

# CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DEL GEN DE LA MIOSTATINA EN INDIVIDUOS DE LA RAZA BEEFMASTER

Xochitl De la Rosa-Reyna, Ana María Sifuentes-Rincón, Ma. Antonia Cruz-Hernández, Cristian Lizarazo-Ortega y Hugo Barrera-Saldaña

Centro de Biotecnología Genómica-IPN. Blvd. Del Maestro Esq. con Elías Piña. Col. Narciso Mendoza. C.P. 88710. Cd. Reynosa, Tamaulipas. Tel. Fax. 899-924-36-27 Ext.:87746. Correo: xochitl@mail.cbg.ipn.mx

*Palabras clave: miostatina, Beefmaster, mutaciones.*

**Introducción.** El hato ganadero en Tamaulipas se compone principalmente de bovinos productores de carne con un total de 12 razas comercializadas. En esta región el 24.01% de los productores de bovino maneja ganado Beefmaster. Uno de los objetivos más importantes en la producción de esta raza es la ganancia en peso de los animales. Relacionado a esta característica se han reportado genes mayores o QTL's como el gen de la miostatina (MSTN) responsable de regular el incremento del número de fibras musculares (1). En este gen se ha reportado una elevada heterogeneidad alélica la cual está relacionada con la importante tasa mutacional. Dentro de las variantes alélicas descritas algunas se relacionan con la pérdida de funcionalidad de la proteína presentándose el fenotipo de doble musculatura, otras mutaciones presentan efecto moderado aunque también han sido reconocidas algunas mutaciones silenciosas sin efecto sobre el fenotipo (2).

Nuestro objetivo fue evaluar los exones II y III de miostatina en individuos de la raza Beefmaster con el fin de asociar las variantes alélicas del gen con datos fenotípicos como son los incrementos de peso en tres etapas.

**Metodología.** Utilizando ADN proveniente de un total de 96 individuos se obtuvieron por PCR copias de los exones II y III susceptibles a mutación a partir de las cuales se analizaron cambios de un solo nucleótido (SNP) mediante la técnica de BESS T (3), todos los cambios nucleotídicos fueron corroborados por secuenciación. Para el análisis fenotípico se evaluó el incrementos de peso en Kg.: 1) del nacimiento al destete (nac/des), 2) del destete al año (des/año) y 3) del nacimiento al año (nac/año) en 62 individuos. Para el análisis estadístico se utilizó el diseño completamente al azar con 9 tratamientos (genotipos) y diferente número de repeticiones (incrementos) utilizando un individuo como unidad experimental. La comparación de medias se realizó por el método DMS (Diferencia Mínima Significativa) (P=0.05).

**Resultados y discusión.** En la genotipificación de miostatina se encontraron tres haplotipos en el exon II (A=Normal, B=Delección y C=Delección/3Transiciones) y dos haplotipos en el exon III (D=Normal y E=Delección). De la combinación entre haplotipos de ambos exones se obtuvieron 11 genotipos de los cuales el 26% son individuos normales y el 74% restante presentan al menos una mutación en uno de los exones (Tabla 1). El análisis estadístico de los resultados del incremento de peso fueron

significativos en des/año obteniendo la media mas alta el genotipo 5, la media mas baja se observó en el genotipo 2. Asimismo el incremento de peso mas alto en nac/año fue el genotipo 5 y los valores más bajos se observaron en los genotipos 2 y 4.

*Tabla 1. Información Genotipo-Fenotipo.*

GENOTIPO		FENOTIPO			
Haplotipo compuesto	Núm. de ind.	Media del incremento de peso (Kg)		Núm. de ind.	
		nac/des	des/año	nac/año	
1 A A D D	25	226.85	161.77	388.62	13
2 A A D E	10	203.71	142.43	346.14	7
3 A A E E	3	194.66	199.00	393.66	3
4 A B D D	5	202.75	151.75	354.50	4
5 A B D E	23	216.23	209.00	425.23	13
6 A B E E	5	221.25	193.00	414.25	4
7 A C D E	8	217.50	195.50	413.00	6
8 B B E E	3	182.00	205.00	387.00	3
9 C C E E	12	207.50	180.63	388.13	8
10 A C E E	1	231 <sup>1</sup>	222 <sup>1</sup>	453 <sup>1</sup>	1
11 C C D E	1	*	*	*	*
N=96		N=62			

<sup>1</sup> valores de un solo individuo \*no se cuenta con datos

**Conclusiones.** Se concluye que el gen MSTN en la raza Beefmaster presenta heterogeneidad alélica. En cuanto a las mutaciones todas son clasificadas como potencialmente neutrales sin embargo la alta frecuencia de alelos mutados refleja la selección positiva sobre estos genotipos. Los mejores registros fenotípicos correspondieron a individuos heterocigotos con mutaciones en los 2 exones lo cual no se presentó en individuos normales, destacando para ciertos genotipos mutados su asociación al incremento de peso.

**Agradecimiento.** Los autores agradecen el apoyo financiero de la CGPI-IPN al proyecto con clave 20020016, al PIFI-IPN por la beca otorgada a Xochitl De la Rosa-Reyna.

## Bibliografía.

- McPherron A. y Lee S. (1997). Double muscling in cattle due to mutations in the myostatin gene. *Genetics*. 94:12457-12461.
- Grobet L. Poncet, L. Royo, B. (1998). Molecular definition of an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double-muscling in cattle. *Mamm. Genome*. 9: 210-213.
- Hawkins GA y Hoffman LM. (1997). Base Excision Sequence Scanning: a new method for rapid sequence scanning and mutation detection. *Nat. Biotech.*. 15:803-804.