

VARIANTES ASOCIADAS A MÚLTIPLES RASGOS DE CALIDAD CÁRNICA EN GANADO CRIOLLO GUAYMÍ Y GUABALÁ¹

Axel Villalobos-Cortés²; Ginnette Rodríguez-Espino³; Selma Franco-Schafer⁴

RESUMEN

En los programas de conservación de razas criollas se destaca la importancia de estudiar, más allá de lo histórico y cultural, rasgos como la calidad de la carne. Investigaciones sobre genes como MYOD1 y LCORL, destacan su impacto en características como el marmoleo y la ternera, fundamentales para el mejoramiento de razas criollas. Este estudio, integrado en el proyecto Innovative Management of Animal Genetic Resources (IMAGE-FAO), analizó polimorfismos de 33 SNP en muestras de las razas Guaymí y Guabalá, empleando la plataforma de secuenciación de próxima generación. Se llevaron a cabo análisis de la variabilidad genética intra-poblacional y equilibrio Hardy-Weinberg de cada raza. Los resultados evidenciaron diferencias significativas en o entre las frecuencias alélicas entre las razas, demostrando la presencia de variantes genéticas asociadas a la calidad cárnica. La evaluación de la heterocigosidad y los coeficientes de endogamia subrayan la existencia de una mayor diversidad genética y una menor predisposición a la endogamia en la raza Guaymí, comparada con la Guabalá. Este hallazgo destaca la importancia de conservar y explotar esta diversidad genética para el mejoramiento de características cárnicas. Además, el estudio logró identificar las variantes polimórficas y rasgos relacionados con el crecimiento, la calidad de la carne y el metabolismo de las grasas; destacando la selección genética como una herramienta clave para la optimización de atributos deseables en el ganado. Estos descubrimientos ofrecen una base sólida para futuras investigaciones y aplicaciones en el mejoramiento genético, enfatizando la necesidad de estrategias que aseguren productos cárnicos de alta calidad y promuevan la sostenibilidad de la producción bovina.

Palabras clave: Bioinformática, biotecnología, marcadores moleculares, marmoleo y ternera de la carne.

¹Recepción: 19 de marzo de 2024. Aceptación: 10 de septiembre de 2024. Proyecto Innovative Management of Animal Genetic Resources (IMAGE), Programa Marco Horizonte 2020. Financiado parcialmente por fondos del Programa de Investigación e Innovación Horizonte 2020 de la Unión Europea en virtud del acuerdo de subvención n°. 677353, de igual manera con fondos parciales del Sistema Nacional de Investigación de la Secretaría Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación de Panamá (SENACYT).

²Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá (IDIAP), Laboratorio de Análisis y Biología Molecular Aplicada (LABMA). Ph.D. Conservación y Mejora Animal. e-mail: villalobos.axel@gmail.com; ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0003-4223-0560>

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

⁴IDIAP, Laboratorio de Salud Animal, Divisa-Panamá. M.Sc. en Epidemiología Veterinaria. e-mail: 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/)

VARIANTS ASSOCIATED WITH MULTIPLE MEAT QUALITY TRAITS IN GUAYMÍ AND GUABALÁ CREOLE CATTLE

ABSTRACT

In the conservation programs of Creole breeds, the importance of studying them beyond historical and cultural aspects is highlighted, aiming to improve traits such as meat quality. Research on genes like MYOD1 and LCORL emphasizes their impact on characteristics like marbling and tenderness, which are fundamental for the improvement of Creole breeds. This study, integrated into the Innovative Management of Animal Genetic Resources Project (IMAGE-FAO), analyzed polymorphisms of 33 SNPs in samples from the Guaymí and Guabalá breeds, using next-generation sequencing platforms. Analyses of the genetic variability within populations and the Hardy-Weinberg equilibrium of each breed were carried out. The results showed significant differences in or between the allelic frequencies between the breeds, demonstrating the presence of genetic variants associated with meat quality. The assessment of heterozygosity and inbreeding coefficients highlights the existence of greater genetic diversity and a lower predisposition to inbreeding in the Guaymí breed compared to Guabalá. This finding emphasizes the importance of conserving and exploiting this genetic diversity to improve meat characteristics. Furthermore, the study managed to identify polymorphic variants and traits related to growth, meat quality, and fat metabolism, highlighting genetic selection as a key tool for optimizing desirable attributes in livestock. These discoveries provide a solid foundation for future research and applications in genetic improvement, emphasizing the need for strategies that ensure high-quality meat products and promote the sustainability of cattle production.

Keywords: Bioinformatics, biotechnology, marbling and tenderness of meat, molecular markers.

INTRODUCCIÓN

En los programas de conservación de razas criollas, se busca generar un valor adicional a la preservación de estos animales en el entorno rural, que vaya más allá de su significado histórico, cultural y tradicional en las comunidades locales (Anzola Vásquez, 2005). Una de las estrategias promisorias en la preservación de razas criollas implica la identificación de genes que desempeñan un papel preponderante en la mejora de la calidad de carne y otros atributos relevantes (Soria y Corva, 2004). En este contexto, se ha investigado la influencia de diversos genes en rasgos como la calidad de la canal, la



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

ganancia de peso, el marmoleo, la terneza de la carne, la jugosidad y la producción de ácidos grasos (Rodríguez-González et al., 2018).

Entre los genes de interés, se encuentra el gen de Factor de determinación miogénica 1, MYOD1, que pertenece a la familia de genes de diferenciación miogénica (MyoD), que desempeña un papel clave en el crecimiento y desarrollo muscular (Picard et al., 2002; Du et al., 2013; Gurgul et al., 2015). Este gen se encuentra ubicado en el cromosoma 15, entre las posiciones 35,331,399 y 35,334,046 bps en el genoma de referencia de UMD 3.1.1 (Elsik et al., 2016).

Asimismo, se ha estudiado la influencia del gen del Correpresor de receptor nuclear dependiente de ligando (LCORL) ubicado en el cromosoma 6, entre las posiciones 38,840,864 y 38,992,112 bps en el genoma de referencia de UMD 3.1.1 y está asociado con la ganancia de peso (Snelling et al., 2010). Igualmente, se estableció una asociación significativa entre el SNP g. INT+52098A>G en el peso al sacrificio y el peso de la canal, sugiriendo que el LCORL podría ser un gen candidato para la selección asistida por marcadores en la mejora del rendimiento de la carne en el ganado (Han et al., 2017).

Estudios realizados en marcadores moleculares de los genes de la Tiroglobulina (TG) en el cromosoma 14 y Leptina (LEP) en el cromosoma 4, revelaron variaciones en las frecuencias de alelos y genotipos entre poblaciones puras y cruzadas de ganado. Este estudio destacó la importancia de estos genes en el marmoleo de la carne, siendo un indicador clave de calidad (Armstrong et al., 2011).

La terneza es otro rasgo importante a considerar en la calidad de la carne, que se ha asociado a genes como la proteína actina limitadora de la subunidad beta de la línea Z del músculo (CAPZB) en el cromosoma 2, la Dermatopontina (DPT) en el cromosoma 16, el gen del Factor Alfa Del Receptor De Crecimiento Derivado De Plaquetas (PDGFRA) en el cromosoma 6, el gen de la Protein Quinasa CGMP-Dependiente 1 (PRKG1) en el cromosoma 26 y el gen Dominio WW Que Contiene E3 Ubiquitina Proteína Ligasa 1 (WWP1) en el cromosoma 14, como se reportó en investigaciones realizadas por Jiang et al. (2009) y Taye et al. (2017).



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 jugosidad de la carne, por otro lado, ha sido objeto de estudio en relación con el gen Regulador De Fisión Mitocondrial 1 (MTFR1) ubicado en el cromosoma 14 (Jiang et al., 2009). Además, se ha investigado genes relacionados con la producción de ácidos grasos, como el ácido linoleico y la grasa en diferentes partes del cuerpo, incluyendo la grasa dorsal, intramuscular, pélvica y subcutánea.

Estos genes incluyen el Miembro del oncogén Ras (RAB2A) ubicado en el cromosoma 14 y codifica para el ácido linoleico (Edea et al., 2020), el gen de Respuesta a la hormona tiroidea (THRSP) ubicado en el cromosoma 29 y codifica para los ácidos grasos (Valdez-Torres et al., 2020), el gen Proteína fijadora de ácidos grasos 3 (FABP3) en el cromosoma 2 que codifica para grasa dorsal (Aiello et al., 2018), el gen de Parkin Rbr E3 Ubiquitina Proteína Ligasa (PRKN) en el cromosoma 9 y el gen de Fosfolipasa C Delta 3 (PLCD3) en el cromosoma 19 que codifican para grasa intramuscular (Taye et al., 2017), el gen de la Familia de portadores de solutos 27 Miembro 2 (SLC27A2) ubicado en el cromosoma 10 que codifica para grasa pélvica (Jiang et al., 2009) y el Factor de transcripción A, mitocondrial (TFAM) en el cromosoma 28, que codifica para grasa subcutánea (Jiang et al., 2009).

El objetivo de este trabajo fue identificar y evaluar las variantes polimórficas asociadas a múltiples rasgos de calidad cárnica en las razas Guaymí y Guabalá, con el propósito de comprender mejor su potencial de influencia en la calidad de carne de estas razas criollas y, en última instancia, contribuir a su conservación y mejora.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se identificaron y evaluaron polimorfismos de 33 marcadores SNP asociados a múltiples rasgos de calidad de carne en una plataforma Affymetrix Axiom OrcunSNP Array. de 34 muestras de ganado Criollo Guabalá (15) y Guaymí (19) seleccionados de un arreglo de 10 000 marcadores SNP en una plataforma Affymetrix Axiom OrcunSNP Array, como parte del proyecto Innovative Management of Animal Genetic Resources (IMAGE) en el



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

programa marco Horizonte 2020. Se tomaron muestras de 5 ml de sangre venosa de cada animal y se mantuvieron en frío hasta su llegada al laboratorio. La extracción de ADN se realizó mediante el kit comercial, DNeasy Blood and Tissue de Qiagen® obteniendo una concentración media de 45 ng/ml y un volumen de 50 ul por muestra, con una cantidad total de 2,5 ug de ADN y se enviaron a la empresa Affymetrix para sus análisis, cumpliendo previamente con el protocolo de Nagoya. De los 10 000 SNP seleccionados 8 416 cumplieron con los criterios recomendados por la empresa con un umbral de conversión de 0,6. Todos los SNP se alinearon con el genoma de referencia UMD 3.1.1 (Elsik et al., 2016). Los resultados obtenidos en formato VCF se validaron y se transformaron a formato GDA mediante el programa PGDSpider 2.1.1.5 (Lischer and Excoffier, 2012) convirtiéndolos a formato de texto y Excel. Para verificar la posición de los SNP, se utilizó inicialmente el programa Integrative Genome Viewer, IGV v2.9.4.03 (Robinson et al., 2011) y se compararon en paralelo con el Genome Data Viewer del Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI), con el mismo genoma de referencia UMD 3.1.1. Aquellos SNP que contaban con número de referencia (RefSNP), se utilizaron para ubicarlos en la posición del genoma de referencia ARS.UCD.1.2 mediante Ensembl (Howe et al., 2021) y el Archivo Europeo de variaciones, EVA (Cezard et al., 2021).

Para evaluar la variabilidad genética dentro de cada población, se calcularon los siguientes parámetros: porcentaje de loci polimórficos, heterocigosis observada y esperada (H_o , H_e), número efectivo de alelos (N_e), las desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg (HW) por población calculados mediante la prueba exacta usando el método de cadenas de Markov con un largo de cadena de 1 000 000 y 100 000 pasos de dememorización (Guo & Thompson, 1992).

También se calcularon las frecuencias génicas y genotípicas, valores de F_{is} , F_{st} y F_{it} (Wright, 1965; Weir & Cockerham, 1984). Se utilizaron los programas GENETIX v. 4.02 (Belkhir et al., 2004), GenAIEx 6.501 (Peakall & Smouse, 2012) y ARLEQUIN ver 3.5. (Excoffier et al., 2007) el índice de diversidad de Shannon se calculó mediante el programa GenAIEx 6.501. Las variantes polimórficas se sometieron al Cattle QTLdb (Hu et al., 2007) para identificar posibles asociaciones con rasgos de utilidad económica.



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

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se determinó que el 100% de los 33 marcadores analizados eran aplicables; en la raza Guabalá se obtuvo el 58% de loci polimórficos (19) y en la raza Guaymí 84% de loci polimórficos (28). Exceptuando una variante del gen TG (14: 9487659), todas las demás se obtuvieron las secuencias de referencia de RefSNP. Se identificaron 14 variantes monomórficas identificadas en la raza Guabalá: FABP3 (rs109499728), CAPZB (rs110345656), PDGFRA (rs110544210), PARK2 (rs110319142, rs109091600), RAB2A (rs43054543), TG (14:9487659, rs449352958, rs110456580), MYOD1 (rs110708239), PRKG1 (rs42240623, rs42234268 y rs110546507) y el TFAM (rs42159466). Por otro lado, en la raza Guaymí se observaron solo cuatro variantes monomórficas, FABP3 (rs109499728), TG (14:9487659, rs449352958) y PRKG1 (rs110546507). Respecto a los alelos polimórficos, la raza Guabalá mostró 19 marcadores, mientras que en Guaymí se identificaron 29. Este resultado indica una mayor variabilidad genética en la raza Guaymí en comparación con Guabalá, lo cual podría tener implicaciones significativas en términos de características físicas y organoléptica, en la calidad de la carne, como las diferencias observadas en la calidad de la canal entre la raza Menorquina y Frisona (Panea et al., 2010). La variabilidad genética entre animales juega un papel importante en las propiedades organolépticas de la carne de res, con heredabilidad estimada para la terneza, jugosidad, sabor y masticabilidad (Berry et al., 2020).

Se encontraron diferencias significativas en las frecuencias alélicas entre las razas en 16 marcadores (Cuadro 1). En el marcador CAPZB (rs110264726), se observaron diferencias sustanciales en las frecuencias de los alelos C y T entre Guabalá y Guaymí, con frecuencias de 0,733 y 0,267 para Guabalá y 0,184 y 0,879 para Guaymí, respectivamente. El marcador PDGFRA (rs110544210), resultó ser monomórfico en Guabalá y por el contrario presentó una alta frecuencia del alelo C (0,842) y T (0,158) en Guaymí. Estas y otras diferencias marcadas en alelos específicos, como LCORL (rs110961068), PARK2 (rs110319142, rs109091600, rs41657169), TG (rs110456580), DPT (rs41800828), PRKG1 (rs42083098, rs42234268, rs110166523, rs29013727), TFAM (rs42159466) y THRSP (rs42714483), ilustran la heterogeneidad genética entre ambas razas y sugieren la presencia de variantes alélicas asociadas con atributos distintivos de calidad cárnica.



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 biodiversidad y el mejoramiento genético de las poblaciones de ganado pueden parecer antagonistas, sin embargo, juegan un papel preponderante en la determinación de la calidad de la carne, permitiendo la selección de características deseables a cada raza. La comparación de marcadores de calidad entre diferentes razas revela variaciones significativas que pueden ser explotadas para mejorar atributos como la terneza, el sabor, y el marmoleo, asegurando así un producto final superior adaptado a las preferencias del mercado (Bittante, 2023).

Los resultados de este estudio subrayan la importancia de la diversidad genética en la determinación de características fenotípicas de alto valor económico, como la calidad de la carne en razas bovinas. Las diferencias significativas en las frecuencias alélicas entre Guabalá y Guaymí no solo reflejan la variabilidad genética intrínseca entre estas razas, sino que también ofrecen una base para investigaciones futuras sobre cómo estas variaciones genéticas pueden influir en la calidad de la carne y otros rasgos económicos importantes. La identificación de marcadores SNP asociados con la calidad de la carne proporciona herramientas valiosas para los programas de mejora genética, permitiendo la selección asistida por marcadores para optimizar las características deseables en las poblaciones bovinas (Gill et al., 2009; Gill et al., 2010; Dunner et al., 2013).

Los índices de heterocigosidad observada (H_o), heterocigosidad esperada (H_e) y el coeficiente de endogamia (F_{is}) son fundamentales para el estudio de la genética de poblaciones, ya que nos ofrecen una visión detallada sobre la diversidad genética y la configuración de las poblaciones. En este estudio, se analizaron los loci polimórficos de las poblaciones Guabalá y Guaymí, obteniéndose resultados particulares para cada indicador. Los valores de H_o , H_e y F_{is} considerando solo los loci polimórficos, en la raza Guabalá fueron de 0,170; 0,180 y 0,029, respectivamente. En el caso de la raza Guaymí, el H_o , H_e y F_{is} considerando igualmente los loci polimórficos fueron de 0,345; 0,312 y -0,097, respectivamente.



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

Cuadro 1. Frecuencias alélicas de variantes polimórficas de genes de múltiples rasgos de calidad de carne de razas Guaymí (GUY) y Guabalá (GUA) (Genoma de referencia UMD 3.1.1).

Locus	RefSNP	Consecuencia	GUA		GUY	
FABP3	rs109499728	variante sin sentido	1,000(G)	0,000(A)	1,000(G)	0,000(A)
CAPZB	rs110264726	variante intrónica	0,733(C)	0,267(T)	0,184(C)	0,879(T)
CAPZB	rs110345656	variante intrónica	1,000(C)	0,000(T)	0,763(C)	0,236(T)
CAPZB	rs110367089	variante intrónica	0,166(A)	0,833(G)	0,552(A)	0,447(G)
LEP	rs110559656	variante intrónica	0,033(C)	0,967(T)	0,184(C)	0,816(T)
LCORL	rs110961068	variante intrónica	0,733(A)	0,267(C)	0,500(A)	0,500(C)
PDGFRA	rs110544210	variante del UTR 3'	1,000(C)	0,000(T)	0,842(C)	0,158(T)
PARK2	rs29009858	variante intrónica	0,200(A)	0,800(C)	0,316(A)	0,684(C)
PARK2	rs110319142	variante intrónica	1,000(C)	0,000(T)	0,711(C)	0,289(T)
PARK2	rs110888478	variante intrónica	0,733(C)	0,267(T)	0,579(C)	0,421(T)
PARK2	rs109091600	variante intrónica	0,000(C)	1,000(T)	0,289(C)	0,710(T)
PARK2	rs41657151	variante intrónica	0,700(C)	0,300(T)	0,711(C)	0,289(T)
PARK2	rs41657169	variante intrónica	0,900(C)	0,100(T)	0,421(C)	0,579(T)
SLC27A2	rs41614846	variante intrónica	0,433(C)	0,567(T)	0,526(C)	0,474(T)
RAB2A	rs43054543	variante intrónica	1,000(C)	0,000(T)	0,974(C)	0,026(T)
MTFR1	rs41635435	variante intrónica	0,066(C)	0,933(T)	0,053(C)	0,947(T)
TG	rs41633631	variante intrónica	0,833(C)	0,167(T)	0,711(C)	0,289(T)
TG	14:9487659	no identificada	1,000(G)	0,000(A)	1,000(G)	0,000(A)
TG	rs449352958	variante sinónima	1,000(C)	0,000(T)	1,000(C)	0,000(T)
TG	rs110456580	variante intrónica	1,000(C)	0,000(T)	0,842(C)	0,158(T)
WWP1	rs41624092	variante del UTR 5'	0,800(C)	0,200(G)	0,684(C)	0,316(G)
MYOD1	rs110708239	variante sin sentido	1,000(C)	0,000(T)	0,974(C)	0,026(T)
DPT	rs41800828	variante intrónica	0,600(C)	0,400(T)	0,237(C)	0,763(T)
PLCD3	rs41607306	variante intrónica	0,367(A)	0,633(C)	0,211(A)	0,789(C)
PRKG1	rs42083098	variante intrónica	0,033(C)	0,967(T)	0,474(C)	0,526(T)
PRKG1	rs41568479	variante intrónica	0,633(C)	0,367(T)	0,447(C)	0,553(T)
PRKG1	rs42240623	variante intrónica	0,000(A)	1,000(G)	0,118(A)	0,882(G)
PRKG1	rs42234268	variante intrónica	1,000(C)	0,000(G)	0,842(C)	0,158(G)
PRKG1	rs110166523	variante intrónica	0,033(A)	0,967(C)	0,868(A)	0,138(C)
PRKG1	rs110546507	variante intrónica	1,000(A)	0,000(G)	1,000(A)	0,000(G)
PRKG1	rs29013727	variante intrónica	0,800(C)	0,200(T)	0,395(C)	0,605(T)
TFAM	rs42159466	variante intrónica	1,000(C)	0,000(T)	0,394(C)	0,605(T)
THRSP	rs42714483	variante sin sentido	0,667(C)	0,333(T)	0,842(C)	0,158(T)



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

Se calculó un tamaño efectivo de población de 1 298 para la Guabalá y de 1 537 para la Guaymí, ambos considerados bajos y menores a los reportados por Solodneva et al. (2023) al analizar el Ne de razas de América latina como Blanco orejinegro (3,32), Criollo Macabeo (4,78), Caracú (4,32). Para la población Guabalá, los índices de H_o y H_e fueron comparativamente bajos 0,170 y 0,180, respectivamente, señalando una diversidad genética de baja a moderada. El coeficiente de Fis (0,029) indica una ligera inclinación hacia la endogamia, aunque no de manera significativa. Por otro lado, la población Guaymí exhibió mayores niveles de heterocigosidad observada 0,345 y esperada 0,312, lo cual indica una diversidad genética superior en esta población. Un Fis negativo en la raza Guaymí (-0,097) sugiere un exceso de heterocigotos respecto a lo anticipado, posiblemente debido a un reciente incremento en la variabilidad genética o a la existencia de subestructuras poblacionales. En la investigación de Villalobos et al. (2010) sobre la diversidad genética en las poblaciones bovinas de Guaymí y Guabalá utilizando 27 microsatélites, se encontraron diferencias en la variabilidad genética, con un promedio de 5,61 y 7,5 alelos por microsatélite en Guabalá (GUA) y Guaymí (GUY), respectivamente. Además, los coeficientes de endogamia (Fis) fueron de 0,053 para GUA y 0,033 para GY, indicando una diferenciación genética moderada y una variabilidad genética interna, posiblemente debido a un exceso de heterocigotos, especialmente en la población Guaymí.

La comparativa entre ambas poblaciones revela diferencias sustanciales en cuanto a diversidad genética y estructura poblacional, siendo la Guaymí más diversa genéticamente y mostrando una tendencia contraria a la endogamia en comparación con la Guabalá. Estos hallazgos se suman como evidencia que permita para el diseñar de estrategias de conservación y mejoramiento genético, subrayando la importancia de la diversidad genética para la adaptabilidad y supervivencia futura de las poblaciones. Desde una perspectiva genética, la población Guaymí, con su elevada diversidad genética y menor grado de endogamia, parece estar mejor posicionada.

La disminución de la diversidad genética ha sido un fenómeno global. Este ha sido reportado en razas comerciales (Aberdeen Angus, Charolais, Hereford y Limousin) y locales (Piamontesa y Romagnola) y mostraron que más del 3% de los genomas de Aberdeen Angus, Hereford y Romagnola, menos del 1% de los genomas de Limousin,



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

Charolais y Pinzgauer eslovaco y el 0,38% del genoma piamontés podrían haberse visto significativamente afectados por el apareamiento de parientes durante las últimas tres generaciones (Kasarda et al., 2020).

La media general del índice de Shannon considerando los loci polimórficos fue $I=0,370$, menor a lo reportado por Bora et al. (2023) en razas de ganado criollo etíope. El índice de diversidad de Shannon para cada población fue 0,275 en la Guabalá y 0,464 en la Guaymí. Se observan amplias diferencias en cuanto a los valores de H_o y H_e , siendo la raza Guaymí mucho más alta que la Guabalá.

Los indicadores genéticos tales como el número efectivo de alelos (N_e), la heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_e), son fundamentales para entender la diversidad genética y la salud de las poblaciones estudiadas (Cuadro 2). En la raza Guabalá, la mayoría de los marcadores polimórficos (14) presentaron exceso de heterocigotos ($H_o > H_e$) a excepción de dos alelos del gen PARK2 (rs29009858 y rs41657151), uno del gen SLC27A2 rs41614846, uno del gen WWP1, rs41624092 y del gen DPT, rs41800828, mostraron déficit de heterocigotos ($H_o < H_e$). Este comportamiento resultó similar en la raza Guaymí, ya que la mayoría de los marcadores (22) presentaron déficit de heterocigotos. En este caso siete marcadores presentaron déficit de heterocigotos CAPZB (rs110367089), LEP (rs110559656), LCORL (rs110961068), PARK2 (rs29009858), TG (rs110456580), PLCD3 (rs41607306), TFAM (rs42159466). El cálculo de equilibrio de Hardy-Weinberg resultó no significativo en todos los marcadores de la raza Guabalá, excepto PARK (rs41657151) y WWP1 (rs41624092) Y CAPZB (rs110367089) en la Guaymí. Estos hallazgos destacan la importancia de monitorear la heterocigosidad y el equilibrio genético para la conservación de estas razas panameñas y mantener su diversidad, para beneficiar la diversidad global, como se plantea en los trabajos de Ginja et al. (2013).



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

Cuadro 2. Valores de Número efectivo de alelos (Ne), de Índice de Shannon (I), Heterocigosis observada (Hob) y Heterocigosis esperada (He) de variantes asociadas a genes de carnes.

Locus	RefSNP	Guabalá				Guaymí			
		Ne	I	Ho	He	Ne	I	Ho	He
FABP3	rs109499728	1,000	0,000	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	0,000
CAPZB	rs110264726	1,642	0,580	0,400	0,391	1,430	0,478	0,368	0,301
CAPZB	rs110345656	1,000	0,000	0,000	0,000	1,566	0,547	0,368	0,361
CAPZB	rs110367089	1,385	0,451	0,333	0,278	1,978	0,688	0,263	0,494
LEP	rs110559656	1,069	0,146	0,067	0,064	1,430	0,478	0,263	0,301
LCORL	rs110961068	1,642	0,580	0,400	0,391	2,000	0,693	0,474	0,500
PDGFRA	rs110544210	1,000	0,000	0,000	0,000	1,362	0,436	0,316	0,266
PARK2	rs29009858	1,471	0,500	0,267	0,320	1,761	0,624	0,421	0,432
PARK2	rs110319142	1,000	0,000	0,000	0,000	1,699	0,602	0,579	0,411
PARK2	rs110888478	1,642	0,580	0,400	0,391	1,951	0,681	0,632	0,488
PARK2	rs109091600	1,000	0,000	0,000	0,000	1,699	0,602	0,474	0,411
PARK2	rs41657151	1,724	0,611	0,200	0,420	1,699	0,602	0,579	0,411
PARK2	rs41657169	1,220	0,325	0,200	0,180	1,951	0,681	0,526	0,488
SLC27A2	rs41614846	1,965	0,684	0,333	0,491	1,994	0,692	0,632	0,499
RAB2A	rs43054543	1,000	0,000	0,000	0,000	1,054	0,122	0,053	0,051
MTFR1	rs41635435	1,142	0,245	0,133	0,124	1,111	0,206	0,105	0,100
TG	rs41633631	1,385	0,451	0,333	0,278	1,699	0,602	0,474	0,411
TG	14:9487659	1,000	0,000	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	0,000
TG	rs449352958	1,000	0,000	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	0,000
TG	rs110456580	1,000	0,000	0,000	0,000	1,362	0,436	0,211	0,266
WWP1	rs41624092	1,471	0,500	0,133	0,320	1,761	0,624	0,526	0,432
MYOD1	rs110708239	1,000	0,000	0,000	0,000	1,054	0,122	0,053	0,051
DPT	rs41800828	1,923	0,673	0,400	0,480	1,566	0,547	0,368	0,361
PLCD3	rs41607306	1,867	0,657	0,467	0,464	1,498	0,515	0,211	0,332
PRKG1	rs42083098	1,069	0,146	0,067	0,064	1,994	0,692	0,632	0,499
PRKG1	rs41568479	1,867	0,657	0,467	0,464	1,978	0,688	0,684	0,494
PRKG1	rs42240623	1,000	0,000	0,000	0,000	1,262	0,362	0,235	0,208
PRKG1	rs42234268	1,000	0,000	0,000	0,000	1,362	0,436	0,316	0,266
PRKG1	rs110166523	1,069	0,146	0,067	0,064	1,296	0,389	0,263	0,229
PRKG1	rs110546507	1,000	0,000	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	0,000
PRKG1	rs29013727	1,471	0,500	0,400	0,320	1,915	0,671	0,579	0,478
TFAM	rs42159466	1,000	0,000	0,000	0,000	1,915	0,671	0,474	0,478
THRSP	rs42714483	1,800	0,637	0,533	0,444	1,362	0,436	0,316	0,266



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

Al ser consultadas las variantes polimórficas en Cattle QTLdb se observaron las siguientes asociaciones, contribuyendo a un mejor entendimiento de los factores genéticos que influyen en las características de crecimiento y calidad de la carne. Entre los hallazgos más relevantes, se ha identificado que el gen FABP3 juega un rol crucial en el largo del cuerpo en el ganado Qinchuan, sugiriendo un impacto significativo en los rasgos de crecimiento y las características de la carcasa (Liang et al., 2014). Este descubrimiento respalda investigaciones anteriores que asociaban polimorfismos en FABP3 y FABP4 con el área del músculo longissimus y la calidad de la carne en cruces de diferentes razas, como Valdostana x Nelore y Angus x Nelore, entre otras (Blecha et al., 2015).

Por otro lado, un estudio sobre la raza Hereford ha destacado la importancia del gen LEP en relación con el contenido de grasa de la carne y el grosor de la grasa en la 12ª costilla. Este hallazgo enfatiza el papel de LEP en el metabolismo de las grasas y, por ende, en la calidad de la carne (Melucci et al., 2012; Woronuk et al., 2012). Asimismo, investigaciones en la raza Simmental han revelado que variantes en los genes LEP y SCD1 están vinculadas al perfil de ácidos grasos del tejido muscular, resaltando su contribución a la composición de ácidos grasos y la ternura de la carne (Orru et al., 2011). El gen LCORL ha mostrado una asociación significativa con el peso en canal y el grosor de la grasa en la 12ª costilla, indicando su relevancia en la eficiencia alimenticia y los rasgos de la carcasa (Lindholm-Perry et al., 2011). De igual manera, se ha observado que el gen RAB2A en la raza Wagyu y TG en Piedmontese están relacionados con el peso en canal y la calidad de la carne, respectivamente, sugiriendo su papel en la determinación de características clave para la industria cárnica (Ribeca et al., 2014; Sasago et al., 2017). Además, variantes genéticas en Nelore (Machado et al., 2022) han demostrado influir en la puntuación de conformación, mientras que, en razas como Brahman y Holstein, se han identificado genes (PLCD3, PRKG1 y THRSP) asociados con la conformación corporal y la producción láctea, respectivamente (Cole et al., 2011; Fontanesi et al., 2014). Estos resultados destacan la complejidad de los rasgos fenotípicos en el ganado y el potencial de la selección genética para mejorar tanto la producción como la calidad de la carne.



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

CONCLUSIÓN

- El análisis revela que la raza Guaymí tiene una mayor diversidad genética y menor endogamia en comparación con la Guabalá.
- Las diferencias alélicas observadas entre razas sugieren que existen variantes genéticas específicas que influyen en la calidad de la carne, subrayando la importancia de conservar esta diversidad para su uso en programas de mejoramiento genético.
- Se identificaron asociaciones entre variantes genéticas y características de crecimiento y calidad de la carne, proporcionando una base sólida para futuras investigaciones y aplicaciones en mejoramiento genético.
- Se resalta la importancia de preservar y aprovechar la diversidad genética de ambas razas, para desarrollar productos cárnicos de alta calidad y sostenibles, alineados con las demandas del mercado.

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(6), 505-519. <https://doi.org/10.1111/age.12696>
- Anzola Vásquez, H. (2005). Conservación y utilización de las razas bovinas criollas y colombianas para el desarrollo rural sostenible. *Archivos de Zootecnia*, 54(206-207), 141-144. Retrieved December 12, 2023, from. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=49520704>
- 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>



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

- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., & Bonhomme, F. (2004). Genetix: 4.05 Logiciel sous Windows™ pour la genetique des populations. Montpellier, France: Laboratoire Genoma Populations, Interactions, Adaptations.
<https://www.scienceopen.com/document?vid=9a3e2cf3-2971-405c-8297-258227c3cb30>
- Berry, D., Conroy, S., Hegarty, P., Evans, R., Pabiou, T., & Judge, M. (2020). Inter-animal genetic variability exist in organoleptic properties of prime beef meat. *Meat Science*, 173, 108401. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2020.108401>
- Bittante, G. (2023). Biodiversity and genetics of beef quality, a review. *Italian Journal of Animal Science*, 22, 867- 884. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2023.2216712>
- Blecha, I. M., Siqueira, F., Ferreira, A. B., Feijó, G. L., Torres Junior, R. A., Medeiros, S. R., Sousa, I. I., Santiago, G. G., & Ferraz, A. L. (2015). Identification and evaluation of polymorphisms in FABP3 and FABP4 in beef cattle. *Genetics and Molecular Research*, 14(4), 16353-16363. <https://doi.org/10.4238/2015.December.9.3>
- Bora, S.K., Tessema, T.S. & Girmay, G. (2023). Genetic Diversity and Population Structure of Selected Ethiopian Indigenous Cattle Breeds Using Microsatellite Markers. *Genetics Research*, 2023(1), 1106755. <https://doi.org/10.1155/2023/1106755>
- Cezard, T., Cunningham, F., Hunt, S. E., Koylass, B., Kumar, N., Saunders, G., Shen, A., Silva, A. F., Tsukanov, K., Venkataraman, S., et al. (2021). The European Variation Archive: a FAIR resource of genomic variation for all species. *Nucleic Acids Research*, 50(D1), D1216-D1220. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab960>
- Cole, J. B., Wiggans, G. R., Ma, L., Sonstegard, T. S., Lawlor, T. J., Jr, Crooker, B. A., Van Tassell, C. P., Yang, J., Wang, S., Matukumalli, L. K., & Da, Y. (2011). Genome-wide association analysis of thirty one production, health, reproduction and body conformation traits in contemporary U.S. Holstein cows. *BMC Genomics*, 12, 408. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-408>



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

- Du, X. H., Gan, Q. F., Yuan, Z. R., Gao, X., Zhang, L. P., Gao, H. J., Li, J. Y., & Xu, S. Z. (2013). Polymorphism of MyoD1 and Myf6 genes and associations with carcass and meat quality traits in beef cattle. *Genetics and Molecular Research*, 12(4), 6708-6717. <http://dx.doi.org/10.4238/2013.December.13.4>
- Dunner, S., Sevane, N., García, D., Cortés, Ó., Valentini, A., Williams, J., Mangin, B., Cañón, J., & Levéziel, H. (2013). Association of genes involved in carcass and meat quality traits in 15 European bovine breeds. *Livestock Science*, 154, 34-44. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2013.02.020>
- Edea Zewdu, Jung Kyoung Sub, Shin Sung-Sub, Yoo Song-Won, Choi Jae Won, Kim Kwan-Suk. (2020). Signatures of positive selection underlying beef production traits in Korean cattle breeds. *J Anim Sci Technol*, 62(3), 293-305. <https://doi.org/10.5187/jast.2020.62.3.293>
- Elsik, C. G., Unni, D. R., Diesh, C. M., Tayal, A., Emery, M. L., Nguyen, H. N., & Hagen, D. E. (2016). Bovine Genome Database: new tools for gleaning function from the *Bos taurus* genome. *Nucleic Acids Research*, 44(D1), D834-D839. <https://doi.org/10.1093/nar/gkv1077>
- Excoffier, L., Laval, G., & Schneider, S. (2007). Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evol Bioinform Online*, 1, 47-50. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19325852>
- Fontanesi, L., Calò, D. G., Galimberti, G., Negrini, R., Marino, R., Nardone, A., Ajmone-Marsan, P., & Russo, V. (2014). A candidate gene association study for nine economically important traits in Italian Holstein cattle. *Animal Genetics*, 45(4), 576-580. <https://doi.org/10.1111/age.12164>
- Gill, J., Bishop, S., McCorquodale, C., Williams, J., & Wiener, P. (2009). Association of selected SNP with carcass and taste panel assessed meat quality traits in a



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

commercial population of Aberdeen Angus-sired beef cattle. *Genet Sel Evol*, 41, 36. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-41-36>

Gill, J., Bishop, S., McCorquodale, C., Williams, J., & Wiener, P. (2010). Associations between single nucleotide polymorphisms in multiple candidate genes and carcass and meat quality traits in a commercial Angus-cross population. *Meat Science*, 86(4), 985–993. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.08.005>

Ginja, C., Gama, L. T., Cortes, Ó., Delgado, J. V., Dunner, S., García, D., Landi, V., Martín-Burriel, I., Martínez-Martínez, A., Penedo, C., Rodellar, C., Zaragoza, P., Cañon, J., & Consortium, B. (2013). Analysis of conservation priorities of Iberoamerican cattle based on autosomal microsatellite markers. *Genetics Selection Evolution Genet Sel Evol*, 45, 35. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-45-35>

Guo, S. W., & Thompson, E. A. (1992). Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics*, 48, 361-372. <https://doi.org/10.2307/2532296>

Gurgul, A., Szmatola, T., Ropka-Molik, K., Jasielczuk, I., Pawlina, K., Semik, E., & Bugno-Poniewierska, M. (2015). Identification of genome-wide selection signatures in the Limousin beef cattle breed. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 133(4), 264-276. <https://doi.org/10.1111/jbg.12196>

Han, Y. J., Chen, Y., Liu, Y., & Liu, X. L. (2017). Sequence variants of the LCORL gene and its association with growth and carcass traits in Qinchuan cattle in China. *Journal of Genetics*, 96, 9-17. <https://link.springer.com/article/10.1007/s12041-016-0732-0>

Hu, Z.-L., Fritz, E. R., & Reecy, J. M. (2007). AnimalQTLdb: a livestock QTL database tool set for positional QTL information mining and beyond. *Nucleic Acids Research*, 35(Database issue), D604-D609. <https://doi.org/10.1093/nar/gkl946>



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

- Jiang, Z., Michal, J. J., Chen, J., Daniels, T. F., Kunej, T., Garcia, M. D., Gaskins, C. T., Busboom, J. R., Alexander, L. J., Wright, R. W., Jr, & MacNeil, M. D. (2009). Discovery of novel genetic networks associated with 19 economically important traits in beef cattle. *International Journal of Biological Sciences*, 5(6), 528-542. <https://www.ijbs.com/v05p0528.htm>
- Kasarda, R., Moravčíková, N., Vostrý, L., Krupová, Z., Krupa, E., Lehocká, K., Olšanská, B., Trakovická, A., Nádaský, R., Polák, P., Židek, R., Belej, L., & Golian, J. (2020). Fine-scale analysis of six beef cattle breeds revealed patterns of their genomic diversity. *Ital. J. Anim. Sci.*, 19, 1552-1567. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2020.1852894>
- Howe, K. L., Achuthan, P., Allen, J., Allen, J., Alvarez-Jarreta, J., Amode, M. R., Armean, I. M., Azov, A. G., Bennett, R., Bhai, J., Billis, K., Boddu, S., Charkhchi, M., Cummins, C., Da Rin Fioretto, L., Davidson, C., Dodiya, K., El Houdaigui, B., Fatima, R., ... Flicek, P. (2021). Ensembl 2021. *Nucleic Acids Research*, 49(D1), D884–D891. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa942>
- Liang, W., Zhang, H. L., Liu, Y., Lu, B. C., Liu, X., Li, Q., & Cao, Y. (2014). Investigation of the association of two candidate genes (H-FABP and PSMC1) with growth and carcass traits in Qinchuan beef cattle from China. *Genetics and Molecular Research*, 13(1), 1876-1884. <https://doi.org/10.4238/2014.March.17.15>
- Lindholm-Perry, A. K., Sexten, A. K., Kuehn, L. A., Smith, T. P., King, D. A., Shackelford, S. D., Wheeler, T. L., Ferrell, C. L., Jenkins, T. G., Snelling, W. M., & Freetly, H. C. (2011). Association, effects and validation of polymorphisms within the NCAPG - LCORL locus located on BTA6 with feed intake, gain, meat and carcass traits in beef cattle. *BMC Genetics*, 12, 103. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-12-103>
- Lischer, H.E.L., & Excoffier, L. (2012). PGDSpider: An automated data conversion tool for connecting population genetics and genomics programs. *Bioinformatics*, 28(2), 298-299. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr642>



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

- Machado, P. C., Brito, L. F., Martins, R., Pinto, L. F. B., Silva, M. R., & Pedrosa, V. B. (2022). Genome-Wide Association Analysis Reveals Novel Loci Related with Visual Score Traits in Nellore Cattle Raised in Pasture-Based Systems. *Animals*, 12(24), 3526. <https://doi.org/10.3390/ani12243526>
- Melucci, L. M., Panarace, M., Feula, P., Villarreal, E. L., Grigioni, G., Carduza, F., Soria, L. A., Mezzadra, C. A., Arceo, M. E., Papaleo Mazzucco, J., Corva, P. M., Irurueta, M., Rogberg-Muñoz, A., & Miquel, M. C. (2012). Genetic and management factors affecting beef quality in grazing Hereford steers. *Meat science*, 92(4), 768-774. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2012.06.036>
- Orrù, L., Cifuni, G. F., Piasentier, E., Corazzin, M., Bovolenta, S., & Moioli, B. (2011). Association analyses of single nucleotide polymorphisms in the LEP and SCD1 genes on the fatty acid profile of muscle fat in Simmental bulls. *Meat science*, 87(4), 344-348. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.11.009>
- Panea, B., Sañudo, C., Olleta, J.L., & Sierra, I. (2010). Caracterización de la canal y la carne de la raza bovina menorquina. *Archivos de Zootecnia*, 59(227), 467-470. http://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0004-05922010000300018&lng=es&tlng=es
- Peakall, R. & Smouse, P.E. (2012) GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537-2539. <http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/28/19/2537>
- Picard, B., Lefaucheur, L., Berri, C., & Duclos, M. J. (2002). Muscle fibre ontogenesis in farm animal species. French-Polish Symposium Animal and Growth development: Regulatory mechanisms. *Reprod. Nutr. Dev.*, 42(5), 415-431. <https://doi.org/10.1051/rnd:2002035>



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

Ribeca, C., Bonfatti, V., Cecchinato, A., Albera, A., Gallo, L., & Carnier, P. (2014). Effect of polymorphisms in candidate genes on carcass and meat quality traits in double muscled Piemontese cattle. *Meat science*, 96(3), 13761383.

<https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2013.11.028>

Robinson, J., Thorvaldsdóttir, H., Winckler, W., Guttman, M., Lander, E., Getz, G., & Mesirov, J. P. (2011). Integrative Genomics Viewer. *Nat. Biotechnol.*, 29, 24-26.

<https://doi.org/10.1038/nbt.1754>

Rodríguez-González, K., Valverde Abarca, A., Rodríguez-González, J., Murillo-Bravo, O., & Camacho-Calvo, M. (2018). Effects of genotype and finish feed on commercial cuts and carcass quality traits of steers beef cattle. *Agronomía Mesoamericana*, 29(1), 105-122. <https://doi.org/10.15517/ma.v29i1.28140>

Sasago, N., Abe, T., Sakuma, H., Kojima, T., & Uemoto, Y. (2017). Genome-wide association study for carcass traits, fatty acid composition, chemical composition, sugar, and the effects of related candidate genes in Japanese Black cattle. *Animal Science Journal*, 88(1), 33-44. <https://doi.org/10.1111/asj.12595>

Snelling, W. M., Allan, M. F., Keele, J. W., Kuehn, L. A., McDanel, T., Smith, T. P., Sonstegard, T. S., Thallman, R. M., & Bennett, G. L. (2010). Genome-wide association study of growth in crossbred beef cattle. *Journal of Animal Science*, 88(3), 837-848. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2257>

Solodneva, E., Svishcheva, G., Smolnikov, R., Bazhenov, S., Konorov, E., Mukhina, V., & Stolpovsky, Y. (2023). Genetic structure analysis of 155 transboundary and local populations of cattle (*Bos taurus*, *Bos indicus*, and *Bos grunniens*) based on STR markers. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(5), 5061.

<https://doi.org/10.3390/ijms24055061>



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

- Soria, L. A., & Corva, P. M. (2005). Genetic and environmental factors influencing beef tenderness. *Archivos Latinoamericanos De Producción Animal*, 12(2). Retrieved from https://ojs.alpa.uy/index.php/ojs_files/article/view/20
- Taye, M., Kim, J., Yoon, S. H., Lee, W., Hanotte, O., Dessie, T., Kemp, S., Mwai, O. A., Caetano-Anolles, K., Cho, S., Oh, S. J., Lee, H. K., & Kim, H. (2017). Whole genome scan reveals the genetic signature of African Ankole cattle breed and potential for higher quality beef. *BMC Genetics*, 18, 11. <https://doi.org/10.1186/s12863-016-0467-1>
- Valdez-Torres, J. M., Grado Ahuir, J. A., Castro-Valenzuela, B. E., & Burrola-Barraza, M. E. (2020). QTL analysis associated with single nucleotide polymorphisms (SNP) involved in the dairy phenotype of Holstein cattle. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 11(4), 1192-1207. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v11i4.5295>
https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S2007-11242020000401192&script=sci_arttext&lng=en
- Villalobos Cortés, A. I., Martínez, A. M., Escobar, C., Vega-Pla, J. L., & Delgado, J. V. (2010). Study of genetic diversity of the Guaymi and Guabala bovine populations by means of microsatellites. *Livestock Science*, 131(1), 4551. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2010.02.024>
- Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38, 1358-1370. <https://doi.org/10.2307/2408641>
- Woronuk, G. N., Marquess, F. L., James, S. T., Palmer, J., Berryere, T., Deobald, H., Howie, S., & Kononoff, P. J. (2012). Association of leptin genotypes with beef cattle characteristics. *Animal Genetics*, 43(5), 608-610. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02320.x>



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

Wright, S. (1965). The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19(3), 395-420.
<https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1965.tb01731.x>

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad de Wageningen por el apoyo en la recepción y análisis de las muestras de ADN, en particular al Dr. Richard Crooijmans por su colaboración en la recepción de las muestras; 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 apoyo en esta investigación.



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