovinos Criollos uruguayos. *Archivos de Zootecnia*, *60*(231), 707-716.  
<https://dx.doi.org/10.4321/S0004-05922011000300058>
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., & Bonhomme, F. (2004). Genetix: 4.05 logiciel sous Windows™ pour la génétique des populations. In U. d. Montpellier (Ed.), *Laboratoire Génome Populations, Interactions, Adaptations*, Montpellier, France.  
<https://www.scienceopen.com/document?vid=9a3e2cf3-2971-405c-8297-258227c3cb30>
- Beyer, T. A., Narimatsu, M., Weiss, A., David, L., & Wrana, J. L. (2013). The TGFβ superfamily in stem cell biology and early mammalian embryonic development. *Biochimica et Biophysica Acta*, *1830*, 2268-79. [10.1016/j.bbagen.2012.08.025](https://doi.org/10.1016/j.bbagen.2012.08.025)
- Bongiorni, S., Valentini, A., & Chillemi, G. (2016). Structural and dynamic characterization of the C313Y mutation in myostatin dimeric protein, responsible for the "double muscle" phenotype in Piedmontese cattle. *Frontiers in Genetics*, *7*, 14.  
<https://doi.org/10.3389/fgene.2016.00014>
- Casas, E., White, S. N., Riley, D. G., Smith, T. P. L., Brenneman, R. A., Olson, T. A., Johnson, D. D., Coleman, S. W., Bennett, G. L., & Chase, C. C. (2005). Assessment of single nucleotide polymorphisms in genes residing on chromosomes 14 and 29



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

for association with carcass composition traits in *Bos indicus* cattle. *Journal of Animal Science*, 83, 13-19. [10.2527/2005.83113x](https://doi.org/10.2527/2005.83113x)

Darimont, C., Gaillard, D., Ailhaud, G., & Negrel, R. (1993). Terminal differentiation of mouse preadipocyte cells: Adipogenic and antimitogenic role of triiodothyronine. *Molecular and Cellular Endocrinology*, 98, 67-73. [10.1016/0303-7207\(93\)90238-f](https://doi.org/10.1016/0303-7207(93)90238-f)

Demeter, R. M., Schopen, G. C. B., Oude Lansink, A. G. J. M., Meuwissen, M. P. M., & van Arendonk, J. A. M. (2009). Effects of milk fat composition, DGAT1, and SCD1 on fertility traits in Dutch Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, 92(11), 5720-5729. [10.3168/jds.2009-2069](https://doi.org/10.3168/jds.2009-2069)

ensembl.org (2018, Octubre). The Ensembl Archive you tried to reach is not available. [https://oct2018.archive.ensembl.org/Bos\\_taurus/Variation/Population?db=core;g=ENSBTAG00000011808;r=2:6215894-6215995;t=ENSBTAT00000015674;v=rs137528458;vdb=variation;vf=8702942,](https://oct2018.archive.ensembl.org/Bos_taurus/Variation/Population?db=core;g=ENSBTAG00000011808;r=2:6215894-6215995;t=ENSBTAT00000015674;v=rs137528458;vdb=variation;vf=8702942)

Folley, S. J., & Malpress, F. H. (1948). Hormonal control on mammary growth. In G. Pincuss & K. V. Thimamm (Eds.), *The Hormones* (1st ed., pp. 695-743). Academic Press. <https://dtk.tankonyvtar.hu/bitstream/handle/123456789/8913/B9780123957122500208.pdf?sequence=20>

Frkonja, A., Gredler, B., Schnyder, U., Curik, I., & Sölkner, J. (2012). Prediction of breed composition in an admixed cattle population. *Animal Genetics*, 43, 696–703. [10.1111/j.1365-2052.2012.02345.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02345.x)

Gill, J. L., Bishop, S. C., McCorquodale, C., Williams, J. L., & Wiener, P. (2009). Association of selected SNP with carcass and taste panel assessed meat quality traits in a commercial population of Aberdeen Angus-sired beef cattle. *Genetics Selection Evolution*, 41, 36. [10.1186/1297-9686-41-36](https://doi.org/10.1186/1297-9686-41-36)



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

- Grobet, L., Royo Martin, L. J., Poncelet, D., Pirottin, D., Brouwers, B., Riquet, J., Schoeberlein, A., Dunner, S., Ménéssier, F., Massabanda, J., Fries, R., Hanset, R., & Georges, M. (1997). A deletion in the bovine myostatin gene causes the double-muscling phenotype in cattle. *Nature Genetics*, *17*, 71-4. [10.1038ng0997-71](https://doi.org/10.1038/ng0997-71)
- Heaton, M. P., Harhay, G. P., Bennett, G. L., Stone, R. T., Grosse, W. M., Casas, E., Keele, J. W., Smith, T. P., Chitko-McKown, C. G., & Laegreid, W. W. (2002). Selection and use of SNP markers for animal identification and paternity analysis in U.S. beef cattle. *Mammalian Genome*, *13*, 272-281. [10.1007/s00335-001-2146-3](https://doi.org/10.1007/s00335-001-2146-3)
- Hulsegge, B., Calus, M. P. L., Windig, J. J., Hoving-Bolink, A. H., Maurice-van Eijndhoven, M. H. T., & Hiemstra, S. J. (2013). Selection of SNP from 50 K and 777 K arrays to predict breed of origin in cattle. *Journal of Animal Science*, *91*, 5128–5134. [10.2527/jas.2013-6678](https://doi.org/10.2527/jas.2013-6678)
- Kambadur, R., Sharma, M., Smith, T. P. L., & Bass, J. J. (1997). Mutations in myostatin (GDF8) in double-muscling Belgian Blue and Piedmontese cattle. *Genome Research*, *7*, 910-916. <https://doi.org/10.1101/gr.7.9.910>
- Kaupe, B., Winter, A., Fries, R., & Erhardt, G. (2004). DGAT1 polymorphism in *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle breeds. *Journal of Dairy Research*, *71*, 182-187. [10.1017/s0022029904000032](https://doi.org/10.1017/s0022029904000032)
- Killinger, K. M., Calkins, C. R., Umberger, W. J., Feuz, D. M., & Eskridge, K. M. (2004). Consumer visual preference and value for beef steaks differing in marbling level and color. *Journal of Animal Science*, *82*, 3288-3293. [10.2527/2004.82113288x](https://doi.org/10.2527/2004.82113288x)
- Kühn, C., Thaller, G., Winter, A., Bininda-Emonds, O. R. P., Kaupe, B., Erhardt, G., Bennewitz, J., Schwerin, M., & Fries, R. (2004). Evidence for multiple alleles at the DGAT1 locus better explains a quantitative trait locus with major effect on milk fat content in cattle. *Genetics*, *167*, 1873-1881. [10.1534/genetics.103.022749](https://doi.org/10.1534/genetics.103.022749)



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Lee, J., Kim, J. M., & Garrick, D. J. (2019). Increasing the accuracy of genomic prediction in pure-bred Limousin beef cattle by including cross-bred Limousin data and accounting for an F94L variant in MSTN. *Animal Genetics*, 50, 621-633.

<https://doi.org/10.1111/age.12846>

Libor, S. (2008). Novel detection of c131y mutation using allele specific PCR (AS-PCR). *Journal of Agrobiology*, 25, 81–83.

McClure, M., & McClure, J. (2016). Understanding genetics and complete genetic disease and trait definition. Published by the Irish Cattle Breeding Federation (ICBF).

[www.icbf.com](http://www.icbf.com)

Matukumalli, L. K., Lawley, C. T., Schnabel, R. D., Taylor, J. F., Allan, M. F., Heaton, M. P., O'Connell, J., Moore, S. S., Smith, T. P. L., Sonstegard, T. S., & Van Tassell, C. P. (2009). Development and characterization of a high density SNP genotyping assay for cattle. *PLoS ONE*, 4(4), e5350. [10.1371/journal.pone.0005350](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005350)

Notter, D. R. (1999). The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *Journal of Animal Science*, 80, 1776–1785. [10.2527/1999.77161x](https://doi.org/10.2527/1999.77161x)

Pashaei, S., Azari, M. A., Hasani, S., Khanahmadi, A., & Rostamzadeh, J. (2009). Genetic diversity in Mazandaranian native cattle: A comparison with Holstein cattle, using ISSR marker. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 12(9), 717-721.

[10.3923/pjbs.2009.717.721](https://doi.org/10.3923/pjbs.2009.717.721)

Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenAIEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*, 28, 2537-2539.

[10.1093/bioinformatics/bts460](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460)

Ramírez-Barboza, J. I., Valverde-Abarca, A., & Rojas-Bourrillón, R. (2016). Efecto de raza y niveles de energía en la finalización de novillos en pastoreo. *Agronomía Mesoamericana*, 28(1), 43-57. <http://dx.doi.org/10.15517/am.v28i1.21472>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Rincón, G., Armstrong, E., & Postiglioni, A. (2006). Analysis of population structure in Uruguayan Creole cattle inferred from milk major gene polymorphisms. *Genetics and Molecular Biology*, 29, 491-495.

<https://doi.org/10.1590/S1415-47572006000300016>

Sachidanandam, R. D., Weissman, S. C., Schmidt, J. M., Kakol, L. D., Stein, G., Marth, S., Sherry, J. C., Mullikin, B. J., Mortimore, W., & Willey, D. L. (2001). A map of human genome sequence variation containing 1.42 million single nucleotide polymorphisms. *Nature*, 409(6822), 928-933. [10.1038/35057149](https://doi.org/10.1038/35057149)

Sillence, M. N. (2004). Technologies for the control of fat and lean deposition in livestock.

[10.1016/j.tvjl.2003.10.020](https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2003.10.020)

Tantia, M. S., Vijh, R. K., Mishra, B. P., Mishra, B., Bharani Kumar, S. T., & Sodhi, M. (2006). DGAT1 and ABCG2 polymorphism in Indian cattle (*Bos indicus*) and buffalo (*Bubalus bubalis*) breeds. *Bio-Med Central Veterinary Research*, 2, 32.

[10.1186/1746-6148-2-32](https://doi.org/10.1186/1746-6148-2-32)

## AGRADECIMIENTOS

Al Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá (IDIAP), la Secretaría Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación (SENACYT), al igual que al Sistema Nacional de Investigación (SNI), por el financiamiento del presente trabajo.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)