

Bovinos y ovinos Criollos del Uruguay. Estudios y perspectivas

Eileen Armstrong, Alicia Postiglioni

Area Genética, Depto. de Genética y Mejora Animal, Facultad de Veterinaria, UDELAR.

Av. Lasplacas 1550, CP. 11.600, Montevideo, Uruguay. Correo electrónico: eileen.armstrong@gmail.com

Resumen

Los bovinos y ovinos Criollos de América descienden del ganado introducido por los conquistadores españoles y portugueses en los Siglos XVI y XVII. En Uruguay existe una reserva de bovinos Criollos y otra de ovinos Criollos en el Parque de San Miguel, Rocha, además de varias poblaciones de Criollos con diversos grados de pureza en otras partes del país. El Departamento de Genética y Mejora Animal de la Facultad de Veterinaria (UdelaR) se ha dedicado al estudio y caracterización de estos animales desde el año 1996. Se han llevado a cabo estudios morfológicos, citogenéticos y con marcadores moleculares de ADN, entre los cuales se destacan genes relacionados a producción de leche, carne, enfermedades hereditarias y marcadores de diversidad genética. Los bovinos Criollos constituyen, además, una herramienta de gran valor para el análisis de rearrreglos cromosómicos y su relación con aspectos reproductivos y epigenéticos. Los estudios demuestran la gran variabilidad genética de los Criollos debido a su adaptación al medio natural y a que no fueron sometidos a selección con fines productivos. Por otro lado, cierta homogeneidad morfológica y estudios de relaciones filogenéticas con otras poblaciones apoyan su concepción como raza, en especial del bovino Criollo Uruguayo, que ha sido más estudiado. Estudios de aptitud productiva, de habilidad materna y reproducción, de resistencia a parásitos y a otros patógenos contribuirán a evaluar el potencial de los Criollos y su posible inclusión en sistemas productivos sustentables.

Introducción

Los bovinos y ovinos Criollos se encuentran distribuidos por todo el continente americano, desde el Sur de Norteamérica hasta la Patagonia. Descienden del ganado traído por los conquistadores españoles y portugueses desde el descubrimiento de América (Primo, 1992). Debido a su rusticidad subsisten en condiciones ambientales y de manejo en donde las razas seleccionadas no son eficientes. Suelen utilizarse como razas maternas en cruzamientos con distintos fines, debido a su elevada fertilidad, baja incidencia de partos distócicos y al alto vigor híbrido que presentan sus cruza (Postiglioni *et al.*, 1998; Martínez *et al.*, 2010b).

El bovino Criollo Uruguayo se considera descendiente directo de las razas españolas antiguas introducidas al comienzo de la época colonial. En 1611 y 1617 el Gobernador Hernando Arias de Saavedra introdujo los primeros bovinos en lo que hoy es nuestro país. Posteriormente, en la década de 1620, hubo introducción de ganado proveniente de las Misio-

nes Jesuitas del Alto Uruguay (Primo, 1992). Actualmente, la única reserva genética de bovinos Criollos Uruguayos se encuentra en el Parque Nacional de San Miguel (Rocha) y pertenece al Servicio de Parques del Ejército (SEPAE, Ministerio de Defensa). Si bien es posible que hayan ocurrido eventos de introgresión genética de razas bovinas comerciales traídas al país a fines del Siglo XIX, se asume que la población se ha mantenido en aislamiento reproductivo, ya que posee determinadas características que lo diferencian de las razas comerciales existentes en el país y lo asemejan al resto de las razas criollas latinoamericanas y a ciertas razas ibéricas. Se adapta bien a medios agrestes como son los ambientes serranos y a condiciones muy variables de disponibilidad de alimento. La población no ha sido sometida a ningún programa de selección artificial desde sus orígenes, por lo que mantiene las características originales que posibilitaron su adaptación al medio natural de nuestro país (Postiglioni *et al.*, 1998; Rodríguez *et al.*, 2001; Fernández *et al.*, 2001). El rodeo de San Miguel constituye un núcleo

reproductivo o reserva constituido por aproximadamente 600 animales, los cuales reciben un manejo mínimo reducido a desparasitaciones periódicas y vacunaciones exigidas por el Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca. Estudios preliminares determinaron una carga parasitaria muy baja en individuos adultos y moderada en terneros (Oscar Correa, com. pers.).

En la década de 1960 se trasladaron algunos bovinos Criollos de San Miguel a establecimientos ganaderos del Norte del país. Este ganado Criollo fue utilizado en cruzamientos comerciales con las razas Aberdeen Angus, Hereford, Caracú y cebuinas, estando sus productos introducidos en el mercado cárnico uruguayo. En la actualidad se conocen dos poblaciones comerciales con introgresión de Criollo: una en Cerro Largo (661 animales) y otra en Rivera (98 animales) (Armstrong *et al.*, 2010).

Al igual que los bovinos, los ovinos Criollos Uruguayos son remanentes de los introducidos desde Europa en el siglo XVII. Menos estudiados que los bovinos, no existe un censo oficial y se estima que actualmente existen aproximadamente 1500 individuos, concentrados la mayoría de ellos en Rocha (300 animales) y Lavalleja (500 animales). Los ovinos de Rocha pertenecen a SEPAE y se encuentran en el Parque de San Miguel, mientras que los de Lavalleja pertenecen a establecimientos privados. El resto de los animales se encuentran dispersos en varias zonas del país, habiéndose notado una disminución de ovinos Criollos en el Norte seguramente relacionada al declive del stock ovino nacional de los últimos años. Si bien en la actualidad no existe ninguna asociación que nucleee a los propietarios de estos animales, entre 1975 y 1997 existió la Sociedad de Criadores de Ovinos Criollos del Uruguay, afiliada a la Asociación Rural del Uruguay (ARU). Tradicionalmente, de los ovinos Criollos se ha utilizado su lana, gruesa y con una importante proporción de fibras meduladas, para producir tejidos rústicos y cojinillos, y su carne para consumo interno. A partir de 1999 el Departamento de Genética y Mejora Animal comienza trabajos relacionados con la caracterización morfológica y faneróptica de esta raza (Mernies *et al.*, 2007), identificación de SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) (Artigas *et al.*,

2010), e identificación de regiones inestables de la cromatina (da Cruz *et al.*, 2009; Grasso y Postiglioni, 2009; Grazziano y Postiglioni, 2009). Estudios parasitológicos preliminares determinaron una carga parasitaria muy baja en individuos adultos (Oscar Correa, com. pers.).

Existe un convenio entre el SEPAE y el Departamento de Genética y Mejora Animal de la Facultad de Veterinaria (UDELAR) para el estudio, caracterización y manejo de los bovinos Criollos desde el año 1996, estando en gestión un convenio similar para los ovinos. La existencia de estos rodeos se debe a la acción de Don Horacio Arredondo, conocido intelectual de la época, quien en 1931 comenzó las obras de restauración de la fortaleza de Santa Teresa y en 1936 las de San Miguel (Arredondo, 1958).

Estudios etnológicos

Los análisis biométricos y de faneras llevados a cabo en la reserva de bovinos Criollos confirman su gran uniformidad morfológica, lo que apoya su concepción como raza. Sólo se observaron diferencias significativas según la edad y el sexo de los individuos. En comparación con las razas comerciales más extendidas, el Criollo es menos rectangular, de sección torácica más elíptica y presenta un esqueleto de mayor fineza. Su conformación general es la de un animal longilíneo, anguloso y descarnado, que no responde a un biotipo carnívoros o lechero claro. Según las medidas tomadas, el Criollo presenta una pelvis más ancha que las razas comerciales, lo que podría tener relación con la ausencia de partos distócicos. El 100% de los animales muestreados presentó mucosas pigmentadas, lo cual supone una ventaja al poseer una mayor resistencia al efecto negativo de las radiaciones solares, y cuernos en forma de lira. La población presenta una elevada variabilidad en la coloración del pelaje, presentando todas las pigmentaciones de capas existentes en el *Bos taurus*. Estos resultados coinciden con lo observado en otras poblaciones de criollos latinoamericanos, especialmente en el bovino Criollo Argentino, y en muchas razas ibéricas, como la Berrenda, Negra Andaluza y Retinta (Rodríguez *et al.*, 2001; Fernández *et al.*, 2001). El pelaje tipo blanco orejinegro

(BON), el cual se caracteriza por presentar pelaje blanco, piel blanca y extremidades y mucosas pigmentadas, es característico en esta reserva. Recuerda a ciertos Criollos colombianos (raza BON) y a la raza inglesa White Park (Armstrong *et al.*, 2005).

Por su parte, el ovino Criollo se caracteriza por ser pequeño y de perfil fronto-nasal rectilíneo. Sus índices zoométricos lo definen como un animal sublongilíneo y breviforme. La altura promedio corresponde a unos 65 cm en hembras y 76 cm en machos. Los machos pueden presentar policerismo (dos pares de cuernos). La capa presenta gran variación de colores (blanca uniforme, cárdena, marrón y negra). Las mucosas y pezuñas pueden o no estar pigmentadas. Su vellón es liviano (2 kg) y poco uniforme con mezcla de fibras gruesas (30-40 μ) y finas (20 μ en promedio). Se considera que es una raza longeva, prolífica y de temperamento activo, apta para vivir en terrenos donde la poca abundancia de alimento obliga al pastoreo continuo (Mernies *et al.*, 2007a y b).

Estudios de viabilidad poblacional

Se realizó un análisis de viabilidad de la población de bovinos Criollos de San Miguel mediante simulaciones informáticas utilizando el programa VORTEX v.8.31 para estudiar sus parámetros demográficos y genéticos, detectar los factores que más afectarían su desarrollo, evaluar los riesgos futuros de extinción y probar distintas formas de gestión. Los resultados revelaron que no existiría posibilidad de extinción por causas endógenas a la población, incluso considerando los escenarios más pesimistas. La media de crecimiento de la población fue siempre positiva, estando principalmente afectada por la mortalidad de terneros y siendo la capacidad de carga del ambiente la única limitante a su expansión. El análisis mostró que la población no se encuentra en peligro gracias a su diversidad genética y su estructura demográfica. Sin embargo, todos los individuos están concentrados en un único lugar, lo que sí supone un riesgo muy alto en caso de emergencias sanitarias o ambientales. Una alternativa de manejo sería subdividir la reserva en subpoblaciones localizadas en distintas regiones y conectadas mediante flujo génico, para de esta manera disminuir el riesgo

de extinción y llevar a cabo un programa de conservación a largo plazo (Armstrong *et al.*, 2006b).

Estudios citogenéticos

Estudios de monitoreo citológico realizados al azar en las diferentes categorías de hembras y terneros y en la totalidad de los toros, permitió identificar un reordenamiento cromosómico conocido como translocación Robertsoniana (rob1;29), en condición heterocigota. La incidencia de esta alteración correspondió a un 4% en la reserva genética bovina de San Miguel, no encontrándose la condición homocigota. Esta translocación se ha identificado en otras poblaciones de bovinos Criollos (Argentina, Venezuela, Bolivia y Colombia) y en razas ibéricas (Berrenda y Andaluza), considerándose un marcador cromosómico polimórfico ancestral que cumple una importante función en la evolución cromosómica de la familia Bovidae (Postiglioni *et al.*, 1996). En rodeos comerciales es causa de refugio de los animales portadores debido a problemas de sub-fertilidad, siendo de particular interés profundizar en la biología de este reordenamiento (Postiglioni *et al.*, 2002). En relación al cromosoma sexual BTAY, éste ha presentado la morfología metacéntrica propia de la especie *Bos taurus*, siendo indicador de ausencia de *Bos indicus* en la reserva (Postiglioni *et al.*, 1996).

A los efectos de analizar la estructura y función de la cromatina de este reordenamiento, se utilizaron agentes clastogénicos que permiten identificar regiones ricas en dCTP por inhibición de la ADN polimerasa α durante la replicación (afidicolina o APC), identificándose sitios sensibles, probablemente asociados al reordenamiento, rob(1_{q13/21};29), medial(rob1;29_{p13/21}) y distal rob(1_{q43};29). El encuentro de heterocigosis en la expresión del sitio proximal al reordenamiento ha permitido establecer la hipótesis de relaciones alélicas diferenciales en esta región, aparentemente rica en islas CpG (Artigas *et al.*, 2008). El análisis de los efectos de la 5-azacitidina (5-aza-C), inhibidor de la metilación del ADN, sobre metafases de hembras portadoras de esta translocación permitió establecer una relación directa entre el grado de despiralización de la cromatina y el cromosoma X inactivo, demostrándose regiones de

inestabilidad susceptibles a la acción de la 5-aza-C (Artigas *et al.*, 2009a).

Recientes estudios de metilación de citocinas en regiones promotoras de genes identificados en esta translocación permiten introducirse en problemáticas epigenéticas, como lo es la impronta genética (Postiglioni *et al.*, 2009).

El análisis cariotípico en ovinos Criollos pertenecientes a la reserva genética ubicada en el Parque de San Miguel reveló una fórmula diploide de $2n=52 + XX$ o XY para hembras y machos respectivamente. El estudio preliminar a nivel estructural y funcional de la cromatina se realizó con aquellos agentes clastogénicos (APC y 5-aza-C) ya utilizados para especies de la familia Bovidae (bovinos). Se ha detectado sensibilidad de la cromatina en sitios específicos, considerándose éstos lugares de inestabilidad cromosómica. Para ello se logró la optimización durante el ciclo celular de dos variables (tiempo y concentración) lo que permite el desarrollo de nuevas hipótesis (da Cruz *et al.*, 2008; Graziano y Postiglioni, 2009; Grasso y Postiglioni, 2009).

Estudios genético-moleculares

Análisis de la diversidad genética

Mediante análisis con PCR-RAPDs (*Polymerase Chain Reaction-Randomly Amplified Polymorphic DNA*) se compararon los patrones de bandas obtenidos a partir de muestras de la reserva de bovinos Criollos con muestras de animales de las razas Hereford y Holando. Se hallaron patrones de amplificación característicos de la población de Criollos, diferentes de las razas comerciales más comunes en Uruguay, y una distancia genética menor entre las razas comerciales que entre cualquiera de ellas y el Criollo. En el Criollo se observa, además, una mayor diversidad ya que amplifica un mayor número de bandas. Las causas probables de todo ello pueden ser los efectos de la selección artificial y de la alta consanguinidad que presentan las razas comerciales (Rincón *et al.*, 2000).

Se estudiaron 17 microsatélites en 64 animales de la reserva de bovinos de San Miguel, siguiendo las directrices de la Iniciativa Mundial por la Diversidad de Animales Domésticos de la FAO (*Initiative for*

Domestic Animal Diversity, IDAD; www.fao.org/DAD-IS). Se halló una media de alelos por locus de 5,59 y una heterocigosidad media global de 0,664. El contenido de información polimórfica (PIC) varió entre 0.360 y 0.820. Estos niveles de diversidad genética son elevados en comparación con razas seleccionadas y son similares a los hallados en otros bovinos Criollos americanos y en las razas españolas propuestas como ancestrales. El valor promedio de F_{IS} fue de 0.037, sugiriendo un nivel bajo de endogamia a pesar del pequeño tamaño de la población (Armstrong, 2004). Un estudio similar pero reducido sólo a la población de machos reproductores se llevó a cabo para determinar la diversidad genética de los toros. Se detectaron de dos a siete alelos diferentes por microsatélite, con una heterocigosidad media global de 0.623 (Armstrong *et al.*, 2006a).

Con el propósito de comparar los bovinos Criollos Uruguayos con otros bovinos Criollos sudamericanos se comenzó la caracterización de la reserva analizando la región control hiper-variable del *D-loop* del ADN mitocondrial. Se encontraron 3 haplotipos diferentes, ninguno reportado previamente, uno de los cuales resulta especialmente interesante por ser el más basal registrado hasta el momento dentro del grupo de los haplotipos europeos. El número de haplotipos encontrados y los índices de diversidad indican baja variabilidad en el ADN mitocondrial, debido probablemente a la reducción poblacional a lo largo del tiempo y los efectos de la deriva génica. El tamaño efectivo poblacional para el genoma mitocondrial explica las diferencias con respecto a la variabilidad estimada utilizando marcadores genéticos nucleares o fenotípicos (Iriarte *et al.*, 2009).

Datos moleculares de trabajos recientes con microsatélites y ADN mitocondrial en bovinos Criollos americanos -entre los cuales se encuentra el Criollo Uruguayo- y razas ibéricas apoyan el origen común de casi todos las razas Criollas en las antiguas colonias españolas y portuguesas (Delgado *et al.*, 2010; Ginja *et al.*, 2010).

Genes relacionados a calidad de la leche

Con el objetivo de determinar el potencial genético del bovino Criollo para producción láctea, se analizaron varios genes relacionados a la cantidad de

proteína y grasa en la leche. Los estudios incluyeron polimorfismos de los genes de κ -caseína, β -caseína, α S1-caseína, β -lactoglobulina y α -lactoalbúmina, así como del gen de la acilCoA:diacil glicerol aciltransferasa 1 (DGAT1), enzima responsable del último paso en la síntesis de triglicéridos en glándula mamaria y tejido adiposo. Los genes de κ -caseína y β -lactoglobulina presentaron frecuencias muy similares de los alelos A y B, con predominancia de individuos heterocigotas. Los índices de heterocigosidad (H_e κ -caseína = 0,517; H_e β -lactoglobulina = 0,513) y F_{IS} (-0,033 y -0,025, respectivamente) hallados para estos marcadores son similares a los reportados en distintas poblaciones de bovinos Criollos Argentinos para estas mismas proteínas (Giovambattista *et al.*, 2001) y mayores al hallado en el bovino Pantaneiro de Brasil para la κ -caseína (H_e = 0.368; Lara *et al.*, 2002). Los polimorfismos de la α S1-caseína y α -lactoalbúmina mostraron frecuencias mucho más elevadas de los alelos B en comparación con los alelos A. Si bien está presente en una mayor frecuencia, el alelo B de la α -lactoalbúmina no está fijado como sí ocurre en muchas razas comerciales. Por otro lado, el alelo B de la β -caseína no fue detectado en la muestra. Para el gen DGAT1 se halló una frecuencia más elevada del alelo A, asociado a bajo contenido de grasa en la leche y mayor volumen, que es lo usual en razas de *Bos taurus* no sometidas a selección para producción lechera. Todos los loci se encontraron en equilibrio Hardy-Weinberg y los niveles de heterocigosidad concordaron con la alta diversidad genética reportada previamente para esta población (Postiglioni *et al.*, 1998; Postiglioni *et al.*, 2002; Rincon *et al.*, 2006).

Genes relacionados a la calidad de la carne

Varios genes han sido reportados asociados a diversos aspectos de la calidad de la carne y la canal bovina. En nuestro país los trabajos se han centrado hasta el momento en la caracterización poblacional de genes asociados a la cantidad de grasa (marmolado o veteado) y a la terneza de la carne, en el entendido que previo a su validación es de interés conocer cómo se distribuyen los alelos y genotipos favorables en los rodeos nacionales. Estudios comparativos de bovinos Criollos Uruguayos y sus cruza

con rodeos comerciales de razas carniceras seleccionadas (Hereford y Aberdeen Angus) arrojaron resultados novedosos y ratifican las diferencias del Criollo en estado puro con las otras razas.

Los Criollos de San Miguel mostraron una predominancia de los alelos y genotipos asociados a carne de bajo tenor graso para los tres genes analizados asociados al veteado, DGAT1 (acilCoA:diacil glicerol aciltransferasa 1), LEP (leptina) y TG (tiroglobulina). Las dos poblaciones de Criollos cruza del Norte del país mostraron la misma tendencia para el gen DGAT1, pero mayores frecuencias de los alelos y genotipos que generan un incremento del veteado para TG y LEP. Los índices de diversidad genética resultaron de bajos a moderados en las tres poblaciones. Los valores de F_{ST} muestran la gran similitud genética entre las dos poblaciones cruza y su diferenciación con respecto a la reserva de Criollos Uruguayos puros (Armstrong *et al.*, 2010).

Los rodeos analizados de Aberdeen Angus y Hereford presentaron frecuencias mayores que el Criollo puro para las variantes genéticas asociadas a un mayor veteado, en especial para LEP y TG, en forma similar a los Criollos cruza. En cuanto a los polimorfismos del gen de la calpaína (CAPN1) y de la calpastatina (CAST), asociados a terneza de la carne, en todas las poblaciones estudiadas, inclusive en los Criollos de San Miguel, se halló una predominancia de los alelos y genotipos asociados a carne de mayor terneza. Los estadísticos F_{ST} indican una clara divergencia de los Criollos puros del resto de las poblaciones analizadas y la mayor similitud entre los Criollos cruza con las razas comerciales que con los Criollos de la reserva. Los índices de heterocigosidad moderados hallados en todas las poblaciones y los índices F_{IS} bajos a moderados revelan los efectos que el manejo reproductivo de los rodeos ha tenido sobre su diversidad genética (Armstrong *et al.*, 2009a, de Soto *et al.*, 2009).

Se concluye que la introgresión de razas comerciales y los objetivos de selección en pos de una mayor productividad afectaron las frecuencias de los marcadores analizados en los rodeos de Criollos cruza y en los de las razas comerciales. Por otro lado, el aislamiento reproductivo, la ausencia de selección artificial y la incidencia de la deriva y la selec-

ción natural han moldeado los parámetros genéticos de la reserva de Criollos Uruguayos.

Scrapie y EEB

El Scrapie es una enfermedad neurodegenerativa transmisible de ovinos y caprinos, relacionada a la encefalopatía espongiforme bovina (EEB) y al síndrome de Creutzfeldt-Jakob humano. Se caracteriza por la acumulación en el sistema nervioso central de una isoforma anómala (prión infeccioso) de una proteína celular normal codificada por el gen PrP, la cual produce lesiones degenerativas en el cerebro, responsables de la sintomatología nerviosa y de la muerte de los animales infectados. En el exón 2 del gen PrP ovino se han identificado diversas mutaciones, asociadas a diversos grados de susceptibilidad a la enfermedad. En una muestra de 28 ovinos Criollos Uruguayos de San Miguel se estudiaron dos de estas mutaciones, obteniéndose cinco genotipos diferentes. Los genotipos de alta susceptibilidad se encontraron en una mayor frecuencia que los resistentes, detectándose un 72% de animales muy susceptibles a la enfermedad en caso de manifestarse las condiciones ambientales propicias (Artigas *et al.*, 2010). Por otro lado, en la región promotora y en el intrón 1 del gen PrP bovino se han detectado polimorfismos del tipo inserción/delección. Las deleciones de 23pb en el promotor y de 12pb en el intrón han sido asociadas a una mayor susceptibilidad a la enfermedad. En una muestra de 27 bovinos Criollos de San Miguel se detectó una frecuencia de ambas deleciones de 0,430, en tanto que la frecuencia del haplotipo «del23-del12» fue de 0.350. Estos datos difieren respecto a razas comerciales de la región, e indicarían una mayor resistencia genética potencial a la EEB en bovinos Criollos Uruguayos. En nuestro país no han sido detectados casos de EEB en bovinos hasta la actualidad. Sin embargo, recientemente fueron reportados casos clínicos de Scrapie en el sur de Brasil, región próxima a la reserva de San Miguel (Artigas *et al.*, 2009b).

Perspectivas

Si bien se ha avanzado mucho en la caracterización de bovinos y ovinos Criollos en los últimos cinco años (Postiglioni y Armstrong, 2005), aún existen va-

rias líneas de investigación pendientes. Tanto bovinos como ovinos no cuentan aún con evaluaciones productivas en temas tales como producción de leche, carne, cueros y lana. En cuanto a fertilidad, habilidad materna y porcentaje de preñez sólo existen datos preliminares en el bovino. En el ovino Criollo, menos estudiado aún, sería de especial interés evaluar su capacidad de hacer frente a parásitos gastrointestinales. Dado que se las considera razas rústicas, es esperable detectar un mejor desempeño reproductivo y de resistencia a patógenos que en las razas comerciales seleccionadas, características que podrían ser explotadas comercialmente con un manejo apropiado.

Recientemente se ha creado la red CONBIAND (Asociación sobre la Conservación de la Biodiversidad de los Animales Domésticos Locales Para el Desarrollo Rural Sostenible), la cual nuclea a investigadores de varios países dedicados a la caracterización y conservación de razas locales de varias especies domésticas (Martinez *et al.*, 2010a; Landi *et al.*, 2010). En el marco de esta red se pretende desarrollar estrategias de análisis de la diversidad poblacional del ovino Criollo, determinando relaciones filogenéticas con otras razas, similar a lo hecho con los bovinos Criollos.

En la actualidad se están llevando a cabo gestiones para realizar una evaluación productiva de los bovinos Criollos de San Miguel, en especial relacionado a la producción de carne. Es necesario adecuar la infraestructura existente en la estancia de San Miguel para poder manejar a los animales adecuadamente y evaluar su crecimiento, peso a distintas edades, conformación corporal, etc. Dado que se trata de animales que no han sufrido selección con objetivos productivos, es muy probable que conserven polimorfismos genéticos únicos (alelos ocultos) relacionados a características productivas que puedan ser de interés en el futuro. La búsqueda de variantes genéticas asociadas a la calidad de la carne y la canal se lleva a cabo usualmente en razas comerciales, con bajos índices de polimorfismo debido a la intensa selección a la que están sometidos, por lo que esta reserva constituye un recurso de gran valor. Para ello es necesario contar no sólo con un banco de ADN de los animales a trabajar, sino tam-

bién con registros fenotípicos de los mismos animales con el fin de realizar análisis estadísticos que permitan detectar nuevas variantes genéticas asociadas a características de importancia económica (Armstrong *et al.*, 2009; Sevane *et al.*, 2010).

Frente a la necesidad de analizar genes asociados a problemas de sub-fertilidad en la especie *Bos taurus*, se ha planteado la creación de una población reproductiva de bovinos Criollos con la inclusión de la rob (1;29) en condición heterocigota. El diseño del trabajo experimental es multidisciplinario, contemplándose un control parasitológico de las diferentes categorías, un monitoreo de éstas para conocer la paternidad, un seguimiento reproductivo y un control de la segregación de determinados genes asociados a problemas de sub-fertilidad. Estos genes se encuentran ubicados en la región de la translocación rob1;29 (como IGF2, COLa y Oligo2), la cual ha manifestado un comportamiento de su cromatina similar al cromosoma X inactivo de las hembras (Artigas *et al.*, 2009), mientras que otros corresponden a familias génicas con expresión en la placenta, sugeridos recientemente en el trabajo sobre secuenciación del genoma bovino (*The Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium, et al.*, 2009). Se plantea un seguimiento en los efectos de la metilación de citocinas de genes relacionados con implantación y desarrollo embrionario, estableciéndose los pilares para estudios epigenéticos en tecnologías asociadas a biotecnologías de la reproducción (Postiglioni y Cavestany, 2010).

Además de la continuación en la investigación en Scrapie y enfermedades de origen viral, existe interés en efectuar análisis parasitológicos en la majada de ovinos Criollos de San Miguel. Los parásitos gastrointestinales constituyen actualmente la principal causa de mortalidad de corderos en Uruguay, generando importantes pérdidas económicas (Castells *et al.*, 1995). Es posible que los ovinos Criollos, a semejanza de otros Criollos latinoamericanos, presenten un mayor grado de resistencia genética a los parásitos que las razas seleccionadas, de-

bido principalmente a su rusticidad y adaptación al medio. Por consiguiente, sería de gran interés analizar estos animales con el fin de detectar polimorfismos en genes asociados a resistencia a parásitos gastrointestinales, y comparar los resultados con lo hallado en poblaciones resistentes de razas comerciales.

Una de las prioridades de la FAO en relación a la conservación de razas locales es la creación de bancos de germoplasma (óvulos, embriones, semen y tejidos criopreservados), los cuales aún no existen en nuestro país para bovinos u ovinos Criollos. Los bancos de germoplasma constituyen una fuente muy valiosa de investigación, a la vez que sirven como reservorio de material genético en caso de que sea necesario reponer animales en una población amenazada. Es prioritario, entonces, coordinar esfuerzos para su realización.

El mejoramiento genético de bovinos y ovinos ha probado ser eficiente para hacer frente a la demanda creciente de alimentos y productos de origen animal, pero para garantizar su éxito se debe conservar y aprovechar la variabilidad genética existente. Esta diversidad permitirá seleccionar y desarrollar nuevas razas como respuesta a cambios ambientales o del mercado, a la amenaza de nuevas enfermedades, a las necesidades nutricionales humanas del futuro, o a las preferencias de los consumidores, todo lo cual es impredecible. Es importante reconocer el valor y el potencial genético de las poblaciones de ganado locales y tomar en cuenta el proceso de adaptación que han experimentado. A diferencia de las razas comerciales fuertemente seleccionadas, las razas locales han permanecido ligadas por siglos a un ambiente determinado que ha favorecido la eficiencia, la productividad y la especialización en ese medio concreto, siendo importantes para lograr un desarrollo económico sostenido (Cardellino, 2002). En nuestro país contamos con los bovinos y ovinos Criollos Uruguayos, recursos de inestimable valor cuyo potencial debemos continuar investigando.

Referencias

- ARMSTRONG, E. 2004. Análisis de la diversidad genética del bovino Criollo Uruguayo mediante microsatélites. Tesis de Maestría, UdelaR-PEDECIBA. Facultad de Veterinaria.
- ARMSTRONG, E.; GAGLIARDI, R.; MARTÍNEZ, M.; DI MAURO, M.J.; CÓPPOLA, B.; POSTIGLIONI, A. 2005. Caracterización fenotípica de un tipo de pelaje similar al blanco orejinegro en la reserva de bovinos Criollos del Uruguay. V Simposio de Recursos Genéticos para América Latina y el Caribe (SIRGEALC). Montevideo.
- ARMSTRONG, E.; POSTIGLIONI, A.; MARTÍNEZ, A.; RINCÓN, G.; VEGA PLA, J.L. 2006a. Genetic analysis of a sample of Uruguayan Creole bulls (*Bos taurus*) using microsatellites. *Gen. Mol. Biol.* 29: 267-272.
- ARMSTRONG, E.; POSTIGLIONI, A.; GONZÁLEZ, S. 2006b. Population Viability Analysis of the Uruguayan Creole Cattle Genetic Reserve. *AGRI/FAO*. 38: 19-35.
- ARMSTRONG, E.; PEÑAGARICANO, F.; ARTIGAS, R.; DE SOTO, L.; CORBI, C.; LLAMBÍ, S.; RINCÓN, G.; POSTIGLIONI, A. 2009a. Marcadores moleculares en producción de carne bovina: análisis de parámetros poblacionales en Aberdeen Angus, Hereford y Criollos del Uruguay. VI Jornadas Técnicas de la Facultad de Veterinaria, UdelaR, Montevideo.
- ARMSTRONG, E.; SEVANE, N.; WIENER, P.; DUNNER, S. 2009b. Detección y análisis de genes asociados a calidad de la carne en bovinos. VI Jornadas Técnicas de la Facultad de Veterinaria, UdelaR, Montevideo.
- ARMSTRONG, E.; PEÑAGARICANO, F.; ARTIGAS, R.; DE SOTO, L.; CORBI, C.; LLAMBÍ, S.; RINCÓN, G.; POSTIGLIONI, A. 2010. Marcadores moleculares asociados al veteado de la carne en tres poblaciones de bovinos Criollos Uruguayos. *Arch. Zoot.* (aceptado).
- ARREDONDO, H. 1958. Santa Teresa y San Miguel. La restauración de las fortalezas. La formación de sus parques. Ed. El Siglo Ilustrado, Montevideo.
- ARTIGAS, R.; IRIARTE, A.; TELLECHEA, B.; LLAMBÍ, S.; DE BETHENCOURT, M.; POSTIGLIONI, A. 2008. Aphidicolin induced break points in heterozygous Robertsonian translocation (rob1:29) in Creole cattle. *Journal of Basic & Applied Genetics*. 19: 1-10.
- ARTIGAS, R.; IRIARTE, W.; IRIARTE, A.; DE BETHENCOURT, M.; LLAMBÍ, S.; POSTIGLIONI, A. 2009a. Effects of 5-azacytidine in lymphocyte-metaphases of Creole cows carrying the rob(1:29). *Res. Vet. Sci.* 88: 263-266.
- ARTIGAS, R.; PASSOS, D.; HEPP, D.; WEIMER, T.; POSTIGLIONI, A. 2009b. Análisis molecular del gen PrP en bovinos Criollos del Uruguay. VI Jornadas Técnicas de la Facultad de Veterinaria, UdelaR, Montevideo.
- ARTIGAS, R.; PASSOS, D.; HEPP, D.; WEIMER, T.; POSTIGLIONI, A. 2010. Polimorfismos de los codones 136 y 171 del gen PrP en una majada de ovinos Criollos del Uruguay. *Arch. Zoot.* (aceptado).
- CARDELLINO, R. 2002. La estrategia mundial de la FAO para los recursos zoogenéticos. Libro de Ponencias del V Congreso de la Sociedad Española para los Recursos Genéticos Animales, Madrid, España. Pp. 13-20.
- CASTELLS, D.; NARI, A.; RIZZO, E.; MÁRMOL, E.; ACOSTA, D. 1995. Efectos de los nemátodos gastrointestinales sobre los parámetros productivos del ovino en la etapa de recría. *Producción Ovina*. 8: 17-32.
- DA CRUZ, I.; IRIARTE, W.; LLAMBÍ, S.; DE BETHENCOURT, M.; POSTIGLIONI, A. 2008. Estudio cariotípico de un ovino criollo hembra inducido con agentes clastogénicos (afidicolina y 5-azacitidina-c). Resultados preliminares. Primeras Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Genética, Montevideo.
- DE SOTO, L.; POSTIGLIONI, A.; ARMSTRONG, E. 2009. Marcadores moleculares asociados a la ternera de la carne: análisis del gen de la calpastatina en Aberdeen Angus, Hereford y bovino Criollo del Uruguay. VI Jornadas Técnicas de la Facultad de Veterinaria, UdelaR, Montevideo.
- DELGADO, J.V.; MARTÍNEZ-MARTÍNEZ, A.; et al. 2010. Genetic characterization of Latin American Creole cattle using microsatellite markers. *Anim. Genet.* (en revisión).
- FERNÁNDEZ, G.; RODRÍGUEZ, M.; SILVEIRA, C.; BARBA, C. 2001. Estudio étnico de los bovinos Criollos del Uruguay. II. Análisis de las faneras. *Arch. Zoot.* 50: 119-124.
- GINJA, C.; PENEDO, M.C.T.; MELUCCI, L.; QUIROZ, J.; MARTÍNEZ LÓPEZ, O.R.; REVIDATTI, M. A.; MARTÍNEZ-MARTÍNEZ, A.; DELGADO, J.V.; GAMA, L.T. 2010. Origins and genetic diversity of New World Creole cattle: inferences from mitochondrial and Y chromosome polymorphisms. *Anim. Genet.* 41: 128-141.
- GIOVAMBATTISTA, G.; RIPOLI, M.V.; PERAL-GARCÍA, P.; BOUZAT, J.L. 2001. Indigenous domestic breeds as reservoirs of genetic diversity: the Argentinian Creole cattle. *Anim. Genet.* 32: 240-247.
- GRASSO, N.; POSTIGLIONI, A. 2009. Regiones de inestabilidad cromosómica potenciadas por agentes con actividad clastogénica (5-azacitidina-c y afidicolina) en ovinos Criollos Uruguayos. VI Jornadas Técnicas de la Facultad de Veterinaria, UdelaR, Montevideo.
- GRAZIANO, F.; POSTIGLIONI, A. 2009. Estudio de la cromatina en ovinos Criollos Uruguayos. Acción de agentes clastogénicos. VI Jornadas Técnicas de la Facultad de Veterinaria, UdelaR, Montevideo.
- IRIARTE, A.; DE LOS SANTOS, J.; ARMSTRONG, E.; POSTIGLIONI, A. 2009. ADN mitocondrial en bovinos Criollos del Uruguay. Análisis primarios. Memorias del X Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos, Palmira, Colombia. Pp. 330-333.
- LANDI, V.; MARTINEZ MARTINEZ, A.; SANTOS SILVA, F.; DELGADO, J.V. and the BIOBOVIS CONSORTIUM. 2010. CONBIAND network: a cooperative consortium for Latin American sheep breeds biodiversity studies. 32nd Conference of the International Society for Animal Genetics, Edimburgo, Escocia.
- LARA, M.A.C.; GAMA, L.T.; BUFARAH, G.; SERENO, J.R.B.; CELEGATO, E.M.L.; DE ABREU U.P. 2002. Genetic polymorphisms at the k-casein locus in Pantaneiro cattle. *Arch. Zoot.* 51: 99-105.
- MARTINEZ, A.; LANDI, V.; DA GAMA, L.T.; GINJA, C.; CAÑÓN FERRERAS, J.; MARTÍN-BURRIEL, I.; DELGADO, J.V. and the BIOBOVIS CONSORTIUM. 2010. CONBIAND network: A cooperative consortium for Latin American bovine breeds biodiversity studies. 32nd Conference of the International Society for Animal Genetics, Edimburgo, Escocia.
- MERNIES, B.; MACEDO, F.; FILONENKO, Y.; FERNÁNDEZ, G. 2007a. Índices zoométricos en una muestra de ovejas Criollas Uruguayas. *Arch. Zoot.* 56: 473-478.
- MERNIES, B.; MACEDO, F.; FILONENKO, Y.; SÓSA, L.; FERNÁNDEZ, G. 2007b. Avances en la caracterización del ovino Criollo Uruguayo. Memorias del VIII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y utilización de recursos Zoogenéticos, Quevedo, Ecuador. Pp. 143-146.
- POSTIGLIONI, A.; GARCIA, C.; RINCÓN, G.; ARRUGA, M.V. 2009. Identificación de citocinas metiladas en secuencias del colágeno (Col8A1) en bovinos portadores de la rob(1:29). Metodología del bisulfito de sodio y secuenciación. VI Jornadas Técnicas de la Facultad de Veterinaria, UdelaR, Montevideo.
- POSTIGLIONI y CAVESTANY. 2010. Los bovinos Criollos del Uruguay. Creación de dos grupos reproductivos para estudios de sub-fertilidad por causa genética. Proyecto en evaluación, ANII.

- POSTIGLIONI, A.; LLAMBÍ, S.; GAGLIARDI, R.; DE BETHENCOURT, M. 1996. Genetic characterization of a sample of Uruguayan Creole Cattle. I. Cytogenetic characterization of a sample of Uruguayan Creole Cattle. Arch. Zoot. 45: 70-71.
- POSTIGLIONI, A.; RINCÓN, G.; KELLY, L.; D'ANGELO, M.; GAGLIARDI, R.; DE ANDRÉS, CARA, D. 1998. Caracterización genética de los bovinos Criollos del Uruguay. II. Estudio de su variabilidad genética. Arch. Zoot. 47: 225-231.
- POSTIGLIONI, A.; RINCÓN, G.; KELLY, L.; LLAMBÍ, S.; FERNÁNDEZ, G.; D'ANGELO, M.; GAGLIARDI, R.; TRUJILLO, J.; DE BETHENCOURT, M.; GUEVARA, K.; CASTELLANO, A.; ARRUGA, M.V. 2002. Biodiversidad genética en bovinos Criollos del Uruguay. Análisis con marcadores moleculares. Arch. Zoot. 51: 195-202.
- POSTIGLIONI, A.; ARMSTRONG, E. 2005. Enfoques en la caracterización genética de los bovinos Criollos del Uruguay. Agrociencia IX: 465-471.
- PRIMO, A.T. 1992. El ganado bovino ibérico en las Américas: 500 años después. Arch. Zoot. 41: 421-432.
- RINCÓN, G.; D'ANGELO, M.; GAGLIARDI, R.; LLAMBÍ, S.; POSTIGLIONI, A. 2000. Genomic polymorphism in Uruguayan Creole cattle using RAPD and microsatellite markers. Res. Vet. Sci. 69: 171-174.
- RINCÓN, G.; ARMSTRONG, E.; POSTIGLIONI, A. 2006. Analysis of population structure in Uruguayan Creole cattle inferred from milk major gene polymorphisms. Gen. Mol. Biol. 29: 491-495.
- RODRIGUEZ, M.; FERNÁNDEZ, G.; SILVEIRA, C.; DELGADO, J.V. 2001. Estudio étnico de los bovinos Criollos del Uruguay: I. Análisis Biométrico. Arch. Zoot. 50: 113-118.
- SEVANE, N.; ARMSTRONG, E.; PONG WONG, R.; WIENER, P.; DUNNER, S. and GemQual Consortium. 2010. Novel polymorphisms influencing muscular fatty acid profiles in cattle. 32nd Conference of the International Society for Animal Genetics, Edimburgo, Escocia.