



Índices de eficiencia alimenticia en ovinos de pelo: calidad de la carne y genes asociados. Revisión



Carlos Arce-Recinos ^a

Alfonso Juventino Chay-Canul ^{b*}

Baldomero Alarcón-Zúñiga ^c

Jesús Alberto Ramos-Juárez ^a

Luis Manuel Vargas-Villamil ^a

Emilio Manuel Aranda-Ibáñez ^a

Nathaly del Carmen Sánchez-Villegas ^a

Ricardo Lopes Dias da Costa ^d

^a Colegio de Postgraduados. Campus Tabasco. Periférico Carlos A. Molina, Km 3.5. Carretera Cárdenas-Huimanguillo. 86500 H. Cárdenas, Tabasco, México.

^b Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. División Académica de Ciencias Agropecuarias, Tabasco, México.

^c Universidad Autónoma Chapingo. Departamento de Zootecnia, Estado de México, México.

^d Instituto de Zootecnia. São Paulo, Brasil.

*Autor de correspondencia: alfonso.chay@ujat.mx; alfonsochay2@gmail.com

Resumen:

Los ovinos de pelo desempeñan un papel importante en la producción de carne en zonas tropicales, donde los estudios de eficiencia alimenticia han sido poco evaluados. El consumo de alimento representa más del 70 % de los costos; por lo tanto, la selección de animales con

alta eficiencia alimenticia puede mejorar la rentabilidad del sistema de producción. Se han desarrollado herramientas que permiten seleccionar individuos con mayor eficiencia alimenticia sin comprometer la calidad del producto. Por lo que esta revisión tiene la finalidad de identificar estas herramientas genético-moleculares y estadísticas, como son, el consumo de alimento residual (CAR) y ganancia e ingesta residual (GIR). En la literatura consultada, se reportan diferencias en el consumo de materia seca (CMS) en un rango del 9 al 30 % entre animales eficientes e ineficientes, manteniendo una ganancia diaria de peso (GDP) similar empleando el índice CAR. Por otro lado, utilizando el índice GIR los CMS son similares, aunque la GDP en animales eficientes es mayor hasta en 50 g día⁻¹, reduciendo la conversión alimenticia en un kilo. Esta diferencia se asume a un conjunto de genes asociados a la eficiencia alimenticia (*Adra2a*, *Gfra1*, *Gh*, *Glis1*, *Il1rap11*, *Lep*, *Lepr*, *Mc4r*, *Oxsm*, *Pde8b*, *Rarb*, *Ryr2*, *Sox5* y *Sox6*, *Trdn*), que pudieran ser utilizados para la selección de ovinos de razas de pelo con alta eficiencia alimenticia, teniendo en cuenta los genes relacionados con la calidad de carne (*Capns1*, *Cast*, *Dgat1*, *Fabp4*, *Igf-i*, *Lep*, *Mstn* y *Scd*).

Palabras clave: Eficiencia alimenticia, Calidad de carne, Genes, Ovinos de pelo.

Recibido: 16/03/2020

Aceptado: 11/09/2020

Introducción

La población mundial de ovejas en 2017 fue de 1,202 millones de cabezas, cerca del 74 % de la población se encuentra distribuida en los continentes Asiático y Africano (42.25 y 31.70 %, respectivamente), y el 26 % restante se ubica en los demás continentes, siendo el continente Americano el que menor población presenta, con 6.76 %; aunque el peso medio en canal reportado en el continente Americano es mayor, únicamente superado por el continente de Oceanía, presentando pesos en canal de 18.6 y 21.6 kg, respectivamente⁽¹⁾.

En México, la producción ovina es una de las actividades pecuarias con mayor presencia en su distribución territorial; las cifras preliminares del 2018 indican que la población ovina alcanzó un total de 8'683,835 cabezas⁽²⁾, las cuales representan cerca del 11 % de la población del continente Americano, distribuidos en alrededor de 53,000 unidades de producción. Aproximadamente el 53 % se ubica en el centro del país, 24 % en el sur-sureste y 23 % en el norte⁽³⁾, siendo la raza Pelibuey una de las razas más numerosas, ya que es utilizada como pie de cría por su habilidad materna, alta prolificidad, rusticidad, resistencia a parásitos y su gran adaptación a las diversas condiciones climáticas presentes en el país, para la producción cárnica⁽⁴⁾.

Por otro lado, el consumo de alimento es uno de los factores más importantes en los sistemas intensivos de producción de carne ovina, representando más del 70 % de los costos totales de producción⁽⁵⁾. Por ello, la selección de animales eficientes en la utilización del alimento, que presenten una menor ingesta de alimento, manteniendo su rendimiento o incrementando la producción con una ingesta similar, podría incrementar la rentabilidad de las unidades de producción⁽⁶⁾. Esto es importante, debido a que la reducción de los costos de alimentación contribuiría a mantener los precios rentables dentro de un mercado de insumos agrícolas fluctuantes y la competitividad en el mercado global.

Tradicionalmente en la industria ganadera de producción de carne, se ha empleado la conversión alimenticia (CA) como medida de eficiencia alimenticia⁽⁷⁾. Sin embargo, esta medida es cuestionable, debido a que, el consumo de materia seca (CMS) guarda una alta correlación con el tamaño corporal y el nivel de producción⁽⁸⁾, tendiendo a seleccionar animales que presentan una ganancia diaria de peso (GDP) alta, sin embargo, también se seleccionan animales con un alto CMS, incrementando los costos de producción⁽⁷⁾.

Otro enfoque de eficiencia alimenticia ha sido propuesta por otros autores, definiéndola como la capacidad del animal para alcanzar un determinado peso con un menor CMS⁽⁹⁾. En los rumiantes la eficiencia es baja comparada con otras especies, no obstante, tienen la capacidad de transformar recursos no comestibles para el ser humano (forrajes y nitrógeno no proteico) en alimentos de alta calidad (proteína animal)⁽⁷⁾.

En consecuencia, se han buscado diversas herramientas que ayuden a explicar, predecir y seleccionar a los individuos con mayor eficiencia en la utilización del alimento y de la energía consumida. Entre estas, el consumo de alimento residual (CAR) o “Residual Feed Intake” (RFI, por sus siglas en inglés), es una de las más empleadas^(9,10). El CAR, está definido como la diferencia entre el consumo de alimento real y el consumo de alimento esperado para un peso y nivel productivo determinado durante un periodo específico^(8,11). Su objetivo es identificar a los animales más eficientes en la utilización del alimento y con esto lograr una mejora genética del hato ganadero, además, de reducir los costos de la producción de cada kilo de peso vivo incrementado⁽⁸⁾. Además del CAR, Koch *et al*⁽⁹⁾ propusieron el índice Ganancia residual (GR) o “Residual Gain”, el cual permite estimar la ganancia esperada para un nivel productivo, con el objetivo de identificar a los animales con las mayores tasas de ganancia de peso.

Recientemente, ha sido propuesto un nuevo indicador de eficiencia alimenticia denominado Ganancia e Ingesta Residual (GIR) o “Residual Intake and Gain” (RIG, por sus siglas en inglés). Este indicador de eficiencia alimenticia conserva la característica de selección de CAR y GR, que son independientes del peso corporal. El GIR permite seleccionar animales que presentan mayores GDP y menor CMS, debido a que el RIG se correlaciona negativamente con el CMS y positivamente con la GDP⁽¹²⁾.

El interés de la industria cárnica no solo es en la eficiencia del uso del alimento, sino también en la calidad del producto destinado al mercado. La calidad de la carne se compone de varios rasgos, incluidos los atributos fisicoquímicos (terneza, color, contenido de grasa intramuscular y la capacidad de retención de agua) y los factores que afectan la palatabilidad (sabor, jugosidad y olor), así como las características de inocuidad⁽¹³⁾, los cuales influyen en la toma de decisión del cliente al elegir un tipo de corte, así como también para la industria en el procesamiento de la carne⁽¹⁴⁾. En este sentido, se han realizado diversos estudios que emplearon la herramienta CAR para determinar el efecto de la eficiencia alimenticia sobre la calidad de la carne, reportando que la selección de bovinos Angus eficientes (bajo CAR) no afecta negativamente la calidad de carne producida^(15,16). Sin embargo, existe controversia en los resultados en estudios recientes en bovinos Nelore, ya que se han reportado que la eficiencia no afecta la calidad de la carne y la actividad del sistema Calpaina^(17,18), mientras que otros estudios indican lo contrario. En consecuencia, los animales con bajo CAR tienden a presentar mayor dureza de su carne⁽¹⁹⁾, y se ha indicado que esta característica indeseable está regulada por el recambio proteico y la expresión génica de ciertas enzimas (principalmente por el sistema de las Calpaínas) encargadas de la proteólisis *post-mortem* del músculo⁽²⁰⁾. Así mismo, se ha documentado que la degradación de la proteína está relacionada con la energía requerida para el mantenimiento (REMm) y una alta tasa de degradación proteica está asociada con un REMm mayor⁽²¹⁾. En este sentido, se ha reportado que los animales más eficientes tienen un menor requerimiento de energía metabolizable para el mantenimiento^(17,21). Por lo tanto, los animales más eficientes presentan una baja tasa de degradación proteica⁽²²⁾, lo que se relaciona con una mayor fuerza de corte a diferentes tiempos de maduración (0 d= 4.50 vs 4.00, 7 d= 4.22 vs 3.61, 21 d= 3.27 vs 2.69 kg/cm²), bajo índice de fragmentación miofibrilar (37.0 vs 42 %) y alto contenido de colágeno soluble (17.7 vs 14.9 %) en ganado Nelore con bajo CAR, presentando carne de menor calidad⁽¹⁹⁾.

Por otro lado, con el desarrollo de la genética molecular, secuenciación y técnicas moleculares de amplificación de regiones genómicas selectivas, se han aumentado las posibilidades de detectar genes que tienen un efecto notable en los rasgos de interés (ej. eficiencia alimenticia y calidad de carne), detectando secuencias genómicas vinculados a estos genes y la posibilidad de establecer programas de selección con marcadores moleculares⁽²³⁾.

Un marcador genético es una secuencia de ADN específica con una ubicación conocida en un cromosoma que tiene una función específica o está asociada al nivel de expresión fenotípica de un carácter⁽²⁴⁾. Su uso ayuda a abordar los problemas asociados con la selección tradicional, seleccionando individuos genéticamente superiores⁽²⁵⁾. Además, se pueden predecir los valores de mejora para los individuos seleccionados al momento del nacimiento con una precisión mayor que el índice de pedigrí clásico, reduciendo el intervalo generacional⁽²³⁾. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue realizar una revisión sobre índices

de eficiencia alimenticia y su relación con la calidad de carne y genes asociados a estos rasgos en ovinos de pelo.

Índices de eficiencia alimenticia

Los indicadores CAR y GR, fueron propuestos por Koch *et al*⁽⁹⁾, al observar que el mantenimiento de peso vivo y la ganancia diaria de peso, son afectados por la alimentación. Propusieron que el consumo de alimento puede ajustarse al peso corporal y a la ganancia de peso, dividiendo el consumo de alimento en dos componentes: 1) el consumo de alimento esperado para un rendimiento o nivel de producción dado, y 2) una porción residual. La porción residual del consumo de alimento podría usarse para identificar animales que se desvían hacia abajo de su nivel esperado de consumo de alimento (CAR negativo), permitiendo realizar una comparación entre los animales que difieren en el nivel de producción durante el periodo de medición.

El CAR se ha utilizado como criterio de selección en programas de mejora genética en ganado de carne, ya que se ha observado que vaquillas que son seleccionadas por un CAR bajo, al llegar a la madurez son más eficientes en el uso de los alimentos que aquellos con un CAR alto⁽²⁶⁾ y su progenie tiende a comportarse en forma más eficiente⁽²⁷⁾. La heredabilidad estimada de esta característica es moderada (0.27-0.58) e independiente del crecimiento y del nivel productivo^(9,28,29,30), sin tener un efecto negativo en otras características económicamente importantes como la calidad de carne producida⁽¹⁵⁾.

Así mismo, el CAR reduce el impacto medioambiental de la ganadería, ya que individuos con bajo CAR tienden a producir menor cantidad de metano (CH₄) por unidad de materia seca consumida, debido al menor CMS y mejor eficiencia en el uso de la energía^(31,32,33). Es por ello que el CAR representa una de las estrategias de mitigación en las emisiones de dióxido de carbono (CO₂) y CH₄ de la actividad ganadera al ambiente.

Entre las principales ventajas obtenidas usando el CAR como criterio de selección, está la mejora en la eficiencia de la alimentación^(8,34), incremento en la productividad en el sector cría, y en consecuencia reducción de la superficie utilizada por unidad animal⁽³⁵⁾.

El nuevo índice GIR, además de tener como ventaja la mejora en la eficiencia en la alimentación, permite identificar animales con mayores tasas de crecimiento y una menor proporción de grasa, sin afectar la calidad de la carne y canal; reduciendo los tiempos de confinamiento y sacrificio de los animales, con pesos comerciales a edades tempranas⁽³⁶⁾.

Los estudios que involucran los índices CAR y GIR, han sido realizados principalmente en especies bovinas, porcinas y aves. En el caso de ovinos se han realizado en razas de clima

templado; aunque, se han reportado cuatro estudios que involucran cruza de ovinos de pelo de la raza brasileña, destacando la raza Santa Inés y Pantaneira^(5,36,37,38), y un estudio en la raza Dorper⁽³⁹⁾ (Cuadros 1 y 2). En México se comienza a implementar esta herramienta por lo que el número de estudios es reducido, y en ovinos solo se tiene el trabajo realizado con la raza Rambouillet⁽⁴⁰⁾, por lo que se desconoce el comportamiento en los ovinos de pelo (Cuadro 1).

Estimación de los indicadores CAR y GIR

El CAR, permite determinar el CMS esperado, y es estimado a través de una ecuación de regresión lineal múltiple en función del peso medio metabólico (PMM) y la GDP.

El modelo utilizado por Koch *et al*⁽⁹⁾, se muestra a continuación:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 GDP_i + \beta_2 PMM_i + \varepsilon_i$$

Donde:

Y_i = Ingesta de materia seca del i -ésimo animal.

β_0 = Intercepción de la regresión.

$\beta_1 GDP_i$ = coeficiente de regresión parcial de la ingesta de materia seca en la i -ésima ganancia diaria de peso del animal.

$\beta_2 PMM_i$ = coeficiente de regresión parcial de ingesta de materia seca del i -ésimo peso medio metabólico del animal.

ε_i = error residual en la ingesta de materia seca del i -ésimo animal.

Por otro lado, GR nos ayuda a estimar la GDP esperada, mediante regresión lineal múltiple en función del de CMS y PMM.

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 (CMS_i) + \beta_2 (PMM_i) + \varepsilon_i$$

Donde:

Y_i = Ganancia de peso del i -ésimo animal.

β_0 = Intercepción de la regresión.

$\beta_1 CMS_i$ = coeficiente de regresión parcial de la ganancia diaria de peso del i -ésimo consumo de materia seca del animal.

$\beta_2 PMM_i$ = coeficiente de regresión parcial de la ganancia diaria de peso del i -ésimo peso medio metabólico del animal.

ε_i = error residual en la ganancia diaria de peso del i -ésimo animal.

Para el cálculo de GIR, se utiliza los dos modelos antes descritos, empleando la siguiente fórmula: $GIR(CAR * -1) + GR$. El índice requiere una previa estandarización (Media = 0 y Desviación estándar = 1) del CAR y GR.

Después de determinar el CAR, los animales son clasificados en grupos de CAR alto (>0.5 DE por encima de la media, mayor consumo de alimento de lo esperado para el mantenimiento y producción, por lo tanto, menor eficiencia), CAR medio (± 0.5 DE de la media) y CAR bajo (<0.5 DE por debajo de la media, menor consumo de alimento de lo esperado, por lo tanto, mayor eficiencia)⁽⁴¹⁾. El mismo procedimiento de categorización se utiliza para determinar los grupos GIR, sin embargo, un alto GIR nos indica mayor eficiencia y un bajo GIR menor eficiencia.

Factores fisiológicos que intervienen

Los mecanismos fisiológicos que están relacionados con una mayor eficiencia en el uso del alimento son numerosos e interrelacionados, sin embargo, no están completamente dilucidados. Richardson y Herd⁽⁴²⁾, proporcionaron una síntesis de los resultados de una serie de experimentos en bovinos de la raza Angus seleccionados de forma divergente para CAR, y estimaron la proporción de la variación en CAR que explican los siguientes procesos: el recambio proteico, metabolismo y estrés tisular (37 %), digestibilidad (10 %), incremento de calor y fermentación (9 %), actividad física (9 %), composición corporal (5 %) y patrones de alimentación (2 %). Los mecanismos responsables de más de un cuarto de la variación en CAR todavía no se conocen. Posteriormente, estos procesos fisiológicos del animal que se asocian a la variación en la eficiencia en la utilización del alimento se han agrupado en cinco categorías 1) la capacidad de ingesta de alimento, 2) la digestión del alimento, 3) el metabolismo (anabolismo y catabolismo), 4) producción de calor relacionado con la digestión de la dieta y la actividad física, y 5) la termorregulación⁽³⁰⁾.

Conocer los procesos biológicos implicados y el grado en que estos contribuyen en la eficiencia alimenticia de los ovinos de pelo, es de vital importancia, ya que en estas razas es escasa la información. Por lo que es necesario, emprender estudios que ayuden a dilucidar como estos mecanismos favorecen este comportamiento. De esta manera, se podrá seleccionar individuos más eficientes y de mayor productividad.

Consumo de alimento y comportamiento productivo

El consumo voluntario de alimento del ganado está regulado por una interacción compleja entre mecanismos de control neuroendocrino y las propiedades fisicoquímicas del alimento, y varía acorde al estado fisiológico del animal⁽⁴³⁾. Por otra parte, existe una relación entre la ingesta del alimento y la energía que se gasta para digerirse, y a medida que mayor sea la ingesta, mayor será el gasto energético; esto se debe a un aumento en el tamaño de los órganos digestivos y a la energía gastada dentro de los tejidos de dichos órganos⁽³⁰⁾, a este gasto

energético se le conoce como incremento de calor en la fermentación y en rumiantes es aproximadamente el 9 % de la ingesta de la energía metabolizable⁽⁴⁴⁾.

La mayoría de los estudios (Cuadro 1) indican que los ovinos con CAR bajo tienen la misma GDP que animales con CAR alto^(5,6,38-40,45-55), debido a que los animales con bajo CAR tienen una mejor eficiencia en el uso de la energía⁽³³⁾. Sin embargo, Rocha *et al*⁽³⁷⁾ reportaron diferencias significativas en la GDP, haciendo más notoria la eficiencia en la utilización de la energía; en todos los estudios el CMS fue menor en los animales más eficientes, observándose una diferencia que varía en un rango de 9 a 30 % comparado con los menos eficientes. De este modo, es de esperar que los animales más eficientes presenten una mejor CA (Cuadro 1).

Empleando el índice GIR en los estudios realizados en ovinos^(5,36,38), se observa que los ovinos clasificados con un alto GIR presentan un menor CMS, mayor GDP, menor CA y mayor eficiencia alimenticia (EA) (Cuadro 2). Aunque la diferencia en el CMS no es tan amplia como en la observada con el CAR, en la GDP se observa una diferencia de hasta 50 g día⁻¹. Por otro lado, la diferencia en la CA es de más de un kilo, por lo que la EA es mayor en los animales con GIR alto. Desde el punto de vista productivo, un menor consumo de alimento y mayores ganancias de peso representan una importante reducción en los costos de operación, aumento de la rentabilidad de las unidades de producción y uso eficiente de la energía suministrada, considerando que la alimentación representa el mayor costo de producción en los sistemas de producción animal.

Producción de metano

El ecosistema microbiano del rumen es extremadamente diverso, habitado por filotipos de los dominios Eucariota, Arqueas y Bacterias interactuando entre ellos, el alimento y el hospedero, con densidades de 10¹⁰ bacterias mL⁻¹, 10⁶ protozoos mL⁻¹, y 10³ hongos mL⁻¹ de fluido ruminal⁽⁵⁶⁾.

La diversidad y la concentración de organismos que habitan en el rumen están influenciados por diversos factores, tales como: la dieta, la raza, la edad y la salud del huésped, el ambiente y la ubicación geográfica⁽⁵⁷⁾. Sin embargo, la dieta es considerada como la principal determinante de diversidad de microorganismos ruminales y del parámetro de fermentación en bovinos y ovinos⁽⁵⁸⁾. En este sentido, los animales alimentados con forraje tienen un ecosistema microbiano más diverso y es más frecuente encontrar grupos metanogénicos, en comparación con aquellos con dieta alta en concentrados⁽⁵⁹⁾. Lo que implica una mayor utilización del H₂ libre (producido por una fermentación más acética) para la reducción del CO₂ en CH₄⁽⁶⁰⁾.

Los resultados reportados por Henderson *et al*⁽⁶¹⁾, indican que independientemente del tipo de dieta y ubicación geográfica, hay un microbioma central en el rumen compuesto por siete grupos que conforman el 67.1 % de las secuencias bacterianas presentes en las muestras globales analizadas. Este grupo central está constituido por los géneros *Prevotella*, *Butyrivibrio*, *Ruminococcus*, *Lachnospiraceae*, *Ruminococcaceae*, *Bacteroidales* y *Clostridiales*. Sin embargo, algunos géneros se encuentran en mayor abundancia relativa con un tipo de dieta, citando entre ellos a *Bacteroidales*, *Clostridiales*, *Fibrobacter*, y *Ruminococcaceae* que son más abundantes en animales alimentados con forrajes, mientras que *Prevotella* y *Succinivibrionaceae* en dietas que contienen concentrados. Por otro lado, en el mismo estudio, reportaron que la población de arqueas está constituido principalmente por los miembros de *Methanobrevibacter gottschalkii* y *Methanobrevibacter ruminantium*, representando el 74 % de todas las arqueas dentro del rumen. Otras especies encontradas fueron *Methanosphaera* sp. y dos grupos pertenecientes a *Methanomassiliicoccaceae*, estas cinco especies constituyeron el 89 % del total de las arqueas; siendo estas *Methanobacterias* unas de las principales especies que utilizan los H₂ libres para reducir el CO₂ a CH₄⁽⁶²⁾, por lo que están asociados a dietas fibrosas, donde la fermentación es más acética y la liberación de H₂ es mayor.

Estudios recientes indican que existe una relación entre la eficiencia alimenticia y la producción de metano, CH₄^(31,62,63). Se ha reportado que las comunidades metanogénicas en animales con alto CAR son más diversas comparadas con los animales eficientes, presentando una alta prevalencia de *Methanosphaera stadtmaniae* y *Methanobrevibacter* sp. En este sentido, los animales con CAR alto tienen mayores emisiones de dióxido de carbono (CO₂) y CH₄, esto es debido al mayor consumo de compuestos fibrosos, los cuales aumentan la producción de CH₄ ruminal. En animales con CAR bajo, se ha observado que tienden a modificar los consorcios bacterianos, por lo cual utilizan los compuestos fibrosos de la ración con más eficiencia, reduciendo con esto la tasa de pasaje y aumentando la digestibilidad, fermentando completamente las raciones a nivel ruminal⁽⁶²⁾.

En ovinos, se han reportado diferencia significativa en emisiones de CH₄ en hembras utilizando modelos estadísticos de predicción, siendo menores en aquellas con CAR bajo y CAR medio comparadas contra CAR alto (0.025^a, 0.028^a y 0.032^b CH₄ kg⁻¹ día⁻¹, respectivamente). Sin embargo, no encontraron diferencias estadísticas en machos para emisiones de CH₄, debido a una pobre diferencia observada en el CMS entre animales eficientes e ineficientes⁽⁴⁰⁾.

Así mismo, una mayor eficiencia podría estar relacionada con la presencia de bacterias que modifican el patrón de fermentación hacia una fermentación más propiónica, lo cual favorece la ganancia de peso⁽³³⁾. El propionato es considerado el principal sustrato contribuyente al proceso de gluconeogénesis y formación de glucosa, la cual es requerida como fuente de energía en la síntesis de proteína⁽⁴³⁾. En este sentido, se ha reportado una mayor concentración

de propionato en ovinos altamente eficientes (CAR bajo) alimentados con concentrados, comparado con los menos eficientes (41.2 vs 30.2 % Molar)⁽⁶⁾. Por lo tanto, la selección de animales a través de los índices de eficiencia alimenticia, también podría contribuir con la reducción de la emisión de gases de efecto invernadero (GEI) producidas por la ganadería ovina.

Genes candidatos asociados a eficiencia alimenticia

Diversos estudios han reportado una gran cantidad de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP por sus siglas en inglés, “Single Nucleotide Polymorphism”) asociados con la eficiencia alimenticia en bovinos⁽⁶⁴⁻⁶⁷⁾, aunque son pocos los trabajos en ovinos. Conocer o determinar los genes que están asociados u implicados en los procesos biológicos relacionados con características productivas deseables (eficiencia alimenticia y calidad de carne) de los animales domésticos^(20,55,68-86), ayuda a entender la relación entre estos parámetros y poder utilizar estos genes como marcadores moleculares para la selección de animales con que pueden transmitir características deseadas a su progenie (Cuadro 3).

Cockrum *et al*⁽⁸⁷⁾ identificaron marcadores mediante el análisis de asociación del genoma completo (GWAS) que alcanzaron un umbral nominal $P < 3.02^{-4}$ en genes ovinos asociados a CAR, siendo los genes de la Familia Dedos de Zinc 1 (*Glis1*), Factor de transcripción SRY caja -5 y -6 (*Sox5*, *Sox6*) y la Proteína Accesorio 1 del Receptor de Interleucina (*Ilrap11*) los genes candidatos. Otro gen asociado a este índice es el Receptor de Leptina (*Lepr*). También se ha reportado la asociación de un SNP en el exón 2 de *Lepr* en ovejas en etapa de lactación ($P < 0.05$), siendo el genotipo homocigoto CC con mayor CAR (2.579^a) comparado con los genotipos TC (1.218^b) y TT (1.005^b)⁽⁸⁸⁾.

Estudios recientes han reportado la asociación de la GDP con SNP de genes que pueden ser considerados en la selección de animales con mejor desempeño productivo. Por ejemplo, se han identificado tres genes relacionados con la GDP en ovinos, ubicado en el cromosoma 8 el gen Triadina (*Trdn*) y en el cromosoma 26 los genes 3-Oxoacil-ACP Sintasa (*Oxsm*) y el Receptor de Ácido Retinoico Beta (*Rarb*)⁽⁸⁹⁾. Así mismo, se ha relacionado el gen Leptina (*Lep*) con GDP, con diferencias significativas ($P < 0.05$) en la GDP (destete-seis meses) en los genotipos heterocigoto BC, AB y AC que en los homocigotos AA y CC (116, 103, 99, 94 y 94 g día⁻¹, respectivamente)⁽⁹⁰⁾. En genotipos de la hormona del crecimiento (*Gh*) en la raza Salsk, se encontraron diferencias significativas ($P < 0.001$), siendo el genotipo AB superior al AA (128.64 vs 81.51 g día⁻¹)⁽⁹¹⁾. También, se ha asociado al gen Receptor de Melanocortina-4 (*Mc4r*) con la GDP, un SNP localizando en la región no traducida 3' del gen (NM_001126370.2) provoca una variación de nucleótido en la posición 1016 G>A, observándose que el genotipo heterocigoto GA fue superior al homocigoto GG a los 120 días (210.23 vs 192.01 g/día) y 180 días (166.35 vs 155.66 g/día) de engorda; así mismo se detectó

el SNP 292 G>A con una variación en el aminoácido 98 Gly>Arg, el cual tuvo efecto sobre el área del músculo *Longissimus dorsi*⁽⁹²⁾.

Se ha reportado la asociación de la conversión alimenticia (CA) con algunos genes. En el exón 3 del gen *Lep* en ovejas lactantes, se encontraron diferencias significativas ($P<0.001$) en los genotipos de un SNP con variación en aminoácidos (c.314 G>A, Arg>Gln); el genotipo GG presentó menor CA (2.019 kg) comparada con el genotipo AG (3.886 kg) en la producción de leche⁽⁸⁸⁾. Así mismo, se encontró un efecto positivo de dos mutaciones sinónimas g.1429 C>A y g.1117 A>C en los genes Adrenoreceptor alfa 2A (*Adra2a*) y Receptor de Rianodina 2 (*Ryr2*) con este indicador de eficiencia, en *Adra2a* se identificaron tres genotipos CC, CA y AA, donde el homocigoto CC presentó menor CA (4.67^b, 5.18^a y 5.14^a kg, respectivamente). Por su parte en *Ryr2*, fueron identificados genotipos similares, aunque el homocigoto presentó menor CA pero estadísticamente fue similar al genotipo CC (5.14^b, 5.08^b y 5.46^a kg, respectivamente)⁽⁵⁵⁾. Recientemente, se reportó la asociación de los genes de la Familia *GDNF* Receptor Alfa 1 (*Gfra1*) y gen Fosfodiesterasa (*Pde8b*) con la EA en ovinos Santa Inés⁽⁹³⁾.

Los genes implicados en la eficiencia alimenticia pueden ser de gran ayuda para identificar mediante técnicas moleculares a los individuos superiores. Estas técnicas, han sido pobremente empleadas en los ovinos de pelo, por lo que su uso permitirá identificar y seleccionar a muy temprana edad aquellos individuos con mayor eficiencia alimenticia, reduciendo el intervalo generacional.

Calidad de carne y genes candidatos asociados

Los resultados en estudios realizados en ovinos^(5,37,39,46-49,51), sugieren que las características de la canal (área del *longissimus*, espesor de la grasa subcutánea y profundidad del músculo *longissimus*), no se ven afectados negativamente al seleccionar por el índice CAR, mientras que, en el rendimiento de la canal existen tendencias a haber una diferencia significativa ($P<0.1$) entre animales eficientes e ineficientes^(37,54). Por otro lado, se han reportado la asociación de genes con los parámetros físico-químicos que determinan la calidad de la carne, tales como el pH, terneza, capacidad de retención de agua, y color.

pH

En los pequeños rumiantes un pH normal para la carne debe estar en un rango de 5.5 a 5.8⁽⁹⁴⁾, y está relacionado con las características deseables en la calidad de la carne, como el color, fuerza de corte y capacidad de retención de agua⁽⁹⁵⁾. Algunos estudios han demostrado la relación que existe entre el pH y el polimorfismo de algunos genes. Se ha informado la asociación del gen *Lep* (intrón 2, g.103 A>G) en la raza Suffolk, identificando los genotipos

AA y AG, siendo el genotipo homocigoto que presentó menor pH 5.53 vs 5.70 para el heterocigoto ($P<0.05$)⁽⁹⁶⁾. Por otro lado, se identificaron genotipos del gen de la Proteína de Unión a Ácidos Grasos (*Fabp4*) en ovejas chinas con efecto sobre el pH ($P<0.1$). El genotipo heterocigoto AG presentó menor pH (6.3), mientras que AA y GG presentaron un valor de 6.5⁽⁹⁷⁾, aunque el pH final fue superior al reportado como deseable en la literatura⁽⁹⁴⁾.

Terneza

A medida que comienza el proceso de rigor mortis, los sarcómeros se acortan y se produce una contracción transversal de la miofibrilla, dando como resultado un aumento de la resistencia al corte. La reducción en el espacio entre miofilamentos dentro de la miofibrilla aumenta la densidad de las proteínas en un área definida, y es probable que esta reducción de espacio, disminuya la acción enzimática de las proteasas encargadas de la degradación de proteínas miofibrilares, afectando la terneza de la carne⁽⁹⁸⁾. Conjuntamente, con el descenso de la temperatura y el pH en la canal, y el aumento del calcio citoplasmático, se favorece la activación de las enzimas proteolíticas como las caspasas y las calpaínas⁽⁹⁵⁾, lo cual beneficia la terneza de la carne. Se ha reportado que la actividad de las calpaínas es responsable hasta en un 90% del ablandamiento proteolítico de la carne⁽⁹⁹⁾. Otros sistemas proteolíticos presentes en el músculo como las proteasas lisosómicas y el complejo de proteasoma multicatalítico están involucrados en la proteólisis del citoesqueleto y ablandamiento de la carne, aunque en menor proporción⁽¹⁰⁰⁾.

En ovinos se ha reportado la relación de algunos genes con la fuerza de corte, destacando el gen Calpastatina (*Cast*) como el principal gen relacionado con la textura. Se han reportado diferencias significativas entre los genotipos del gen *Cast* (B, C, D, I) en razas Iranies⁽¹⁰¹⁾, donde el genotipo I requirió una fuerza al corte de 8.39 kg y el genotipo C una fuerza de 12.69 kg, siendo más deseable ovinos del genotipo I para este parámetro. Además, se reportó una variación en el nucleótido 197A>T en el exón 6 del gen *Cast*, provocando un cambio en el aminoácido 66 Glutamina (Gln)>Leucina (Leu), donde el genotipo heterocigoto AT presentó menor fuerza al corte que el homocigoto AA (6.68 vs 8.71 kg). Para este mismo gen, se encontró la presencia de dos genotipos en la raza Awassi, con diferencias significativas ($P<0.05$) en la fuerza utilizada, presentando el genotipo MN mayor fuerza que el genotipo MM (4.36 y 3.98 kg, respectivamente)⁽¹⁰²⁾. En razas chinas, se ha reportado la asociación de genotipos del gen Diacilglicerol O-Aciltransferasa 1 (*Dgat1*) y la terneza, en el genotipo TT se necesitó menor fuerza que TC y CC (2.30, 2.69 y 2.73 kg)⁽¹⁰³⁾. También en razas chinas, se reportó el efecto de genotipos en el gen *Fabp4* con la terneza, el genotipo AA presentó mayor terneza que los genotipos AG y GG (2.24, 2.78 y 2.88 kg, respectivamente, $P<0.05$)⁽⁹⁷⁾. Otro gen asociado a este parámetro es el gen *Lep*; citando el polimorfismo en este gen (intrón 2, g.103 A>G) en la raza Suffolk, siendo el genotipo homocigoto AA quien presentó menor fuerza al corte que el genotipo AG (3.6 y 4.7 kg, respectivamente)⁽⁹⁶⁾.

Capacidad de retención de agua (CRA)

La CRA es definida como la habilidad de la carne para retener toda o parte de su propia agua⁽¹⁰⁴⁾, y está estrechamente relacionada con pH y el punto isoeléctrico de las proteínas musculares (pH 5.1-5, carga neta 0), por lo que, si se alcanza este punto, la CRA se reduce al mínimo⁽⁹⁸⁾. Este parámetro, es evaluado a través de las pruebas de pérdida por goteo y pérdida por cocción. La primera hace referencia al agua que se pierde derivada de la fuerza de gravedad⁽¹⁰⁵⁾, es decir el agua extracelular. La segunda, es la cantidad de agua que la carne pierde durante la cocción⁽¹⁰⁴⁾.

El gen *Cast* está relacionado con la pérdida por cocción, reportándose diferencias ($P < 0.05$) entre los genotipos MM y MN en ovinos Awassi, donde el genotipo homocigoto (MM) presentó el mayor porcentaje de pérdida de agua (48.45 y 45.69 %, respectivamente)⁽¹⁰²⁾. Por otro lado, se han reportado genes asociados al parámetro pérdida por goteo y se identificaron tres genotipos en el gen *Dgat1*, el genotipo TT presentó menor pérdida de agua, mientras que en TC y CC las pérdidas fueron similares (67.1, 92.6 y 92.4 g kg⁻¹)⁽¹⁰³⁾. Así mismo, se ha reportado que el gen *Fabp4* está asociado al parámetro, donde reportan la identificación de los genotipos AA, AG y GG; el genotipo AA presentó un menor porcentaje de pérdida (8.86, 9.48 y 9.39 %, respectivamente), aunque estadísticamente no hubo diferencias significativas ($P < 0.1$)⁽⁹⁷⁾. Así mismo, polimorfismos en el gen Calpaína Subunidad 1 (*Capns1*) han sido asociados a CRA, identificando cinco genotipos con diferencia en el porcentaje de pérdida de humedad ($P < 0.01$); el genotipo B1B1 presentó 4.11 % mientras que los genotipos A1A1, A1B1, A1C1 y B1C1 estuvieron en un rango de 2.23 a 3.30 %⁽¹⁴⁾. Además, dos genotipos en el gen de la Insulina como Factor de Crecimiento 1 (*Igf-1*) con efectos significativos sobre la pérdida por goteo han sido reportados, el genotipo homocigoto AA registró un 2.47 % de pérdida, mientras que el heterocigoto AB un 3.33 %⁽¹⁰⁶⁾. También el polimorfismo en el gen de la Miostatina (*Mstn*) ha sido asociado a este parámetro, se reportó la identificación de dos genotipos, obteniendo diferencias significativas ($P < 0.05$) en el porcentaje de pérdida de agua, siendo el genotipo AA que registró un 2.5 % mientras que AE un 3.5 %⁽¹⁰⁷⁾.

Color

El color de la carne es en gran medida el principal factor atractivo para el cliente, ya que perciben en este parámetro una señal de frescura y calidad, por lo que un color rojo en una carne ovina es preferible. El color de la carne cambia a medida que los pigmentos de mioglobina en la superficie de la carne entran en contacto con el oxígeno, y van de deoximioglobina (púrpura), oxymioglobina (rojo), hasta metamioglobina (marrón)⁽¹⁰⁸⁾. Los valores de CIE-L* (negro-blanco), a*(rojo-verde) y b*(azul-amarillo) han sido utilizados para cuantificar el color de la carne, siendo utilizada una relación de reflectancia de la luz en las longitudes de onda de 630 nm y 580 nm para detectar cambios químicos en la carne debido a la oxigenación u oxidación de la mioglobina⁽¹⁰⁹⁾.

Al respecto, se ha reportado diferencias significativas ($P<0.05$) entre los genotipos del gen *Capns1* y las coordenadas de reflectancia L^* , observando dos genotipos homocigotos A1A1 y B1B1 y tres heterocigotos A1B1, A1C1 y B1C1 en ovinos de la raza Merino, donde el genotipo B1B1 y A1C1 presentaron la menor y mayor unidades de luminosidad (38.05 y 41.13, respectivamente)⁽¹⁴⁾. Al igual que las calpaínas, el antagonista de esta enzima *Cast* es asociada al color, se han encontrado diferencias ($P<0.05$) para L^* entre los genotipos MM y MN en ovinos Awassi, el genotipo homocigoto presentó mayor luminosidad (37.60 y 32.47, respectivamente)⁽¹⁰²⁾. Para el gen Esteroil-CoA Desaturasa (*Scd*) en ovinos Iraníes, fueron identificados dos genotipos A y B, los cuales presentaron diferencias significativas para L^* y a^* , el genotipo B presentó mayor luminosidad L^* (40.96 y 43.16, respectivamente), mientras que A presentó un mayor valor al color rojo a^* (16.0 y 15.08, respectivamente)⁽¹¹⁰⁾. En los ovinos de pelo, no existen investigaciones donde se evalúen los genes relacionados con características de la canal y la calidad de carne de importancia económica. Por lo que, evaluar genes relacionados a estos rasgos mediante técnicas moleculares, es de gran importancia para acelerar el mejoramiento genético de las razas de pelo.

Conclusiones

El CAR y GIR son índices que permiten identificar y seleccionar individuos eficientes en el uso del alimento y, en ovinos no se ha encontrado un efecto negativo sobre las características de la canal. Esta característica deseable (eficiencia) es de moderada heredabilidad, y está asociada a múltiples genes que pueden ser utilizados como marcadores moleculares para el mejoramiento genético. Por lo que, realizar trabajos de investigación que incluyan estos índices y el uso de técnicas moleculares en la selección y mejoramiento genético de ovinos de pelo, podría permitir predecir el comportamiento animal. Además, existen genes relacionados a rasgos de la canal y calidad de carne de importancia económica, que pueden ser incluidos en los programas de mejoramiento genético de estas razas. Con ello se podrá impulsar un mayor desarrollo de la ovinocultura, debido a que, individuos más eficientes tienen una menor ingesta sin afectar la tasa de crecimiento (CAR) o mayor ganancia de peso con ingestas similares de alimento (GIR), reduciendo los costos de producción e incrementando la rentabilidad de las unidades de producción. Además de producir alimentos de calidad que exige el mercado global y, contribuyendo en la reducción la huella ecológica de la ganadería.

Literatura citada:

1. FAO. Faostat database. 2020. <http://www.fao.org/faostat/en/#home>, Consultado: 20 Ene, 2020.
2. SIAP. Ovino Población Ganadera 2009-2018. https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/516348/Inventario_2018_Ovino.pdf, Consultado: 15 Ene, 2020.
3. PROGAN. Programa Nacional Ganadero. SAGARPA. 2010. <http://www.sagarpa.gob.mx/ganaderia/Programas/Paginas/PROGRAM.aspx>
4. Chay-Canul AJ, Magaña-Monforte JG, Chizzotti ML, Piñeiro-Vázquez AT, Canul-Solís JR, Ayala-Burgos AJ, *et al.* Energy requirements of hair sheep in the tropical regions of Latin America. Review. Rev Mex Cien Pecu 2016;7(1):105-125.
5. Lima NLL, Ribeiro CRF, De Sá HCM, Júnior IL, Cavalcanti LFL, Santana RAV, *et al.* Economic analysis, performance, and feed efficiency in feedlot lambs. Rev Bras Zoot 2017;46(10):821-829.
6. Ellison MJ, Conant GC, Lamberson WR, Cockrum RR, Austin KJ, Rule DC, *et al.* Diet and feed efficiency status affect rumen microbial profiles of sheep. Small Ruminant Res 2017;(156):12-19.
7. Cantalapiedra-Hijar, G, Abo-Ismael M, Carstens, GE, Guan LL, Hegarty R, Kenny DA, *et al.* Review: Biological determinants of between-animal variation in feed efficiency of growing beef cattle. Animal 2018;12(S2):s321-s335.
8. Arthur JPF, Herd RM. Residual feed intake in beef cattle. Rev Bras Zootec 2008;37(Suppl):269-279.
9. Koch RM, Swiger LA, Chambers D, Gregory KE. Efficiency of feed use in beef cattle. J Anim Sci 1963;(22):486-494.
10. Bezerra L, Sarmiento J, Neto S, Paula N, Oliveira R, Rêgo W. Residual feed intake: a nutritional tool for genetic improvement. Trop Anim Health Prod 2013;(45):1649-1661.
11. Fitzsimons C, Kenny DA, McGee M. Visceral organ weights, digestion and carcass characteristics of beef bulls differing in residual feed intake offered a high concentrate diet. Animal 2014;(8):949-959.
12. Berry DP, Crowley JJ. Residual intake and gain: A new measure of efficiency in growing cattle. J Anim Sci 2012;(90):109-115.
13. Becker T. Consumer perception of fresh meat quality: a framework for analysis. Brit Food J 2000;(102):158-176.

14. Grochowska E, Borys B, Grzeskowiak E, Mroczkowski S. Effect of the calpain small subunit 1 gene (CAPNS1) polymorphism on meat quality traits in sheep. *Small Ruminant Res* 2017;(150):15-21.
15. Baker SD, Szasz JI, Klein TA, Kuber PS, Hunt CW, Glaze JBJr, *et al.* Residual feed intake of purebred Angus steers: Effects on meat quality and palatability. *J Anim Sci* 2006;(84):938-945.
16. Perkins SD, Key CN, Garrett CF, Foradori CD, Bratcher CL, Kriese-Anderson LA, Brandebourg TD. Residual feed intake studies in Angus-sired cattle reveal a potential role for hypothalamic gene expression in regulating feed efficiency. *J Anim Sci* 2014;92(2):549-560.
17. Gomes RC, Sainz RD, Silva SL, César MC, Bonin MN, Leme PR. Feedlot performance, feed efficiency reranking, carcass traits, body composition, energy requirements, meat quality and calpain system activity in Nellore steers with low and high residual feed intake. *Livest Sci* 2012;(150):265-273.
18. Fidelis HA, Bonilha SFM, Tedeschi LO, Branco RH, Cyrillo JNSG, Mercadante MEZ. Residual feed intake, carcass traits and meat quality in Nellore cattle. *Meat Sci* 2017;(128):34-39.
19. Zorzi K, Bonilha SFM, Queiroz AC, Branco RH, Sobrinho TL, Duarte MS. Meat quality of young Nellore bulls with low and high residual feed intake. *Meat Sci* 2013;(93):593-599.
20. Koohmaraie M, Kent MP, Shackelford SD, Veiseth E, Wheeler TL. Meat tenderness and muscle growth: is there any relationship?. *Meat Sci* 2002;62(3):345-352.
21. Castro-Bulle FCP, Paulino PV, Sanches AC, Sainz RD. Growth, carcass quality, and protein and energy metabolism in beef cattle with different growth potentials and residual feed intakes. *J Anim Sci* 2007;85(4):928-936.
22. McDonagh M, Herd R, Richardson E, Oddy V, Archer J, Arthur P. Meat quality and the calpain system of feedlot steers following a single generation of divergent selection for residual feed intake. *Aust J Exp Agric* 2001;(41):1013-1021.
23. Blasco A, Toro MA. A short critical history of the application of genomics to animal breeding. *Livest Sci* 2014;(166):4-9.
24. Benavides FJ, Guénet JL. Mouse genomics. In: Hedrich HJ editor. *The laboratory mouse*. 2nd ed. London: Elsevier; 2012:57-90.

25. Singh U, Deb R, Rahman AR, Alex R, Kumar S, Chakraborty S, *et al.* Molecular markers and their applications in cattle genetic research: A review. *Biomark Genom Med* 2014;(6):49-58.
26. Archer JA, Reverter A, Herd RM, Johnston DJ, Arthur PF. Genetic variation in feed intake and efficiency of mature beef cows and relationships with post-weaning measurements. In: 7th World Congress Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France. 2002:221-225.
27. Basarab JA, McCartney D, Okine EK, Baron VS. Relationships between progeny residual feed intake and dam productivity traits. *Can J Anim Sci* 2007;(87):489-502.
28. Crews JrDH, Shannon NH, Genswein BMA, Crews RE, Johnson CM, Kendrick BA. Genetic parameters for net feed efficiency of beef cattle measured during postweaning growing versus finishing periods. *Proc West Sect Am Soc Anim Sci* 2003;(54):125-128.
29. Steyn Y, Van Marle-Koster E, Theron HE. Residual feed intake as selection tool in South African Bonsmara cattle. *Livest Sci* 2014;(164):35-38.
30. Herd RM, Arthur PF. Physiological basis for residual feed intake. *J Anim Sci* 2009;87(E. Suppl):E64-E71.
31. Nkrumah JD, Okine EK, Mathison GW, Schmid K, Li C, Basarab JA, *et al.* Relationships of feedlot feed efficiency, performance and feeding behavior with metabolic rate, methane production, and energy partitioning in beef cattle. *J Anim Sci* 2006;(84):145-153.
32. Hegarty RS, Goopy JP, Herd RM, McCorkell B. Cattle selected for lower residual feed intake have reduced daily methane production. *J Anim Sci* 2007;(85):1479-1486.
33. Fitzsimons C, Kenny DA, Deighton M, Fahey AG, McGee M. Methane emissions and rumen fermentation variables of beef heifers differing in phenotypic residual feed intake. *J Anim Sci* 2013;(91):5789-5800.
34. Basarab JA, Price MA, Aalhus JL, Okine EK, Snelling WM, Lyle KL. Residual feed intake and body composition in young growing cattle. *Can J Anim Sci* 2003;(83):189-204.
35. Lanna DP, Almeida R. Residual feed intake, um novo critério para seleção?. In: V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal. 2004:1-12. Disponible en: <http://www.sbmaonline.org.br/anais/v/palestras/palest04.pdf>>. Accessed: Dec 10, 2019.

36. Carneiro MMY, Morais MdaG, Souza ARDL, Fernandes HJ, Feijó GLD, Bonin MdeN, *et al.* Residual intake and gain for the evaluation of performance, non-carcass components, and carcass characteristics of confined crossbred Texel lambs. *Rev Bras Zoot* 2019;(48):e2018206.
37. Rocha RFAT, Souza ARDL, Morais MdaG, Carneiro MMY, Fernandes HJ, Feijó GLD, *et al.* Performance, carcass traits, and non-carcass components of feedlot finished lambs from different residual feed intake classes. *Semin-Cienc Agrar* 2018;39(6):2645-2658.
38. Lima-Montelli NLL, De Almeida AK, Ribeiro CRF, Grobe MD, Abrantes MAF, Lemos GS, *et al.* Performance, feeding behavior and digestibility of nutrients in lambs with divergent efficiency traits. *Small Ruminant Res* 2019;(180):50-56.
39. Paula EFE, Monteiro ALG, Prado OR, Cosmo TR, Junior NST, Kulik CH, *et al.* Medidas de desempenho e eficiência, características da carcaça mensuradas por ultrassonografia e o consumo alimentar residual de ovinos. *Rev Acad Ciênc Agrár Ambient* 2012;10(2):129-135.
40. Muro-Reyes A, Gutierrez-Banuelos H, Diaz-Garcia LH, Gutierrez-Pina FJ, Escareno-Sanchez LM, *et al.* Potential environmental benefits of residual feed intake as strategy to mitigate methane emissions in sheep. *J Anim Vet Adv* 2011;10(12):1551-1556.
41. Bonilha MSF, Branco HR, Mercadante ZME, Cyrillo GJNS, Monteiro MF, Ribeiro EG. Digestion and metabolism of low and high residual feed intake Nellore bulls. *Trop Anim Health Prod* 2017;(49):529-535.
42. Richardson EC, Herd RM. Biological basis for variation in residual feed intake in beef cattle. 2. Synthesis of results following divergent selection. *Aust J Exp Agric* 2004;(44):431-440.
43. Allen MS. Review: Control of feed intake by hepatic oxidation in ruminant animals: integration of homeostasis and homeorhesis. *Animal* 2020;14(S1):s55-s64.
44. Standing Committee on Agriculture. Feeding standards for Australian livestock. Ruminants. East Melbourne, Australia. CSIRO Publications. 2000.
45. Redden RR, Surber LMM, Roeder BL, Nichols BM, Paterson JA, Kott RW. Residual feed efficiency established in a post-weaning growth test may not result in more efficient ewes on the range. *Small Ruminant Res* 2011;96(2-3):155-159.
46. Rajai-Sharifabadi H, Zamiri MJ, Rowghani E, Bottje WG. Relationship between the activity of mitochondrial respiratory chain complexes and feed efficiency in fat-tailed Ghezel lambs. *J Anim Sci* 2012;(90):1807-1815.

47. Paula EFE, Monteiro ALG, Souza DF, Prado OR, Nomura TM, Stivari TSS, *et al.* The residual feed intake and its relationship with performance and efficiency measures and in vivo carcass characteristics of lambs. *Arq Bras Med Vet Zoot* 2013;65(2):566-572.
48. Redden RR, Surber LMM, Grove AV, Kott RW. Growth efficiency of ewe lambs classified into residual feed intake groups and pen fed a restricted amount of feed. *Small Ruminant Res* 2013;(114):214-219.
49. Redden RR, Surber LMM, Grove AV, Kott RW. Effects of residual feed intake classification and method of alfalfa processing on ewe intake and growth. *J Anim Sci* 2014;92(2):830-835.
50. Meyer AM, Vraspir RA, Ellison MJ, Cammack KM. The relationship of residual feed intake and visceral organ size in growing lambs fed a concentrate-or forage-based diet. *Livest Sci* 2015;(176):85-90.
51. Rajai-Sharifabadi H, Naserian AA, Valizadeh R, Nassiry MR, Bottje WG, Redden RR. Growth performance, feed digestibility, body composition, and feeding behavior of high- and low-residual feed intake fat-tailed lambs under moderate feed restriction. *J Anim Sci* 2016;(94):3382-3388.
52. Liang YS, Li GZ, Li XY, Lü JY, Li FD, Tang DF, *et al.* Growth performance, rumen fermentation, bacteria composition, and gene expressions involved in intracellular pH regulation of rumen epithelium in finishing Hu lambs differing in residual feed intake phenotype1. *J Anim Sci* 2017;(95):1727-1738.
53. Zamiri MJ, Mehrabi R, Kavooosi GR, Rajaei-Sharifabadi H. Relationships between the activity of respiratory-chain complexes in pre-(biopsy) or post-slaughter muscle samples and feed efficiency in random-bred Ghezel lambs. *Anim Prod Sci* 2017;(57):1674-1681.
54. Zhang X, Wang W, Mo F, La Y, Li C, Li F. Association of residual feed intake with growth and slaughtering performance, blood metabolism, and body composition in growing lambs. *Sci Rep* 2017;(7):12681.
55. Zhang D, Zhang X, Li F, Li C, La Y, Mo F, *et al.* Transcriptome analysis identifies candidate genes and pathways associated with feed efficiency in Hu Sheep. *Front Genet* 2019;(10):1183.
56. Singh B, Mal G, Gautam SK, Mukesh M. Gut/rumen microbiome – A livestock and industrial perspective. In: *Advances in animal biotechnology*. Cham, Switzerland: Springer International Publishing; 2019:17-30.

57. King EE, Smith RP, St-Pierre B, Wright ADG. Differences in the Rumen Methanogen Populations of Lactating Jersey and Holstein Dairy Cows under the Same Diet Regimen. *Appl Environ Microbiol* 2011;(76):5682-5687.
58. Carberry CA, Kenny DA, Han S, McCabe MS, Waters SM. Effect of phenotypic residual feed intake and dietary forage content on the rumen microbial community of beef cattle. *Appl Environ Microbiol* 2012;78(14):4949-4958.
59. Ellison MJ, Conant GC, Cockrum RR, Austin KJ, Truong H, Becchi M, *et al.* Diet alters both the structure and taxonomy of the ovine gut microbial ecosystem. *DNA Res* 2014;21(2):115-125.
60. Hristov AN, Oh J, Lee C, Meinen R, Montes F, Ott T, *et al.* Mitigación de las emisiones de gases de efecto invernadero en la producción ganadera – Una revisión de las opciones técnicas para la reducción de las emisiones de gases diferentes al CO₂. En: Gerber PJ, *et al* editores. *Producción y Sanidad Animal* FAO, Documento No. 177. FAO, Roma, Italia. 2013:13-17.
61. Henderson G, Cox F, Ganesh S, Jonker A, Young W, Global Rumen Census Collaborators, *et al.* Rumen microbial community composition varies with diet and host, but a core microbiome is found across a wide geographical range. *Sci Rep* 2015;(5):14567.
62. Zhou M, Hernández-Sanabria E, Guan LL. Assessment of the microbial ecology of ruminal methanogens in cattle with different feed efficiencies. *Appl Environ Microbiol* 2009;(75):6524-6533.
63. Paganoni B, Rose G, Macleay C, Jones C, Brown DJ, Kearney G, *et al.* More feed efficient sheep produce less methane and carbon dioxide when eating high-quality pellets. *J Anim Sci* 2017;(95):3839–3850.
64. Seabury CM, Oldeschulte DL, Saatchi M, Beaver JE, Decker JE, Halley YA, *et al.* Genome-wide association study for feed efficiency and growth traits in U.S. beef cattle. *BMC Genomics* 2017;(18):386.
65. Abo-Ismael MK, Lansink N, Akanno E, Karisa BK, Crowley JJ, Moore SS, *et al.* Development and validation of a small SNP panel for feed efficiency in beef cattle. *J Anim Sci* 2018;(96):375–397.
66. Higgins MG, Fitzsimons C, McClure MC, McKenna C, Conroy S, Kenny DA, *et al.* GWAS and eQTL analysis identifies a SNP associated with both residual feed intake and GFRA2 expression in beef cattle. *Sci Rep* 2018;(8):14301.

67. Duarte DAS, Newbold CJ, Detmann E, Silva FF, Freitas PHF, Veroneze R, *et al.* Genome-wide association studies pathway-based meta-analysis for residual feed intake in beef cattle. *Anim Genet* 2019;(50):150-153.
68. Maekawa M, Yamaguchi K, Nakamura T, Shibukawa R, Kodanaka I, Ichisaka T, *et al.* Direct reprogramming of somatic cells is promoted by maternal transcription factor GLIS1. *Nature* 2011;(474):225–229.
69. Han Y, Lefebvre V. L-Sox5 and Sox6 drive expression of the aggrecan gene in cartilage by securing binding of Sox9 to a far-upstream enhancer. *Mol Cell Biol* 2008;(28):4999–5013.
70. Montani C, Gritti L, Beretta S, Verpelli C, Sala C. The synaptic and neuronal functions of the x-linked intellectual disability protein interleukin-1 receptor accessory protein like 1 (IL1RAPL1). *Dev Neurobiol* 2019;79(1):85-95.
71. Ladyman SR, Grattan DR. Review JAK-STAT and feeding. *JAK-STAT* 2013;(2):e23675.
72. Roux-Buisson N, Cacheux M, Fourest-Lieuvain A, Fauconnier J, Brocard J, Denjoy I, *et al.* Absence of triadin, a protein of the calcium release complex, is responsible for cardiac arrhythmia with sudden death in human. *Hum Mol Genet* 2012;21(12):2759-2767.
73. Gao T, Qian S, Shen S, Zhang X, Liu J, Jia W, *et al.* Reduction of mitochondrial 3-oxoacyl-ACP synthase (OXSM) by hyperglycemia is associated with deficiency of α -lipoic acid synthetic pathway in kidney of diabetic mice. *Biochem Bioph Res Co* 2019;512(1):106-111.
74. Mark M, Ghyselinck NB, Chambon P. Function of retinoid nuclear receptors: lessons from genetic and pharmacological dissections of the retinoic acid signaling pathway during mouse embryogenesis. *Annu Rev Pharmacol Toxicol* 2006;46:451-480.
75. Houseknecht KL, Portocarrero CP. Leptin and its receptors: regulators of whole-body energy homeostasis. *Domest Anim Endocrinol* 1998;15(6):457-75.
76. Akers RM. Major advances associated with hormone and growth factor regulation of mammary growth and lactation in dairy cows. *J Dairy Sci* 2006;89(4):1222-1234.
77. Cone RD. Anatomy and regulation of the central melanocortin system. *Nat Neurosci* 2005;(8):571-578.
78. Lima JJ, Feng H, Duckworth L, Sylvester JE, Kissoon N, Garg H. Association analyses of adrenergic receptor polymorphisms with obesity and metabolic alterations. *Metabolism* 2007;(56):757-765.

79. Hayashi M, Matsushima K, Ohashi H, Tsunoda H, Murase S, Kawarada Y, Tanaka T. Molecular cloning and characterization of human PDE8B, a novel thyroid-specific isozyme of 3',5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase. *Biochem Bioph Res Co* 1998;250:751–756.
80. Kopp P. Thyroid hormone synthesis. In: Braverman LE, Utiger RD, editors. *The thyroid. A fundamental and clinical text*. New York: Lippincott; 2005:52–76.
81. Paratcha G, Ledda F, Baars L, Couplier M, Besset V, Anders J, *et al.* Released GFR α 1 potentiates downstream signaling, neuronal survival, and differentiation via a novel mechanism of recruitment of c-ret to lipid rafts. *Neuron* 2001;(29):171-184.
82. Yan W, Zhou H, Hu J, Luo Y, Hickford JGH. Variation in the FABP4 gene affects carcass and growth traits in sheep. *Meat Sci* 2018;(145):334-339.
83. Yen CL, Stone SJ, Koliwad S, Harris C, Farese RV Jr. DGAT enzymes and triacylglycerol biosynthesis. *J Lipid Res* 2008;49(11):2283-2301.
84. Rechler MM, Nissley SP. Insulin-Like Growth Factors. In: Sporn MB, Roberts AB editors. *Peptide growth factors and their receptors I*. Springer, New York, NY: Springer Study Edition; 1991:263-267.
85. Tellam RL, Cockett NE, Vuocolo T, Bidwell CA. Genes contributing to genetic variation of muscling in sheep. *Front Genet* 2012;(3):164.
86. Sampath H, Ntambi JM. Stearoyl-coenzyme A desaturase 1, sterol regulatory element binding protein-1c and peroxisome proliferator-activated receptor- α : independent and interactive roles in the regulation of lipid metabolism. *Curr Opin Clin Nutr* 2006;9(2):84-88.
87. Cockrum RR, Pickering NK, Anderson RM, Hyndman DL, Bixley MJ, Dodds KG, *et al.* Identification of single nucleotide polymorphisms associated with feed efficiency in rams. *Proc West Sect Am Soc Anim Sci* 2012;(63):79-83.
88. Jonas E, Martin GB, Celi P, Li L, Soattin M, Thomson PC, *et al.* Association of polymorphisms in leptin and leptin receptor genes with circulating leptin concentrations, production and efficiency traits in sheep. *Small Ruminant Res* 2016;(136):78-86.
89. Zhang L, Liu J, Zhao F, Ren H, Xu L, Lu J, *et al.* Genome-wide association studies for growth and meat production traits in sheep. *Plos One* 2013;8(6):e66569.
90. Hajhosseinlo A, Hashemi A, Sadeghi S. Association between polymorphism in exon 3 of leptin gene and growth traits in the Makoei sheep of Iran. *Livest Res Rural Dev* 2012;24(166). <http://www.lrrd.org/lrrd24/9/haji24166.htm>. Accessed Nov 22, 2019.

91. Gorlov IF, Kolosov YA, Shirikova NV, Getmantseva LV, Slozhenjina MI, Mosolova NI, *et al.* Association of the growth hormone gene polymorphism with growth traits in Salsk sheep breed. *Small Ruminant Res* 2017;(150):11-14.
92. Zou B, Liu G, Peng Y, Qian H, Liu J, Jiang X, Mara A. Melanocortin-4 receptor (MC4R) polymorphisms are associated with growth and meat quality traits in sheep. *Mol Biol Rep* 2014;(41):6967-6974.
93. Alvarenga AB, Rovadoscki GA, Petrini J, dos Santos ACP, Coutinho LL, Mourão GB, *et al.* Novelty SNPs for feed efficiency in Santa Inês breed sheep. In: *Proc Int Meeting Adv Anim Sci. Campinas: GALOÁ. 2018.* <https://proceedings.science/imas/papers/novelty-snps-for-feed-efficiency-in-santa-ines-breed-sheep?lang=en>. Accessed Nov 21, 2019.
94. De Almeida RFC, Françaço MC, Ludovico A. Fatty acid profile and lambs' meat quality fed with different levels of crude glycerin replacing corn. *Semin-Cienc Agrar* 2017;38(4):2051–2064.
95. Corazzin M, Del Bianco S, Bovolenta S, Piasentier E. Carcass characteristics and meat quality of sheep and goat. In: Lorenzo JM, *et al* editors. *More than beef, pork and chicken-The production, processing, and quality traits of other sources of meat for human diet.* Cham, Switzerland: Springer International Publishing; 2019:119-165.
96. Boucher D, Palin MF, Castonguay F, Gariépy C, Pothier F. Detection of polymorphisms in the ovine leptin (LEP) gene: Association of a single nucleotide polymorphism with muscle growth and meat quality traits. *Can J Anim Sci* 2006;86(1):31-35.
97. Xu QL, Tang GW, Zhang QL, Huang YK, Liu YX, Quan K, *et al.* The FABP4 gene polymorphism is associated with meat tenderness in three Chinese native sheep breeds. *Czech J Anim Sci* 2011;(56):1-6.
98. Warner R. Meat: Conversion of Muscle into Meat. In: Caballero B, *et al* editors. *The Encyclopedia of Food and Health.* Oxford: Academic Press; 2016:677-684.
99. Gheisari HR, Shekarforoush SS, Aminlari M. Comparative studies on calpain activity of different muscles of cattle, camel, sheep and goat. *Iran J Vet Res* 2007;8(3):225–230.
100. Koohmaraie M, Geesink GH. Contribution of postmortem muscle biochemistry to the delivery of consistent meat quality with particular focus on the calpain system. *Meat Sci* 2006;74(1):34–43.

101. Aali M, Moradi-Shahrbabak H, Moradi-Shahrbabak M, Sadeghi M, Yousefi AR. Association of the calpastatin genotypes, haplotypes, and SNPs with meat quality and fatty acid composition in two Iranian fat- and thin-tailed sheep breeds. *Small Ruminant Res* 2017;(149):40-51.
102. Jawasreh KI, Jadallah R, Al-Amareen AH, Abdullah AY, Al-Qaisi A, Alrawashdeh IM, *et al.* Association between MspI calpastatin gene polymorphisms, growth performance, and meat characteristics of Awassi sheep. *Indian J Anim Sci* 2017;87(5):635-639.
103. Xu QL, Chen YL, Ma RX, Xue P. Polymorphism of DGAT1 associated with intramuscular fat-mediated tenderness in sheep. *J Sci Food Agric* 2009;(89):232–237.
104. Honikel KO. Water-holding capacity of Meat. In: Pas MFW, *et al* editors. *Muscle development of livestock animals- physiology, genetics, and meat quality*. UK: CABI Publishing; 2004:389-399.
105. Fisher K. Drip loss in pork: influencing factors and relation to further meat quality traits. *J Anim Breed Genet* 2007;124(1):12-18.
106. Grochowska E, Borys B, Janiszewski P, Knapik J, Mroczkowski S. Effect of the IGF-I gene polymorphism on growth, body size, carcass and meat quality traits in Coloured Polish Merino sheep. *Arch Anim Breed* 2017;(60):161-173.
107. Grochowska E, Borys B, Lisiak D, Mroczkowski S. Genotypic and allelic effects of the myostatin gene (MSTN) on carcass, meat quality, and biometric traits in Colored Polish Merino sheep. *Meat Sci* 2019;(151):4-17.
108. Calnan HB, Jacob RH, Pethick DW, Gardner GE. Factors affecting the colour of lamb meat from the longissimus muscle during display: The influence of muscle weight and muscle oxidative capacity. *Meat Sci* 2011;96(2B):1049-1057.
109. Hunt MC, Acton JC, Benedict RC, Calkins CR, Cornforth DP, Jeremiah LE, *et al.* *Guidelines for meat color evaluation*. Kansas State University, Manhattan, KS: American Meat Science Association; 1991:1-17.
110. Aali M, Moradi-Shahrbabak H, Moradi-Shahrbabak M, Sadeghi M, Kohram H. Polymorphism in the SCD gene is associated with meat quality and fatty acid composition in Iranian fat and thin tailed sheep breeds. *Livest Sci* 2016;(188):81-90

Cuadro 1: Parámetros productivos en ovinos clasificados por consumo de alimento residual (CAR)

Razas	Consumo de alimento residual									DCMS	Autor
	Bajo	Medio	Alto	Bajo	Medio	Alto	Bajo	Medio	Alto		
	Ganancia diaria de peso			Consumo de materia seca			Conversión alimenticia				
½D½SI	0.280	-	0.270	1.24 ^b	-	1.41 ^a	4.43 ^b	-	5.15 ^a	12.06	5
RHS	0.260	-	0.240	2.23 ^b	-	3.22 ^a	-	-	-	30.74	6
¾T¼P	0.321 ^a	0.277 ^b	0.306 ^{ab}	1.34 ^b	1.35 ^b	1.52 ^b	4.18 ^a	4.90 ^b	5.00 ^b	11.84	37
½D½SI	0.284	0.301	0.286	1.25 ^{**}	1.37 ^{**}	1.44 ^{**}	-	-	-	13.19	38
Dorper	0.266	-	0.253	2.63 ^b	-	3.00 ^a	5.94 ^b	-	6.91 ^a	12.33	39
Rambouillet	0.180	0.170	0.180	1.39 ^c	1.48 ^b	1.67 ^a	-	-	-	16.77	40
Targhee	0.350	0.330	0.360	1.92 ^b	2.02 ^b	2.32 ^a	6.58 ^b	7.71 ^a	7.83 ^a	17.24	45
Ghezel	0.210	-	0.200	1.01 ^b	-	1.12 ^a	4.95 ^b	-	5.53 ^a	9.82	46
Ile de France	0.329	-	0.335	1.42 ^b	-	1.63 ^a	4.35	-	4.93	12.88	47
Targhee	0.297	0.302	0.286	2.15 ^b	2.31 ^b	2.52 ^a	-	-	-	14.68	48
Targhee	0.294	-	0.293	2.21 ^b	-	2.43 ^a	-	-	-	9.05	49
RHS	-	-	-	2.10 ^b	-	2.89 ^a	-	-	-	27.34	50
Kurdi	0.260	-	0.260	1.82 ^b	-	2.11 ^a	-	-	-	13.74	51
Hu	0.280	-	0.250	1.50 ^b	-	1.72 ^a	-	-	-	12.80	52
Ghezel	0.280	-	0.290	1.52 ^b	-	1.72 ^a	5.47	-	5.93	11.63	53
Hu	0.250	0.260	0.260	1.09 ^c	1.25 ^b	1.33 ^a	4.51 ^c	4.84 ^b	5.39 ^a	18.04	54
Hu	0.260	-	0.270	1.05 ^b	-	1.48 ^a	3.92 ^b	-	5.62 ^a	29.05	55

DCMS= Diferencia en el consumo de materia seca (%), ½D½SI= ½Dorper ½Santa Inés, RHS= Rambouillet, Hampshire y Suffolk, ¾T¼P= ¾Texel ¼Pantaneira,

**., abc= Diferencias significativas.

Cuadro 2: Parámetros productivos en ovinos clasificados por ganancia e ingesta residual (GIR)

Raza	Ganancia e ingesta residual												Autor
	Bajo	Medio	Alto	Bajo	Medio	Alto	Bajo	Medio	Alto	Bajo	Medio	Alto	
	Consumo de materia seca			Ganancia diaria de peso			Conversión alimenticia			Eficiencia alimenticia			
½D½SI	1.39 ^a	-	1.31 ^b	0.26 ^b	-	0.30 ^a	5.32 ^a	-	4.28 ^b	0.19 ^b		0.23 ^a	5
¾T¼P	1.28	1.27	1.22	0.26 ^b	0.29 ^a	0.31 ^a	4.99 ^a	4.28 ^b	3.91 ^c	0.20 ^c	0.24 ^b	0.26 ^a	36
½D½SI	1.41	1.37	1.31	0.26 ^{**}	0.29 ^{**}	0.30 ^{**}	5.36 [*]	4.61 [*]	4.27 [*]	0.18 [*]	0.21 [*]	0.23 [*]	38

½D½SI= ½Dorper ½Santa Inés, ¾T¼P= ¾Texel ¼Pantaneira, *= Datos calculados, **, abc= Diferencias significativas.

Cuadro 3: Genes asociados a eficiencia alimenticia y calidad de carne en ovinos

Símbolo	Gen	Crom	Proceso biológico	Parám	Autor
<i>Glis1</i>	<i>Glis</i> Familia Dedos de Zinc 1	1	Promueve significativamente la reprogramación de fibroblastos en humanos y de ratón, en células madre pluripotentes inducidas durante el desarrollo embrionario. Teniendo una expresión enriquecida en el óvulo fertilizado, expresión moderada en los ovocitos de metafase II y expresión débil en embriones de dos células. Además, está asociado en la regulación de genes (incluido el factor de transcripción <i>Foxa2</i> , múltiples genes de la familia <i>Wnt</i> y <i>Esrrb</i>) implicados en la transición mesenquimal-epitelial, un proceso crítico en la reprogramación de las células somáticas.	CAR	68-70, 87
<i>Sox5</i> y <i>Sox6</i>	Factor de transcripción SRY caja -5 y -6	15	Su expresión está relacionada con un proceso eficiente de la condrogénesis (desarrollo del cartílago), aunque se requiere del gen <i>Sox9</i> para activar y mantener genes específicos de condrocitos. Los genes <i>Sox5</i> y <i>Sox6</i> aumentan notablemente la actividad transcripcional de <i>Sox9</i> , asegurando su unión al ADN.		
<i>Illrap11</i>	Proteína Accesorio 1 del Receptor de Interleucina 1	X	Relacionado con la discapacidad intelectual y trastornos del espectro autista promovido por la ausencia de la proteína de <i>Illrap11</i> . Las mutaciones en <i>Illrap11</i> causan la ausencia de la proteína o la producción de una proteína disfuncional en humanos.		
<i>Lepr</i>	Receptor de Leptina	1	Produce una proteína del mismo nombre, que al unirse con la Leptina desencadenan una serie de señales químicas (vía de señalización JAK/STAT) causando la activación del receptor y la transfosforilación de las moléculas JAK asociadas al receptor. Una de las funciones en las que participa esta vía es la homeostasis energética.	CAR	71, 88

<i>Trdn</i>	Triadina	8	Contribuye a la regulación de la liberación de Ca^{2+} a través de los canales de liberación de calcio del retículo sarcoplásmico <i>Ryr2</i> y <i>Casq2</i> , un paso clave para desencadenar la contracción del músculo esquelético y cardíaco; la ausencia de triadinina es responsable de la arritmia cardíaca con muerte súbita en humanos.	GDP	
<i>Oxsm</i>	3-Oxoacil-ACP Sintasa Mitocondrial	26	Enzima relacionada con la vía sintética de ácido α -lipoico, su actividad es necesaria para el alargamiento de las cadenas de ácidos grasos en la producción de ácido α -lipoico. La deficiencia del ácido α -lipoico representa un factor de riesgo en la patología diabética.	GDP	72-74, 89
<i>Rarb</i>	Receptor de ácido Retinoico Beta	26	En general, los receptores de ácido retinoico son esenciales para la señalización de ácido retinoico durante el desarrollo embrionario y la organogénesis. La ausencia de dos isotipos de <i>Rara</i> , <i>Rarb</i> , <i>Rarg</i> en ratones muestra algunos aspectos de los síndromes de la deficiencia de vitamina A en etapas fetal y posnatal, así como algunas malformaciones congénitas.	GDP	
<i>Lep</i>	Leptina	4	Hormona sintetizada por el tejido adipocito que, desempeña un papel importante en la regulación del apetito y el metabolismo de la energía. Además, se ha relacionado con la deposición de grasa en mamíferos.	GDP CA pH Terneza	75, 90 75, 88 75, 96
<i>Gh</i>	Hormona del Crecimiento	11	Activación de procesos anabólicos, regulando el aumento en el tamaño corporal y el crecimiento esquelético, controla y coordina el flujo de los procesos metabólicos como la movilización de grasas de depósito, catabolismo de ácidos grasos y glucosa en tejidos.	GDP	76, 91
<i>Mc4r</i>	Receptor de Melanocortina 4	23	Receptor que se expresa predominantemente en el núcleo hipotalámico regulador del apetito, su importancia radica en la regulación de la ingesta de alimentos y la homeostasis energética.	GDP	77, 92

<i>Adra2a</i>	Adrenoreceptor Alfa 2A	22	Regulador de las catecolaminas, asociado con el metabolismo energético. Además, participa en la vía de la adrenalina y puede regular el metabolismo energético a través de la secreción de adrenalina, lo que afecta la CA.	CA	
<i>Ryr2</i>	Receptor de Rianodina 2	25	Principal canal de liberación de Ca ²⁺ del retículo sarcoplasmático en los miocitos ventriculares, relacionada con enfermedades cardíacas. Además, participa en la vía de la adrenalina y puede regular el metabolismo energético a través de la secreción de adrenalina, lo que afecta la CA.	CA	51, 55, 72, 78
<i>Pde8b</i>	Fosfodiesterasa 8B	7	Codifica una fosfodiesterasa específica de adenosín monofosfato cíclico, como moduladores genéticos de los niveles de la hormona estimulante de la tiroides. La tiroides sintetiza tiroxina que se une a los receptores para controlar vías procesos biológicos, entre ellas la expresión génica, el crecimiento, el desarrollo y el metabolismo.	EA	79-81, 93
<i>Gfra1</i>	Familia GDNF Receptor Alfa 1	22	Efecto sobre el receptor de tirosina quinasa, el cual regula la proliferación celular, factores de crecimiento, desarrollo y diferenciación neuronal.	EA	
<i>Fabp4</i>	Proteína de Unión a Ácidos Grasos, Adipocito	9	Conocidas como chaperonas lipídicas intracelulares, tienen la función de unir y transportar ácidos grasos de cadena larga en mamíferos, además de estar asociado con el crecimiento, la deposición de grasa y los rasgos de la canal en el ganado.	<u>pH</u> <u>Terneza</u> CRA	82, 97
<i>Capns1</i>	Calpaina Subunidad pequeña 1	14	Principalmente asociado con la degradación de las proteínas miofibrilares <i>post-mortem</i> y la generación de aminoácidos libres, ocasionando ablandamiento de la carne.	<u>CRA</u> Color	20, 14
<i>Cast</i>	Calpastatina	5	Enzima que inhibe la acción de las calpainas, está relacionada con la regulación de la degradación proteica muscular. La inhibición de la degradación proteica muscular por el sistema calpastatina,	Terneza CRA	20, 101, 102 20, 102

			incrementa la eficiencia productiva, pero induce un impacto en la terneza o suavidad de la carne producida.	Color	
<i>Dgat1</i>	Diacilglicerol O-Aciltransferasa 1	9	Enzima moduladora de la síntesis de triglicéridos y regulación del flujo de triglicéridos en el cuerpo, así mismo, tiene implicaciones directas en el metabolismo de la glucosa y la enfermedad de la obesidad, resistencia a la insulina y la esteatosis hepática.	Terneza CRA	83, 103
<i>Igf-1</i>	Insulina como Factor de Crecimiento 1	3	Involucrado en el control del crecimiento esquelético y la diferenciación celular mediante la activación del ciclo celular.	CRA	84, 106
<i>Mstn</i>	Miostatina	2	La miostatina es un potente regulador negativo de la masa muscular en mamíferos, siendo las mutaciones naturales en <i>Mstn</i> las que inactivan la proteína codificada o suprimen su cantidad provocando un aumento de la musculatura. Los músculos esqueléticos afectados por estas mutaciones generalmente aumentan el número de miofibrillas (hiperplasia) y, en menor medida, el área transversal de las miofibras (hipertrofia), teniendo un mayor impacto en los individuos homocigotos en comparación con los heterocigotos.	CRA	85, 107
<i>Scd</i>	Estearoil-CoA Desaturasa	22	Regulador de la síntesis y oxidación lipídica.	Color	86, 110

Crom= Cromosoma, Parám= Parámetro, CAR= consumo de alimento residual, GDP= ganancia diaria de peso, CA= conversión alimenticia, EA= eficiencia alimenticia, CRA= capacidad de retención de agua.