

**Análisis Molecular Mediante Genes QTL'S En Poblaciones De Toros De La Región De Los
Montes De María Del Departamento De Bolívar**

Juan Camilo Segura Tirado

**Universidad De Córdoba
Facultad De Ciencias Básicas
Maestría En Biotecnología
Montería - Colombia**

2021

**Análisis Molecular De Una Población De Toros Mediante Genes QTL'S En La Región De
Los Montes De María Del Departamento De Bolívar**

Trabajo De Grado Para Optar El Título En Magister En Biotecnología

Juan Camilo Segura Tirado

Bacteriólogo Y Laboratorista Clínico

Director

M. C. Luis Alfonso Rodríguez Páez

Codirector

PhD. Juan De Dios Jaraba Navas

Universidad De Córdoba

Facultad De Ciencias Básicas

Maestría En Biotecnología

Montería - Colombia

2021

Notas de Aceptación

Firma de presidente del jurado

Firma del jurado 1

Firma del jurado 2

Montería, Colombia, 26 de septiembre de 2021

Dedicatoria

Dedico este trabajo a Dios todopoderoso por toda la Guía, amor y bendiciones derramadas durante este proceso de aprendizaje, a mi Mama Mabel Tirado Pérez, Papa Felipe Miguel Segura Navarro, a mis hermanos Andrés Felipe Segura Tirado y Felipe Miguel Segura Tirado por su valioso apoyo, a mi Esposa Gloria Mercedes Salgado Ayola y mis Hijos Juan Andrés Segura Salgado y Camilo Andrés Segura Salgado por todo su amor y Comprensión en esta maravillosa experiencia.

Agradecimientos

Al Departamento Nacional de Planeación (DNP) y el Fondo Financiero de Proyectos de Desarrollo (FONADE), por el financiamiento del proyecto denominado: “*construcción participativa de tecnologías sostenibles para la transformación de sistemas agropecuarios de pequeños productores de los Montes de María en el Departamento de Bolívar*”, en el marco del contrato específico N° 041-2018, entre la Gobernación de Bolívar y la Universidad de Córdoba. del cual se desprende esta investigación.

Al Grupo Regional de Investigación Participativa de los Pequeños Productores de la Costa Atlántica INVEPAR por permitirme desarrollar esta propuesta.

Al laboratorio de Biología Molecular Aplicada de la Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad de Córdoba, por permitirme el desarrollo de análisis molecular de las muestras tomadas.

Al profesor Luis Alfonso Rodríguez Páez, mi amigo y mentor, por la dirección, liderazgo y consejos acertados para la realización del presente trabajo.

Al Profesor Alonso Benjamín Segura Delgado, mi primo y guía incansable, donde quiera que estés, por servir de puente con todos los actores de mi trabajo posgradual.

Al Dr. Cesar Augusto Betancur Hurtado, mi amigo, por compartir sus valiosos conocimientos sobre el uso de QTL's en la ganadería bovina que posibilitaron esta investigación.

Al Dr. Enrique Combatt Caballero, mi amigo, por sus recomendaciones y apoyo en la realización del presente trabajo.

Al Dr. Enrique Pardo Pérez por la asesoría y recomendaciones acertadas en la construcción del informe final de este trabajo.

Al MVZ Jaiver Manuel Martínez Luna por el apoyo en el muestreo de los animales en los 6 municipios de los Montes de María del departamento de Bolívar.

A la Gobernación de Bolívar por el suministro de información gubernamental de los programas de mejoramiento bovino en este departamento.

Al Dr. Alfredo de Jesús Jarma Orozco por la dirección general del proyecto “CONSTRUCCIÓN PARTICIPATIVA DE TECNOLOGIAS SOSTENIBLES PARA LA TRANSFORMACIÓN DE SISTEMAS AGROPECUARIOS DE PEQUEÑOS PRODUCTORES DE LOS MONTES DE MARIA EN EL DEPARTAMENTO DE BOLÍVAR” del cual se desprende esta investigación.

Al Dr. Juan de Dios Jaraba Nava por sus recomendaciones y apoyo en la realización del presente trabajo.

A los Biólogos Yirlis Yadeth Pineda Rodríguez, Melisa Jiménez y Mauricio Begambre por el acompañamiento y apoyo en las pruebas de laboratorio.

A todos mis compañeros de postgrado infinitas gracias.

TABLA DE CONTENIDO

Dedicatoria	4
Agradecimientos.....	5
Resumen	10
Abstract.....	11
Introducción.....	12
1. Objetivos.....	14
1.1. Objetivo general	14
1.2. Objetivos específicos.....	14
2. Marco teórico	15
2.1. Antecedentes.....	15
2.2. Ganadería bovina en Montes de María	16
2.2.1. Social.....	16
2.2.2. Ambiental	17
2.2.3. Ganadero	18
2.3. Producción de carne y leche: Aspectos genéticos y moleculares.	20
2.4. Secuenciación de genomas	25
2.4.1. Secuenciación Sanger.....	26
2.4.2. Las tecnologías de la nueva generación (NGS)	27
2.4.3. SOLiD.....	30
2.4.4. Ion Torrent.....	32
2.4.5. Helicos BioSciences.....	33
2.5. Herramientas Bioinformáticas para la producción bovina	35
2.5.1. BLAST (basic local alignment search tool).....	35
2.6. Chromas.....	36
2.7. 4peaks.....	36
3. Materiales y métodos.....	37
3.1. Toma de muestra	37
3.2. Extracción de ADN.....	38
3.3. Amplificación de marcadores moleculares	39
3.3.1. Secuenciación	40
3.4. Análisis bioinformático.....	40

4. Resultados.....	41
4.1. Evaluación de metodologías de extracción de ADN.....	41
4.2. Amplificación de marcadores moleculares mediante PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa).....	43
4.3. Blast (basic local alignment search tool).....	50
4.4. Chromas y 4peaks.....	51
4.5. GENBANK NCBI (national center for biotechnology information):.....	51
5. Discusión.....	52
6. Conclusiones.....	55
7. Recomendaciones.....	56
8. Referencias bibliográficas.....	58

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Inventario de bovinos por sub-región del Caribe.	19
Tabla 2. Genes candidatos	23
Tabla 3. Cantidad de ADN $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ de toros, obtenida con cada kit de extracción evaluado.	41
Tabla 4. Resumen de los resultados totales de los animales muestreados durante toda la ejecución del proyecto.....	46
Tabla 5. Resultados de la amplificación de los genes en cada semoviente muestreado en el confinamiento (finca).	47
Tabla 6. Resultados de la amplificación de los genes en cada semoviente muestreado en el confinamiento (finca).	47
Tabla 7. Resultados de la amplificación de los genes en cada semoviente muestreado en el confinamiento (finca).	48
Tabla 8. Resultados de la amplificación de los genes en cada semoviente muestreado en el confinamiento (finca).	49
Tabla 9. Resultados de la amplificación de los genes en cada semoviente muestreado en el confinamiento (finca).	49

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Índice de Pobreza Multidimensional (IPM) y condiciones de deficiencia promedio en la subregión Montes de María, 2005.....	17
Figura 2. Automatización del método de secuenciación tipo Sanger [Rojas, P. 2018].	27
Figura 3. Proceso de pirosecuenciación. [Pérez. 2006]	28
Figura 4. Proceso de secuenciación masiva illumina. [Escamilla M. 2019].....	29
Figura 5 Proceso de secuenciación [Escamilla M. 2019].....	31
Figura 6. Descripción general de la secuenciación Ion Torrent. [Kchouk et al., 2017 Suárez Moya, 2017 Salipante et al., 2014 Bragg et al., 2013 Merriman et al., 2012].....	33
Figura 7. Secuenciación Helicos BioSciences [Pushkarev et al., 2009 Bautista, 2010 Orlando et al., 2011 Goren et al., 2010 Chu y Corey, 2012]	34
Figura 8. Secuencia del ADN SMRT. [Chee Seng y Dimitrios, 2013 Ari y Arikan, 2013 Rhoads y Au, 2015].	35
Figura 9. Extracción de ADN de toros	42
Figura 10. Visualización de ADN en fotodocumentador	42
Figura 11. Cuantificación del ADN con Nanodrop: espectrofotómetro UV-VIS de barrido espectral (Espectrofotómetro de micromuestra Nanodrop™ 2000, Ref. ND2000 ThermoScientific).....	43
Figura 12. Montaje de la PCR en el termociclador y ampliaciones de PCR en electroforesis	44
Figura 13. Metodologías y Kit de extracción de ADN evaluados en el presente trabajo.....	45

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1. Resumen de los resultados totales de los animales muestreados durante toda la ejecución del proyecto.

Anexo 2. Información del origen, finca y codificación de cada toro suministrado por el operador.

Anexo 3. Resultados de la amplificación de los genes en cada semoviente muestreado en los 16 confinamientos (fincas).

Anexo 4. Imagen del resultado Blast de los Genes QTL's de los toros.

Resumen

El presente estudio, Determinar de la carga genética en ganadería doble propósito mediante genes QTL's en poblaciones de toros de la región de los Montes de María del departamento de Bolívar. Utiliza una metodología cuantitativa, el estudio se centra en la experimentación científica a partir de un muestreo de cinco localidades: San Juan Nepomuceno 12 individuos, San Jacinto 10 individuos, Córdoba 10 individuos, El Guamo 10 individuos, Zambrano 24 individuos los cuales presentaban un manejo de selección genética mediante criterios morfométricos y cuyos semovientes presentan una genealogía conocida. En el resultado obtenido, se encuentra que los toros con los códigos GU002, GU003, GU007, GU008 y GU010 del municipio del Guamo, CO002, CO003, CO004, CO006 y CO008 del municipio de Córdoba, ZN014, ZN021 y ZN024 del municipio de Zambrano, SJ001, SJ002, SJ004, SJ005, SJ006 y SJ009 de San Jacinto, SJN002, SJN006, SJN010 y SJN012 del municipio de San Juan Nepomuceno no contienen los genes QTL's para Carne y para leche en las proporciones y cantidades mínimas necesarias, si la intención es buscar una ganadería doble propósito para la región.

Palabras claves: fitopatógeno, bioproductos, antimicrobiano, genética

Abstract

The present study, Determine the genetic load in dual-purpose livestock by means of QTL's genes in bull populations of the Montes de Maria region of the Bolívar department. It uses a quantitative methodology, the study focuses on scientific experimentation from a sampling of five localities: San Juan Nepomuceno 12 individuals, San Jacinto 10 individuals, Córdoba 10 individuals, El Guamo 10 individuals, Zambrano 24 individuals which presented a management of genetic selection by morphometric criteria and whose livestock present a known genealogy. In the result obtained, it is found that the bulls with the codes GU002, GU003, GU007, GU008 and GU010 from the municipality of Guamo, CO002, CO003, CO004, CO006 and CO008 from the municipality of Córdoba, ZN014, ZN021 and ZN024 from the municipality of Zambrano , SJ001, SJ002, SJ004, SJ005, SJ006 and SJ009 from San Jacinto, SJN002, SJN006, SJN010 and SJN012 from the municipality of San Juan Nepomuceno do not contain the QTL's genes for Meat and for milk in the proportions and minimum quantities necessary, if the intention is to seek a dual purpose livestock for the region.

Key words: phytopathogen, bioproducts, antimicrobial, genetics

Introducción

En la región Caribe, la ganadería es una de las principales actividades productivas, debido al escaso empleo de mano de obra e históricamente para la ampliación de predios y a la subutilización de la tierra (Mejía y Mendieta, 2021).

Desde la región, actualmente, hay seis millones cien mil hectáreas de ganado, y para la UPRA (2020), sólo hay dos millones que cuentan con la vocación para esta actividad productiva. Por su parte, el Departamento de Bolívar, entre el 2010 y 2020, tuvo un crecimiento poblacional del 25% del ganado Bovino, lo que trae consigo para Durán et al. (2020), una productividad que representa en carne un 60,1%, leche un 0,5% y el doble propósito el 39,5%.

Por otro lado, la ganadería en la subregión de los Montes de María (MM), según el IGAC (2012), la zona tiene 172 mil hectáreas cuya vocación es de destinación agropastoril, no obstante, el uso del suelo, es sobre utilizado con 340mil hectáreas dedicadas al pasto, lo que trae consigo según la información de las Secretarías de Agricultura y Desarrollo Rural de los departamentos de Bolívar y Sucre (SADRDBS). Y el Plan de Desarrollo de la Alcaldía de Córdoba, Bolívar, 2008-2011, que los ganaderos de los MM, desarrollan actividades productivas y extensivas, pero la mayoría no tiene registros, no realiza fertilización de potreros, tampoco controla la maleza ni planes para la desparasitación.

La ganadería en esta región se caracteriza por la presencia del 77,6% del total del rebaño de bovinos de doble uso (cárnicos y lácteos), especialmente los híbridos cebú y cebú-simental. Seguido por el engorde de ganado (carne) al 15.0% donde también predominan la raza cebú y el cruce de cebú-Holstein. El 7,4% restante son productores de leche de las razas Brown Swiss, Holstein y Zippo. El ganado traído por los españoles durante este período colonial a través de un proceso natural evolucionó a una raza criolla, conocida como Coastal Horn (Aguilera, 2014).

En términos de especies de malezas, el 78,9% son pastizales tradicionales y el principal cultivo es Colosswana. La segunda variedad en importancia es el pasto mejorado (18,4%), con especies de brócoli y lino. El resto son recortes de césped, como plantas forrajeras, plantas reales, marafalfa y sistemas vivos de roble, teca y campano, entre otros, según datos del Ministerio de Agricultura Bolívar y Sucre (Departamento de Bolívar, 2013 Departamento de Azúcar, 2013).

La producción de leche en la subregión MM fue de 243,4 mil litros diarios en 2012, con un aumento promedio anual de 0,7% en la producción y una disminución en el número de vacas lecheras en un 0,2%, compensado por un leve aumento de 30 puntos. en la producción diaria. vacas. Por otro lado, el rendimiento que más influyó en el cultivo fue en las ciudades de Córdoba y Bolívar, alcanzando 5.3 levd, y el menor rendimiento en Chalan y Uvias, Sucre, alcanzando 2.0 levd cada uno. La industria láctea de la región incluye la producción de queso y suero, y los mercados de Barranquilla y Cartagena.

Pese a la importancia de la ganadería en la región de los Montes de María del departamento de Bolívar, no se tiene registro de la genética de las poblaciones de toros sementales y desconoce la carga génica de genes asociado a la producción de carne y leche, lo que hace incierta la producción pese a los programas de mejoramiento genético con la introducción de hembras doble propósito

Por lo anterior el presente proyecto busco resolver la siguiente pregunta problema ¿Es posible determinar la carga genética en ganadería doble propósito mediante genes QTL´s en poblaciones de toros de la región de los Montes de María del departamento de Bolívar?

1. Objetivos

1.1. Objetivo general

Determinar de la carga genética en ganadería doble propósito mediante genes QTL's en poblaciones de toros de la región de los Montes de María del departamento de Bolívar

1.2. Objetivos específicos

- Eficientizar la reacción de amplificación de tres genes QTL's para carne y de tres genes QTL's para leche en ganado bovino.
- Determinar la presencia de tres genes QTL's para carne y de tres genes QTL's para leche en toros sementales de la región de los Montes de María del Departamento de Bolívar.
- Analizar mediante herramientas bioinformáticas genes QTL's para carne y leche en toros de los Montes de María del Departamento de Bolívar.

2. Marco teórico

2.1. Antecedentes

La ganadería es una actividad tradicional que ocupa en mayor medida en la región caribe, una incidencia dentro del modelo productivo propio de los recursos bajo el uso de tecnologías. Para la Corporación PBA (2012), los productos generados como la carne y la leche, son pilares de gran relevancia para el desarrollo de la población en la región caribe y Colombia.

Por otro lado, un sistema de ganado de manejo tradicional, para la FAO (2008), puede considerarse dentro de la carga animal por unidad de superficie, la producción de carne en canal por hectárea y por año menor a 20 Kg., así como bajos parámetros reproductivos (menos de 60% de fertilidad) y tasas de extracción inferiores al 20%. Puede ser considerado un lento crecimiento, porque los animales macho, demoran entre 31 a 34 meses y siendo tardíos, llegan a pesar 450 kg, sin embargo, el intervalo de las vacas, supera los 550 días y su producción dentro del sistema doble propósito, pueden generar alrededor de 800 kg por vaca.

El sistema de producción ganadero, surge después de la tala y quema de árboles, pero, existen agroecosistemas en los que, el suelo puede quedar desprotegido especialmente por la susceptibilidad del mismo, por lo tanto, Fidar, Pronatta y Ciat (2003), describen que la producción ganadera, de manera tradicional, genera una alta dependencia de insumos externos para que pueda rendir ante los costos de producción y el impacto ambiental que produce.

Adicionalmente el Conpes 3675/2010, ha definido que existen factores que influyen en la baja productividad, donde se incluyen los altos costos y el bajo nivel de asociatividad y especialización que conserva la cadena productiva a partir de la informalidad que conservan los procesos agrícolas sin incluir la adopción de la tecnología.

Por otro lado, en la región, existen entidades que conservan una trayectoria de más de 50 años

de investigaciones en el sector agrícola y pecuario, si contribución es realizada a partir de estrategias y la determinación de los problemas que le aquejan a los pequeños productores, así como se destacan la Universidad de Córdoba, Corpoica, Secretarías de Agricultura, CIPAV, etc.

El Plan Estratégico y Prospectivo de Innovación y Desarrollo Científico y Tecnológico del Departamento de Bolívar 2010-2032, describe que, al crear capacidades dentro de la formación y mecanismos de transferencia tecnológica, existen diferentes subproductos como la acuicultura y pesca, ganadería, avícola, hortofrutícola, tabaco y lácteos, en los que se encuentran en el ordenamiento de las zonas productivas (Amar Sepúlveda, 2016).

2.2. Ganadería bovina en Montes de María

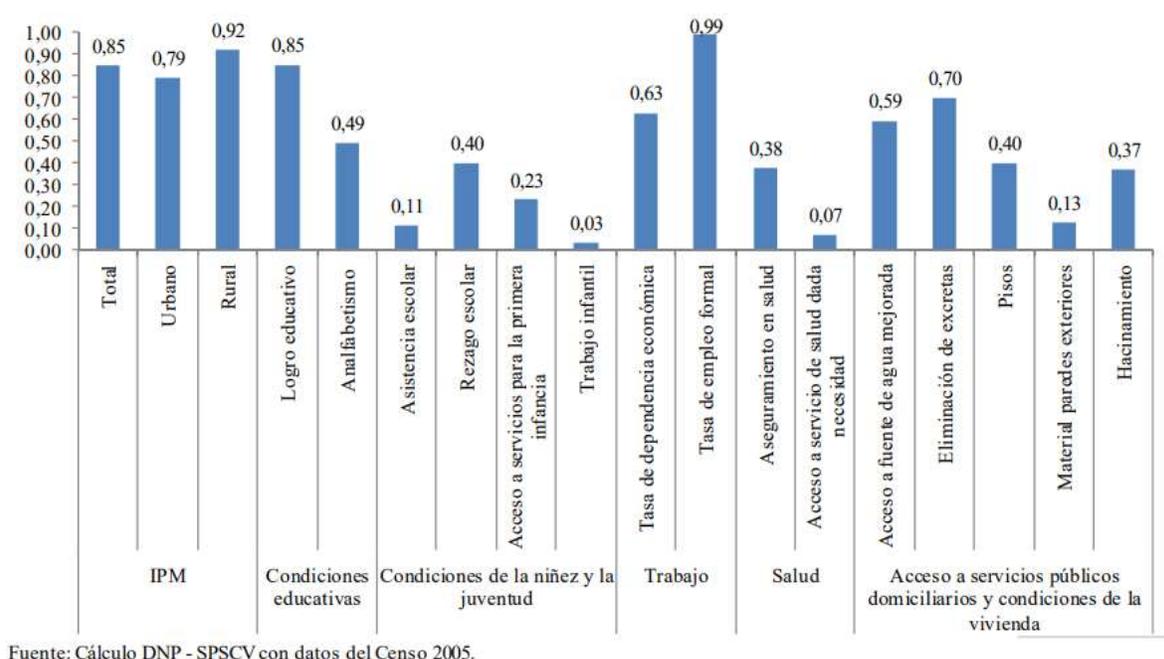
2.2.1. Social

En los últimos treinta (30) años, la subregión de los Montes de María, fue azotada por la violencia por parte de grupos al margen de la ley, donde la zona fue tomada como refugio y corredor estratégico del tráfico de armas, despojo de tierras, desplazamiento forzado y demás actividades al margen de la ley que se desarrollaron en esta. Por otro lado, para Aguilera (2014), la distribución de la tierra en el año 2011, corresponde a un 54% de los predios con al menos 10 hectáreas y es ocupada por el 7% de la superficie. No obstante, en Colombia, la proporción es del 79% y 11% respectivamente.

Por otro lado, el Índice de Pobreza Multidimensional (IPM) es otro indicador que mide el grado de pobreza de las personas, permite analizar que, a través de este instrumento en el año 2005, el 92% de la población rural de la subregión MM vivía en condiciones de pobres, encontrándose las mayores deficiencias en el empleo formal, se puede analizar que, los logros educativos, las condiciones de las viviendas y el acceso a los servicios públicos domiciliarios, son índices que tienen un nivel crítico. Por otro lado, se encuentra el bajo nivel de escolaridad. Según el Censo de

2005, en la subregión MM esta es de 5,7 años de estudios aprobados para la población entre 15 y 64 años de edad, más bajo que los de Colombia (8,2 años) y que el de los departamentos de Bolívar (7,9 años) y Sucre (6,9 años).

Figura 1. Índice de Pobreza Multidimensional (IPM) y condiciones de deficiencia promedio en la subregión Montes de María (DANE, 2005).



2.2.2. Ambiental

El ambiente de la subregión de los MM, tiene una diversidad de fauna, agua y se desarrollan procesos que afectan de manera directa las actividades agropecuarias, así como la deforestación, sin embargo, hay nacimientos de cuencas hidrográficas y vegetación, pero, el desarrollo de actividades como la ganadería extensiva y otros, puede causar erosión del suelo, deterioro del hábitat de la fauna, entre otros.

2.2.3. Ganadero

La ganadería bovina es una de las actividades más importantes de la subregión MM. Según el IGAC, la zona cuenta con 172 mil hectáreas con vocación agropastoril. Pero, hay una sobreutilización del suelo, aunque haya 340 mil hectáreas dedicadas al pasto en el año 2012, según las Secretarías de Agricultura y Desarrollo Rural de los departamentos de Bolívar y Sucre (SADRDBS). Según el Plan de Desarrollo de la Alcaldía de Córdoba, Bolívar, 2008-2011, por lo cual, el ganado de los MM, en su mayoría, no conserva un registro, no realizan fertilización de potreros y no tienen controles de maleza o planes para la desparasitación

La ganadería, puede caracterizarse por ser un 77,6% de doble propósito al producir leche y carne, sin embargo, en su mayoría, son de raza Cebú y Cebú-simental. Por otro lado, le sigue la ganadería de ceba (Carne), con un 15%, donde predomina la raza cebú y la cruda Cebú-holstein en 7,4%. Por otro lado, los lecheros son de raza pardo, suizo, Holstein y cebú (Aguilera, 2014). Por otro lado, de acuerdo al tipo de pasto, el 78,9% corresponde a praderas tradicionales, pero la variedad que predomina es la colosuana. La segunda variedad en importancia es la pradera mejorada (18,4%), con brachiaria y angleton. También, los demás, corresponden a pasto de corte, como la caña forrajera, kingrass, marafalfa, y a sistemas silvopastoril con roble, teca y campano, entre otros, según datos de las Secretarías de Agricultura de Bolívar y Sucre (Departamento de Bolívar, 2013 Departamento de Sucre, 2013).

No obstante, en la subregión de los MM, ascendió a 243,4 mil litros de leche diaria en 2012, con una producción de 3,6 litros por vaca diarias (lvd). Entre el año 2001 y 2012, la producción creció en 0,7% promedio anual y el número de vacas de ordeño descendió 0,2%, contrarrestado con el leve aumento de 30 puntos básicos en la producción diaria por vaca. El mayor rendimiento en la producción de leche se dio en el municipio de Córdoba, Bolívar, con 5,3 lvd y el menor en Chalán y en Ovejas, Sucre, cada uno con 2,0 lvd. La industria láctea de la zona consiste de la

producción de queso y suero, que tienen como mercados a Barranquilla y Cartagena.

En la tabla 1 se puede apreciar que la subregión Montes de María del departamento de Bolívar, tiene una baja participación en el sector bovino regional, con el 5% (217.910 cabezas de ganado bovino) (Corporación PBA, 2014), lo que hace de esta región poco competitiva con los sistemas actuales. Las sub-regiones con la mayor participación en el total de bovinos censados son: Alto Sinú y San Jorge (15%), Norte del Cesar y Centro del Magdalena y Cesar con 11% cada una, y Depresión Momposina y Sabanas de Sucre y Córdoba con una participación del 8% cada una. Estas cinco sub-regiones, concentran el 53% del total de bovinos de la región Caribe.

Tabla 1. Inventario de bovinos por sub-región del Caribe.

Subregión	Censo Bovino	% de Participación
Norte del Cesar	439.372	11%
Norte del Magdalena	76.037	2%
Alto Sinú y San Jorge	605.148	15%
Centro del Magdalena y Cesar	458.736	11%
Norte de Bolívar	99.291	2%
Depresión Momposina	314.063	8%
Sur del Cesar	225.196	6%
Centro del Cesar	157.642	4%
Norte de La Guajira	73.002	2%
Zona Costanera	112.765	3%
El Banco y Loba	103.680	3%
Provincia del Rio	242.732	6%
Sur de la Guajira	74.035	2%
Norte del Atlántico	49.896	1%
Montes de María	217.910	5%
La Mojana	234.679	6%
Sabanas de Sucre y Córdoba	312.123	8%
Bajo y Medio Sinú	171.383	4%
Sur de Bolívar	53.716	1%
Canal del Dique	56.125	1%
San Andrés Islas	712	0,02%
Total	4.078.243	100%

Fuente: FEDEGAN. Extracto 103 municipios 2012-2. Cálculos Corporación PBA

2.3. Producción de carne y leche: Aspectos genéticos y moleculares.

La producción de rumiantes, en el trópico, bajo su eficiencia reproductiva, puede verse limitado debido a diferentes factores, así como la alimentación la salud y el manejo de los hatos. La eficiencia reproductiva, tiene diferentes características, así como la edad, el primer parto y el periodo interparto en el que el manejo inadecuado de los animales, puede generar problemas a futuro. Los empadres son generalmente durante todo el año, con una proporción de distribución inadecuados de vacas y toros. La lotificación de los animales es muy irregular. Los destetes de las terneras se hacen a edad avanzada, lo que facilita la presencia de largos períodos entre partos muy largos.

La genética de la población bovina, persigue nuevos avances dentro de un sistema de producción en el que las generaciones alinean a través del aumento de la frecuencia de los genes que dan favorabilidad que se manifiesta a través de características dadas, así como el aumento de la producción de carne y/o leche. (Gómez, 2018).

De acuerdo a lo anterior, la mejora genética, ha tenido avances que implican un desenvolvimiento en el medio ambiente, pero, al no darse una estabilidad y mejora ambiental, es de gran dificultad tener avances significativos, porque el proceso de mejora, requiere la identificación de vacas superiores o de elite, mediante las cuales es notable sus características individuales frente a la elegibilidad de las mismas como madres sementales.

Es evidente que sin la selección de animales superiores no puede darse el avance genético desde el punto de vista productivo. Este avance será mayor o menor, dependiendo de la intensidad con que se seleccionen los reproductores, así como de la precisión con que se hacen las estimaciones de su valor genético (Gómez, R. 2008).

En los últimos 40 años, la mejora genética en bovinos, ha tenido un avance impresionante debido a tres factores:

1). Uso masivo de la inseminación artificial (IA). El uso de la IA conduce a una mayor intensidad de selección, a una mejor selección de machos basada en las pruebas de progenie, y a una estimación más precisa de valor reproductivo entre rebaños.

2). Selección y evaluación genética precisa en características de la producción y la sanidad animal.

3). Avances en el procesamiento de datos (Software Ganadero)

Estos tres elementos se alinean estupendamente con los componentes del presente proyectos, dado una importancia técnica productiva y de empoderamiento social (Gómez, R. 2008).

Aspectos genéticos: Análisis de la calidad genética de las reses con QTL's usando la metodología de Costello et al., 2007 y la de Schenkel et al., 2006.

Técnicas genómicas. Es dividido a partir de áreas básicas, teniendo en cuenta el genoma estructural que se dedica a la caracterización de los diferentes factores naturales y/o físicas del genoma de manera funcional, este se refiere a la caracterización de los patrones que conserva el ARN mensajero y la proteína. En cuanto a las áreas que contribuyen a descubrir nuevos genes, se pueden asociar variaciones en las características de las especies, pero percibido desde lo económico. Por otro lado, los pasos al posicionar un gen y poder descubrir las formas alélicas, se encuentran variaciones fenotípicas, teniendo en cuenta los genes candidatos, así como los QTL (por sus siglas en Ingles, Quantitative Trait Loci). La búsqueda es realizada de acuerdo a la identificación de dos pedigrí en el que las características específicas se analizan de manera divergente, porque esto requiere la existencia de variaciones dentro de las características desde lo cuantitativo para poder establecer un parámetro en la población de estudio.

Por su parte, para Rocha et al. (2002), en Bovinos, la población se estructura dentro de las familias (medios hermanos, hermanos completos o retrocruzamiento), donde se establecen qué alelos han sido heredados de los progenitores de cada familia (Rocha et al., 2002).

Por otro lado, al haber un mapa que relacione los ligamiento conteniendo marcadores polimórficos que cubran todo el genoma. Cuando se determinan efectos significativos de un QTL, es necesario proceder a ubicar donde se encuentra la región del cromosoma en la que está residiendo el QTL. Pueden haber diferentes métodos para ubicar los QTLs en los cromosomas, esto es medido por la recombinación o cM (Lander y Botstein, 1989). Por su parte Rocha et al (2002), los mapas de ligamentos separan la distancia entre sí de acuerdo al grado de asociación. Se encuentra que, los marcadores de un mismo cromosoma son heredados juntos y estos pueden tener una separación física entre ellos, así como es medido en centiMorgan (cM). Por otro lado, para Mamani (2018), se puede caracterizar que un cM, corresponde a un evento que tiene una probabilidad de ocurrencia frente a 100 meiosis y representa aproximadamente 1 millón de pares de bases en el ADN, por lo que en un cM se estima se encuentren aproximadamente 10 genes.

También, la obtención de QTLs, sólo puede definirse dentro de un intervalo de cromosomas, generalmente oscila entre 20y3 cM, esto, requiere la realización de un mapeo específico para poder medir la distancia o la probabilidad de obtener el gen candidato., este, debe llevarse a menos de 1 cM, para que se pueda realizar un proceso de clonación a través de una secuencia y poder descubrir cuáles son las causas de la debida variación o mutación. Hasta el 23 de enero de 2007 se habían reportado 1123 QTLs en 71 publicaciones insertas en la base de datos (<http://www.animalgenome.org/QTLdb/>). Estos QTLs representan 101 características diferentes, teniendo en cuenta que 231 se encuentran relacionadas, pero, 20 son relacionadas a variables medias en la canal y 71 se encuentran por la calidad de la carne.

Por otro lado, los microsatélites, pueden constituir a una segunda generación de la que se encuentra el marcador molecular, pero, en el área de genética animal, se habla de pequeños segmentos de ADN donde, abundan polimórficos, fácilmente amplificables y una distribución del genoma en el desarrollo de mapas genéticos (Gutiérrez Salamanca, M, 2017). Sin embargo, con los

resultados de la secuenciación del genoma bovino, otro grupo de marcadores llamados SNP (Polimorfismos de nucleótido simple, en inglés, Single Nucleotide Polimorphism) han tenido mayor auge recientemente.

A continuación, se describen algunos genes candidatos asociados con características de calidad de la canal y de la carne de bovinos.

Tabla 2. Genes candidatos

GEN CANDIDATO	CARACTERÍSTICA	COMPAÑÍA	PAGINA WEB
Thioglobulina	Lactogénesis	Genetic Solutions	www.geneticsolutions.com.au
Diacylglicerol Acyltransferasa	Lactogénesis	Cambridge Core	https://n9.cl/cambridgedgat1
Calpastatina	Terneza	Genetic Solutions	www.geneticsolutions.com.au
μ -calpainas	Terneza	Frontier Beef Systems	www.frontierbeefsystems.com
Myostatina	Composición muscular	GenMARK	www.genmarksg.com
Prolactina	Lactogénesis	Journal of Animal Breeding and Genetics	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5523522/

Fuente: Timaure, N. J.

Sin embargo, la idea de la secuencia del genoma de PET comenzó en la década de 1990, hasta octubre de 2004 después de que se publicó el primer borrador de la tarjeta de secuenciación bovina y en agosto de 2006, la versión final del plan de la secuencia de genoma de vaca, disponible en una base de datos pública.

Con la disposición pública del genoma del ganado, no habrá límites al mismo tiempo con la saturación de la tarjeta de búfalo para identificar los genes en el área que pueden encontrar los altavoces de caracteres cuantitativos (QTL). Esta tarjeta física se ha realizado con cromosomas bacterianos artificiales (bandejas), en las que se insertan las piezas de ADN de ADN para copiar (reflejando), lo que se ordenará, alineado y estandarizado.

La selección es compatible con los marcadores de genes (SAMG) utilizando marcadores conectados a los alelos favorables que afectan a las propiedades cuantitativas. Algunos marcadores cercanos a un gen QTL o candidato con efectos relevantes que tienen la oportunidad de ser utilizados directamente en los programas SAMG, complementarán la información de genotipos para enviar al desarrollo genético.

Genes candidatos para calidad de la carne. El gen candidato podría ser reconocido si se tiene un entendimiento anterior de la proteína respectiva o al detectar genes homólogos en especies cuyos genomas ya fueron secuenciados en su integridad.

A partir del primer reporte sobre detección de QTLs en bovinos de carne en 1999, se han encontrado solo 5 genes candidatos para dichos QTLs. El gen de la leptina y tiroglobulina (TG) fueron estudiados como genes candidatos para las propiedades de la canal (Casas et al., 2005 Schenkel et al., 2005, Mullen et al., 2006). Para los dos genes hay pruebas diagnósticas accesibles comercialmente. Para las características de calidad de la carne, existen varios marcadores tipo SNP (Polimorfismo de Nucleótido Simple) que han sido identificados en el gen de la μ -calpaina y calpastatina.

El primer QTL para μ -calpaina fue ubicado muy próximo al QTL detectado para resistencia al corte de la carne ubicado en el cromosoma 29 (Casas et al., 2000). Varios trabajos (Page, 2004 White et al., 2005, Costello et al., 2007) llevaron a la consecución de pruebas comerciales

actualmente disponibles para este gen. El gen de la calpastatina ubicado en el cromosoma 7, también ha sido asociado significativamente con la calidad de la carne (Lenis et al., 2018). Ambas proteínas están involucradas en el proceso de ablandamiento postmortem (Koochmaraie, 1996). La variación en la cantidad de las proteínas calpains y calpastatina ha sido reconocido como la principal causa en las diferencias en terneza, entre razas del tipo *Bos taurus* y *Bos indicus* (Crouse et al., 1989). La primera prueba (denominada Grado de calidad) para una característica utilizando múltiples marcadores fue ideada por la empresa Gene STAR®. Esta prueba combina tres marcadores para los genes de Calpaina y Calpastatina, el efecto de estos marcadores resulta en una mejora de más de 1,0 Kg en la resistencia a la corte medida con el aparato de Warner Braztler. Por otro lado, para Casas et al. (2000), este gen codifica un inhibidor del aumento muscular y la manera mutada del gen es responsable de la condición de doble musculatura en su mayoría presente en razas como la Belgian Blue, Charolaise y Piamontesa.

Otros probables genes candidatos los constituye el gen que codifica el componente de aumento para la insulina (IGF1), la hormona del aumento y el DGAT1 (Mullen, 2006), fosfodiesterasa 1 B (Ortiz-Colón et al., 2007), el gen PPARGC1 α (Soria et al., 2007). En América Latina ya se conocen los primeros resultados de las vivencias en la utilización de marcadores moleculares de los genes PPARGC1 α , PDE1B, Calpains y su interacción con los atributos de calidad (Villareal et al., 2007), sin embargo, no hay pruebas del uso de pruebas de esta clase a grado comercial.

2.4. Secuenciación de genomas

La secuenciación de genes es una herramienta para la identificación temprana de un organismo y un estudio útil de sus genes (Aguilar Bultet y Flanquet, 2015 Lay-Son y León, 2015). Junto con el desarrollo de la tecnología, la secuenciación genética ha reducido el costo, el tiempo y la proporción de material genético requerido. A finales del siglo XX y principios del XXI, se

desarrollaron técnicas de secuenciación que permiten la detección de microorganismos no reportados en la literatura, así como la secuenciación de todo el genoma del microorganismo. Animales de ambientes hostiles, aún no han sido posibles para cultivo en condiciones de laboratorio (Escamilla, 2019).

2.4.1. Secuenciación Sanger

La secuenciación Sanger implica la amplificación del DNA de un molde monocatenario, mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) con un solo cebador, uniéndose de una forma aleatoria dideoxynucleótidos trifosfato (ddNTPs) que están marcados fluorescentemente en el extremo 3'. Los ddNTPs carecen del grupo 3'-OH esto evita la unión del siguiente dNTP y interrumpiendo la elongación. Cada fluorocromo está asociado inequívocamente a un nucleótido específico y emite luz con una longitud de onda específica, por lo que se producen fragmentos de varios tamaños posibles que son distinguibles entre sí por el terminador específico sin intervenir con la reacción de la polimerasa (Voet et al., 2007 Rojas y Jiménez, 2018).

Los amplicones que son divididos a través una columna electroforética capilar. La expresión de la fluorescencia de cada uno de los fragmentos es localizada tras la excitación causada a través de la luz de un láser, la cual es convertida por un software de un equipo de secuenciación de DNA en un electroferograma (Berg et al., 2008). En la Figura 2 se observa un esquema del proceso automatizado de la técnica de secuenciación Sanger para la obtención de un electroferograma partiendo de una mezcla de reacción que contenga DNA molde, un oligonucleótido, DNA polimerasa, dNTPs y ddNTPs con fluorocromos. [Escamilla M. 2019]

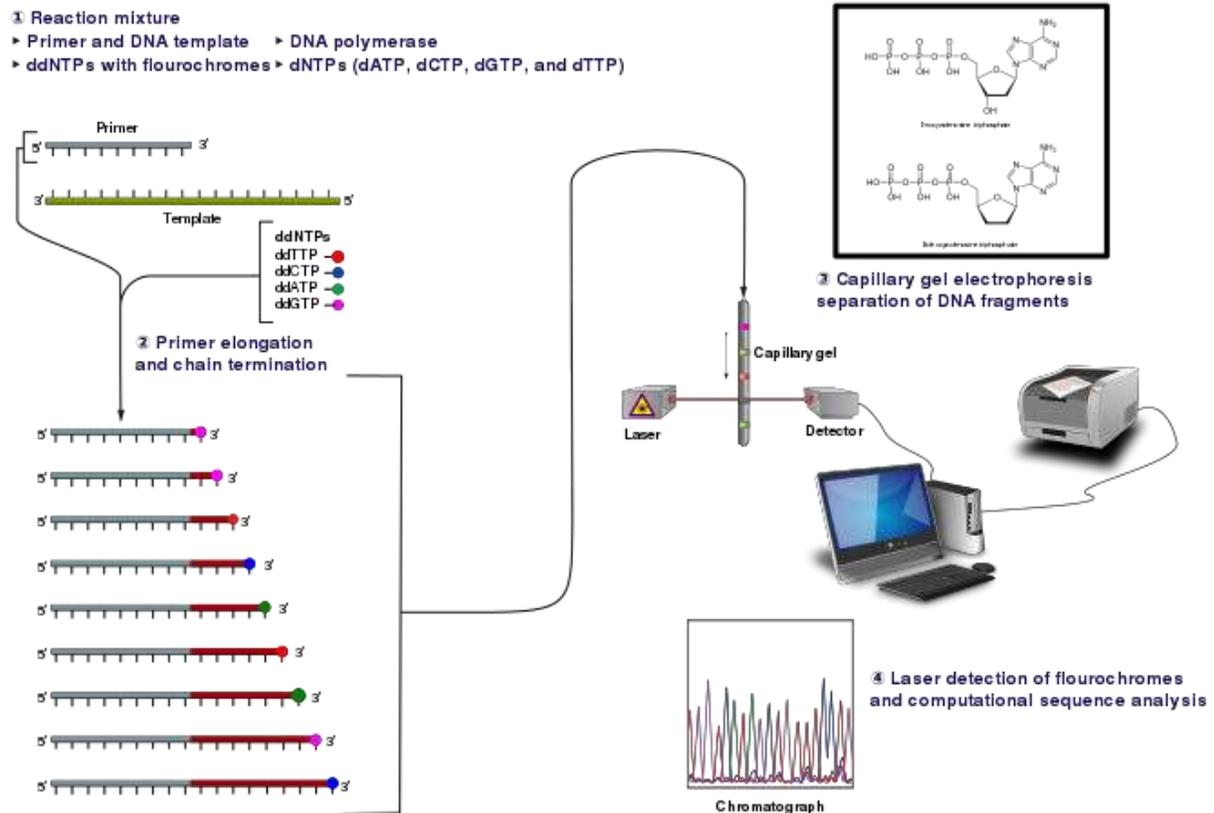


Figura 2. Automatización del método de secuenciación tipo Sanger [Escamilla M. 2019].

2.4.2. Las tecnologías de la nueva generación (NGS)

La nueva generación en tecnologías (NGS, por sus siglas en inglés, “Next Generation Sequencing”), admiten que se pueda llevar acabo la secuenciación masiva de muestras en paralelo, disminuyendo los costos y el tiempo en comparación a la técnica de secuenciación Sanger (Aguilar Bultet y Flanquet, 2015 Lay-Son y León, 2015). Las NGS se pueden apoyar en la secuenciación por síntesis o ligación, con o sin amplificación previa. Las NGS se describen a continuación (Aguilar Bultet y Flanquet, 2015 Blanco, 2011 Koneman et al., 2018). [Escamilla M. 2019]

2.4.2.1. Pirosecuenciación

La Pirosecuenciación o tecnología 454: fue la primera NGS que salió al mercado entre 2004 y 2005, es utilizada para secuenciar fragmentos cortos de DNA monocatenarios que se fijan en un pocillo o sobre una microplaca. La táctica usada es la detección de bioluminiscencia que es producida por la acción de la luciferasa al unirse a los dNTPs en la reacción de PCR en tiempo real. La incorporación de un dNTP libera un grupo pirofosfato (Ppi), la ATP sulfurilasa convierte el Ppi en ATP en presencia de ADP, el ATP junto con la luciferasa cataliza la conversión de luciferina a oxiluciferina, emitiendo luz. La cantidad de luz emitida corresponde al número y orden de dNTPs añadidos durante la reacción. La incorporación de los dNTPs es uno a uno (dGTP, dATP, dTTP, dCTP), por lo que los dNTPs que no son incorporados a la hebra de DNA deben ser destruidos rápidamente del medio por la enzima apirasa (Clop et al., 2000 Pérez Pérez et al., 2006). En la Figura 3 se muestra como es llevado a cabo el proceso de pirosecuenciación para la conseguir una secuencia de DNA. [Escamilla M. 2019]

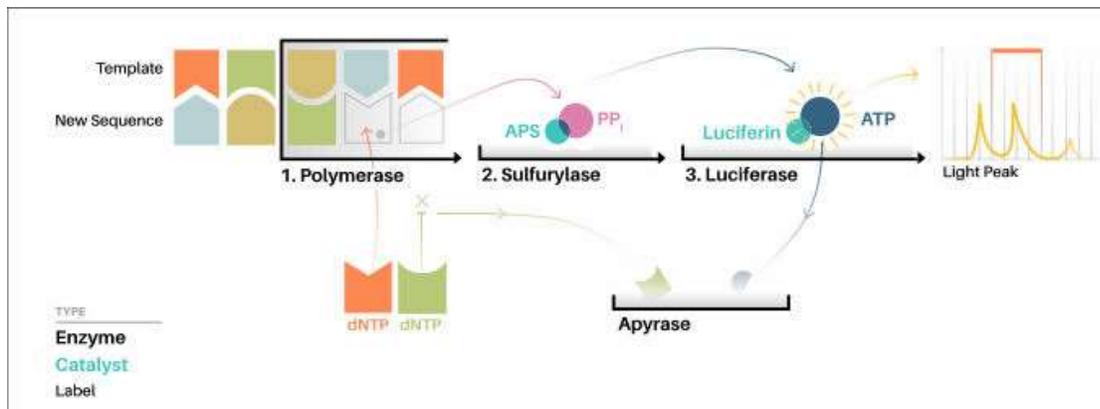


Figura 3. Proceso de pirosecuenciación. [Escamilla M. 2019]

2.4.2.2. *Illumina*

El método Illumina se comercializó en 2006 y es nuevo porque admite grandes secuencias en paralelo. Dependiendo de la secuencia por síntesis y requiriendo preamplificación, modifica la familia de secuencias de Solexa. También utilizan terminales de marcadores fluorescentes como la tecnología de secuenciación de Sanger, la diferencia es la capacidad de conectar los marcadores con fluorescencia tan pronto como se emite la imagen, abriendo el carbono 3 para su visualización. La siguiente secuencia (Aguilar Bultet et al. Falquet, 2015 Suárez Moya, 2017). El paso anterior consistió en romper el ADN y unir los transductores a una superficie sólida conocida como celda de flujo. En el primer paso, la biblioteca se incorporó en un panel de "células de linaje" para completar los adaptadores, haciendo que el puente se amplificara hasta que se obtuvo un conjunto de secuencias clonadas del fragmento original. , como se muestra en la Figura 4 (Escamilla M. 2019).

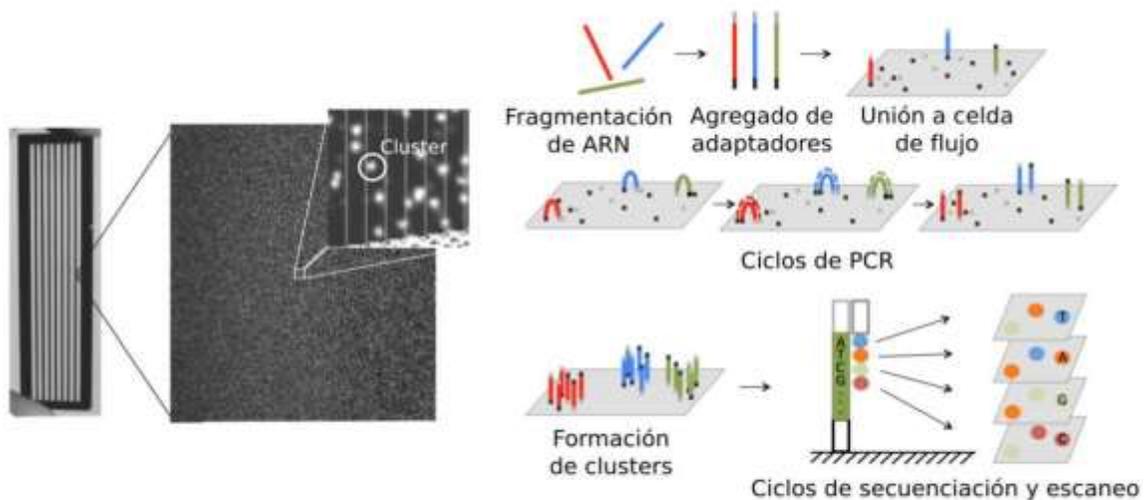


Figura 4. Proceso de secuenciación masiva illumina. [Escamilla M. 2019]

2.4.3. SOLiD

Es una técnica de secuenciación, fue lanzada en el mercado en el año 2007 la ligación de nucleótidos. dicha técnica consiste en formar fragmentos de DNA (una biblioteca) y unirlos a adaptadores unidos a perlas. Después Una solución emulsificante de agua con aceite contiene lo necesario para una reacción de PCR, los fragmentos de DNA de las perlas se amplifican a través de la emulsión por PCR.

En dichos, el doblete de las bases cuarta y quinta se caracteriza por una de las 4 etiquetas fluorescentes finalmente de la sucesión. Luego de la detección de la fluorescencia del marcador, se determinan las bases 4 y 5 en la sucesión. Los oligonucleótidos unidos luego de la quinta base se dividen, quitando el marcador fluorescente, después se repiten los ciclos de hibridación y ligadura, esta vez determinando las bases 9 y 10 en la sucesión en el periodo posterior se determinan las bases 14 y 15, y de esta forma sucesivamente. Por otra parte, los procesos secuenciales, dentro de las características del cebador, se puede partir de la base que es anterior para determinar ciertos ciclos sucesivos frente a la base 3 y 4, 8 y 9, 13 y 14. (Escamilla M. 2019)

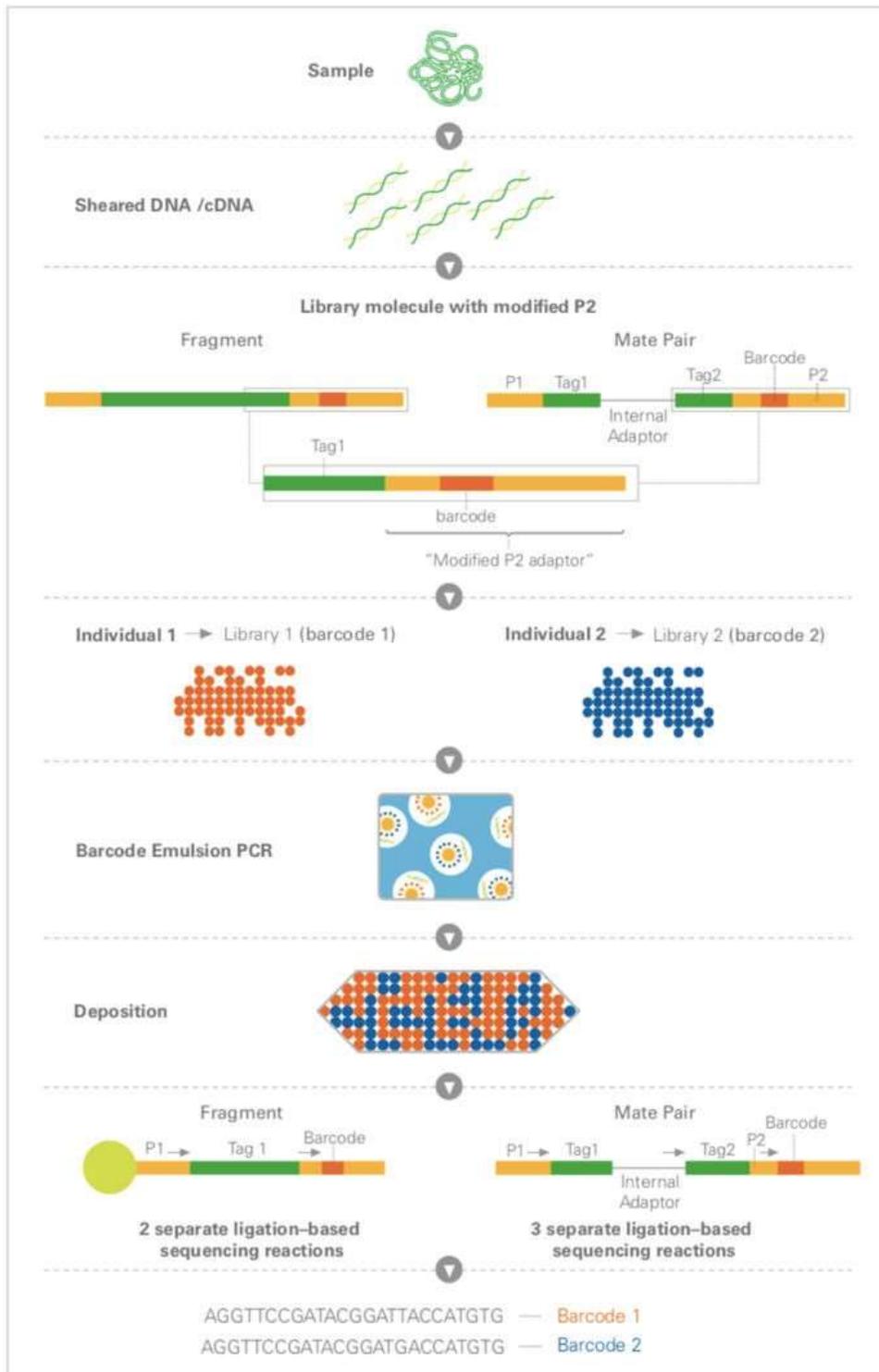


Figura 5 Proceso de secuenciación [Escamilla M. 2019]

2.4.4. Ion Torrent

La tecnología de secuenciación de torrent se ha fabricado en el mercado en 2010. Esta técnica de secuencia es similar al proceso de atascos y la tecnología iluminada, pero no utiliza la detección fluorescente o de la imagen, pero los protones son liberados por polimerasa colocados después de la secuencia. para tratar. Como en otra secuencia, el primer ADN debe estar fragmentado y unido a las partículas con adaptadores, emulsificaciones y enviados a la PCR. Las perlas se depositan en un semiconductor nanoplaque, el ADN se transforma al trasplantar una conexión de imprimación y polimerasa. Dado que se realizan pruebas específicas, en las que se agrega nucleótidos de nucleótidos (A, G, C o T), cuando se integra en los protones de la cadena de liberación y se realiza el registro de iones de hidrógeno. La liberación de protones El resultado de la creación de ΔPH causa una acumulación de carga positiva en la clase de detección (Figura 6A) y la transmisión de la columna de metal conductora "a través" como un cambio de voltaje en la puerta del transistor. Esto convierte la corriente del transistor y la señal actual se envía fuera del chip, como una señal de voltaje, a través de todo el proceso de encuesta de chips. Estas señales de pH se muestran de las altas frecuencias (Figura 6B, curva azul), que luego se ajustan en un modelo de extracción de señal neta (Figura 6 B, curva roja). Las señales de combinación netas para cada flujo se convierten en la entrada principal, reflejando cualquier combinación, combinada con un nucleótido, combinando dos nucleótidos, etc., para cada flujo de prueba y estos datos en bruto se ingresan de la base de la base. El algoritmo de llamada convierte una serie de señal de red completa para este atributo, cientos de flujos de nucleótidos se probarán, en una cadena de lectura correspondiente en una descripción de potencia (Figura 6 C). Al final de la combinación de nucleótidos y libros de lectura, se agrega un lavado diferente y un nucleótido diferente para continuar el arreglo (Kchouk et al., 2017 Suárez Moya, 2017 Salipante et al., 2014 Bragg et al., 2013 Merriman et al., 2013 Merriman et Al., 2012).

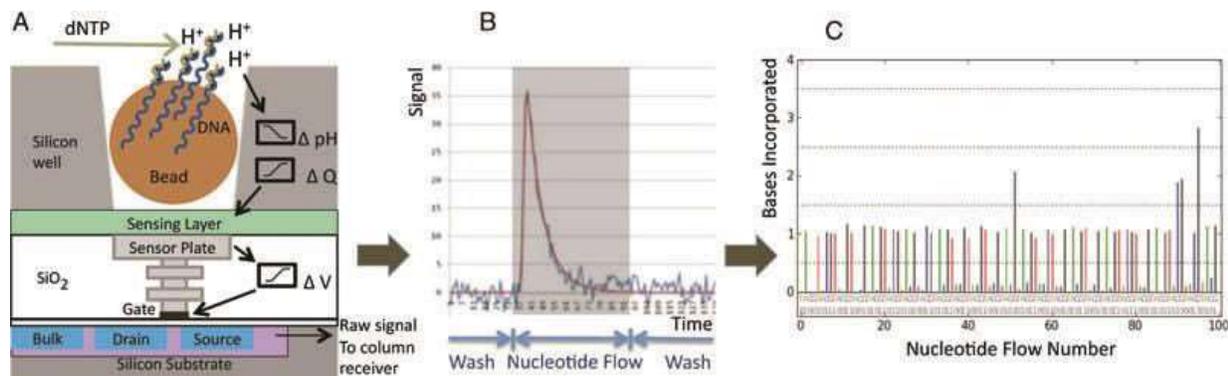


Figura 6. Descripción general de la secuenciación Ion Torrent. [Escamilla M. 2019]

La secuencia puede ser descrita de la siguiente forma:

(A) Dispositivo sensor de pH semiconductor con perla con hebra de DNA monocatenaria cebada para la extensión y unida con polimerasa.

(B) Señales de toma de muestras de ΔpH desde el pozo a alta frecuencia (curva azul), y luego se ajusta a un modelo que extrae la señal neta (curva roja).

(C) Electroferograma del pozo.

2.4.5. Helicos BioSciences

Es una técnica de secuencias que, salió en el mercado en el año 2008, pero, no requiere ser amplificada previamente. Como en las demás técnicas, el DNA es fragmentado, es añadido a la cola para fijar una fluorescencia y se registra por el detector. Los nucleótidos no apareados libres en el medio y los fluoróforos de las bases apareadas, son arrasadas al realizar el lavado. despues del lavado se adiciona otro nucleótido para continuar con la secuenciación (Pushkarev et al., 2009 Bautista, 2010 Orlando et al., 2011 Goren et al., 2010 Chu y Corey, 2012). En la Figura 7 en la

parte “a”, se muestra un resumen del proceso de secuenciación Helicos BioSciences para obtener el reporte de la secuencia, y en la Figura 7 en la parte “b”, se muestra el ciclo de adhesión de nucleótidos, toma de imagen y la limpieza que ocurre durante el proceso de la secuenciación.

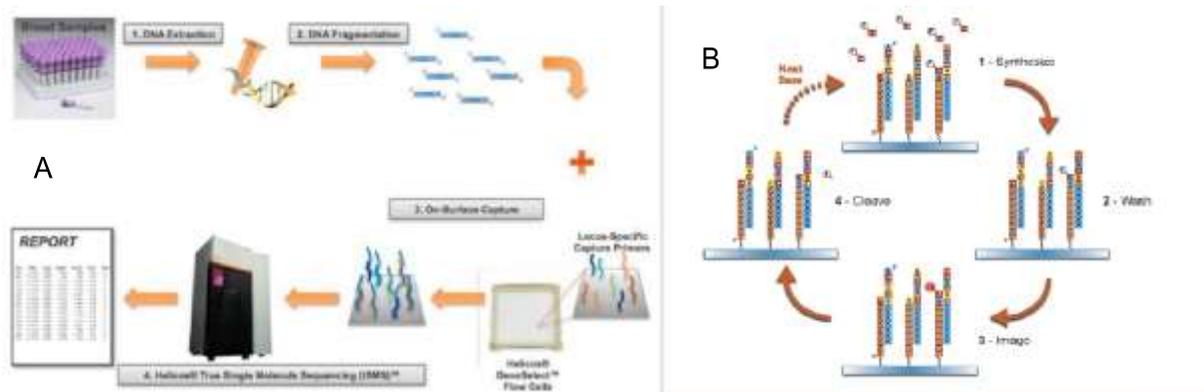


Figura 7. Secuenciación Helicos [Escamilla M. 2019]

Se describen como: (A) esquema completo del proceso de secuenciación. (B) Ciclo de adhesión de nucleótidos, toma de imagen y lavado.

2.4.5.1. SMRT (Single Molecule Real Time)

SMRT Pacific Biosciences (PacBio) fue lanzado en 2010. Su tecnología se basa en la secuenciación en tiempo real de una sola molécula de ADN sin necesidad de preamplificación o preparación de ningún tipo de biblioteca (fraccionamiento de ADN). Es una técnica que se basa en una microplaca con nanopocillos bautizados como zero-mode waveguide. A partir de los pocillos se pueden detectar los volúmenes de 20 zeptolitros (10-21 litros). También a través de él, pasa un haz de luz de 20 a 30 nm para inmovilizar al DNA y desnaturalizarlo. También, pasa la molécula de DNA queda con una sola molécula de polimerasa. A continuación, se introducen los nucleótidos con diferente longitud de onda del fluoróforo, una vez que ocurre el apareamiento de bases, el fluoróforo es retirado del carbono 3' para incorporar la siguiente base y continuar con la secuenciación (Chee Seng y Dimitrios, 2013 Ari y Arikan, 2013 Rhoads y Au, 2015).

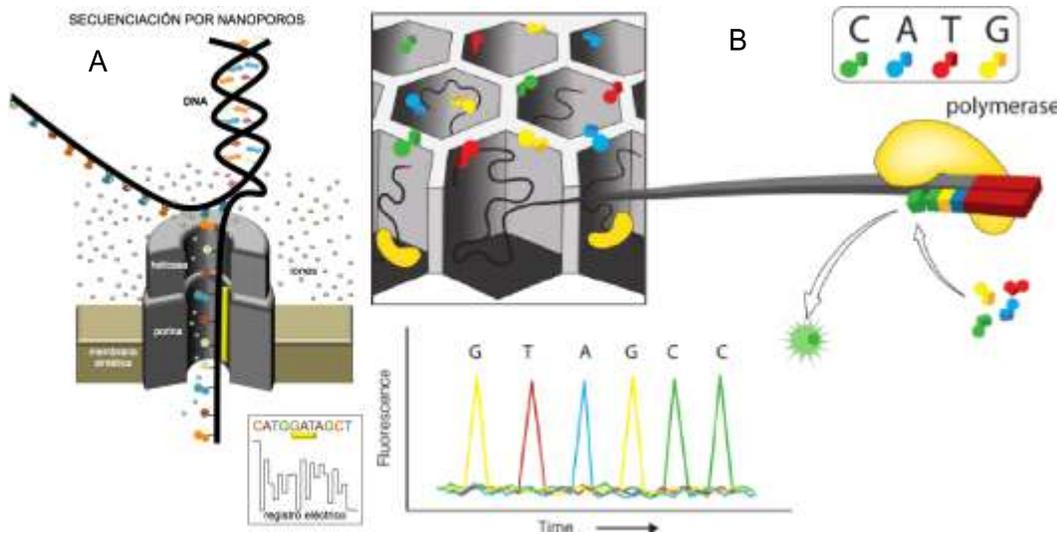


Figura 8. Secuencia del ADN SMRT [Escamilla M. 2019]

(A) Secuenciación SMRT en nanoporos con una sola hebra de DNA sin fragmentar. (B) Elongación de cadena de DNA por la polimerasa y conforme ocurre la elongación se detecta la fluorescencia

Los diferentes métodos de secuenciación han permitido la identificación de especies, análisis de la biodiversidad, su evolución y mejoramiento de las especies sobre todo cuando se apoya en los análisis bioinformáticos a continuación se describen sus características.

2.5. Herramientas Bioinformáticas para la producción bovina

Las herramientas utilizadas para el análisis bioinformático de las secuencias obtenidas en las muestras realizadas a los diferentes bovinos son de gran importancia para la biología molecular y la biotecnología.

2.5.1. BLAST (basic local alignment search tool)

La herramienta de búsqueda de alineación local básica (BLAST), puede encontrarse en regiones donde haya similitud local entre las secuencias que se trabaje, permite también realizar

comparaciones secuenciales de los nucleótidos o proteínas con base a la información que se calcula desde lo estadístico. El BLAST se puede utilizar para inferir relaciones funcionales y evolutivas entre secuencias, así como para ayudar a identificar miembros de familias de genes (National Center for Biotechnology. 2021).

El uso del BLAST, permite proveer un resultado que, desde la perspectiva cuantitativa, es posible adquirir secuencias a partir del almacenamiento de datos, es decir, es importante que haya una coincidencia en un par de secuencias de los alimentos, animales y o genes mediante los cuales, los datos son los que indican qué similitud hay (EMBnet Colombia, 2021).

2.6. Chromas

Es un visor y editor gratuito, simple y fácil de usar para cromatogramas (trazas) de secuenciadores Sanger automatizados. Tiene muchas opciones de conversión de formato, incluidas funciones de procesamiento por lotes para manejar muchos archivos a la vez (Tremillo-Maldonado, O., Molina-Frechero, N., González-González, R., Damián-Matsumura, P., Sánchez-Pérez, L., Sicco, E., ... y Bologna-Molina, R., 2020).

2.7. 4peaks

Es un programa ayuda a los biólogos moleculares a visualizar y editar sus archivos de ADN. De forma fácil y sencilla. Es compatible con los formatos de archivo de secuencia más utilizados, como los archivos AB1 y SCF.

El programa le brinda acceso rápido tanto a la secuencia de nucleótidos como a la secuencia de proteína traducida que genera sobre la marcha. De esta manera conocerá inmediatamente la consecuencia de una mutación. (Muzzey, D., Kash, S., Johnson, J., Melroy, L., Kaleta, P., Pierce, K. y Haas, K., 2019).

3. Materiales y métodos

3.1. Toma de muestra

Desde el análisis científico, es importante tener en cuenta un estudio cuantitativo en el que se pueda interpretar desde lo experimental una secuencia de información con la que es posible establecer una correcta interpretación de los datos.

Se muestrearon cinco localidades: San Juan Nepomuceno 12 individuos, San Jacinto 10 individuos, Córdoba 10 individuos, El Guamo 10 individuos, Zambrano 24 individuos los cuales presentaban un manejo de selección genética mediante criterios morfométricos y cuyos semovientes presentan una genealogía conocida.

Los individuos se inmovilizaron con lazos y apretaderos, un ayudante se encargó de levantar la cola hasta colocarla en posición vertical, retiró los residuos de heces fecales y con una gaza impregnada de alcohol y yodo povidona al 10% se esterilizó la zona de inserción de la aguja. Por palpación se localizó la vena coccígea en la línea media de la cola, se insertó una aguja doble con la camisa para extracción de sangre venosa por sistema de vacío calibre 20G y se hizo la colecta en tubos BD Vacutainer tapa lila con EDTA de 4 ml, luego del llenado, se agitó levemente y se almacenaron en cavas refrigeradas.

Durante la extracción se tuvieron en cuenta las normas de seguridad sanitaria: uso de guantes, gafas, tapabocas, bolsas para desechos biológicos, guardianes para desechos cortopunzantes y marcadores indelebles para el marcaje. Los residuos sólidos peligrosos fueron transportados hasta la Universidad de Córdoba, donde fueron recolectados por la empresa encargada de los residuos biológicos (Bio-Residuos S.A.S en Montería) y de su disposición final.

3.2. Extracción de ADN

La extracción de ADN se realizó en las instalaciones del laboratorio de genética de la Universidad de Córdoba – Sede Central, siguiendo las instrucciones del Wizard® Genomic DNA Purification Kit para el protocolo de extracción de ADN a partir de 300 µL de sangre periférica, descrita continuamente:

1. Agitar levemente por inversión el tubo Vacutainer con la muestra de sangre.
2. En un tubo de reacción de 1,5 ml estéril, transferir 300 µl de sangre periférica y agregar 900 µl de Solución de Lisis Celular y mezclar por inversión de 5-6 veces.
3. Incubar la solución durante 10 minutos, durante la cual se agita suavemente de 2 a 3 veces.
4. Centrifugar durante 20 segundos a 13.000 RPM (Revoluciones Por Minuto). Descartar el sobrenadante dejando unos 20 µl de líquido residual y agitar vigorosamente durante 15 Segundos hasta homogenizar el pellet.
5. Agregar 500 µl de Solución de Lisis Nuclear y mezclar las soluciones.
6. Agregar 1,5 µl de ARNasa a la solución, mezclar e incubar 15 minutos a 37 °C dejar reposar 5 minutos a temperatura ambiente.
7. Agregar 200 µl de solución de Precipitación de Proteínas y agitar fuertemente durante 20 segundos.
8. Centrifugar a 13.000 RPM durante 3 minutos. Trasferir el sobrenadante a un tubo eppendorf de 1,5 ml, conteniendo a priori 600 µl de isopropanol Mezclar por inversión.
9. Centrifugar a 13.000 RPM durante 1 minutos y descartar el sobrenadante.
10. Agregar 600 µl de etanol al 70% mezclar por inversión.
11. Centrifugar a 13.000 RPM durante 1 minutos y absorber el sobrenadante con una micropipeta.

12. Dejar secar el ADN, con el tubo eppendorf abierto boca abajo sobre una servilleta durante 15 – 20 minutos.
13. Agregar 100 μ l de Solución de Rehidratación e incubar a 65°C por una hora.

3.3. Amplificación de marcadores moleculares

La amplificación de los 6 genes de interés: genes que presentan variaciones asociados a caracteres cuantitativos de la canal, calidad de la carne, producción de leche (gen DGAT1 en el cromosoma 14) y el gen MSTN responsable de la hipertrofia muscular.

La reacción de PCR se realizó para un volumen final de 25 μ L por tubo que contenía: 12,5 μ L de PCR Maxter Mix (2X), 1,25 μ L de cada uno de los oligonucleótidos flanqueantes que presenta una concentración de 10 μ M, 5 μ L de ADN molde a una concentración de 10 ng/ μ L de ADN y 6,25 μ L de agua. Bajo los ciclos térmicos: una desnaturalización inicial a 95°C por tres minutos, 30 ciclos con: 30 segundo de desnaturalización, 30 segundos de anillamiento y 1 minuto de extensión, una extensión final durante 5 minutos a 72°C y conservación final de los tubos a 4°C.

Luego de la PCR se verificaba la amplificación de los genes de interés mediante geles de agarosa, los cuales se preparaban al 2% y se corrían en buffer TBE 1X, se utilizó EZ-Visión como intercalante para la observación del ADN bajo luz ultravioleta, en los geles se servían 2 μ L de EZ-Visión Tree mezclado con 10 μ L del amplicon.

Los amplicones que dieron positivo se purificaron siguiendo el protocolo ExoSAP: a los tubos con los amplicones (los 15 μ L restantes) se le adicionaron 6 μ L de una disolución que contenía: 0,025 U/ μ L de SAP (en español - Fosfatasa alcalina de camarón) y 0,05 U/ μ L de Exonucleasa I. Los tubos se incubaron en un termociclador: una hora a 37°C y una inactivación de las enzimas a 75°C durante 15 minutos. Las muestras se congelaron y se prepararon para la consecuente secuenciación.

3.3.1. Secuenciación

Los amplicones de la PCR fueron procesados en el Servicio de Secuenciación y Análisis Molecular (SSiGMol) del Instituto de Genética de la Universidad Nacional de Colombia, en donde el reporte de envío incluía el control positivo (C+) que se procesó junto con sus muestras tanto en la reacción de secuenciación como en la electroforesis capilar. El formato de los archivos de las secuencias enviadas (cromatograma).

3.4. Análisis bioinformático

Las secuencias de nucleótidos obtenidos de los 66 toros se visualizaron con el programa 4Peaks versión 1.8 OS X 10.7 (<http://nucleobytes.com/index.php/4peaks>) y Chromas.

Se utilizó la base de datos pública GenBank NCBI (National Center for Biotechnology Information, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>), la cual es una colección anotada de todas las secuencias de ADN disponibles al público que junto con DNA Databank of Japan y European Nucleotide Archive intercambian datos diariamente y la herramienta bioinformática BLAST nucleotide del NCBI para el alineamiento de las secuencias (NCBI, 2018).

Cabe destacar que, hay programas bioinformáticos de ediciones de secuencias, sin embargo, se utilizó uno que es gratuita su utilización, por lo que fueron Chromas (Technelysium Pty Ltd), 4Peaks (Nucleobytes Inc.) y BioEdit (Menéndez y Rivas, 2014). Finalmente, se construye un árbol filogenético a través del programa BLAST Tree View del NCBI y se refleja de forma esquemática, el grado de disimilaridad o parentesco genético entre los animales estudiados.

4. Resultados

Para la eficientización de la reacción de amplificación de tres genes QTL's para carne y de tres genes QTL's para leche en ganado bovino.

Utilizando la base de datos publica GenBank y PubMed del NCBI (National Center for Biotechnology Information, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>, se evaluaron metodologías de extracción de ADN, Marcadores moleculares y programas de PCR para los mismos.

4.1. Evaluación de metodologías de extracción de ADN.

Se realizaron experimentos con muestras de sangre de toros en tubos. Para la escogencia de la metodología de extracción idónea se usó un nanodrop: espectrofotómetro UV-VIS de barrido espectral (Espectrofotómetro de micro muestra Nanodrop™ 2000, Ref. ND2000 Thermo Scientific) y geles de agarosa al 1%, utilizando una cámara de electroforesis horizontal (Multi Sub Choice Trio).

Para la extracción del ADN, se evaluaron 3 metodologías consistentes en: 1. QIAGEN DNA extraction kit, 2. Kit PureLink® Total DNA Purification, 3. Kit Wizard® Genomic DNA Purification (PROMEGA, Madison, USA). En donde la metodología de QIAGEN presento la mayor cantidad de ADN de los toros (tabla 3).

Tabla 3. Cantidad de ADN $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ de toros, obtenida con cada kit de extracción evaluado.

Muestra	Método de extracción		
	QIAGEN	PureLink®	Wizard® Genomic DNA
Toros	633.2	227,2	0
Control (novillas)	538,4	325.2	81,9
Bacterias	578	167	134



Figura 9. Extracción de ADN de toros

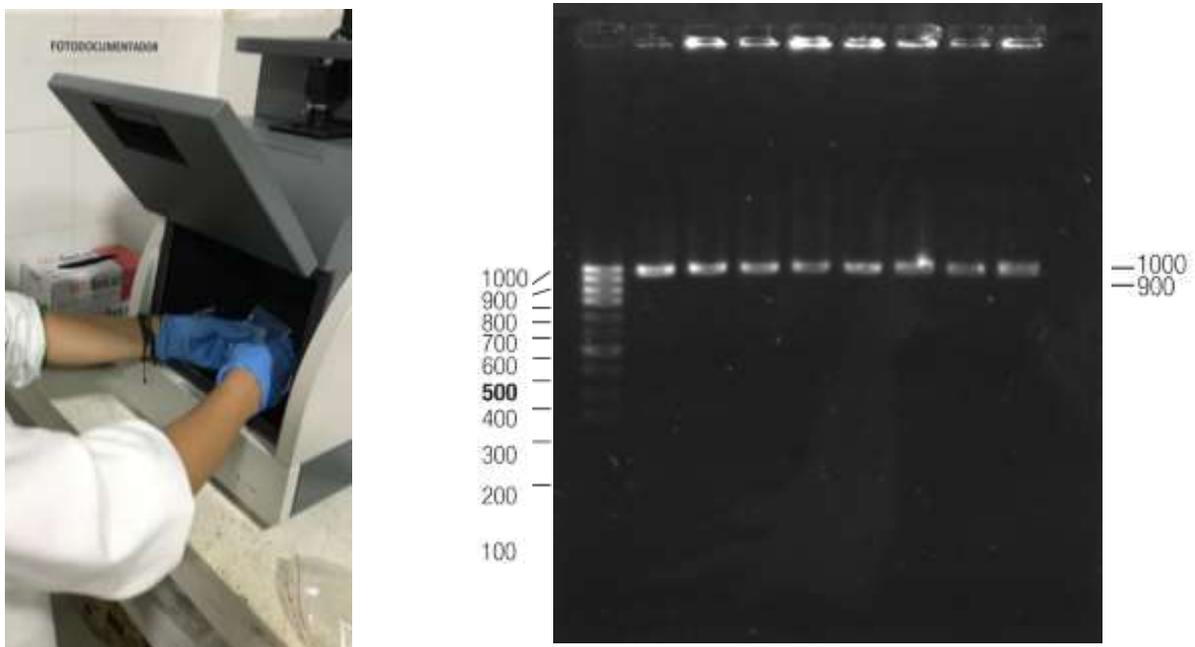


Figura 10. Visualización de ADN en fotodocumentador

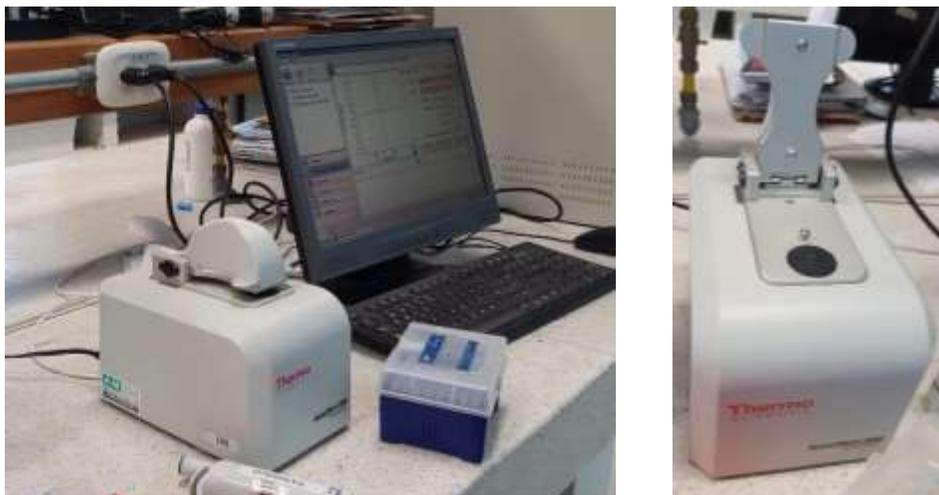


Figura 11. Cuantificación del ADN con Nanodrop: espectrofotómetro UV-VIS de barrido espectral (Espectrofotómetro de micromuestra Nanodrop™ 2000, Ref. ND2000 ThermoScientific)

4.2. Amplificación de marcadores moleculares mediante PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa)

La amplificación de los fragmentos se realizó en un Termociclador MultiGene™ Optimax y Termociclador Bio-Rad T100™, mediante la técnica PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa), usando 3 primers o iniciadores para carne y 3 primers o iniciadores para leche para cada grupo de individuo. Las amplificaciones fueron analizadas en geles de agarosa al 1,5% y para la visualización de los mismos se utilizará un fotodocumentador (Enduro GDS Labnet, USA). Los fragmentos fueron determinados por comparación con un marcador de peso molecular de 1 Kb (Promega®).

Todos los marcadores usados mostraron amplicones, los cuales resultan importantes para el análisis de la carga génica para ganadería de doble propósito en la región de estudio.

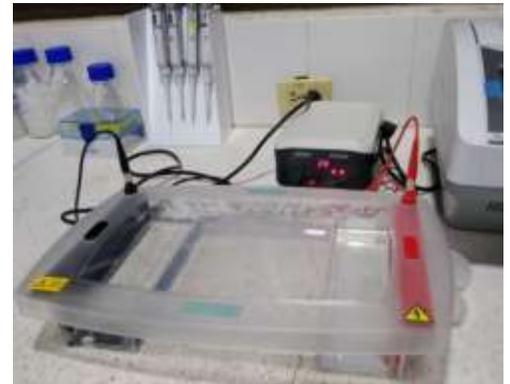
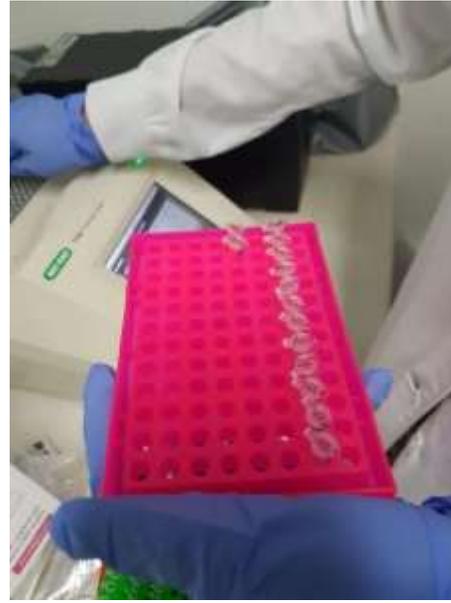


Figura 12. Montaje de la PCR en el termociclador y ampliaciones de PCR en electroforesis



Figura 13. Metodologías y Kit de extracción de ADN evaluados en el presente trabajo.

Determinar la presencia de tres genes QTL's para carne y de tres genes QTL's para leche en toros sementales de la región de los Montes de María del Departamento de Bolívar.

De todos los lotes muestreados, los toros con los códigos GU002, GU003, GU007, GU008 y GU010 del municipio del Guamo, CO002, CO003, CO004, CO006 y CO008 del municipio de Córdoba, ZN014, ZN021 y ZN024 del municipio de Zambrano, SJ001, SJ002, SJ004, SJ005, SJ006 y SJ009 de San Jacinto, SJN002, SJN006, SJN010 y SJN012 del municipio de San Juan Nepomuceno no contienen los genes QTL's para Carne y para leche en las proporciones y

cantidades mínimas necesarias, si la intención es buscar una ganadería doble propósito para la región.

A continuación, se muestra un resumen de las fincas, ubicación, número de Toros muestreados y la presencia de los genes de interés en los toros sementales de la Región de los Montes de María del Departamento de Bolívar (tabla 3).

Tabla 4. Resumen de los resultados totales de los animales muestreados durante toda la ejecución del proyecto.

Confinamiento	Ubicación	Animales Muestreados	Resultados (presencia de genes de carne y leche)		Códigos
			+	-	
1	San Juan Nepomuceno	12	8	4	SJN001-SJN012
2	San Jacinto	10	4	6	SJ001 - SJ010
3	Córdoba	10	5	5	CO001-CO010
4	El Guamo	10	5	5	GU001-GU010
5	Zambrano	24	21	3	ZN001 - ZN024
TOTAL		66	43	23	

Como podemos observar del total de los toros sementales muestreados en la finca 1 (confinamiento 1) ubicado en el Municipio de San Juan Nepomuceno, solo 8 toros tuvieron resultados positivo en la amplificación para los genes de carne y leche, mientras que 4 toros identificados con los códigos (SJN002, SJN006, SJN010 Y SJN012) tuvieron un resultado negativo para la amplificación de los genes de carne y leche (tabla 5).

Tabla 5. Resultados de la amplificación de los genes en cada semoviente muestreado en el confinamiento (finca).

Municipio 1. San Juan Nepomuceno, Códigos SJN001-SJN012.						
Tubo	Genes QTL'S Carne (Homología Blast)			Genes QTL'S Leche (Homología Blast)		
	A-CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaína	Calpastatina	Miostatina	Diacylglicerol Acyltransferasa	Prolactina	Tiroglobulina
SJN001	97,60%	97,30%	97,40%	99,00%	97,30%	98,90%
SJN002						
SJN003	99,00%	97,10%	98,60%	98,90%	97,10%	98,90%
SJN004	98,90%	98,90%	97,30%	97,30%	98,90%	98,90%
SJN005	98,90%	99,00%	97,30%	95,40%	99,00%	97,30%
SJN006						
SJN007	95,40%	98,90%	96,70%	98,90%	99,00%	97,30%
SJN008	97,10%	97,30%	97,60%	99,00%	97,30%	98,9%
SJN009	98,90%	95,40%	98,90%	98,90%	95,40%	99,00%
SJN010						
SJN011	98,90%	98,90%	98,90%	97,30%	97,40%	98,90%
SJN012						

En la finca 2 (confinamiento 2), ubicada en el Municipio de San Juan Nepomuceno, los toros sementales muestreados, solo 4 toros tuvieron resultados positivo en la amplificación para los genes de carne y leche, mientras que 6 toros tuvieron un resultado negativo para la amplificación de los genes de carne y leche como se muestra en la (tabla 6).

Tabla 6. Resultados de la amplificación de los genes en cada semoviente muestreado en el confinamiento (finca).

Municipio 2. San Jacinto, Códigos SJ01-SJ10						
Tubo	Genes QTL'S Carne (Homología Blast)			Genes QTL'S Leche (Homología Blast)		
	A-CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaina	Calpastatina	Miostatina	Diacylglicerol Acyltransferasa	Prolactina	Tiroglobulina
SJ001						
SJ002						
SJ003	99,00%	97,10%	98,60%	98,90%	97,10%	98,90%
SJ004						
SJ005						
SJ006						

SJ007	95,40%	98,90%	96,70%	98,90%	99,00%	97,10%
SJ008	97,10%	97,30%	97,60%	99,00%	97,30%	98,90%
SJ009						
SJ010	99,00%	97,10%	95,20%	98,90%	99,00%	98,90%

En la finca 3 (confinamiento 3), ubicada en el Municipio de Córdoba, del total los toros sementales muestreados, solo 5 toros tuvieron resultados positivo en la amplificación para los genes de carne y leche, mientras que 5 toros identificados con los códigos (CO002, CO003, CO004, CO006 Y CO008) tuvieron un resultado negativo para la amplificación de los genes de carne y leche como se muestra en la (tabla 7).

Tabla 7. Resultados de la amplificación de los genes en cada semoviente muestreado en el confinamiento (finca).

Municipio 3. Córdoba, códigos CO001-CO010						
Tubo	Genes QTL'S Carne (Homología Blast)			Genes QTL'S Leche (Homología Blast)		
	A- CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaina	Calpastatina	Miostatina	Diacylglycerol Acyltransferasa	Prolactina	Tiroglobulina
CO001	99,90%	99,90%	98,30%	99,10%	99,90%	99,70%
CO002						
CO003						
CO004						
CO005	98,30%	98,40%	100,00%	98,30%	100,00%	99,30%
CO006						
CO007	98,10%	99,60%	99,90%	97,70%	99,90%	98,60%
CO008						
CO009	100,00%	99,90%	96,40%	99,90%	98,20%	99,10%
CO010	99,90%	98,30%	100,00%	100,00%	98,90%	99,20%

En la finca 4 (confinamiento 4), ubicada en el Municipio de Córdoba, del total los toros sementales muestreados, solo 5 toros tuvieron resultados positivo en la amplificación de genes de carne y leche, mientras que 5 toros identificados con los códigos (GU002, GU003, GU007, GU008 y GU010) tuvieron un resultado negativo para la amplificación de genes de carne y leche como se

muestra en la (tabla 8).

Tabla 8. Resultados de la amplificación de los genes en cada semoviente muestreado en el confinamiento (finca).						
Municipio 4. El Guamo, códigos GU001-GU010						
Tubo	Genes QTL'S Carne (Homología Blast)			Genes QTL'S Leche (Homología Blast)		
	A- CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaína	Calpastatina	Miostatina	Diacylglicerol Acyltransferasa	Prolactina	Tiroglobulina
GU001	99,90%	98,30%	100,00%	99,50%	98,60%	100
GU004	98,30%	99,50%	99,60%	97,90%	98,60%	99,70%
GU005	99,90%	98,20%	98,40%	97,40%	97,90%	98,40%
GU006	97,50%	99,34%	98,80%	98,50%	97,90%	98,90%
GU007						
GU008						
GU009	98,60%	98,70%	98,80%	98,3	99,90%	98,80%
GU010						
GU002						
GU003						

En la finca 5 (confinamiento 5), ubicada en el Municipio de Córdoba, del total los toros sementales muestreados, solo 21 toros tuvieron resultados positivo en la amplificación para los genes de carne y leche, mientras que 3 toros identificados con los códigos (ZN014, ZN21 y ZN24) mostraron resultado negativo para la amplificación de los genes de carne y leche como se muestra en la (tabla 8).

Tabla 9. Resultados de la amplificación de los genes en cada semoviente muestreado en el confinamiento (finca).						
Municipio 5. Zambrano, códigos ZN01-ZN24						
Tubo	Genes QTL'S Carne (Homología Blast)			Genes QTL'S Leche (Homología Blast)		
	A- CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaína	Calpastatina	Miostatina	Diacylglicerol Acyltransferasa	Prolactina	Tiroglobulina
ZN001	97,60%	97,30%	97,40%	99,00%	97,30%	98,90%

ZN002	98,90%	95,40%	99,00%	98,90%	95,40%	99,00%
ZN003	99,00%	97,10%	98,60%	98,90%	97,10%	98,90%
ZN004	98,90%	98,90%	97,30%	97,30%	98,90%	98,90%
ZN005	98,90%	99,00%	97,30%	95,40%	99,00%	97,30%
ZN006	97,30%	98,90%	97,50%	97,10%	98,90%	95,40%
ZN007	95,40%	98,90%	96,70%	98,90%	99,00%	97,10,00%
ZN008	97,10%	97,30%	97,60%	99,00%	97,30%	98,90%
ZN009	98,90%	95,40%	98,90%	98,90%	95,40%	99,00%
ZN010	99,00%	97,10%	95,20%	98,90%	99,00%	98,90%
ZN011	98,90%	98,90%	98,90%	97,30%	97,40%	98,90%
ZN012	98,90%	98,90%	97,30%	95,40%	97,20%	97,30%
ZN013	97,30%	97,30%	95,40%	97,10%	98,60%	95,40%
ZN014						
ZN015	97,10%	97,10%	98,90%	97,20%	97,30%	97,40%
ZN016	97,40%	98,90%	94,20%	98,60%	97,50%	97,20%
ZN017	97,20%		98,90%	97,30%	99,00%	98,60%
ZN018	98,60%	98,90%	98,90%	97,30%	97,60%	97,30%
ZN019	97,30%	98,90%		97,50%	98,90%	97,30%
ZN020	97,30%	97,30%	95,40%	96,70%	98,60%	97,50%
ZN021						
ZN022	96,70%	97,10%	97,40%	98,90%	97,30%	97,60%
ZN023	97,60%	97,40%	97,20%	99,00%	97,50%	98,90%
ZN024						

Analizar mediante herramientas bioinformáticas genes QTL's para carne y leche en toros de los Montes de María del Departamento de Bolívar.

Los amplicones de la PCR fueron procesados en el Servicio de Secuenciación y Análisis Molecular (SSiGMol) del Instituto de Genética de la Universidad Nacional de Colombia en la ciudad de Bogotá, el reporte de envío también incluía un control positivo (C+) que se procesó al mismo tiempo que las muestras tanto en la reacción de secuenciación como en la electroforesis capilar.

4.3. Blast (basic local alignment search tool)

La herramienta de búsqueda de alineación local básica (BLAST) se utilizó para localizar las regiones de similitud entre secuencias obtenidas en la secuenciación.

4.4. Chromas y 4peaks

Las secuencias de nucleótidos obtenidos de los 66 toros se visualizaron con el programa 4Peaks versión 1.8 OS X 10.7 (<http://nucleobytes.com/index.php/4peaks>) y Chromas.

4.5. GENBANK NCBI (national center for biotechnology information):

Se utilizó la base de datos publica GenBank NCBI (National Center for Biotechnology Information, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>), la cual es una colección anotada de todas las secuencias de ADN disponibles al público que junto con DNA Databank of Japan y European Nucleotide Archive intercambian datos diariamente y la herramienta bioinformática BLAST nucleotide del NCBI para el alineamiento de las secuencias (NCBI, 2018).

Finalmente se refleja de forma esquemática, el grado de disimilaridad o parentesco genético entre los animales que fueron objeto de estudio.

5. Discusión

En la presente investigación se determinó la amplificación para tres genes de genes QTL's tanto de carne y leche (Tiroglobulina, Diacylglicerol Acyltransferasa, Calpastatina, μ -calpaínas, Miostatina y Prolactina) en ganado bovino, donde 8 toros tuvieron resultados positivo consistentes con el trabajo realizado por Rubio-Lozano et al. (2016), que analizaron el efecto de estos polimorfismos (CAPN-CAST) sobre la carne comercial, reportando que el trasfondo genético de origen de la carne estaba asociados a la frecuencia de alelos favorables, y que estos resultados tienen implicaciones importantes debido a la posibilidad de dirigir la clasificación de cortes específicos con base a este criterio validado significativamente, esto permite comprender la variación genética de las diferentes características de relevancia económica en la ganadería colombiana, y de esta manera contribuir al mejoramiento genético de la especie. Si se analizan algunos marcadores mas, que dentro del estudio se obtiene la producción de carne, se pueden encontrar los genes CAPN1, CAST y MYS (Motter et al., 2013, Flowers et al., 2018, Fernandes et al., 2020). Estos, permiten la adquisición de algunos atributos de la carne como la ternera, marmoleo y jugosidad. Sin embargo, se puede sugerir que, la productividad y rusticidad pueden encontrarse en algunas razas.

varios autores sugieren que algunos de sus genotipos están relacionados con la productividad y rusticidad en algunas razas

En Colombia, Zambrano et al. 2019 realizaron una evaluación genómica en ganado Holstein, usando genotipos imputados a densidad media en características productivas y reproductivas, por lo que la evaluación de las características de producción de leche (PL), porcentaje de proteína (PRO), porcentaje de grasa (GRA), puntaje de células somáticas (SCS), intervalo entre partos (IEP) y días abiertos (DA), son variables muy útiles dado que aumenta la confiabilidad de la evaluación

genómica tendido como base imputación de genotipos, aunque para efectos prácticos y dado el doble propósito del ganado en la costa caribe es más funcional el análisis de los QTL's para leche en este caso complementados con los QTL's usados en este trabajo.

El mejoramiento genético presenta dificultades, dada la limitada cantidad de registros productivos disponibles (Rincón et al. 2015), por lo tanto, la utilización de la selección asistida por marcadores moleculares permite acortar el intervalo generacional de manera importante y conocer características de interés que están bajo el efecto de muchos genes (Montaño y Martínez, 2010).

Para finalizar, el alineamiento y análisis bioinformático nos permite sugerir el no uso de los toros GU002, GU003, GU007, GU008 y GU010 correspondientes al municipio del Guamo, CO002, CO003, CO004, CO006 y CO008 del municipio de Córdoba, ZN014, ZN021 y ZN024 del municipio de Zambrano, SJ001, SJ002, SJ004, SJ005, SJ006 y SJ009 de San Jacinto, SJN002, SJN006, SJN010 y SJN012 del municipio de San Juan Nepomuceno como fuentes de semen o condición parental para la ganadería regional debido a que no cumple con los niveles mínimos genéticos para el ganado doble propósito.

Las calpaínas (CAPN) resultan estar implicadas en los diversos procesos de maduración y terneza de la carne (Goll et al., 2003). Dos ejemplos que pueden ilustrar el potencial estado del arte en la selección asistida por marcadores para las características de calidad de la carne son la Miostatina (MSTN) y el complejo calpaína (CAPN)-Calpastatina (CAST) (Torres-Rodríguez et al., 2015). En el caso de la hormona de crecimiento bovino (BGH), prolactina (PRL) y kappa caseína (KC), diversos autores indican su asociación con características de importancia en la producción lechera (Echeverry, et al., 2011).

En este estudio se utilizó una de las herramientas de la bioinformática BLAST porque es una herramienta que sirve para catalogar, manejar, analizar, comparar y graficar secuencias de DNA, RNA y proteínas, para que luego esos datos se puedan convertir en información que tenga un

significado biológico, según lo descrito por (Rodríguez-Osorio, 2015).

6. Conclusiones

De todos los lotes de animales muestreados, se sugiere no utilizar para mejoramiento genético y repoblamiento en bovinos, los toros con los siguientes códigos: GU002, GU003, GU007, GU008 y GU010 correspondientes al municipio del Guamo, CO002, CO003, CO004, CO006 y CO008 del municipio de Córdoba, ZN014, ZN021 y ZN024 del municipio de Zambrano, SJ001, SJ002, SJ004, SJ005, SJ006 y SJ009 de San Jacinto, SJN002, SJN006, SJN010 y SJN012 del municipio de San Juan Nepomuceno como sementales, debido a que no contienen los genes QTL's para Carne y para leche en las proporciones y cantidades mínimas necesarias, si la intención es buscar una ganadería doble propósito para la región de los Montes de María.

Dentro de los resultados obtenidos, se puede encontrar que, para la obtención de un impacto en la creación de un ganado doble propósito de toros en los Montes de María, es necesario realizar una profundización científica teniendo en cuenta la genética para el mejoramiento de la especie, sin embargo, todo dependerá del uso que se le dé a cada uno de los bovinos.

7. Recomendaciones

La mejora genética de las poblaciones persigue como principal objetivo obtener avances en características económicas importantes dentro del sistema de producción. Se logra generación tras generación a través del aumento de la frecuencia de genes favorables para la manifestación de una característica dada (aumento de producción de carne y/o leche). Este aumento de la frecuencia genética es posible valiéndose del uso continuo de reproductores superiores, cuyo germoplasma aplicado al animal comercial, es la clave para que este mejore a través de las generaciones, lo que sugiere que aquellos toros que no presentan la carga genética mínima requerida. Para considerar a este ganado como doble propósito deben ser eliminados, cambiados o vendidos y remplazarlos por aquellos que pasen el cribaje molecular, o en su defecto hacer inseminación con pajillas de machos certificados molecularmente con la carga genética mínima requerida.

Esto nos lleva a ser más cuidadosos en los programas de mejoramiento productivo, existen otros genes QTL's a tener en cuenta.

Se recomienda, dentro del estudio realizado, la no utilización de los lotes de códigos: GU002, GU003, GU007, GU008 y GU010 correspondientes al municipio del Guamo, CO002, CO003, CO004, CO006 y CO008 del municipio de Córdoba, ZN014, ZN021 y ZN024 del municipio de Zambrano, SJ001, SJ002, SJ004, SJ005, SJ006 y SJ009 de San Jacinto, SJN002, SJN006, SJN010 y SJN012 del municipio de San Juan Nepomuceno como sementales. Porque, debido a que no contienen los genes QTL's para Carne y para leche en las proporciones y cantidades mínimas necesarias, en el caso en que la intención es buscar una ganadería doble propósito para la región de los Montes de María.

Por otro lado, se encuentra, dentro de los hallazgos encontrados que, el desarrollo de un proyecto enfocado en la genética molecular de los toros, requiere mayor profundización de estudio dentro

del marco de lo investigativo y científico, se recomienda que, se establezcan análisis de mayor amplitud para la mejora genética de las diferentes razas de esta especie teniendo en cuenta los códigos genéticos que no generarán un efecto a futuro.

8. Referencias bibliográficas

- Aguilar Bultet, L. y Falquet, L. (2015). Secuenciación y ensamblaje *de novo* de genomas bacterianos: una alternativa para el estudio de nuevos patógenos. *Rev. Salud Anim.* 37 (2)125-132 ISSN: 2224-4700
- Aguilera Díaz, M. (2014). La economía de los Montes de María. [Consultado: 24 de enero de 2021], Disponible en: <http://repositorio.utb.edu.co/handle/20.500.12585/9816>
- Amar Sepúlveda, P. A., Amézquita López, J. A., Zapata Rodríguez, A., Martínez Torres, D. C., Ligardo Herrera, I. E., Rodríguez Gutiérrez, I. D. y Fernández de Lucio, I. (2016). Plan Estratégico y Prospectivo de Innovación y Desarrollo Científico y Tecnológico 2010-2032 del Departamento de Bolívar. [Consultado: 6 de abril de 2021], Disponible en: <http://repositorio.colciencias.gov.co:8080/handle/11146/319>
- Ansorge, W. (2009). Next-generation DNA sequencing techniques. *New Biotechnology* 25(4) April 2009. doi:10.1016/j.nbt.2008.12.009
- Ari, A. Arikan, M. (2017). Next- generation sequencing: advantages, disadvantages, and future. DOI: 10.1007/978-3-319-31703-8_5
- Barendse WJ, Bunch R, Thomas M, Armitage S, Baud S, Donaldson N. The TG5 thyroglobulin gene test for a marbling quantitative trait loci evaluated in feedlot cattle. *Aust J Exp Agr* 2004; 44:669-674.
- Bautista, R. 2010. Las tres generaciones de la secuenciación. ¿cómo funciona? 3(128). Marzo-mayo 2010.
- Berg, J. Tymoczko, J. Stryer, L. (2008). La investigación de genes y genomas. *Bioquímica*. 6ta Edición. Editorial Reverte. ISBN: 978-84-291-7600- 1. 138 pp. Barcelona
- Blanco, S. y Madrid, (2011). Pirosecuenciación. Otras tecnologías. Técnicas de identificación de

polimorfismos genéticos. Aspectos fundamentales del citocromo P450. Serie ciencias biomédicas. Editorial Colección docencia universitaria. ISBN: 978-84-937689-9-7. 134pp.

Bragg LM, Stone G, Butler MK, Hugenholtz P y Tyson GW. (2013). Shining a Light on Dark Sequencing: Characterising Errors in Ion Torrent PGM Data. *PLoS Comput Biol* 9(4): e1003031. doi:10.1371/journal.pcbi.1003031

Casas E, Shackelford SD, Keele JW, Stone R.T, Kappes SM, Koohmaraie M. 2000. Quantitative trait loci affecting growth and carcass composición of cattle segregating alternative forms of myostatin. *J Anim Sci* 78:560-569.

Chee Seng, K. y Dimitrios H. (2013). From next-generation sequencing to nanopore sequencing technology: paving the way to personalized genomic medicine, *Expert Review of Medical Devices*, 10:1, 1-6, DOI: 10.1586/erd.12.63

Chu, Y. y Corey, D. (2012). RNA sequencing: platform selection, experimental design, and data interpretation. *NUCLEIC ACID THERAPEUTICS* 22(4). Mary Ann Liebert, Inc. DOI: 10.1089/nat.2012.036

Clop, A. Nyman, G. Sánchez, A. Noguera, J. y Anderson, L. (2000). Detección del origen filogenético de diferentes poblaciones porcinas españolas por pirosecuenciación de una región del citocromo B del ADN mitocondrial porcino. *ITEA*. 96(3). 220-224

Conpes, 2010 Consejo Nacional de Política Económica y Social República de Colombia Departamento Nacional de Planeación POLÍTICA NACIONAL PARA MEJORAR LA COMPETITIVIDAD DEL SECTOR LACTEO COLOMBIANO <https://www.minagricultura.gov.co/ministerio/direcciones/Documents/d.angie/conpes%203675.pdf>

Contreras-Santos, J. L., Martínez-Atencia, J., Cadena-Torres, J., y Falla-Guzmán, C. K (2020), Evaluación del carbono acumulado en suelo en sistemas silvopastoriles del Caribe

colombiano. *Agronomía Costarricense*, 44(1), 29-41. [Consultado: 14 de enero de 2021], Disponible en: <https://www.scielo.sa.cr/pdf/ac/v44n1/0377-9424-ac-44-01-29.pdf>

Corporación PBA. 2012. Programa de mejoramiento de la competitividad de la cadena láctea con pequeños productores de la región Caribe a través de la implementación de sistemas Silvopastoriles (SSP) mediante estrategias de Innovación Rural Participativa (IRP).

Corva P, Soria L, Papaleo Mazzuco J, Villareal E, Melucci L, Mezzadra C, Schor A, Motter M. 2007. Evaluación de marcadores moleculares asociados a diferencias en terneza de la carne de novillos Brangus. En, XX Reunión Asociación Latinoamericana de Producción Animal. Cusco, Peru. *Arch Latinoam Prod Anim* 15 (Supl. 1): 436.

Costello S, O'Doherty E, Troy DJ, Ernst CW, Kim KS, Stapleton P, Sweeney T y Mullen AM. (2007). Association of polymorphisms in the calpain I, capain Ii and growth hormone genes with tenderness in bovine M longissimus dorsi. *Meat Sci.* 75:551-557.

Crouse JD, Cundiff LV, Koch RM, Kohmaraire M, Seideman SC. 1989. Comparison of *Bos indicus* and *Bos taurus* inheritance for carcass beef characteristics and meat palatability. *J Anim Sci* 67:2661-2671.

Durán Rojas, E., Calderón Rangel, A., y Ramírez Montoya, J. (2020), Clasificación de empresas ganaderas doble propósito por calidad y canales de comercialización de la leche en el Caribe colombiano. [Consultado: 26 de enero de 2021], Disponible en: <https://repository.udca.edu.co/handle/11158/3682>

ECHEVERRY, J.; LÓPEZ-HERRERA, A.; RINCÓN, J. 2011. Inclusión de los Marcadores Moleculares para algunos genes de Importancia Económica en la Evaluación Genética de Toros y Vacas Lecheras en Colombia. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal* 1:430-433.

EMBnet Colombia. (2021). Algoritmos de comparación de secuencias [Consultado: 6 de abril de

2021], Obtenido de EMBnet Colombia: <https://n9.cl/ofcd3>

Escamilla M. (2019). Tesis Establecimiento de las condiciones de crecimiento que permitan estudiar la cascada de esporulación de *Oceanobacillus iheyensis* https://biocomputo.ibt.unam.mx/tesis/mirolava_licenciatura.pdf

FAO. 2008. Estado de la cuestión en la gestión de los recursos zoogenético. En: Métodos de mejora genética en apoyo de una utilización sostenible. p 418.

FEDEGAN. 2015. Federación Nacional De Ganaderos. Manual práctico del ganadero. Disponible En: www.fedegan.gov.co, p.58. Accesado abril de 2015.

Fernandes, J. S., Crispim, B. A., Seno, L. O., Aspilcueta, R. R. y Barufatti, A. (2020). Polymorphisms related to bovine leptin gene and association with productive and reproductive traits in Nellore heifers. *Tropical Animal Science Journal*, 43(1), 18-24.

Flowers, S., Hamblen, H., Leal-Gutiérrez, J. D., Elzo, M. A., Johnson, D. A. y Mateescu, R. G. (2018). Fatty acid profile, mineral content, and palatability of beef from a multibreed Angus–Brahman population. *Journal of Animal Science*, 96, 4264–4275. doi: 10.1093/jas/sky300

Goll D.E., V.F. Thompson H. Li, W. Wei, y J. Cong. (2003). The calpain system. *Physiol. Rev.* 83(3): 731-801.

Gómez, R. 2008. Enciclopedia Bovina. Universidad Nacional Autónoma de México. Capítulo 8. Mejoramiento genético en bovinos. ISBN 978-970-32-4359-4. Consultado: abril 20 de 2015 on line http://www.fmvz.unam.mx/fmvz/e_bovina/08MejoramamientoGenetico.pdf

Goren, A. Ozsolac, F. Shores, N. Ku, M. Adli, M. Hart, C. Gymrek, M. Regev, A. Milos, P. y Bernstein, B. (2010). Chromatin profiling by directly sequencing small quantities of immunoprecipitated DNA. *Nat Methods*. 2010 January. 7(1): 47–49. doi:10.1038/nmeth.1404.

Gutiérrez-Salamanca, M. (2017). Diversidad genética de bananos y bananitos con microsatélites

fluorescentes. Maestría en Ciencias Biológicas. [Consultado: 6 de abril de 2021], Disponible en: <https://repositorio.unal.edu.co/handle/unal/78310>

Hedges, D. Guettouche, T. Yang, S. Bademci, G. Diaz, A. Andersen, A. Hulme, W. Linker, S. Mehta, A. Edwards, Y. Beecham, G. Martin, E. Pericak Vance, M. Zuchner, S. Vance, Z. y Gilbert, J. (2011). Comparison of three targeted enrichment strategies on the SOLiD sequencing Platform. *Platform. PLoS ONE* 6(4): e18595. doi:10.1371/journal.pone.0018595

Hernández-Flores, Cecilia & Valdez, Rene. (2018). Análisis de iniciadores con herramientas bioinformáticas libres en línea.

Huang, W. Li, L. Myers, J. y Marth, G. (2011). A next-generation sequencing read simulator. *Bioinformatics applications note*. 28(4). 593–594 doi:10.1093/bioinformatics/btr708

Jerez T. Nancy, MSc, PhD. Aplicación de tecnologías genómicas para la selección de caracteres de interés en la calidad de carnes para el ganado doble-propósito. Capítulo XIX 210-219.

Koohmaraie, M. (1996). Biochemical factors regulating the toughening and tenderization processes of meat. *Meat Science*, 43, 193–201. doi:10.1016/0309-1740(96)00065-4

Koneman, E. Allen, S. Winn, W. Janda, W. Procop, G. Scherckenberger, P. y Woods, G. (2008). Amplificación de ácidos nucleicos en tiempo real. Capítulo 4. Microbiología molecular. Diagnóstico microbiológico. Texto y atlas en color. 6ta edición. Editorial Panamericana. ISBN: 978-950-06-0895-4. 146 pp. Buenos Aires

Kchouk, M. Gibrant, F. Elloumi, M. (2017). Generations of sequencing technologies: from first to next generation. *Biol Med (Aligarh), an open access journal*. 9(3). ISSN: 0974-8369. doi:10.4172/0974-8369.1000395

Lander, E. S., & Botstein, D. (1989). Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. *Genetics*, 121(1), 185–199. <https://doi.org/10.1093/genetics/121.1.185>

- Lay- Son, G y Leon, L. (2015). Perspectivas actuales sobre el diagnostico genómico en pediatría. *Rev Chil Pediatr.* 86 (1): 3-11- DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.rchipe.2015.04.002>
- Lenis, C., Ramos, L., Londoño, M., Hernández, D., y Álvarez, L. (2018), Polimorfismos de los genes calpaína y calpastatina en el ganado criollo colombiano Hartón del Valle. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 29(3), 818-827. [Consultado: 6 de abril de 2021], Disponible en: <https://n9.cl/terneza>
- Mamani-Mondragón, C. V. (2018). Mapa físico de polimorfismos de nucleótido simple en Alpaca (Vicugna pacos) usando un panel de células híbridas irradiadas Alpaca/Hámster. [Consultado: 7 de abril de 2021], Disponible en: <http://repositorio.lamolina.edu.pe/handle/UNALM/3592>
- Mejía, L. B. y Mendieta, I. H. (2020). Notas sobre la economía política del caribe colombiano. 20 años de estudios sobre el Caribe colombiano, 335. [Consultado: 26 de enero de 2021], Disponible en: <https://n9.cl/mejiaymendieta2021>
- Merriman, B. Agunaldo, K. Alanjary, M. y Altun, G. (2012). Progress in Ion Torrent semiconductor chip-based sequencing Electrophoresis. *Electrophoresis.* 33, 3397–341. DOI: 10.1002/elps.201200424 · Source: PubMed
- Montaño, M., Martínez, G. (2010). Guía técnica de programas de control de producción y mejoramiento genético en bovinos de carne. *Bovinos de Carne*, Conargen, México
- Motter, M. M., Corva, P. M., Marrube, G., Miquel, M. C., Papaleo, J., Villarreal, E. L., Melucci, M. L., Mezzadra, C. A., Schor, A., Soria, L. A. (2013). Asociación de dos marcadores del gen de la calpastatina con variables productivas de novillos Brángus engordados en pasturas. *Revista Argentina de Producción Animal* 33(1), 21-29.
- Mullen AM, Stapleton PC, Corcoran D, Hamill R.M, White A. 2006. Understanding meat quality through the application of genomic and proteomic approaches. *Meat Sci* 74:3-16.

- Muzzey, D., Kash, S., Johnson, JI, Melroy, LM, Kaleta, P., Pierce, KA, ... y Haas, KR (2019). Revisión manual asistida por software de datos clínicos de secuenciación de próxima generación: una alternativa a la confirmación de secuenciación de Sanger de rutina con resultados equivalentes en > 15.000 pantallas de ADN de línea germinal. *The Journal of Molecular Diagnostics* , 21 (2), 296-306.
- Nucleobytes.2001. (2001). nucleobytes. 4peaks [Consultado: 6 de abril de 2021], Obtenido de <https://nucleobytes.com/4peaks/>
- Orlando, L. Ginolhac, A. Raghavan, M. Vilstrup, J. Radmussen, M. Magnussen, K. Steinmann, K. Kapranov, P. Thompson, J. Zazula, G. Froese, D. Moltke, I. Shapiro, BB. Hofreiter, M. Al-Rasheid, K. Gilbert, M. y Willerslev, E. (2011). True single-molecule DNA sequencing of a pleistocene horse bone. *Genome research* 21:1705–1719. <http://www.genome.org/cgi/doi/10.1101/gr.122747.111>
- Ortiz-Colon G, Bosques J, Marrero D, Martinz E, Rivera M, Casas A, Cianzio D, Pagán M. 2007. Asociación de polimorfismos de nucleótidos simples en el locus del gen de la fosfodiesterasa 1 B (PDE1B) con la grasa corporal en toretes criados a pastoreo. XX Reunión Asociación Latinoamericana de Producción Animal. Cusco, Perú. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* Vol. 15 (Supl. 1): 447.
- Page BT, Casas E, Quaas RL, Thallman RM, Wheeler TL, Shackelford SD, Koohmaraire M., White SN, Bennett GL, Keele JW, Dikeman ME, Smith TPL. 2004. Association of markers in the bovine CAPN1 gene with meat tenderness in large crossbred populations that sample influential industry sires. *J Anim Sci* 82: 3474-3481.
- Parra-Bracamonte, G. M., Vázquez-Armijo, J. F., López-Villalobos, N., Martínez-González, J. C., & Magaña-Monforte, J. G. CARNE BOVINA EN MÉXICO: CANTIDAD, CALIDAD, LA PERSPECTIVA GENÉTICA Y LA PROMESA GENÓMICA [BEEF IN MEXICO:

QUANTITY, QUALITY, THE GENETIC PERSPECTIVE AND THE GENOMIC PROMISE].

- Pérez Pérez, G. Portal Celhay, C. Bosques Padilla, F. y Garza González E. (2006). Desarrollo de un protocolo de pirosecuenciación para la tipificación del polimorfismo del gen de la interleucina- 1 β en el estudio del riesgo al desarrollo de cáncer gástrico. *Rev Gastroenterol Mex*, 72(1).
- Pushkarev, D. Neff, N. y Quake, S. (2009). Single- molecule sequencing of an individual human genome. *Nature biotechnology*. Letters 27 (9). 847–850. doi:10.1038/nbt.1561.
- Rhoads, A. y Au, K. (2015). PacBio sequencing and Its applications. <http://dx.doi.org/10.1016/j.gpb.2015.08.002>
- Rincón JC, Zambrano JC, Echeverri JJ. Estimation of genetic and phenotypic parameters for production traits in Holstein and Jersey from Colombia. *Rev MVZ Córdoba*. 2015; 20(Supl):4962-4973. <https://doi.org/10.21897/rmvz.11>
- Rocha JL, Pomp D, Van Vleck LD. 2002. QTL analysis in livestock. Vol 12:311-345. En: *Methods in Molecular Biology. Quantitative Trait Loci. Methods and Protocols*. Ed: N.J. Camp y A. Com. Human Press. Inc. Totowa, NJ. USA.
- Rodriguez-Osorio, Nelida. (2019). *Genómica y Bioinformática: Sus aplicaciones es salud y producción animal*.
- Rojas, P. y Jiménez, J. (2018). *Métodos de secuenciación de ADN*. ResearchGate. DOI: 10.13140/RG.2.2.35313.1776.
- Rubio-Lozano, M.S., S. Alfaro-Zavala, A.M. Sifuentes-Rincón, G.M. Parra-Bracamonte, D. Brana-Varela, R.D.M. Medina, C. Pérez-Linares, F. Ríos-Rincón, A. Sánchez-Escalante, G. Torrescano-Urrutia & F. Figueroa-Saavedra. 2016. Meat tenderness genetic and genomic variation sources in commercial beef cattle. *Journal of Food Quality* 39: 150-156.

<https://doi.org/10.1111/jfq.12185>.

- Salipante, S. Kawashima, T. Rosental, C. Hoogestraat, D. Cummings, L. Sengupta, D. Harkins, T. Cookson, B. Hoffman, N. (2014). Performance comparison of Illumina an Ion Torrent Next-Generation sequencing platforms for 1s rRNA-Based Bacterial Community profiling. American Society for Microbiology. All Rights Reserved. doi:10.1128/AEM.02206-14
- Schenkel FS, Miller SP, Ye X, Mooore SS, Nkrumah JD, Li C, Yu J, Mandell I.B, Wilton JW, Williams JL. 2005. Association of nucleotide polymorphism in the leptin gene with carcass and meat quality of beef cattle. *J Anim Sci* 83: 2009-2020.
- Soria L, Corva P, Papaleo Mazzuco J, Melucci L, Villareal E, Mezzadra C, Sivestro C, Schor A, 2007. Polimorfisms en el gen PPARGC1en bovinos de carne. XX Reunión Asociación Latinoamericana de Producción Animal. Cusco, Perú. *Arch Latinoam Prod Anim*. 15 (Supl. 1): 335.
- Suárez Moya, A. Microbioma y secuenciación masiva. 2017. *Revista española de quimioterapia*. ISSN: 0214-3429. Vol. 30(5): 305-311
- Timaure, N. J. CARACTERÍSTICAS DE LA CANAL Y DE LA CARNE.
- Tremillo-Maldonado, O., Molina-Frechero, N., González-González, R., Damián-Matsumura, P., Sánchez-Pérez, L., Sicco, E., ... y Bologna-Molina, R. (2020). La secuenciación del ADN revela variaciones de AMELX, ODAM y MMP20 en la fluorosis dental. *Archivos de biología oral*, 110, 104626.
- Villareal M, Mezzadra E, Melucci L, Soria L, Corva P, Schor A. 2007. Caracteres de crecimiento y de la canal de novillos en engorde en pastoreo que discriminan genotipos del marcador CAPN1 316. XX Reunión Asociación Latinoamericana de Producción Animal. *Arch Latinoam Prod Anim* 15 (Supl. 1): 446.
- Voet, D. Voet, J. Pratt, C. (2007). *Secuenciación de ácidos nucleicos*. Cap. 3. Nucleótidos, ácidos

nucléicos e información genética. Fundamentos de bioquímica. La vida a nivel molecular. 2ª edición. Edit. Panamericana. ISBN: 978-950-06-2314-8. 56-59 pp. Buenos Aires, Argentina, Sección 3-4.

White SN, Casas E, Wheeler TL, Shackelford SD, Koohmaraie M, Riley DG, Chase CC, Johnson DD, Keele JW, Smith TPL. 2005. A new SNP in CAPN1 is associated with tenderness in cattle of *Bos indicus*, *Bos taurus* and crossbred descent. *J Anim Sci* 83:2001-2008.

Zambrano, J. C., Echeverri, J., & Herrera, A. L. (2019). Evaluación genómica en ganado Holstein Colombiano, usando genotipos imputados a densidad media. *Revista MVZ Córdoba*, 24(2), 7248-7255.

ANEXOS

Anexo 1. Resumen de los resultados totales de los animales muestreados durante toda la ejecución del proyecto.

Confinamiento	Ubicación	Animales Muestreados	Resultados (presencia de genes de carne y leche)		Códigos
			+	-	
1	San Juan Nepomuceno	12	8	4	SJN001-SJN012
2	San Jacinto	10	4	6	SJ001 - SJ010
3	Córdoba	10	5	5	CO001-CO010
4	El Guamo	10	5	5	GU001-GU010
5	Zambrano	24	21	3	ZN001 - ZN024
TOTAL		66	43	23	

Anexo 2. Información del origen, finca y codificación de cada toro suministrado por el operador.

REGISTRO DE MUESTRAS DE SANGRE DE TOROS PARA ANÁLISIS MOLECULAR DE GENES QTL's				
Municipio	SAN JUAN NEPOMUCENO			
No.	Color	Codigo del tubo	Finca	Observaciones
1	Gris	SJN001	Virgen del Carmen	Brahman
2	Rojo	SJN002		Gyr puro
3	Blanco	SJN003	El progreso	Brahman
4	Blanco	SJN004		Brahman
5	Rojo panquerido	SJN005		Brahman/Gyr
6	Rojo	SJN006		Cebú
7	Gris	SJN007		Pardo x Cebú
8	Barcino	SJN008		Simental/Cebu
9	Rojo	SJN009	La vitrina	Gyr/Cebú
10	Blanco cara negra	SJN010		Gyr puro
11	Negro	SJN011	La Bendición	Holstein/Cebu
12	Bayo	SJN012		Cebú

REGISTRO DE MUESTRAS DE SANGRE DE TOROS PARA ANÁLISIS MOLECULAR DE GENES QTL's				
Municipio:	SAN JACINTO			
No.	Color	Codigo del tubo	Finca	Observaciones
1	Rojo	S1001	Santa Lucia	Brahman/Cebú
2	Rojo	S1002		Brahman/Cebú
3	Gris	S1003	Cataluña	Brahman
4	Blanco	S1004		Brahman
5	Rojo	S1005	Cocoelito	Brahman
6	Rojo	S1006	La fama	Brahman/Cebú
7	Negro	S1007	VillaRica	Holstein/Cebú
8	Berrendo	SJ00S		Holstein/Cebú
9	Blanco	S1009		Holstein puro
10	Rojo	S1010	La Virgen	Brahman

REGISTRO DE MUESTRAS DE SANGRE DE TOROS PARA ANÁLISIS MOLECULAR DE GENES QTL's				
Municipio:	CÓRDOBA			
No.	Color	Código del tubo	Finca	Observaciones
1	Blanco	CO001	La Gloria	BON (Blanco orejinegro)
2	Bayo	CO002		Brahman
3	Rojo	CO003		Brahman
4	Rojo	CO004		Brahman
5	Rojo	CO005		Brahman
6	Rojo	CO006		Brahman
7	Rojo	CO007		Gyr
8	Blanco	CO008	La Delicias	Cebú
9	Rojo	CO009		Brahman/Gyr
10	Rojo	CO010		Gyr

REGISTRO DE MUESTRAS DE SANGRE DE TOROS PARA ANÁLISIS MOLECULAR DE GENES QTL'S				
Municipio:	EL GUAMO			
No.	Color	Código del tubo	Finca	Observaciones
1	Rojo	GU001	La Unión	Bra x cebú
2	Negro careto	GU004	Alemania	Simmental x Cebú x Gyr
3	Bayo	GU005		Brahman x Gyr
4	Bayo	GU006		Brahman x Gyr
5	Blanco	GU007		Brahman
6	Berrendo	GU008		Cebú
7	Negro	GU009		Holst x Cebú f1
8	Bayo	GU010		Brahman
9	Rojo panquerido	GU002		la Esmeralda
10	Rojo	GU003	Brahman	

REGISTRO DE MUESTRAS DESANGRE DETOROS PARA ANÁLISIS MOIECULAR DE GENES QTL'S				
Municipio:	ZAMBRANO			
No.	Color	Código del tubo	Finca	Observaciones
1	Cardereo negro	ZN001	Puerto Nuevo	Holstein/Cebú F1
2	Barcino negro	ZN002		Brahman/Holstein F1
3	Negro	ZN003		Holstein/Cebú F1
4	Negro	ZN004		Holstein/Cebú F1
5	Barcino	ZN005		Holstein/Cebú F1
6	Barcino	ZN006		Holstein/Cebú F1
7	Negro listón	ZN007		Holstein/Cebú F1
8	Negro	ZN008		Holstein/Cebú F1
9	Negro	ZN009		Holstein/Cebú F1
10	Blanco	ZN010		Brahman
11	Blanco cenizo	ZN011		Guzerat
12	Gris	ZN012		Guzerat
13	Blanco	ZN013		Brahman
14	Blanco	ZN014		Brahman
15	Gris	ZN015		Guzerat
16	Gris	ZN016		Guzerat
17	Blanco	ZN017		Brahman
18	Gris	ZN018		Guzerat
19	Gris	ZN019		Guzerat
20	Blanco	ZN020		Brahman
21	Blanco	ZN021		Brahman
22	Gris	ZN022		Guzerat
23	Blanco	ZN023		Brahman
24	Blanco	ZN024		Brahman

ANEXO 3.						
Resultados de la amplificación de los genes en cada semoviente muestreado en los 16 confinamientos (fincas).						
Municipio 1. San Juan Nepomuceno, Códigos SJN001-SJN012.						
Tubo	Genes QTL'S Carne (Homologia Blast)			Genes QTL'S Leche (Homologia Blast)		
	A-CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaina	Calpastatina	Miostatina	Diacylglicerol Acyltransferasa	Prolactina	Tiroglobulina
SJN001	171,6	685,96	415,14	191,29	161,59	177,1
SJN002	0	0	467,06	178,2	117,94	183,26
SJN003	191,29	617,16	493,57	197,67	147,18	180,62
SJN004	182,82	533,17	457,05	262,13	116,05	192,72
SJN005	155,87	626 01	482,02	180,07	127,71	174,57
SJN006	182,71	507,65	482,02	0	0	0
SJN007	181,92	592,57	477,07	162,14	168,74	184,58
SJN008	167,31	557,81	459,14	17.974	121,42	165,88
SJN009	176,83	717,97	454,08	188,21	131,56	183,7
SJN010	0	0	0	174,9	127,82	395,78
SJN011	171,82	561,44	616,22	184,69	129,15	160,16
SJN012	171,16	593,12	462,44	0	0	159,28

Tubo	Genes QTL'S Carne (Homologia Blast)			Genes QTL'S Leche (Homologia Blast)		
	A-CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaina	Calpastatina	Miostatina	Diacylglicerol Acyltransferasa	Prolactina	Tiroglobulina
SJN001	97,60%	97,30%	97,40%	99,00%	97,30%	98,90%
SJN002						
SJN003	99,00%	97,10%	98,60%	98,90%	97,10%	98,90%
SJN004	98,90%	98,90%	97,30%	97,30%	98,90%	98,90%
SJN005	98,90%	99,00%	97,30%	95,40%	99,00%	97,30%
SJN006						
SJN007	95,40%	98,90%	96,70%	98,90%	99,00%	97,30%
SJN008	97,10%	97,30%	97,60%	99,00%	97,30%	98.9%
SJN009	98,90%	95,40%	98,90%	98,90%	95,40%	99,00%
SJN010						
SJN011	98,90%	98,90%	98,90%	97,30%	97,40%	98,90%
SJN012						

Municipio 2. San Jacinto, Códigos SJ01-SJ10						
Tubo	Genes QTL'S Carne (Homologia Blast)			Genes QTL'S Leche (Homologia Blast)		
	A-CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaina	Calpastatina	Miostatina	Diacylglicerol Acyltransferasa	Prolactina	Tiroglobulina
SJ001	173,25	570,68	604,12	0	0	0
SJ002	130,57	553,19	578,38	171,71	0	0
SJ003	234,96	637,01	454,74	191,95	53,57	171,27
SJ004	203,17	586,19	487,96	0	0	0
SJ005	248,6	726,66	589,38	0	0	174,68
SJ006	241,01	44.726	599,28	0	0	184,58
SJ007	147,62	704,88	564,08	179,08	138,38	168,52
SJ008	181,72	561,44	431,97	180,84	142,45	176,88
SJ009	151,58	0	0	171,60	117,81	186,78
SJ010	112,71	598,07	466,51	169,73	153,78	173,03

Tubo	Genes QTL'S Carne (Homologia Blast)			Genes QTL'S Leche (Homologia Blast)		
	A-CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaina	Calpastatina	Miostatina	Diacylglicerol Acyltransferasa	Prolactina	Tiroglobulina
SJ001						
SJ002						
SJ003	99,00%	97,10%	98,60%	98,90%	97,10%	98,90%
SJ004						
SJ005						
SJ006						
SJ007	95,40%	98,90%	96,70%	98,90%	99,00%	97,10%
SJ008	97,10%	97,30%	97,60%	99,00%	97,30%	98,90%
SJ009						
SJ010	99,00%	97,10%	95,20%	98,90%	99,00%	98,90%

Municipio 3. Córdoba, códigos CO001-CO010

Tubo	Genes QTL'S Carne (Homología Blast)			Genes QTL'S Leche (Homología Blast)		
	A-CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpain a	Calpastatin a	Miostatin a	Diacylglycerol Acyltransferasa	Prolactin a	Tiroglobulin a
CO001	225,16	627,25	237,9	339,41	171,08	245,31
CO002	239,85	613,47	228,8	0	0	285,61
CO003	231,01	635,18	214,5	235,43	0	0
CO004	249,08	711,23	300,3	0	0	219,83
CO005	244,92	698,23	304,2	516,23	151,84	234,39
CO006	265,07	666,38	243,1	0	0	0
CO007	247,00	631,80	188,50	250,9	145,99	246,09
CO008	233,09	633,49	226,2	0	156,52	0
CO009	261,82	645,19	256,1	241,15	163,15	232
CO010	234,78	708,76	237,9	255,06	172,51	240,37

Tubo	Genes QTL'S Carne (Homología Blast)			Genes QTL'S Leche (Homología Blast)		
	A-CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpain a	Calpastatin a	Miostatin a	Diacylglycerol Acyltransferasa	Prolactin a	Tiroglobulin a
CO001	99,90%	99,90%	98,30%	99,10%	99,90%	99,70%
CO002						
CO003						
CO004						
CO005	98,30%	98,40%	100,00%	98,30%	100,00%	99,30%
CO006						
CO007	98,10%	99,60%	99,90%	97,70%	99,90%	98,60%
CO008						
CO009	100,00%	99,90%	96,40%	99,90%	98,20%	99,10%
CO010	99,90%	98,30%	100,00%	100,00%	98,90%	99,20%

Municipio 4. El Guamo, códigos GU001-GU010						
Tubo	Genes QTL'S Carne (Homologia Blast)			Genes QTL'S Leche (Homologia Blast)		
	A- CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaina	Calpastatin a	Miostatin a	Diacylglycerol Acyltransferasa	Prolactin a	Tiroglobulin a
GU001	575,3	231,7	453,2	398,1	734,6	342,2
GU004	486,2	673,1	673,1	435,2	873,2	824,2
GU005	418,2	453,7	472,6	482,6	874	724,4
GU006	883,5	563,9	872,1	583,1	762,1	635,1
GU007	660,9	298,7	321,8	0	341,4	0
GU008	563,1	934,5	458,9	0	0	672,1
GU009	487,2	783,1	785,3	764,5	231,8	723,1
GU010	327,9	721,2	872,4	0	0	0
GU002	743,4	743,2	473,4	0	452,1	0
GU003	634,1	672,1	327,6	0	0	345,2

Tubo	Genes QTL'S Carne (Homologia Blast)			Genes QTL'S Leche (Homologia Blast)		
	A- CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaina	Calpastatin a	Miostatin a	Diacylglycerol Acyltransferasa	Prolactin a	Tiroglobulin a
GU001	99,90%	98,30%	100,00%	99,50%	98,60%	100
GU004	98,30%	99,50%	99,60%	97,90%	98,60%	99,70%
GU005	99,90%	98,20%	98,40%	97,40%	97,90%	98,40%
GU006	97,50%	99,34%	98,80%	98,50%	97,90%	98,90%
GU007						
GU008						
GU009	98,60%	98,70%	98,80%	98,3	99,90%	98,80%
GU010						
GU002						
GU003						

Municipio 5. Zambrano, códigos ZN01-ZN24

Tubo	Genes QTL'S Carne (Homología Blast)			Genes QTL'S Leche (Homología Blast)		
	A- CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaina	Calpastatin a	Miostatin a	Diacylglycerol Acyltransferas a	Prolactina	Tiroglobulin a
ZN001	202,80	810,68	490,62	226,07	190,97	209,3
ZN002	210,47	1049,36	551,98	210,60	163,02	216,58
ZN003	226,07	800,28	583,31	233,61	173,94	213,46
ZN004	216,06	630,11	540,15	309,79	137,15	227,76
ZN005	184,21	739,83	569,66	212,81	150,93	206,31
ZN006	215,93	599,95	569,66	209,69	154,18	226,98
ZN007	217,36	700,31	563,81	191,62	199,42	218,14
ZN008	197,73	659,23	542,62	212,42	145,86	196,04
ZN009	209,04	848,51	536,64	222,43	155,48	217,10
ZN010	215,28	607,62	589,03	206,7	151,06	467,74
ZN011	203,06	663,52	728,26	218,27	152,75	119,28
ZN012	202,28	700,96	546,52	236,47	159,12	188,24
ZN013	204,75	674,44	713,96	206,18	139,23	217,36
ZN014	154,31	653,77	683,54	0	0	0
ZN015	277,68	752,83	537,42	226,85	63,31	202,41
ZN016	240,11	692,77	576,68	214,11	148,07	200,33
ZN017	293,80	858,78	696,54	221,91	149,63	206,44
ZN018	284,83	528,58	708,24	205,01	149,5	218,14
ZN019	174,46	833,04	666,64	211,64	163,54	199,16
ZN020	214,76	663,52	510,51	213,72	168,35	209,04
ZN021	179,14	685,62	517,66	0	139,23	0
ZN022	215,93	706,81	551,33	200,59	181,74	204,49
ZN023	345,80	858,52	610,22	212,42	152,23	283,01
ZN024	190,97	733,2	557,57	0	0	0

Tubo	Genes QTL'S Carne (Homología Blast)	Genes QTL'S Leche (Homología Blast)
------	-------------------------------------	-------------------------------------

	A- CAPN1	B- CAST	C-MSTN	D- DGAT1	E-PRL	F-TO
	Calpaina	Calpastatin a	Miostatin a	Diacylglycerol Acyltransferas a	Prolactina	Tiroglobulin a
ZN001	97,60%	97,30%	97,40%	99,00%	97,30%	98,90%
ZN002	98,90%	95,40%	99,00%	98,90%	95,40%	99,00%
ZN003	99,00%	97,10%	98,60%	98,90%	97,10%	98,90%
ZN004	98,90%	98,90%	97,30%	97,30%	98,90%	98,90%
ZN005	98,90%	99,00%	97,30%	95,40%	99,00%	97,30%
ZN006	97,30%	98,90%	97,50%	97,10%	98,90%	95,40%
ZN007	95,40%	98,90%	96,70%	98,90%	99,00%	9710,00%
ZN008	97,10%	97,30%	97,60%	99,00%	97,30%	98,90%
ZN009	98,90%	95,40%	98,90%	98,90%	95,40%	99,00%
ZN010	99,00%	97,10%	95,20%	98,90%	99,00%	98,90%
ZN011	98,90%	98,90%	98,90%	97,30%	97,40%	98,90%
ZN012	98,90%	98,90%	97,30%	95,40%	97,20%	97,30%
ZN013	97,30%	97,30%	95,40%	97,10%	98,60%	95,40%
ZN014						
ZN015	97,10%	97,10%	98,90%	97,20%	97,30%	97,40%
ZN016	97,40%	98,90%	94,20%	98,60%	97,50%	97,20%
ZN017	97,20%		98,90%	97,30%	99,00%	98,60%
ZN018	98,60%	98,90%	98,90%	97,30%	97,60%	97,30%
ZN019	97,30%	98,90%		97,50%	98,90%	97,30%
ZN020	97,30%	97,30%	95,40%	96,70%	98,60%	97,50%
ZN021						
ZN022	96,70%	97,10%	97,40%	98,90%	97,30%	97,60%
ZN023	97,60%	97,40%	97,20%	99,00%	97,50%	98,90%
ZN024						

Anexo 4. Imagen del resultado Blast de los Genes QTL's de los toros.

PLACA1-9 GEN CALPAINA CAPN 1

8/3/2021

NCBI Blast: CORSOC_19-002-PLACA1-9

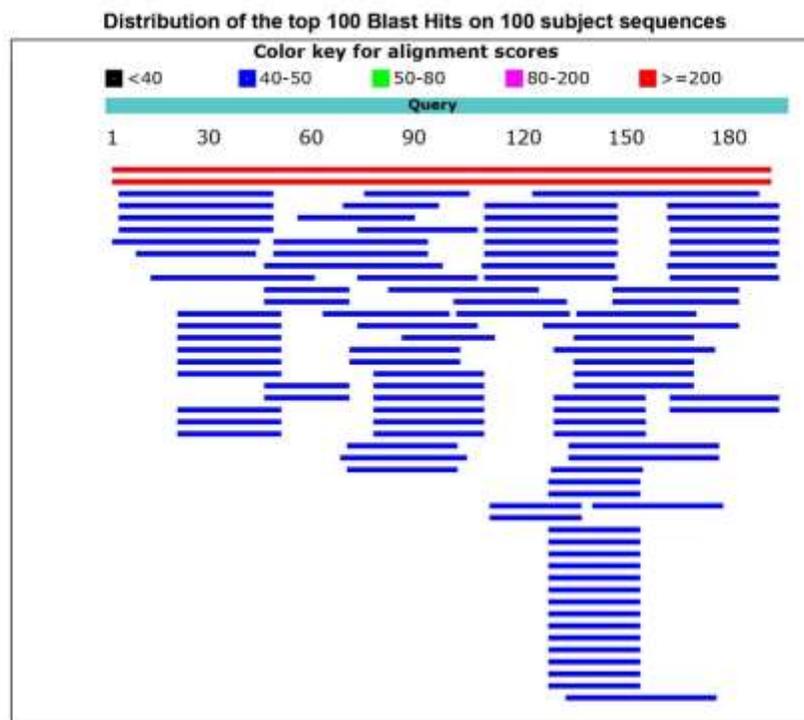
[BLAST](#) » [blastn_suite](#) » RID-4CWRYTC101R

BLAST Results

[Questions/comments](#)
Job title: CORSOC_19-002-PLACA1-9

RID	4CWRYTC101R (Expires on 03-10 01:54 am)	Database Name	nr
Query ID	Id Query_157527	Description	Nucleotide collection (nt)
Description	CORSOC_19-002-PLACA1-9	Program	BLASTN 2.11.0+
Molecule type	dna		
Query Length	193		

Graphic Summary



8/3/2021

NCBI Blast:CORSOC_19-002-PLACA1-9

Descriptions

Sequences producing significant alignments:

Description	Max Score	E value	Per. Ident	Accession
<i>Bos taurus</i> micromolar calcium activated neutral protease 1 (CAPN1) gene, complete cds	331	1e-86	98.95%	gi 1036031418 AH009246.3
<i>Bos mutus</i> isolate yakQH1 chromosome 29	308	1e-79	96.32%	gi 1353793187 CP027097.1
<i>Anabas testudineus</i> genome assembly, chromosome: 16	48.2	0.19	86.67%	gi 1539176590 LR132055.1
PREDICTED: <i>Anabas testudineus</i> DNA-binding protein SATB1 (LOC113169650), transcript variant X3, mRNA	48.2	0.19	86.67%	gi 1472998183 XM_026371228.1
PREDICTED: <i>Anabas testudineus</i> DNA-binding protein SATB1 (LOC113169650), transcript variant X2, mRNA	48.2	0.19	86.67%	gi 1472998179 XM_026371227.1
PREDICTED: <i>Anabas testudineus</i> DNA-binding protein SATB1 (LOC113169650), transcript variant X1, mRNA	48.2	0.19	86.67%	gi 1472998177 XM_026371226.1
PREDICTED: <i>Otolemur garnettii</i> myosin ID (MYO1D), mRNA	48.2	0.19	86.05%	gi 1327812199 XM_003797217.3
PREDICTED: <i>Acanthisitta chloris</i> solute carrier family 18 (vesicular monoamine transporter), member 1 (SLC18A1), mRNA	48.2	0.19	78.46%	gi 677644371 XM_009077623.1
PREDICTED: <i>Lagenorhynchus obliquidens</i> uncharacterized LOC113606685 (LOC113606685), transcript variant X2, ncRNA	47.3	0.65	85.42%	gi 1516154727 XR_003427669.1
PREDICTED: <i>Lagenorhynchus obliquidens</i> uncharacterized LOC113606685 (LOC113606685), transcript variant X1, ncRNA	47.3	0.65	85.42%	gi 1516154726 XR_003427668.1
<i>Homo sapiens</i> BAC clone RP11-48816 from 4, complete sequence	46.4	0.65	93.33%	gi 26190600 AC092442.5
PREDICTED: <i>Aluropoda melanoleuca</i> protein phosphatase 6 regulatory subunit 1 (PPP6R1), transcript variant X3, mRNA	45.5	2.3	90.62%	gi 1845339452 XM_034672408.1
<i>Aquila chrysaetos chrysaetos</i> genome assembly, chromosome: 6	45.5	2.3	96.30%	gi 1688050155 LR606186.1
PREDICTED: <i>Ursus arctos horribilis</i> protein phosphatase 6 regulatory subunit 1 (PPP6R1), transcript variant X2, mRNA	45.5	2.3	90.62%	gi 1483828177 XM_026488388.1
PREDICTED: <i>Seriola lalandi dorsalis</i> unconventional myosin-XVIIIb-like (LOC111664719), transcript variant X2, mRNA	45.5	2.3	87.18%	gi 1317126413 XM_023419426.1
PREDICTED: <i>Seriola lalandi dorsalis</i> unconventional myosin-XVIIIb-like (LOC111664719), transcript variant X1, mRNA	45.5	2.3	87.18%	gi 1317126411 XM_023419425.1
PREDICTED: <i>Seriola dumerilii</i> myosin XVIIIIB (myo18b), mRNA	45.5	2.3	87.18%	gi 1250126054 XM_022748728.1
PREDICTED: <i>Paralichthys olivaceus</i> myosin XVIIIIB (myo18b), transcript variant X4, mRNA	45.5	2.3	87.18%	gi 1143369156 XM_020082483.1
PREDICTED: <i>Paralichthys olivaceus</i> myosin XVIIIIB (myo18b), transcript variant X3, mRNA	45.5	2.3	87.18%	gi 1143369154 XM_020082482.1
PREDICTED: <i>Paralichthys olivaceus</i> myosin XVIIIIB (myo18b), transcript variant X2, mRNA	45.5	2.3	87.18%	gi 1143369152 XM_020082481.1
PREDICTED: <i>Paralichthys olivaceus</i> myosin XVIIIIB (myo18b), transcript variant X1, mRNA	45.5	2.3	87.18%	gi 1143369150 XM_020082480.1

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

2/8

PLACA 2-15 GEN CALPASTATINA CAST

9/3/2021

NCBI Blast:CORSOC_19-002-PLACA2-15

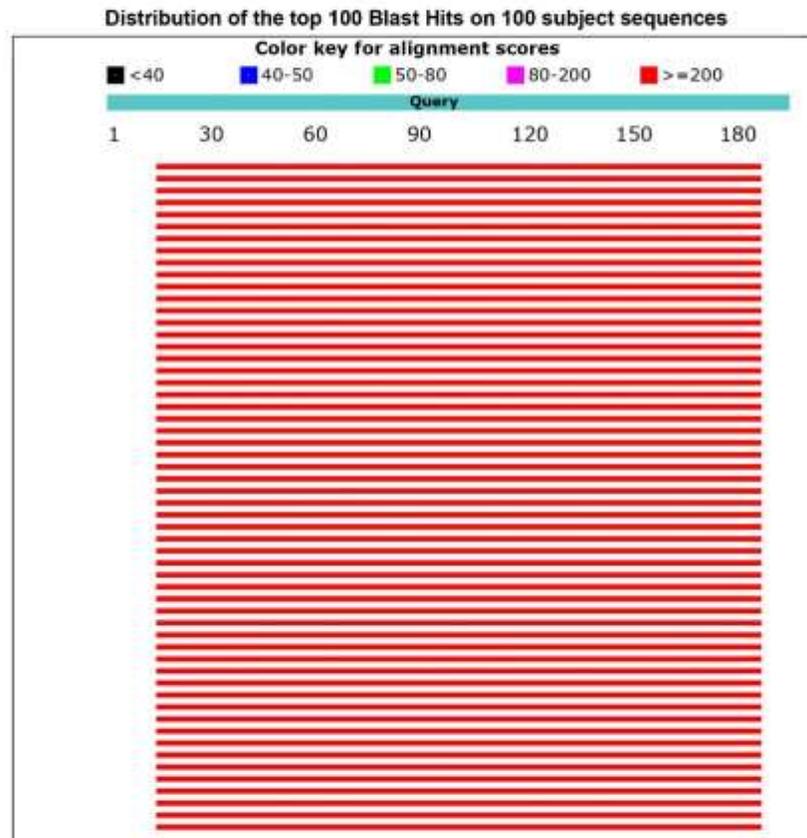
[BLAST](#) » [blastn_suite](#) » RID-4FGME10H013

BLAST Results

[Questions/comments](#)

Job title: CORSOC_19-002-PLACA2-15

RID	4FGME10H013 (Expires on 03-11 01:46 am)	Database Name	nr
Query ID	Id Query_35029	Description	Nucleotide collection (nt)
Description	CORSOC_19-002-PLACA2-15	Program	BLASTN 2.11.0+
Molecule type	dna		
Query Length	190		

[Graphic Summary](#)

9/3/2021

NCBI Blast:CORSOC_19-002-PLACA2-15

Descriptions

Sequences producing significant alignments:

Description	Max Score	E value	Per. Ident	Accession
Bos taurus calpastatin type (CAST) gene, complete cds, alternatively spliced	311	1e-80	100.00%	gii1036032130 AH014526.2
Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant 2, mRNA	311	1e-80	100.00%	gii31343059 NM_174003.2
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X15, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958440 XM_027545566.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X14, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958438 XM_027545565.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X13, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958436 XM_027545564.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X12, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958434 XM_027545563.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X11, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958432 XM_027545562.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X10, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958430 XM_027545561.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X9, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958428 XM_027545560.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X8, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958426 XM_027545559.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X7, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958424 XM_027545558.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X6, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958422 XM_027545557.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X5, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958420 XM_027545556.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X4, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958418 XM_027545555.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X3, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958416 XM_027545554.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X1, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1542958412 XM_027545551.1
PREDICTED: Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X14, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1387274470 XM_005209753.2
PREDICTED: Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X13, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1387274468 XM_024993826.1
PREDICTED: Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X12, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1387274466 XM_024993827.1
PREDICTED: Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X11, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1387274465 XM_005209752.2
PREDICTED: Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X10, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1387274463 XM_024993826.1
PREDICTED: Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X9, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1387274462 XM_005209751.2
PREDICTED: Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X6, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1387274461 XM_005209750.3
PREDICTED: Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X5, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1387274459 XM_024993825.1
PREDICTED: Bos taurus calpastatin (CAST), transcript variant X1, mRNA	306	5e-79	99.42%	gii1387274454 XM_005209749.3

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

2/7

PLACA 3-8 GEN MIOSTATINA MSTN

9/3/2021

NCBI Blast:CORSOC_19-002-PLACA3-8

[BLAST](#) » [blastn suite](#) » RID-4GEZXP34016

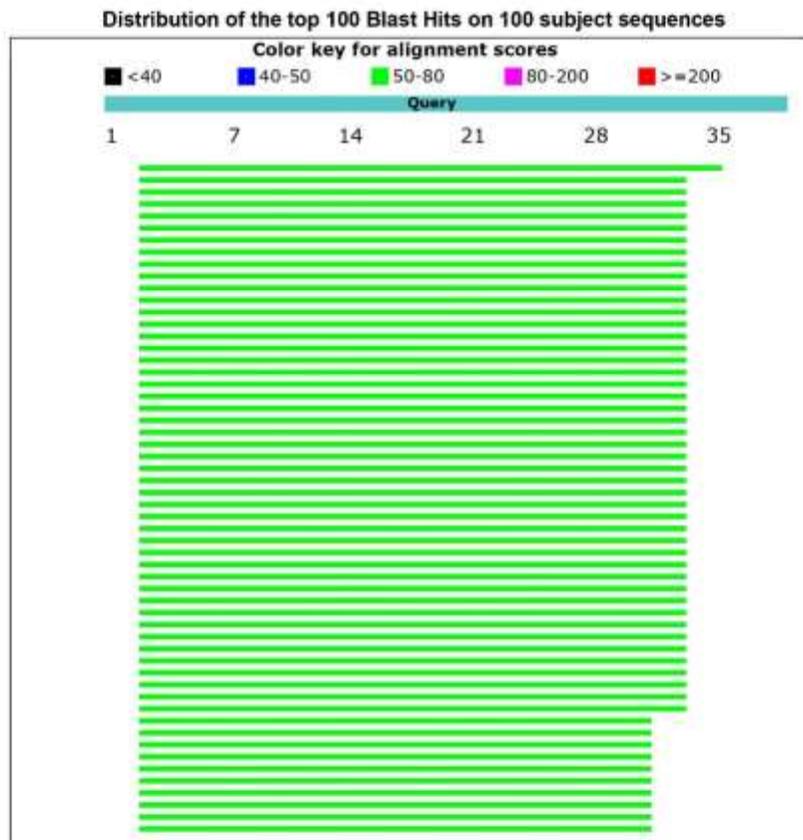
BLAST Results

[Questions/comments](#)

Job title: CORSOC_19-002-PLACA3-8

RID [4GEZXP34016](#) (Expires on 03-11 10:24 am)

Query ID	Id Query_42687	Database Name	nr
Description	CORSOC_19-002-PLACA3-8	Description	Nucleotide collection (nt)
Molecule type	dna	Program	BLASTN 2.11.0+
Query Length	38		

[Graphic Summary](#)

9/3/2021

NCBI Blast:CORSO_19-002-PLACA3-8

Descriptions

Sequences producing significant alignments:

Description	Max Score	E value	Per. Ident	Accession
Bos taurus gene for myostatin, complete cds	60.8	1e-06	100.00%	gi 17939973 AB076403.1
Bos taurus myostatin gene, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 1692837278 MK214682.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus myostatin (MSTN), mRNA	57.2	1e-05	100.00%	gi 1542907328 XM_027555492.1
PREDICTED: Bos indicus myostatin (MSTN), mRNA	57.2	1e-05	100.00%	gi 1131210936 XM_019969486.1
Bos taurus myostatin (MSTN), mRNA	57.2	1e-05	100.00%	gi 1041151702 NM_001001525.3
PREDICTED: Miniotermis natalensis myostatin (MSTN), mRNA	57.2	1e-05	100.00%	gi 1016626588 XM_016215509.1
PREDICTED: Bison bison bison myostatin (MSTN), mRNA	57.2	1e-05	100.00%	gi 742214721 XM_010862903.1
PREDICTED: Bos mutus myostatin (MSTN), mRNA	57.2	1e-05	100.00%	gi 555991406 XM_005907427.1
PREDICTED: Chinchilla lanigera myostatin (Mstn), mRNA	57.2	1e-05	100.00%	gi 533115482 XM_005373312.1
PREDICTED: Choloepus didactylus myostatin (MSTN), mRNA	57.2	1e-05	100.00%	gi 1934780171 XM_037849948.1
PREDICTED: Sturnira hondurensis myostatin (MSTN), mRNA	57.2	1e-05	100.00%	gi 1927014559 XM_037043762.1
Bos taurus myostatin (MSTN) gene, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 394999632 JQ711180.1
Bos grunniens isolate #565 myostatin (MSTN) gene, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 346215437 JN642607.1
Bos grunniens isolate #528 myostatin (MSTN) gene, exon 2 and partial cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 346215431 JN642604.1
Bos grunniens isolate #566 myostatin (MSTN) gene, exon 2 and partial cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 346215429 JN642603.1
Bos grunniens isolate #565 myostatin (MSTN) gene, exon 2 and partial cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 346215427 JN642602.1
Bos grunniens myostatin gene, partial cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 342156471 AH014549.2
Bos grunniens myostatin gene, partial cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 338825391 AH011054.2
Bos taurus myostatin mRNA, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 241897522 GQ184147.1
Bos grunniens haplotype BM4 myostatin (MSTN) gene, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 224815391 FJ752683.1
Bos grunniens haplotype BM3 myostatin (MSTN) gene, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 224815389 FJ752682.1
Bos grunniens haplotype BM2 myostatin (MSTN) gene, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 224815387 FJ752681.1
Bos grunniens haplotype BM1 myostatin (MSTN) gene, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 224815385 FJ752680.1
Bos indicus haplotype LQ7 myostatin (MSTN) gene, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 224815383 FJ752679.1
Bos indicus haplotype LQ6 myostatin (MSTN) gene, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 224815381 FJ752678.1
Bos indicus haplotype LQ5 myostatin (MSTN) gene, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 224815379 FJ752677.1
Bos indicus haplotype LQ4 myostatin (MSTN) gene, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 224815377 FJ752676.1
Bos indicus haplotype LQ3 myostatin (MSTN) gene, complete cds	57.2	1e-05	100.00%	gi 224815375 FJ752675.1

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

2/7

PLACA 5-21 GEN PROLACTINA PRL

12/3/2021

NCBI Blast:CORSOC_19-002-PLACA5-21

[BLAST](#) » [blastn_suite](#) » RID-4RTFJG69013

BLAST Results

[Questions/comments](#)

Job title: **CORSOC_19-002-PLACA5-21**

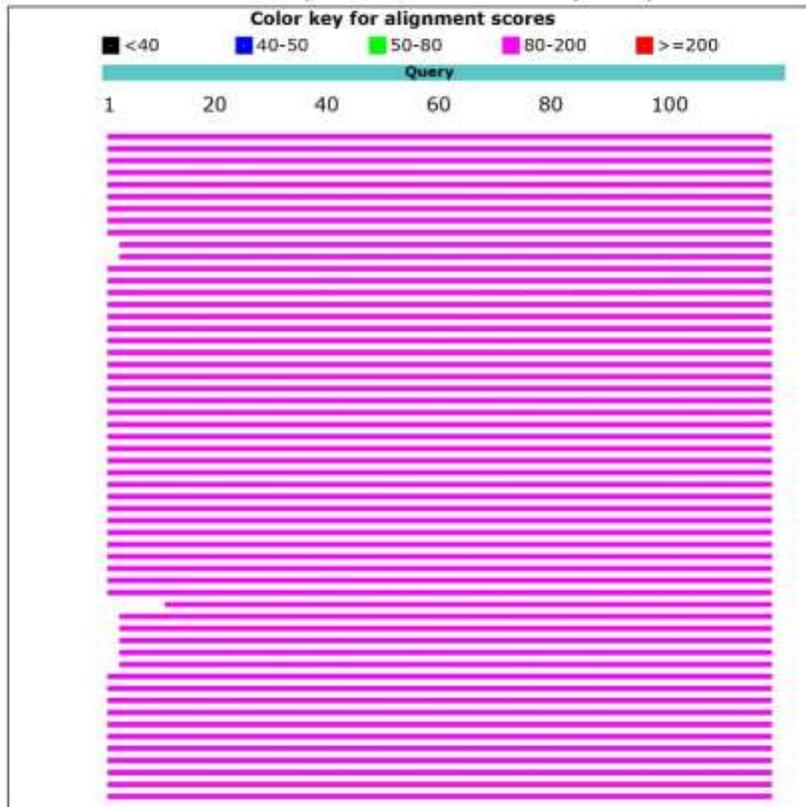
RID [4RTFJG69013](#) (Expires on 03-14 06:06 am)

Query ID Id|Query_52591
Description CORSOC_19-002-PLACA5-21
Molecule type dna
Query Length 118

Database Name nr
Description Nucleotide collection (nt)
Program BLASTN 2.11.0+

Graphic Summary

Distribution of the top 124 Blast Hits on 100 subject sequences



12/3/2021

NCBI Blast:CORSO_19-002-PLACA5-21

Descriptions

Sequences producing significant alignments:

Description	Max Score	E value	Per. Ident	Accession
Bos taurus prolactin (PRL) mRNA, partial cds	195	1e-45	97.48%	gi 144489656 MH477634.1
Bos indicus breed Rathi prolactin (PRL) gene, PRL-G allele, partial cds	195	1e-45	97.48%	gi 1375379693 MF045465.1
Bos mutus isolate yakQH1 chromosome 23	195	1e-45	97.48%	gi 1353793181 CP027091.1
Bos indicus breed Sahiwal pop-variant Rsa G prolactin (PRL) gene, exon 4 and partial cds	195	1e-45	97.48%	gi 1341391084 KY777611.1
Bos indicus prolactin (PRL) gene, complete cds	195	1e-45	97.48%	gi 1231294430 KX685939.1
PREDICTED: Bos mutus prolactin (PRL), transcript variant X3, mRNA	195	1e-45	97.48%	gi 942050595 XM_014477767.1
PREDICTED: Bos mutus prolactin (PRL), transcript variant X2, mRNA	195	1e-45	97.48%	gi 942050594 XM_005894272.2
PREDICTED: Bos mutus prolactin (PRL), transcript variant X1, mRNA	195	1e-45	97.48%	gi 942050589 XM_014477755.1
PREDICTED: Bison bison prolactin (LOC104992619), mRNA	195	1e-45	97.48%	gi 742149096 XM_010845567.1
Bos indicus breed Sahiwal prolactin (PRL) gene, exon 3 and partial cds	191	1e-44	97.44%	gi 1341391078 KY777608.1
Camelus dromedarius isolate A prolactin (PRL) gene, exon 3 and partial cds	191	1e-44	97.44%	gi 1143697298 KX863739.1
Bos indicus breed Gaolao Cattle prolactin (PRL) gene, PRL-T allele, exon 4 and partial cds	190	1e-44	96.64%	gi 1464309433 MH791171.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus prolactin (PRL), transcript variant X2, mRNA	190	1e-44	96.64%	gi 1542920912 XM_027524257.1
PREDICTED: Bos indicus x Bos taurus prolactin (PRL), transcript variant X1, mRNA	190	1e-44	96.64%	gi 1542920910 XM_027524256.1
PREDICTED: Bubalus bubalis prolactin-like (LOC102412882), transcript variant X1, mRNA	190	1e-44	96.64%	gi 1408479106 XM_006072861.2
Bos indicus breed Kankrej prolactin (PRL) gene, PRL-G allele, partial cds	190	1e-44	96.64%	gi 1375379697 MF045467.1
Bos indicus breed Kankrej pop-variant A prolactin (PRL) gene, exon 4 and partial cds	190	1e-44	96.64%	gi 1341391090 KY777614.1
Bos indicus breed Kankrej pop-variant Rsa G prolactin (PRL) gene, exon 4 and partial cds	190	1e-44	96.64%	gi 1341391088 KY777613.1
Bos indicus breed Sahiwal pop-variant Rsa A prolactin (PRL) gene, exon 4 and partial cds	190	1e-44	96.64%	gi 1341391086 KY777612.1
Bos indicus breed Rathi pop-variant A prolactin (PRL) gene, exon 4 and partial cds	190	1e-44	96.64%	gi 1341391082 KY777610.1
Bos indicus breed Kankrej prolactin (PRL) gene, exon 3 and partial cds	190	1e-44	96.64%	gi 1341391080 KY777609.1
Capra hircus breed Marwari pop-variant A prolactin (PRL) gene, exon 3 and partial cds	190	1e-44	96.64%	gi 1341391074 KY777606.1
Bubalus bubalis prolactin (PRL) gene, partial cds	190	1e-44	96.64%	gi 1231294432 KX685940.1
Bos taurus prolactin (PRL) gene, complete cds	190	1e-44	96.64%	gi 1207090216 KX602711.1
PREDICTED: Odocoileus virginianus texanus prolactin (PRL), transcript variant X2, mRNA	190	1e-44	96.64%	gi 1187607065 XM_020900845.1
PREDICTED: Odocoileus virginianus texanus prolactin (PRL), transcript variant X1, mRNA	190	1e-44	96.64%	gi 1187607063 XM_020900844.1
Bos indicus isolate B prolactin (PRL) gene, exon 3 and partial cds	190	1e-44	96.64%	gi 1143697304 KX863742.1

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

2/9