

# Biotecnologías para el desarrollo de los sistemas pecuarios: aspectos aplicados a la ganadería bovina para carne

Gaspar Manuel Parra-Bracamonte<sup>1</sup>, Ana María Sifuentes-Rincón<sup>1</sup>, Juan Carlos Martínez- González<sup>2</sup>,  
Juan Gabriel Magaña-Monforte<sup>3</sup>, Francisco Joel Jahuey-Martínez<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Biotecnología Genómica. Instituto Politécnico Nacional. Reynosa, Tamaulipas, México.

<sup>2</sup>Facultad de Ingeniería y Ciencias. Universidad Autónoma de Tamaulipas. México

<sup>3</sup>Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia.  
Universidad Autónoma de Yucatán. México.

## Resumen

El avance de la biotecnología ha sido representado por grandes desarrollos tecnológicos que han prometido y permitido grandes progresos en la producción animal. En el presente documento son descritos dos enfoques de la biotecnología aplicada a la producción bovina para carne. Por un lado, se presentan brevemente las biotecnologías reproductivas y, además, más ampliamente, conceptos y aplicaciones de biotecnologías basadas en el ADN. Finalmente, se presenta una breve discusión de problemas y perspectivas para la aplicación de estas biotecnologías usando ilustrativamente el caso de México como país en desarrollo, en el cual la producción bovina para carne comparativamente en Latinoamérica, es muy importante.

## Abstract

The advancement of biotechnology has been represented by major technological developments, which have promised and allowed great progress in animal production. In this document two biotechnology approaches applied to beef cattle production systems. On one side, reproductive biotechnologies are briefly presented. On the other hand DNA-based biotechnologies concepts and applications on beef cattle production systems are describe. Finally, a brief discussion of problems and prospects for the implementation of these biotechnologies is shown, using as an example the case of Mexico, a developing country in which bovine meat production is relatively very important in Latin American.

## Introducción

La palabra biotecnología tiene su origen en el griego *bios* (vida), *tekné* (arte o técnica) y *logos* (estudio o tratado), es decir, el uso o la aplicación de técnicas a la vida. En otras palabras la biotecnología es cualquier aplicación tecnológica que utilice sistemas biológicos, organismos vivos o derivados de los mismos para generar o modificar productos o procesos para un uso específico.

El avance de la biotecnología ha sido representado por grandes desarrollos tecnológicos que han prometido y permitido grandes progresos en la producción animal. Estos progresos consisten básicamente en la resolución de problemas específicos relacionados con características de reproducción en primera instancia, que representan un componente económico fundamental en los sistemas de producción bovina para carne. En el mismo sentido, y cronológicamente de más reciente desarrollo, las biotecnologías basadas en el ácido desoxirribonucleico (ADN) permitieron la resolución de otras problemáticas latentes y vislumbrar un potencial significativo para la ganadería.

En términos generales las unidades de producción se manejan como sistemas extensivos, lo que ocasiona bajos índices productivos y reproductivos. Son pocas las ganaderías que han implementado técnicas para eficiencia productiva, la cual se puede mejorar mediante el uso de diversas estrategias de manejo del rebaño. Sin embargo, la inclusión de estrategias biotecnológicas en el manejo habitual ganadero puede modificar parámetros críticos en la eficiencia reproductiva y productiva del sistema de producción.

El propósito del presente documento es referir las biotecnologías reproductivas disponibles actualmente, describir biotecnologías basadas en el ADN desde el concepto de aplicación, enfatizando su uso en los sistemas de producción bovina para carne a través de las pruebas de ADN, y discutir las limitantes y perspectivas actuales y futuras para su aplicación en la situación en países en desarrollo como México.

## Antecedentes

México tiene una extensión territorial de 196.4 millones de hectáreas, y la ganadería se desarrolla en el 56 % del territorio nacional, esta actividad constituye el principal uso del suelo. La población bovina nacional dedicada a la producción de carne es de alrededor de 29.5 millones de cabezas de ganado bovino productor de carne (SIAP, 2014), con las que se producen 12 820 547 toneladas de carne en canal, 3 464 781 toneladas de ganado en pie y más de un millón de cabezas exportadas anualmente a los EE. UU. (Peel *et al.*, 2010; SIAP, 2014).

Entre las diferentes regiones (árida, semiárida, templada y tropical), la productividad o el costo para obtener un determinado nivel de productividad difiere, ya que cada una de ellas posee características diferentes que determinan condiciones específicas (Cuadro 1; CONARGEN, 2000; SAGARPA, 2002; Peel *et al.*, 2010).

En las zonas áridas y semiáridas (48 % del territorio nacional) uno de los principales factores limitantes es la disponibilidad y costo del agua, aunado a las condiciones desérticas que determinan la vegetación de arbustos y matorrales; la producción de forrajes se realiza en áreas mecanizadas de alto rendimiento, pero la suplementación energética es esencial, y los sistemas tienden a ser más intensivos. Las razas de talla moderada y preferentemente cruzadas entre las razas británicas y continentales son preferidas, y en menor número animales con 3/8 o menos de genes Cebú. El uso de razas de talla grande y con mayor potencial lechero, al tener mayores requerimientos ponen en riesgo su fertilidad y no son las más apropiadas, aunque sean las de mayor tasa de crecimiento y rendimiento de la canal.

En la zona templada (23 %), debido a la mayor devoción agrícola, el valor del suelo es mayor y las actividades ganaderas, en especial de la carne, son de menor importancia. La lechería y la producción con especies no rumiantes son preferidas. En esta región, debido al estrés nutricional, la preferencia es sobre animales de talla moderada y con mayor encaste de Cebú que europeo.

Finalmente, la zona tropical –seca y húmeda– (29%) se enfrenta a los efectos directos del calor y la humedad e indirectamente a las grandes fluctuaciones en la disponibilidad de los forrajes, así como en su calidad como resultado de la estacionalidad de la precipitación pluvial. En consecuencia, la utilización de la suplementación energética y proteica es necesaria para una producción animal más intensificada. Sin embargo, para una producción animal eficiente de los sistemas extensivos o semi intensivos depende de la aptitud de los animales a la resistencia al calor, a los parásitos, a las enfermedades endémicas y a la habilidad para utilizar los forrajes tropicales, el tipo de animal preferido es el Cebú y cruzados con media proporción de europeo.

Aunado a la gran diversidad de condiciones de producción de carne bovina en México se agregan los problemas de tenencia de la tierra, el 40 % de las propiedades del régimen privado, y son los de mayor potencial para el desarrollo de la industria de la carne (Peel *et al.*, 2010). A pesar de la modificación a la Constitución Mexicana sobre el uso de la tierra, todavía persisten las dificultades para su operación y reducen el potencial para el crecimiento de la industria.

**Cuadro 1.** Características y limitaciones de la producción bovina de carne en México de acuerdo a las zonas agroecológicas.

Zona	%	Factor limitante	Forrajes y alimentos	Carga animal ha/UA	Necesidad de suplementación energética y proteica	Talla animal y características	Salud animal
Árida	20	Agua	Matorrales. Forrajes cultivados de buena calidad	25-50	Esencial	Moderada. Cruza	Tuberculosis, brucelosis (buen estado actualmente)
Semiárida	28	Agua. Manejo del pastizal	Matorrales Forraje de buena calidad estacional	12-25	Necesaria	Moderada. Cruza	Tuberculosis, brucelosis (moderado estado)
Templada	23	Valor del suelo. Cultivos agrícolas	Forraje estacional de buena calidad. Subproducto agrícola	4-12	Subproductos	Moderada. Cruza	Tuberculosis, brucelosis (moderado estado)
Tropical	29	Calor, humedad y estacionalidad en la producción de forrajes	Extensivo. Estacional. Forrajes tropicales de baja calidad	1-3	Necesaria	Moderada. Cruza	Garrapatas, rabia parálitica bovina tuberculosis y brucelosis (situación sanitaria pobre, existen estados con situación de mediana a buena)

### Descripción de los sistemas de producción bovina para carne de México

La industria productora de carne bovina en México está constituida por una larga cadena que involucra los sectores de vaca-cría, engorde (Cuadro 2), integradores y procesadores. Las actividades ganaderas realizadas para producción de carne incluyen el sistema vaca-cría, la producción de novillos para engorda y la exportación de becerros.

En el sector de vaca-cría se distinguen tres subsistemas, el primero es el **pie de cría**, cuyo producto es el de animales de registro, específicamente toros y material genético para me-

joramiento. El segundo, es el **multiplicador de cría**, cuyo producto principal son los becerros comerciales para la engorda o exportación y que es usuario generalmente de los toros y semen del sistema de pie de cría. El tercero es el de **dobles propósitos**, que produce becerros como producto secundario al ordeño. Los animales son cruces de diferente proporción entre ganado lechero especializado (*Bos taurus*) y ganado Cebú (*Bos indicus*).

El subsistema de pie de cría está representado por muchas razas y, por ende, sus asociaciones ganaderas correspondientes, que gestionan el inventario, genealogía y flujo constante de material genético en las ganaderías de pie de cría, promueven activamente sus razas con propósitos de venta y diseminación del material genético de sus ganaderos asociados, a través de catálogos o sumarios, subastas, ferias ganaderas, y programas gubernamentales.

**Cuadro 2.** Productos principales y material genético animal utilizado en los sectores ganaderos para la producción de carne de bovino en México.

Sector	Sistema	Producto	Razas
Sistema vaca-cría	Pie de cría	Material genético Toros	Puras Híbridas Sintéticas
	Multiplicador de cría	Becerros	Razas híbrida Cruce comercial
	Doble propósito	Becerros Leche	Cruces <i>Bos taurus</i> x <i>Bos indicus</i>
Engorde	Extensivo	Animal finalizado Carne	Cruce comercial
	Lote de engorde	Carne	Cruce comercial

La engorda se efectúa en sistemas intensivos a corral y extensivos en pastoreo y uso de subproductos agropecuarios. Las zonas áridas y semiáridas aportan el 33 % de la producción de carne de res, la zona templada el 31 % y los trópicos el 36 %. La engorda en las dos primeras zonas se realiza en sistemas de confinamiento, mientras que en los trópicos es básicamente bajo condiciones de pastoreo y en el último periodo con pasto y concentrados.

La exportación de animales para su engorda y finalización lo realizan principalmente los estados fronterizos (región árida y semiárida) ya que para ello requieren buen estado sanitario, calidad del ganado y características raciales que llenen los requisitos para la engorda eficiente.

## Biotechnologías reproductivas

La inseminación artificial consiste en la colocación del semen en canal reproductivo de la hembra por métodos artificiales. A principios del siglo XX en Rusia se empezó a aplicar la inseminación artificial en los animales de granja, siendo Ivanov el que empezó a trabajar con caballos, bovinos y ovinos, obteniendo mejores resultados en las dos últimas especies (Zvereva, 1970). En México, los primeros intentos de inseminación artificial datan de finales de los años 50. Sin embargo, en México se inicia la inseminación artificial a mediados de 1960 por el Instituto Nacional de Inseminación Artificial y Reproducción Animal, dependiente de la Secretaría de Agricultura y Ganadería. En el año 2000 se estimó que sólo fueron inseminadas el 4.3 % de las hembras bovinas en México (Espinosa, 2000), situación que posiblemente no ha cambiado significativamente (Peel *et al.*, 2010).

A través de tecnologías económicamente factibles, es posible aumentar y optimizar la producción de carne y leche (Arroyo *et al.*, 2009). Una de las técnicas que se ha aplicado ampliamente, es la inducción y sincronización de estros, mediante el uso de productos hormonales (Arroyo, 2011; Quintero *et al.*, 2011).

La manipulación del ciclo estral se puede lograr mediante el uso de fármacos como los progestágenos ( $P_4$ ) y las prostaglandinas (PGF<sub>2a</sub>) naturales y sintéticas. Los primeros simulan la existencia de un cuerpo lúteo, mientras que los segundos provocan la lisis del mismo. Junto con la programación y regulación del ciclo estral (Arroyo, 2011; Quintero *et al.*, 2011), se pueden utilizar métodos como la monta natural o inseminación artificial a tiempo fijo, y organizar actividades como agrupar nacimientos, programar destetes y ventas de animales en grupos uniformes (Molina *et al.*, 2005; Arroyo *et al.*, 2009; Arroyo, 2011; Quintero *et al.*, 2011).

Sin embargo, la respuesta de los animales no siempre es constante y se observa una amplia variabilidad (Mellisho *et al.*, 2007), ya que sería muy difícil regular o medir la influencia de factores ambientales (rancho, estación del año, estado nutricional, temperatura, humedad, etc.), algunos propios de las hembras (estado fisiológico, edad y número de partos) y genéticos (razas y líneas).

Se ha reportado que la actividad estral en algunas especies no ocurre de manera continua, observándose disminuciones de dicha actividad en ciertos periodos al año asociados a fotoperiodo, deficiencias nutricionales y factores ambientales como temperatura y humedad (Porras *et al.*, 2003; Arroyo, 2011), llegando a la conclusión de que la variación anual observada en la actividad estral no implica la existencia de anestro estacional. En la actualidad,

existen diversos tratamientos para la sincronización del ciclo estral (Espinosa *et al.*, 2004; Martínez-Tinajero *et al.*, 2007; Quintero *et al.*, 2011).

Biológicamente, en algunas hembras la producción de crías se limita a partos simples (bovinos, equinos, primates, etc.), por lo que la superovulación es la inducción de ovulaciones múltiples. Para ello se recurre al uso de gonadotropinas exógenas o análogos con similar efecto. Esta técnica es empleada en el procedimiento de producción y colecta de embriones y sin ella sería imposible llevar a cabo esta práctica de mejoramiento genético.

Los tratamientos superovulatorios tradicionales consisten en la aplicación de gonadotrofina coriónica equina (eCG) o administración diaria de extractos de pituitaria conteniendo hormona folículo estimulante (FSH) durante 4 o 5 días (González *et al.*, 1999). La eCG es una glicoproteína compleja que tiene una prolongada vida (más de 40 horas) que representa una ventaja práctica, ya que una sola aplicación induce superestimulación ovárica. Sin embargo, la estimulación prolongada con eCG provoca un aumento en el número de folículos anovulatorios, afectando la eficiencia de la colecta y la calidad de los embriones (González *et al.*, 1992).

La variabilidad en la respuesta superovulatoria ha sido el principal factor limitante en el éxito de la tecnología de transferencia de embriones. Recientemente, se han desarrollado protocolos que permiten el control de la emergencia de la onda folicular y la ovulación. Estos tratamientos han tenido un impacto positivo en la aplicación comercial de la transferencia de embriones (Bó *et al.*, 2006). Sin embargo, en muchos países los tratamientos hormonales no están permitidos debido a las preocupaciones sobre los efectos de sustancias estrogénicas en la cadena alimentaria.

En un principio los embriones eran colectados haciendo un lavado del útero una vez que la donante era sacrificada. Posteriormente, se usó el método quirúrgico a través de la línea media con el animal bajo anestesia general (Rowson *et al.*, 1969), lo cual resultaba impracticable en la unidad de producción; y actualmente se utiliza el método no quirúrgico a través de la vagina. Este último puede realizarse por medio de un circuito cerrado de circulación (por gravedad) o por aspiración interrumpida (Rowe *et al.*, 1976; Rowe *et al.*, 1980).

Para la colección no quirúrgica de embriones se han inventado variedades de instrumentos (Drost *et al.*, 1976; Elsdén *et al.*, 1976; Rowe *et al.*, 1976; Greve *et al.*, 1977) pero los más comúnmente usados son los catéteres Foley de dos vías.

La transferencia embrionaria es la introducción de un embrión en el útero materno de la receptora. La transferencia embrionaria (no quirúrgica) es un procedimiento muy sencillo y no doloroso que no necesita medicaciones o anestesia. Se realiza con un catéter a través del cuello del útero. Se suelen transferir los embriones de mejor calidad, uno, dos o hasta tres en función de la edad e historia clínica de la receptora. Los embriones se cargan en el extremo del catéter de transferencia y se depositan suavemente dentro de la cavidad uterina, utilizando una pistola de inseminación artificial transcervical (Rangel *et al.*, 1997). Estudios de transferencia de embriones han sido conducidos en vacas, ovejas y cabras (Rangel *et al.*, 2003; 2006).

Desde siempre, el ganadero ha estado interesado en la predeterminación del sexo de su ganado (Alison, 1975). Por lo que se ha intentado afanosamente preseleccionar con seguridad el sexo de la progenie de los animales. Sin embargo, ningún método ha sido tan exitoso como el desarrollado por el Dr. Lawrence Johnson, denominado Citometría (Kirk, 1984), método que fue patentado por el Departamento de Agricultura de los EE. UU., en el año de 1992.

Junto con el desarrollo en el sexado de embriones y espermatozoides, la producción de embriones *in vitro* se empezó a generalizar, prácticamente motivada por aspectos económicos. Debido a que la producción de embriones *in vivo* resulta más costosa que cuando se producen embriones *in vitro*, donde el material prácticamente es recolectado directamente de animales de matadero. Paralelo a estas técnicas se desarrollaron programas de conservación de gametos, lo que permitió una rápida difusión de este material debido a la facilidad de transporte aunado a su bajo precio respecto al de animales *in vivo*. Asimismo, se incorporaron técnicas de duplicación embrionaria a fin de aumentar la rentabilidad de un tratamiento de estímulo superovulatorio.

Por otro lado, han sido reportados varios métodos de implante directo con embriones bovinos congelados-descongelados (Massip *et al.*, 1987). El método de transferencia directa es más simple y permite evitar errores debido a que el embrión es manipulado y expuesto.

Lo importante es evitar el daño osmótico, para lo cual es necesario utilizar un crioprotector muy permeable como es el caso del etilenglicol, que difundirá rápidamente hacia fuera cuando se coloca el embrión en medio isotónico o en el útero de la receptora. Takahashi *et al.* (1993) lograron el desarrollo *in vitro* de embriones madurados *in vitro*, fertilizados *in vitro*, sin necesidad de co-cultivo con células. Tradicionalmente se ha trabajado con diversos medios en el desarrollo para probar la viabilidad de los embriones producidos *in vitro* con-



gelados-descongelados (Rosenkrans *et al.*, 1993). Las técnicas antes desarrolladas sirvieron como herramientas para la clonación, que es una biotecnología que permite la producción asexual de un individuo idéntico al material nuclear con que se generó.

### Biotecnología genómica

Definir la composición de una molécula del ácido desoxirribonucleico (ADN), difícilmente implica imaginar cuán fundamental resulta actualmente su descubrimiento. Si bien su origen químico es demasiado modesto, con la base de su composición constituida en nucleótidos, compuestos a su vez por un azúcar de cinco carbonos (desoxirribosa), una base nitrogenada (adenina, guanina, citosina o timina) y un grupo fosfato, esta molécula codifica todas las instrucciones genéticas usadas en el desarrollo y funcionamiento de todos los organismos vivos conocidos.

El término genómica definido 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), se ayuda del conocimiento derivado de otras ciencias como la biología molecular, bioquímica, informática, estadística, entre otras.

En específico la aplicación de la genómica en la ganadería ha dependido particularmente del desarrollo de los marcadores genéticos. Estos marcadores genéticos, como su nombre lo indica, son sitios específicos a lo largo del genoma que denotan variación. Dentro de la disponibilidad de los marcadores genéticos, actualmente se destacan dos tipos. Los microsatélites y los polimorfismos de un nucleótido simple (SNP, por sus siglas en inglés).

En general, el uso práctico de estos marcadores está asociado a sus características primordiales como su disponibilidad en el genoma, polimorfismo, facilidad de manejo (automatización) y, no menos importante, su costo. De esta manera, conforme 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 (Parra-Bracamonte *et al.*, 2011), lo que se logra a través de la implementación en el uso de los marcadores genéticos.

En los últimos años la ganadería bovina ha recibido un constante flujo de información sobre el uso de marcadores genéticos a través de las ya renombradas "pruebas de ADN" que de manera general incluyen diferentes utilidades para el manejo productivo animal, pero que en cierta medida son desconocidas o difíciles de entender para la mayoría del gremio

ganadero, lo que no es absurdo, sobre todo considerando que el uso de herramientas precedentes, como las biotecnologías reproductivas (p. e., inseminación artificial) y las evaluaciones genéticas tradicionales (diferencias esperadas en la progenie), es también limitado, a pesar de que su disponibilidad y uso en otras regiones o países del mundo es cotidiano.

### ***Pruebas de ADN***

Una prueba de ADN puede ser definida como la técnica para identificar variaciones en el ADN útiles para diferentes propósitos, entre los cuales están la identidad genética y las pruebas de parentesco, la identificación puntual de enfermedades de origen genético, y la identificación de variantes que tienen efecto sobre caracteres de interés económico y productivo para asistir el manejo y selección. La carrera por desarrollar y descubrir estas variaciones en el genoma bovino ha sido muy intensa en las últimas décadas y actualmente existe una gran disponibilidad de pruebas que pueden ayudar en diferente medida a la productividad de los sistemas de producción ganadera.

### ***Pruebas de ADN para asignación y verificación de la identidad genética***

Como se ha mencionado antes, la posibilidad de identificar las variantes específicas en la secuencia del genoma de los individuos presupone una gran ventaja para la realización de estudios de identificación biológica, trazabilidad, y asignación y verificación de paternidad y/o maternidad.

Originalmente los estudios de variabilidad consideraban, primordialmente, el uso de marcadores microsatélites, que exhibían una gran versatilidad para estos propósitos. Generalmente eran utilizados 31 marcadores microsatélites propuestos para realizar estudios de diversidad, escogidos básicamente por ser altamente polimórficos, codominantes y de fácil implementación (ISAG, FAO, 2007). Actualmente, la prueba de paternidad se realiza utilizando marcadores del tipo SNP (polimorfismos de nucleótido simple). Estos marcadores superan algunas limitaciones técnicas que los microsatélites exhiben, tales como la reproducibilidad del análisis, dentro y entre laboratorios.

En general el procedimiento de asignación de identidad, verificación o asignación de progenitores está basado en la tipificación de un panel de marcadores (entre poco más de 90 y 200 SNPs), en la cual se determina cuál genotipo corresponde a cada individuo incluido en el estudio (considerando que dentro de un genotipo existen dos alelos, cada uno proveniente de cada progenitor), el conocimiento a priori de la relación filial candidata dirige la búsqueda al comparar mediante probabilidades de exclusión (probabilidad de asignar erróneamente

un individuo como padre, madre o a su propia identidad en comparación con la probabilidad de un individuo escogido al azar de la población), la mayor probabilidad de asignación.

En México, aunque no se conoce con exactitud cuál es la proporción de errores de asignación en la paternidad para las diferentes razas bovinas existentes, algunos estudios sugieren que esta proporción puede ser muy importante. Por ejemplo, Sifuentes-Rincón *et al.* (2006) analizaron la importancia de la asignación de paternidad en un hato de ganado Charolais de pie de cría manejado bajo empadre múltiple, y encontraron un 24 % de asignaciones erróneas de paternidad. Similarmente, Arellano-Vera *et al.* (2009) evaluaron en un hato de ganado de registro de la raza Braford las relaciones de parentesco, y encontraron hasta un 90 % de error en la asignación de progenitores, padres y madres. Ellos concluyen que en hatos cuya certeza en el pedigrí es crítica para el mejoramiento genético de la raza y en donde el sistema de manejo extensivo y empadre múltiple limitan el registro adecuado de la progenie al momento del parto, el uso de la asignación de paternidad para verificar la estructura genealógica (paternidad y maternidad) puede ser considerado fundamental.

Posiblemente una de las limitaciones para el uso de estas herramientas sea el escepticismo sobre el costo beneficio de la prueba. Este aspecto puede ser enfocado en diferentes vertientes. Desde el punto de vista del estrato de pie de cría, que directamente comercializa animales registrados, la correcta asignación de un individuo podría ser una gran herramienta de decisión, sobre todo en los compradores quienes dentro de sus criterios de búsqueda disponen la compra con base en el pedigrí o progenitores del semental candidato. Por otro lado, el retorno a nivel comercial es más complicado de estimar, sobre todo considerando que la expresión de las características seleccionadas puede llevar varios meses para la generación de los resultados en pruebas de progenie, en cuyo caso el beneficio puede estar directamente asociado al costo de la determinación de la paternidad (Weaber, 2005).

### ***Pruebas de ADN para detectar enfermedades genéticas***

Durante cientos de años, las razas bovinas que conocemos actualmente se han conformado de acuerdo a caracteres apreciados por los mejoradores y, sobre todo, de acuerdo a la especialización a fines zootécnicos particulares. De esta manera se pueden distinguir claramente aquellas razas que están especializadas en producción de leche y aquellas que están más dirigidas a producir carne en cantidad y calidad. Durante el proceso de generación de las razas, necesariamente fue requerido el cruzamiento hasta cierto punto consanguíneo para fijar ciertas características valoradas en la raza, sin embargo, posteriormente el tama-

ño efectivo de la población disminuyó debido a la diseminación de las razas dentro y entre continentes constituyéndose en cuellos de botella importantes.

De esta forma, a la vez que ciertos caracteres deseados fueron fijándose en la raza, también ciertas mutaciones deletéreas, que a medida que se consolidaba un patrón racial dentro de la población fueron manteniéndose a través de animales portadores. Sin embargo, con el interés de aumentar la productividad para generar riqueza por medio de los productos de origen bovino, la implementación de estrategias cuantitativas reavivó la importancia de aparición del efecto de estas mutaciones deletéreas latentes en el genoma bovino de algunas razas.

Así, aunque la selección genética aumenta la productividad, también puede causar reducciones drásticas en el tamaño efectivo de la población (Charlier *et al.*, 2008). Por ejemplo, aunque mundialmente la población de la raza Holstein es de varios millones, el tamaño efectivo de la población es tan solo de uno cientos de animales, lo que implica un incremento desde una base de consanguinidad de 2.7 %, en los 70, a un incremento predicho del 9.7 % al 2020 (Young y Sekora, 1996). Si consideramos que la consanguinidad es la probabilidad de poseer alelos que provienen de un ancestro en común, entonces la combinación de alelos deletéreos escondidos en el genoma (dependiendo de su prevalencia) tienen mayor probabilidad de expresarse en la progenie en general con consecuencias mortales. Adicionalmente, con el advenimiento de la inseminación artificial, un semental puede tener miles de crías; si este semental es portador de un alelo recesivo deletéreo, el 50 % de su progenie lo recibirá por segregación. Aun en esta circunstancia el defecto puede pasar desapercibido en la población hasta que debido al manejo, y con mucha probabilidad, el portador sea apareado con otro individuo portador con lo que, con una probabilidad del 25 %, su progenie expresaría la enfermedad (Funk, 2011).

Las enfermedades o defectos genéticos son originados por mutaciones genéticas. Es posible la existencia de diferentes tipos de mutaciones. Por ejemplo, la mutación genética puede originarse como un cambio simple en el ADN, resultando en la codificación de un aminoácido diferente. Una forma alternativa puede originarse por una deleción en el ADN, resultando en la falta de codificación para una proteína particular. En general, las mutaciones que alteran la codificación de ciertos aminoácidos dan origen a defectos o enfermedades genéticas (Funk, 2011).

Existe un gran número de defectos genéticos más frecuentes identificados en razas de ganado bovino. Algunas de las más conocidas son:

La deficiencia bovina de adhesión de los leucocitos (BLAD, por sus siglas en inglés) es un defecto resultado de la falta de codificación para unas proteínas de superficie en las células blancas de la sangre y que son necesarias para el movimiento de los leucocitos fuera del torrente sanguíneo y atacar las infecciones, por lo tanto, los animales afectados mueren a los pocos días de nacidos de cualquier infección debido a que las células blancas no alcanzan el sitio de las mismas.

La deficiencia de Uridin Monofosfato Sintetasa (DUMPS, por sus siglas en inglés) es el defecto enzimático de una proteína necesaria para el desarrollo normal. Los fetos defectuosos no producen la enzima sintetasa y mueren entre los 40 y 60 días. El feto puede ser abortado o reabsorbido y no existen síntomas obvios del defecto, sin embargo las vacas que son diagnosticadas en gestación antes de los 45 días son detectadas vacías posteriormente.

La doble musculatura. Esta condición que puede ser considerada como un síndrome; es promovido por diferentes cambios en el gen 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, por favorecer los partos distócicos (Bellinge *et al.*, 2005; Lightner, 2005; Rodgers y Garikipati, 2008) y, por lo tanto, el riesgo para la supervivencia en condiciones de poca atención perinatal.

La habilidad para determinar si los progenitores son portadores del defecto genético se ha vuelto más fácil con los resultados de los recientes avances en la genómica. Para muchas razas bovinas se han descrito pruebas de ADN para identificar a los portadores de un gran número de defectos genéticos (Citek *et al.*, 2006; Charlier *et al.*, 2008; Uffo y Acosta, 2009). Un ejemplo de ello es la Artrogriposis Múltiple (AM) en el ganado Angus, también conocida como síndrome de becerro contraído. Este síndrome es una rara enfermedad congénita que causa múltiples contracturas y se caracteriza por debilidad muscular y la fibrosis. En la última década, esta enfermedad fue el foco de atención en la raza Angus. En 2008, la Asociación Angus Americana hizo un llamado de alerta ya que se detectó que sementales elite eran portadores del gen asociado a este síndrome.

Con ayuda de la comunidad científica, los productores tuvieron disponible una prueba diagnóstica para el síndrome y en un periodo de apenas tres meses se había dado a conocer el resultado de las pruebas que arrojaban un total de 736 toros portadores.

A nivel molecular, se estableció que la AM se asocia con la delección completa de un segmento de ADN que abarca dos genes, uno de los cuales se expresa específicamente en una etapa del desarrollo del tejido muscular y nervioso. La mutación inhibe la producción de la proteína y en estado homocigoto se presenta el fenotipo de AM.

### **Mejoramiento genético asistido por marcadores**

No obstante los logros y avances en la eficiencia en la producción de diferentes especies animales usando métodos de selección tradicionales de genética cuantitativa, la velocidad y la confiabilidad de la selección pueden ser sustantivamente mejoradas al lograr un mejor entendimiento de la arquitectura genética de las características cuantitativas complejas (Ibeagha-Aweme *et al.*, 2008).

La Selección Asistida por Marcadores (SAM) es el proceso de usar los resultados de pruebas de ADN para asistir la selección de individuos que se convertirán en progenitores de las siguientes generaciones en un programa de mejoramiento genético. Puede ser aplicada en pruebas para detectar variantes génicas asociadas a caracteres simples como cuernos, color o defectos genéticos simples (Van Eenennaam, 2010).

La SAM también ha sido propuesta como una gran promesa para la selección de características complejas, tanto de las que ya existen evaluaciones genéticas disponibles como de las que aún no poseen un esquema de selección con base en su mérito genético. En orden del beneficio que teóricamente se puede lograr por la SAM, las características con más potencial de mejora son la calidad de la canal y atributos de palatabilidad, fertilidad y eficiencia reproductiva; producción y rendimiento de carne en canal; producción de leche y habilidad materna, y características de crecimiento y peso al nacimiento. Esta clasificación se debe a la combinación de ciertas consideraciones, como la dificultad de obtener registros, magnitud de la heredabilidad en la característica, cantidad de información disponible en el desempeño de la característica y tiempo al que empieza a estar disponible la información de la misma (Van Eenennaam, 2010). La aplicabilidad del mejoramiento genético asistido, a pesar de su potencial teórico, requiere de la identificación de polimorfismos, variantes génicas o loci de características cuantitativas (QTLs) que hayan probado su asociación significativa con las características económicas de interés (Zhu y Zhao, 2007).

A nivel de caracterización de las diferencias en la secuencia entre y dentro de los genomas de las razas bovinas, se pueden encontrar principalmente variaciones en forma de SNPs, inserciones y delecciones, y en algunos genes en el número de copias en el gen (variantes

en el número de copias o CNVs, por sus siglas en inglés). Los SNPs han demostrado ser herramientas extremadamente útiles, y con las nuevas tecnologías de tipificación, como los arreglos de SNPs de alta densidad, permiten la tipificación de decenas de miles de SNPs en un mismo arreglo a un costo de fracción de un centavo por SNP (Hayes *et al.*, 2012). Con la disponibilidad de estos arreglos, la proliferación de estudios asociación de genoma completo (GWAS por sus siglas en inglés) ha corroborado algunos QTLs previamente reportados y facilitado el descubrimiento de nuevos QTLs para características de importancia económica en ganado bovino. Por ejemplo, el mapeo de QTLs en estos estudios aprovechando el fenómeno de desequilibrio de ligamiento ha conducido a la identificación de mutaciones que afectan la producción de leche. Una mutación en el gen de síntesis de ácidos grasos (DGTA) explica más del 30 % de la varianza genética en el porcentaje de grasa en leche de algunas vacas lecheras (Hayes *et al.*, 2012), o de manera particular los polimorfismos del gen de la Calpaína que explican hasta el 20% de la variación genética en la fuerza de corte de la carne, que alude a la resistencia a la masticación (Van Eenennaam *et al.*, 2007; Allan y Smith, 2008).

### ***Asociación de genoma completo y selección genómica***

Durante la última década, el estudio genético y predictivo de características económicamente importantes ha sido uno de los principales objetivos de investigación en genética animal debido al gran interés, por parte de los productores así como de la industria ganadera, en acelerar la selección y el mejoramiento genético en especies de importancia doméstica. Específicamente en ganado bovino para carne, los esfuerzos de investigación han sido enfocados hacia el estudio de características que son de especial interés para este sector, tales como las productivas (pesos corporales, ganancias diarias de peso, eficiencia alimenticia), reproductivas (tasa de preñez) y de calidad (de la carne y la canal).

En la actualidad, el estudio genético de estas características se ha visto impulsado en gran manera gracias al avance de las tecnologías basadas en la genotipificación masiva. Estas tecnologías han permitido a los investigadores evaluar miles de marcadores moleculares y de esta manera escanear el genoma (ADN) de especies de importancia doméstica, como el bovino, y realizar estudios denominados de "asociación" (o GWAS) y "predicción genómica" (o selección genómica). Brevemente, estos estudios consisten en la caracterización genética y fenotípica de poblaciones ganaderas y en el análisis estadístico de información genómica, registros fenotípicos y genealógicos, ya sea para "identificar regiones y genes" (o QTLs) en el ADN que influyen características de interés o bien para estimar el efecto de cada región genética con respecto a una característica determinada y utilizar dichos efectos para ayudar a predecir el "valor genómico" de los animales.

Hasta ahora, diversos estudios genómicos han evaluado la asociación de marcadores moleculares hacia características de interés, principalmente en las razas Angus, Hereford, Brangus, Brahman, Nelore, Hanwoo, entre otras, y la mayoría se han llevado a cabo utilizando poblaciones de Estados Unidos, Brasil, Canadá, Australia y otros países desarrollados (Snelling *et al.*, 2011; Peters *et al.*, 2012; Lu *et al.*, 2013; Utsunomiya *et al.*, 2014). Existen muchos casos exitosos en donde se han identificado regiones genéticas (QTLs) con un efecto importante sobre diversas características. Por ejemplo, se han identificado QTLs relacionados con la variación de características como el peso al nacimiento, el peso de la canal, la estatura y la facilidad al parto en diversas poblaciones y razas de ganado bovino para carne. Incluso, estudios de GWAS realizados en otras especies han reportado la asociación de dichos QTLs hacia características similares. Los GWAS también han sido de gran utilidad para identificar las mutaciones causales de enfermedades genéticas. Por ejemplo, en ganado Fleckvieh se logró identificar la mutación causal del síndrome tipo deficiencia de zinc, el cual provoca una deficiencia en el sistema inmune, retraso en el crecimiento y alteraciones en la piel de los animales, por lo que después de este hallazgo, los productores ahora tienen una herramienta que les ayuda a tomar decisiones con respecto al manejo y la reproducción del ganado.

Es importante mencionar que los estudios de GWAS apenas son el comienzo de un estudio de mapeo genético y, por lo tanto, se requieren estudios adicionales para llegar a la identificación de genes de características. Después de realizar un GWAS es necesario replicar en otra población los resultados más importantes (estudio de validación) y después estudiar la región genética de interés (es decir el QTL) para lograr la identificación y evaluación de nuevas variaciones genéticas y así identificar la variante que causa o influye un fenotipo determinado (estudio de mapeo fino). Por supuesto, tanto los GWAS y los estudios posteriores requieren del análisis de poblaciones lo suficientemente grandes para tener el poder estadístico para confirmar un resultado. Esto ha sido difícil debido a que se necesita de una gran inversión económica para solventar los costos de genotipificación y trabajo adicional para obtener nuevos registros fenotípicos, especialmente en características que son difíciles de medir como es el caso de la composición de la carne. Por lo tanto, hasta ahora sólo existen muy pocos ejemplos de estudios de validación de resultados de GWAS.

Por otra parte, la predicción o selección genómica aún es una de las aplicaciones genómicas que comienza a ser explorada en poblaciones de ganado bovino para carne. Esta nueva estrategia de evaluación genética consiste en estimar el valor genómico de los animales utilizando únicamente su información genómica. Su implementación requiere primeramente del desarrollo de una base de datos que contiene información de registros fenotípicos para



las características de interés e información genómica de los sementales más representados en la población. A esta etapa se le llama desarrollo de la “población de referencia” y es en ella donde se lleva a cabo un estudio de GWAS para conocer el efecto de los marcadores moleculares sobre las características de interés. De esta manera, es capturada toda la variación en la cual contribuyen los genotipos del panel de marcadores utilizado, aun si los efectos son muy pequeños. Una vez conocido el efecto de cada marcador, se desarrolla un modelo predictivo en el cual únicamente se introduce la información genómica del animal que se desea conocer su valor genómico (candidato a selección) y se realiza una suma ponderada de acuerdo a la variante genética que carga el animal en cada uno de los marcadores y de esta manera se obtiene una estimación de su valor genómico.

Al integrar la información de los marcadores en conjunto con el pedigrí y el fenotipo puede ayudar a incrementar la precisión de los Valores Genéticos Estimados (GBVs). Básicamente, los beneficios de la selección genómica son asistir la selección de animales a edades más tempranas, disminuir el intervalo generacional e incrementar la ganancia genética de la población seleccionada mucho antes que los procedimientos tradicionales.

Se han reportado varios estudios de predicción genómica para una amplia variedad de características y razas bovinas (Saatchi *et al.*, 2012, 2013; Gunia *et al.*, 2014; Neves *et al.*, 2014). Sin embargo, la exactitud de las predicciones genómicas sigue siendo baja o en la misma magnitud que al no utilizar información genómica. El principal problema se debe a que las poblaciones de referencia aún no contienen una cantidad considerable de datos para estimar correctamente el efecto de los marcadores genéticos, lo cual conlleva a producir estimaciones sesgadas de los valores genómicos. Otro problema es que los candidatos de selección de los cuales se desea conocer su valor genómico deben de estar estrechamente relacionados con la población de referencia, ya que se ha encontrado que los modelos predictivos desarrollados en una población pueden no funcionar correctamente cuando los candidatos de selección pertenecen a una población distante, por ejemplo proveniente de otro país, incluso cuando pertenecen a la misma raza bovina. Por este motivo, los expertos han sugerido que las poblaciones de referencia deben de ser desarrolladas en cada país. Otro hecho importante es que los modelos predictivos deben de ser reevaluados constantemente a medida que incrementa el número de individuos en la población de referencia.

A pesar de las dificultades técnicas, los estudios de GWAS y predicción genómica pueden ser capaces de detectar los QTLs y sus efectos sobre características de interés siempre y cuando el estudio genómico esté diseñado adecuadamente, es decir, tomando en cuenta el

tamaño y la diversidad de la población de estudio, la cantidad y calidad de los registros fenotípicos y genealógicos, la densidad de marcadores genéticos, entre otros aspectos. Por lo tanto, estas dos estrategias genómicas ofrecen nuevas oportunidades para acelerar el estudio de características de interés e implementar nuevos esquemas de selección animal y su implementación implicará un arduo trabajo y una estrecha colaboración entre los productores e investigadores.

Es claro que, a pesar de la facilidad técnica para obtener información genómica de los animales, aún es necesario registrar las características que se desean estudiar o mejorar, ya que sin registros fenotípicos es imposible estimar el efecto de los marcadores sobre las características de interés. Por otro lado, la confiabilidad de los registros genealógicos es igual de importante ya que esta información podría ayudar a optimizar la elección de los animales a incluir en la población de referencia. Actualmente, todavía existen dudas acerca de la implementación de este tipo de estudios debido a que requieren del diseño y estudio de grandes poblaciones de ganado, lo cual a su vez representa una gran inversión económica. Esto sigue siendo de gran polémica, principalmente para los productores, debido a que aún no está claro quién va a solventar dicha inversión, cuál será la ganancia y en cuánto tiempo se verán reflejadas las ventajas del uso de herramientas genómicas y, finalmente, quién será el beneficiario del mejoramiento genético. Lo que podría ayudar a aclarar algunas de las dudas sería realizar un análisis previo de costo-beneficio donde se evalúe el impacto del uso de herramientas genómicas en la ganadería.

Integrar la información de los marcadores en conjunto con el pedigrí y el fenotipo puede ayudar a incrementar la precisión de los Valores Genéticos Estimados mediante la conocida Selección Genómica y predicción de los Valores de Cría Genómicos (GBVs). El procedimiento involucra la estimación de ecuaciones de predicción desde una población de referencia, la cual posee fenotipos y genotipos. De esta manera, es capturada toda la variación en la cual contribuyen los genotipos en el arreglo de SNPs utilizado aun si los efectos son muy pequeños. Posteriormente, las ecuaciones de predicción ayudan a estimar los GBVs en una población que solamente posee genotipos, generalmente animales jóvenes. La principal ventaja de este procedimiento es el avance en la ganancia genética de la población seleccionada mucho antes que los procedimientos tradicionales.

### Realidades y perspectivas

La fertilidad del ganado determina en gran medida la productividad del hato; el porcentaje de parición y de destetes en los sistemas productores de carne (vaca-cría y doble propósito)

varía entre el 50 y 80 %, y 47 a 71 %, respectivamente, siendo mayor en las regiones áridas y semiáridas y menor en la tropical (Peel *et al.*, 2010; Magaña y Segura, 2012). En el manejo del ganado, el 58 % es sin control del pastoreo, el 20 % controlado, 14 % confinado y 8 % semiintensivo; adicionalmente, el 95 % del apareamiento es natural y el restante usa inseminación artificial (Peel *et al.*, 2010).

Otro problema se asocia a los cambios en los patrones de consumo de carnes de la población, la carne de bovino compite con la de otros productos más baratos como el pollo, cerdo y pavo, principalmente. Sin embargo, estos productos son altamente demandantes con los granos y compiten con el hombre, cosa que con el ganado bovino es menor.

Con relación a la carne de bovino, durante la última década se ha registrado preferencia por la carne producida bajo condiciones de engorda con cereales, buscando carne de mejor calidad. Esta demanda conlleva a incrementar los costos de producción y la competencia del sector ganadero, así como las formas de comercialización para hacer frente a la globalización de mercados.

Algunos estudios muestran que la carne producida en el norte de México (zonas áridas) posee características de calidad similares a las importadas de USDA- Choice y son mejores a las producidas en otras partes del país (Delgado *et al.*, 2005). Sin embargo, otros estudios realizados en mataderos distribuidos en el norte, centro y sur del país, muestran que menos del 20 % de las canales son clasificadas como muy buenas (Méndez *et al.*, 2009; Zorrilla-Ríos *et al.*, 2013). A pesar de que esas canales cumplían con los requisitos de peso, grado de madurez y color de la grasa, una muy alta proporción de esas canales mostraban influencia de genes Cebú y pobre conformación cárnica.

Existen grandes oportunidades que son posibles de aprovechar utilizando las enseñanzas de la región árida y semiárida de México como son: adopción de tecnologías básicas y su manejo (suplementación, mejor estado sanitario) y uso de razas de talla moderada para los sistemas de vaca-cría y razas terminales para la producción de becerros para la engorda y exportación. Para las zonas tropicales, el uso del ganado Cebú es indispensable, pero se requiere integrar acciones de manejo integral para mejorar la reproducción, y el uso de cruzamientos sistemáticos bien planificados para mejorar la fertilidad, crecimiento y conformación de los becerros para engordar en sistemas más intensivos que pueden ser en el norte del país o para su exportación.

Para mejorar la competitividad, se deben mejorar los canales de comercialización de la infraestructura ganadera (Peel *et al.*, 2010; Zorrilla-Ríos *et al.*, 2013), así como aprovechar la investigación generada y reorientar los programas y planes de mejoramiento genético aplicado a los bovinos, sobre todo en las regiones de mayor producción (Magaña y Segura, 2012; Parra-Bracamonte *et al.*, 2014; Ramírez-Valverde *et al.*, 2014). Posiblemente el mayor reto para la efectiva y correcta aplicación de las estrategias biotecnológicas en los sistemas de producción bovina de México sean la extensión e instrucción, de manera sencilla, a los usuarios de estas biotecnologías, sobre la importancia y las ventajas comparativas que representa su adopción en relación al costo-beneficio. En este sentido, comprobar cuál sería el beneficio neto en diferentes etapas de la cadena productiva puede ser palpable a diferentes plazos, pero está condicionada por la naturaleza de los sistemas productivos en su organización actual.

Previamente se han descrito generalidades de los sistemas productivos para carne en México y algunas de sus problemáticas. En este sentido, Peel *et al.* (2010) describen la industria de la producción de carne (vaca-cría) de México, inmerso en un amplio esquema de actividades de producción que dependen de motivaciones económicas, políticas y de ambiente legal, y de adaptaciones culturales, lo que en síntesis describe su complejidad para adaptarse a los nuevos desarrollos tecnológicos y, sobre todo, a su adopción y utilización.

Al revisar las particularidades en la adopción de biotecnologías basadas en el ADN, la situación sigue en estado potencial sin la posibilidad de predicción del momento oportuno de implementación. En la experiencia, el Laboratorio de Biotecnología Animal del Centro de Biotecnología Genómica del Instituto Politécnico Nacional, en el caso de las pruebas de ADN, aisladamente recibe casos de resolución de parentesco relacionados a casos legales o muy particulares. Si bien la necesidad de verificación de los registros genealógicos ha quedado expuesta y ha sido suficientemente documentada, no ha sido hasta los últimos años que se ha considerado implementar la asignación de la paternidad en hatos de registro para otorgar un incentivo económico de acuerdo a los términos de referencia emitidos por la Coordinación General de Ganadería (SAGARPA, 2014). Esta medida ha quedado como una promesa que todavía no termina por ser una realidad y de la cual aún no se conceptualiza su magnitud, puesto que en primera instancia se ha propuesto la tipificación de todo el hato ganadero.

Una medida más realista sería establecer un esquema de verificación obligatoria para programas de mejoramiento gubernamentales o para la comercialización, al menos, en el estrato de pie de cría, que facilite la selección informada de la progenie. De la misma manera, los fondos de apoyo pueden contemplar esta alternativa para aquellos ganaderos que,

bajo diferentes esquemas, quieran mantener un perfecto registro genealógico que les permita retroalimentarse con una mejor confiabilidad en los valores genéticos de sus animales y ofrecer a sus compradores transparencia y confianza, haciendo uso de cierta proporción de apoyo subsidiario.

En cuanto a las pruebas de ADN para identificar portadores de defectos genéticos, la utilidad debería estar enfocada hacia ciertas razas que por su origen poseen la predisposición, por lo cual el reconocimiento de cuál o cuáles son los animales portadores reduciría de manera inmediata el riesgo de pérdidas o incidencia de portadores de estas enfermedades, lo que presupone un beneficio inmediato, sobre todo si se trata de ganado de registro.

En México, ha sido poco el interés y, sobre todo, el avance en la determinación de prevalencias de algunos defectos genéticos en ciertas razas bovinas (Sifuentes *et al.*, 2015). Adicionalmente, la gran diversidad de razas (*p. e.*, ~40) y la falta de registro de eventos asociados a la mortalidad, en eventos "raros" como los relacionados a estos defectos genéticos, hacen muy complicada la búsqueda y sobre todo la documentación de su prevalencia.

De la misma manera, el costo-beneficio de la implementación de pruebas de ADN para asistir la selección de características de interés económico está, necesaria y directamente, relacionado a los objetivos de selección. Es decir, la inversión sería justificada si la magnitud del cambio provisto por la prueba genera utilidad económica a través de los resultados esperados (*p. e.*, a través de un cambio genético cuantificable en la característica).

Actualmente, el descubrimiento y desarrollo de nuevos marcadores para características de interés, o que resuelvan algún problema vigente en las diversas razas del país está condicionado con la disponibilidad o generación de registros. Los registros más frecuentes en la ganadería bovina cárnica son los de peso vivo a diferentes temporalidades. Por lo tanto, es lógico imaginar que la búsqueda primaria contemple el descubrimiento de variaciones genéticas asociadas a estos caracteres. Aunque teóricamente, estas características poseen la suficiente variabilidad genética para ser mejoradas de manera tradicional, caracteres relacionados como la habilidad materna, facilidad de parto o el entendimiento profundo de la arquitectura genética para explicar interacciones génicas entre estas características poseen considerable utilidad. Aunque sin duda, también requieren validación.

En caracteres difíciles de medir, la disponibilidad para descubrir nuevas variantes o validar las ya desarrolladas requiere de infraestructura, recursos, muestras significativas y, sobre

todo, de la generación de fenotipos, por lo cual, en ganadería élite resulta aún imposible considerarse. Tan solo para características de calidad de la carne, específicamente suavidad, los esfuerzos sólo han sido efectivos a nivel de ganadería comercial, donde es posible obtener fenotipos que pueden validar la utilidad práctica de marcadores genéticos (Bonilla *et al.*, 2010; Alfaro, 2014). Las limitaciones a este nivel son claras. Los hallazgos difícilmente pueden trasladarse a los niveles superiores de mejora genética; aunque en algunos casos ciertos marcadores justifican su utilidad dado sus efectos perfectamente validados. Sin embargo, si consideramos que actualmente, para la definición de la calidad de la carne, no es incluido el criterio de suavidad para su clasificación o manejo, al menos en corto plazo o para la mayoría de los nichos de comercialización, el beneficio no justificaría en cierta medida el costo de inversión al implementar una prueba de esta naturaleza.

La cada vez mayor disponibilidad de arreglos de marcadores SNPs, asociada a la disminución en sus costos, e incluso la disponibilidad de la secuenciación de genomas bovinos, supondría el gran potencial para el diseño de estudios de Asociación o Selección Genómica (SG). Sin embargo, las limitaciones están asociadas nuevamente a la limitación de fenotipos en características económicamente importantes y, adicionalmente (para el caso de SG), por el tamaño reducido de poblaciones de referencia que potencialmente puedan incrementar la precisión de los valores genéticos estimados.

## Conclusión

Actualmente existe la disponibilidad de biotecnologías reproductivas y pruebas de ADN que pueden coadyuvar al manejo y mejora productiva en sistemas de producción bovina como las dirigidas a producción de carne. Sin embargo, se deben considerar algunas limitantes que han restringido su desarrollo y aplicación.

## Referencias

- Alfaro, Z. S. 2014. *Establecimiento de un Panel de marcadores moleculares predictores de la calidad organoléptica de la carne de res mexicana*. Tesis de Maestría en Ciencias de la Producción y de la Salud Animal. FMVZ, Universidad Nacional Autónoma de México. México, D. F.
- Allan, M. y T. Smith. 2008. "Present and Future Applications of DNA Technologies to Improve Beef Production". *Meat Sci.* 80:79.
- Arellano-Vera W. *et al.* 2009. "Importancia de la verificación-asignación de progenitores en sistemas extensivos de pie de cría". *Rev. Científica (LUZ)* XX:53.
- Arroyo J., H. Magaña-Sevilla y M. A. Camacho-Escoba. 2009. "Regulación neuroendocrina del anestro posparto en la oveja". *Trop. Subtrop. Agroecosyst.* 10:301.
- Arroyo, J. 2011. "Estacionalidad reproductiva de la oveja en México". *Trop. Subtrop. Agroecosyst.* 14:829.
- Bellinge, R. *et al.* 2005. "Myostatin and its Implications on Animal Breeding: A Review". *Anim. Genet.* 36:1.

- Bó, G. A. *et al.* 2006. "The Timing of Ovulation and Insemination Schedules in Superstimulated Cattle". *Theriogenology* 65:89.
- Bonilla, C. A. *et al.* 2010. "Association of CAPN1 316, CAPN1 4751 and TG5 Markers with Mexican Bovine Meat Quality Traits". *Gen. Mol. Res.* 9:2395.
- Cañon, J. 2009. "Utilización de información molecular en programas de mejoramiento animal". *Corpoica Cienc. Tecnol. Agropecu.* 7:5.
- Charlier, C. *et al.* 2008. "Highly Effective SNP-Based Association Mapping and Management of Recessive Defects in Livestock". *Nature Genet.* 40:449.
- Citek, J. *et al.* 2006. "Monitoring of the Genetic Health of Cattle in the Czech Republic". *Veterinarni Medicina* 51 (6): 333-339.
- Consejo Nacional de los Recursos Genético Pecuarios. 2000. *Programa Nacional*. México, D. F. 43 p.
- Delgado, E. *et al.* 2005. "Composition and Quality of Mexican and Imported Retail Beef in Mexico". *Meat Sci.* 69:465.
- Drost, M., A. Brand y M. H. Aarts. 1976. "A Devise for Nonsurgical Recovery of Bovine Embryos". *Theriogenology* 6:503.
- Elsden, R. P., J. F. Hasler y G. E. Seidel. 1976. Nonsurgical Recovery of BOVINE Embryos". *Theriogenology* 6:523-532.
- Espinosa, G. R. 2000. "Situación actual de la inseminación artificial y transferencia de embriones en México y sus potencialidades". *Ciclo de conferencias sobre evaluación, comercialización y mejoramiento genético*. 31 de marzo al 4 de abril. Tuxtla Gutiérrez, Chiapas, México.
- Espinosa, M. *et al.* 2004. Effect of Fluoropgestone Acetate on Embryo Recovery and Quality in Ecg Superovulated Goats with Premature Luteal Regression". *Theriogenology* 62:624.
- Funk, D. A. 2011. "Genetic Defects in Cattle". En: J. W. Fuquay (ed.). *Encyclopedia of Dairy Sciences*. Elsevier, Netherlands.
- González, R. A. *et al.* 1999. "Dose Response Effects of PMSG on Ovulation Rate and Follicular Development in Pelibuey Ewes Treated with Syncro-Mate-B Implants". *Small Rumin. Res.* 31:149.
- González, R. A., B. D. Murphy y W. C. Foot. 1992. "Circannual Estrous Variations and Ovulation Rate in Pelibuey Ewes". *Small Rumin. Res.* 8:225.
- Greve, T., H. Lehn-Jensen y N. O. Fasbacho. 1977. "Nonsurgical Recovery of Bovine Embryos". *Theriogenology* 7:239.
- Gunia, M. *et al.* 2014. "Genomic Prediction in French Charolais Beef Cattle Using High-Density Single Nucleotide Polymorphism Markers". *J. Anim. Sci.* 92: 3258.
- Hayes, B. J., H. A. Lewin y M. E. Goddard. 2012. "The Future of Livestock Breeding: Genomic Selection for Efficiency, Reduced Emissions Intensity, and Adaptation". *Trends Genet* 29: 206.
- Hocquette, J. F. *et al.* 2005. "Genetic Effects on Beef Meat Quality". En: *Proceedings of Eight Annual Langford Food Industry Conference: The Science of Beef Quality*. 18-19 mayo, University of Bristol, British Society of Animal Science. International Society of Animal Genetics/Food and Agriculture Organization of the United Nations. 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>]
- Kirk, R.W. 1984. *Terapéutica veterinaria. Práctica clínica en pequeñas especies*. 12 ed. McGraw- Hill Interamericana. México, D. F.
- Lightner, J. K. 2005. "Mutations, Selection and the Quest for Meatier Livestock". *TJ.* 19:18.
- Lu, D. *et al.* 2013. "Genome-Wide Association Analyses for Growth and Feed Efficiency Traits in Beef Cattle". *J. Anim. Sci.* 91:3612.

- Magaña-Monforte, J. G. y J. C. Segura-Correa. 2012. "Genetic Parameters and Crossbreeding Among Zebu and European Beef Breeds in the Tropics of Mexico". En: S. G. Pandalai (ed.). *Recent Research Development in Genetics*. Kerala, India. 4:1.
- Martínez-Tinajero, J. J. et al. 2007. "Comportamiento reproductivo de ovejas Barbados barriga negra sincronizadas con mpa y diferentes tiempos de aplicación de eCG durante la época de baja fertilidad". *Rev. Científica (LUZ)* XVII:47.
- Massip, A., P. van der Zwalmem y F. Ectors. 1987. "Recent Progress in Cryopreservation on Cattle Embryo". *Theriogenology* 25:69.
- Mellisho, S. E. et al. 2007. "Comparación del gonadotropina coriónica equina (eCG) convencional versus un producto comercial en la sincronización del estro en ovejas". *Anales Cient. UNALM* 68:100.
- Méndez, R. D. et al. 2009. "A Survey of Beef Carcass Quality and Quantity Attributes in Mexico". *J. Anim. Sci.* 87:3782.
- Molina, M. et al. 2005. "Manipulación de la presencia del cuerpo lúteo en la sincronización del estro en ovejas Dorset". *Agrociencia* 39:11.
- Neves, H. et al. 2014. "Accuracy of Genomic Predictions in Bos Indicus (Nellore) Cattle". *Gen. Sel. Evol.* 46:14.
- Parra-Bracamonte, G. et al. 2011. "Advances and Perspectives of Genomics Biotechnology Applied to Livestock Production in Mexico". *Trop. Subtrop. Agroecosyst.* 14:1025.
- Parra-Bracamonte, G. et al. 2014. "Suavidad y aceptabilidad de la carne de bovinos Brangus rojo en México". *Ecosist. Rec. Agropec.* 1:41.
- Peel, D., R. J. Johnson y K. H. Matheus. 2010. *Cow-Calf Beef Production in Mexico. A Report from the Economic Research Service, USDA*. LDP-M-196-01. Washington, D. C.
- Peters, S. et al. 2012. "Bayesian Genome-Wide Association Analysis of Growth and Yearling Ultrasound Measures of Carcass Traits In Brangus Heifers". *J. Anim. Sci.* 90:3398.
- Porras, A., Q. Zarco, y M. Valencia. 2003. "Estacionalidad reproductiva en ovejas". *Cienc. Vet.* 9: 1.
- Quintero, E. et al. 2011. "The Effects of Time and Dose of Pregnant Mare Serum Gonadotropin (PMSG) on Reproductive Efficiency in Hair Sheep Ewes". *Trop. Anim. Health Prod.* 43:1567.
- Ramírez-Valverde R., R. Núñez-Domínguez y E. Fabián-Barrios. 2014. "Caracterización de las publicaciones sobre mejoramiento genético animal en revistas científicas mexicanas". *Ecosist. Rec. Agropec.* 1:59.
- Rangel, S. R. et al. 2003. "Efecto de la raza de la receptora en la sobrevivencia de embriones divididos en ovinos". En: *XXXI Reunión AMPA*. 22 de junio. Phoenix, Arizona. E.U. A. pp. 295-298.
- Rangel, S. R. et al. 2006. Effect of hCG Administration to Recipient Pelibuey Ewes on the Survival of Split Embryos". En: *10th Jubilee Conference of the European Society for Domestic Animal Reproduction*. 7-9 septiembre. Portoroz, Slovenia. p. 343.
- Rangel, S. R. et al. 1997. "Efecto del Sitio de Depósito de Semen en la Fertilidad de Ovejas Inseminadas Intrauterinamente". En: *Memorias del IX Congreso Nacional de Producción Ovina*. 2-5 de junio, Querétaro, México. pp. 94-96.
- Rodgers, B. D. y D. K. Garikipati. 2008. "Clinical, Agricultural, and Evolutionary Biology of Myostatin: A comparative review". *Endocr. Rev.* 29:513.
- Rosenkrans, C. F. et al. 1993. "Development of Bovine Embryos in vitro as Affected by Energy Substrates". *Biol. Reprod.* 49:459.
- Rowe, R. F. et al. 1980. "Embryo Transfer in Cattle. Nonsurgical Collection Techniques". *Am. J. Vet. Res.* 41:106.



- Rowe, R. F. et al. 1976. "A Single Cannula Technique for Non Surgical Collection of Ova from Cattle". *Theriogenology* 6:471.
- Rowson, L., R. Moor, y R. Lawson. 1969. "Fertility Following Egg Transfer in the Cow, Effect of Method, Medium and Synchronization of Oestrus". *J. Reprod. Fertil.* 18:517.
- Saatchi, M. et al. 2012. "Accuracy of Direct Genomic Breeding Values for Nationally Evaluated Traits in US Limousin and Simmental Beef Cattle". *Gen. Sel. Evol.* 44:38.
- Saatchi, M., J. Ward y D. J. Garrick. 2013. "Accuracies of Direct Genomic Breeding Values in Hereford Beef Cattle using National or International Training Populations". *J. Anim. Sci.* 91:1538.
- Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. 2002. "Informe sobre la situación de los recursos genéticos pecuarios en México". *Claridades agropecuarias* 111:4-39.
- Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. 2014. *Elementos técnicos y valores de referencia de los conceptos de apoyo para los programas de concurrencia con las entidades federativas y fomento ganadero. Coordinación General de Ganadería.* Marzo 8. [http://sagarpa.gob.mx/ganaderia/Documents/2014\\_Programa\\_de\\_Fomento\\_Ganadero/Elementos\\_Tecnicos\\_FG\\_31\\_marzo\\_2014\\_Pag\\_SAGARPA.pdf](http://sagarpa.gob.mx/ganaderia/Documents/2014_Programa_de_Fomento_Ganadero/Elementos_Tecnicos_FG_31_marzo_2014_Pag_SAGARPA.pdf)
- Servicio de Información Agropecuaria y Pesquera, Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. 2014. *Resumen de la producción nacional y precios de carne y leche.* Disponible <http://www.siap.gob.mx>.
- Sifuentes-Rincón, A. et al. 2006. "Importancia de la identificación biológica en la evaluación genética en ganado de carne cuando se utiliza empadre múltiple". *Tec. Pec. (Mex.)* 44:389.
- Sifuentes-Rincón, A., W. Arellano-Vera y G. Parra-Bracamonte. 2015. "Monitoreo molecular de enfermedades genéticas y rasgos de importancia productiva en hatos de ganado Charolais de registro". *Rev. Mex. Cienc. Pec.* En prensa.
- Snelling, W. M. et al. 2011. "Genome-Wide Association Study of Growth in Crossbred Beef Cattle". *J. Anim. Sci.* 88:837.
- Takahashi, M. et al. 1993. "Effect of Thiol Compounds on in vitro Development and Intracellular Glutathion Content of Bovine Embryos". *Biol. Reprod.* 49:228.
- Uffo, O. y A. Acosta. 2009. "Molecular Diagnosis and Control Strategies for the Relevant Genetic Diseases of Cattle". *Biotec. Apl.* 26:204.
- Van Eenennaam, A. et al. 2007. "Validation of Commercial DNA Tests for Quantitative Beef Quality Traits". *J. Anim. Sci.* 85:891.
- Van Eenennaam, A. 2012. "How Might DNA Based Information Generate Value in the Beef Cattle Sector?". *Proceedings of the 38th International Committee for Animal Recording (ICAR).* Biennial Conference, Cork, Ireland, 29 de mayo-1° junio. [http://www.icar.org/cork\\_2012/Manuscripts/Published/VanEenennaam.pdf](http://www.icar.org/cork_2012/Manuscripts/Published/VanEenennaam.pdf).
- Utsunomiya, Y. T. et al. 2013. "Genome-Wide Association Study for Birth Weight in Nellore Cattle Points to Previously Described Orthologous Genes Affecting Human and Bovine Height". *BMC Genetics* 14:52.
- Valencia, J. et al. 2006. "Actividad reproductiva de la oveja Pelibuey durante la época del anestro: influencia de la presencia del macho". *Rev. Científica (LUZ)* XVI:136.
- Weaber, R. L. 2005. "A Simulation Study of Replacement Sire Selection and Genetic Evaluation Strategies for Large Commercial Ranches". Ph.D. Dissertation, Cornell University, Ithaca, N. Y.
- Young, C. W. y A. J. Sekora. 1996. "Estimates of Inbreeding and Relationship Among Registered Holstein Females in the United States". *J. Dairy Sci.* 79:502.

- Zhu, M. y S. Zhao. 2007. "Candidate Gene Identification Approach: Progress and Challenges". *Int. J. Biol. Sci.* 3:420.
- Zorrilla-Ríos, J. M. *et al.* 2013. "Quality Evaluation of Beef Carcasses Produced Under Tropical Conditions of Mexico". *J. Anim. Sci.* 91:477.
- Zvereva, G. V. 1970. "Professor I. I. Ivanov Founder of Artificial Insemination of Animals". *Veterinariia* 7:88.