BOVINO CRIOLLO DE ARGENTINA: DIFERENTES ASPECTOS EN SU CARACTERIZACIÓN

Rabasa, A.E.¹; Holgado, F.D.²; Poli, M.A.³

RESUMEN

El ganado bovino Criollo de Argentina fue recuperado por el INTA en la década del '50 y el primer plantel se constituyó en el CER Leales. En la década del '70 comenzó su caracterización y su incorporación a otras unidades experimentales. En 1985 se formó la Asociación Argentina de Criadores de Bovinos Criollos. En este trabajo se resumen algunas características zoométricas, moleculares y productivas del bovino Criollo. En un estudio de vacas adultas del CER Leales, se compararon 10 variables zoométricas con animales de las razas Hereford y Nelore. A nivel molecular se muestran resultados de las frecuencias alélicas del gen *DRB3.2* del sistema Mayor de Histocompatibilidad y la descripción de un nuevo alelo (*DRB3.2*2902*) para este gen. Además, se resumen las principales características de un estudio comparativo a nivel de ADN mitocondrial entre el bovino Criollo de Argentina y de cuatro razas bovinas nativas del Brasil. Por último, se presentan los resultados de producción de leche de vacas Criollas del CER Leales.

PALABRAS CLAVE: Bovino Criollo, morfometría, producción de leche, gen DRB3.2, ADNmt.

SUMMARY

ARGENTINIAN CREOLE CATTLE: DIFFERENTS ISSUES IN THEIR CHARACTERIZATION

The Argentinean Creole cattle was rescued form the Northwest region later in '50 and the first herd was placed in the Experimental Farm Leales-INTA, Tucumán. In the '70 began the characterization studies in Leales and later in other INTA Experimental Stations and Universities. In 1985 the Argentinean Creole cattle Breeding Association was created by private breeders and with the technical support of INTA researches. In this paper we present some results related with zoometric, molecular and productive traits the Argentinean Creole cattle. At the zoometric level here we present comparative results between Hereford, Creole and Nelore breed in adults female from the CER Leales. At the molecular level we show the *BOLA DRB3.2* allelic frequencies at the Major Histocompatibility Complex (MHC) in 188 samples from 11 herds and we describe the sequence of the new *BOLA DRB3.2*2902* allele. Besides, we summarize the results at the DNA mitochondrial from an comparative study between Argentinean Creole cattle and four Brazilian native breeds. At the end we show the milk yield from Creole cattle in the CER-Leales INTA.

KEY WORDS: Creole cattle, morphometry, DRB3.2 gene, mtDNA, milk yield.

INTRODUCCIÓN

Se entiende por ganado bovino Criollo a los descendientes de los primeros bovinos traídos por Colón a partir de su segundo viaje en 1493.

El bovino Criollo Argentino es una población que ha sufrido un proceso de selección natural durante aproximadamente 500 años. Esta selección natural hizo de este ganado una raza rústica y capaz de vivir en ambientes muy desfavorables. Recién a fines de la década del '50 en el INTA de Leales (Tucumán, Argentina) se inicia un proceso de recuperación con la formación del primer plantel experimental, con animales adquiridos en distintas localidades del Noroeste Argentino. En la década del '70, comien-

¹CONICET, Fac. de Agronomía y Zootecnia-Univ. Nac. de Tucumán, Argentina.

²CER Leales- INTA, Tucumán, Argentina.

³Instituto de Genética, CICVyA-INTA, CC:25- CP:1712, Castelar, Argentina.

za la caracterización de este material genético. A lo largo de los años otras Unidades del INTA y de las Universidades incorporaron bovinos Criollos a sus proyectos de trabajo e investigación, de manera tal que el proceso de selección artificial es reciente. En el año 1985 se formó la Asociación Argentina de Criadores de ganado Bovino Criollo por iniciativa y como resultado del esfuerzo conjunto de productores y técnicos, y se tradujo en una nueva etapa en la difusión y utilización de la raza. Se comenzaron a llevar reproductores a Exposiciones y a inscribir los mismos en el Herd Book de la Sociedad Rural Argentina. Esto significó un avance muy importante en el número de animales puros controlados, en la cantidad de cabañas y en la utilización de este material genético en la producción. La Asociación ha promovido el mantenimiento de la diversidad genética existente en la raza (colores de capa, astados y mochos, conformaciones y tamaños), como una forma preservar animales adaptados a condiciones ambientales muy diversas.

El bovino Criollo Argentino ha sido muy estudiado desde un punto de vista fenotípico, molecular y productivo, en este trabajo se presentan algunos resultados que contribuyen a su caracterización.

MEDIDAS MORFOMÉTRICAS

La zoometría estudia las formas de los animales mediante mediciones corporales que permiten cuantificar la conformación corporal. Para caracterizar al ganado Criollo, desde el punto de vista morfométrico, se realizó un trabajo comparativo con las razas Hereford y Nelore, en el CER INTA Leales, con vacas de 5 años ó más. Se midieron, en cm, nueve variables zoométricas y se pesaron los animales en tres momentos del año, determinándose también condición corporal. Los resultados se presentan en el Cuadro 1.

En síntesis, se observa que Criollo es una animal de mayor altura (a la cruz y a la grupa) que Hereford pero más bajo que Nelore. En cuanto al perímetro toráxico también se ubica en una posición intermedia. Estas diferencias las compensa con un mayor largo corporal, teniendo finalmente, un peso corporal similar a Nelore pero mayor que Hereford.

Cuadro 1. Medidas morfométricas en tres razas boyinas en el CER Leales INTA.

RAZAS	HEREFORD	CRIOLLA	NELORE
NUMERO DE ANIMALES	17	23	27
ALZADA A LA CRUZ	116.4 a	125.5 b	133.9 с
ALZADA A LA GRUPA	120.0 a	131.9 b	139.4 с
PERIMETRO TORAXICO	174.1 a	175.6 ab	179.3 b
LARGO DE CAÑA	19.8 a	22.0 b	23.3 с
PERIMETRO DE CAÑA	18.4 a	18.0 a	17.4 b
LARGO CORPORAL	158.2 a	162.7 b	157.0 a
ANCHO ANTERIOR DE GRUPA	47.1 a	46.7 a	46.0 a
LARGO DE GRUPA	50.6 ab	51.8 a	50.0 b
ANCHO POSTERIOR DE GRUPA	15.8 a	15.5 a	17.1 b
PESO AJUSTADOS A IGUAL	423.1 b	456.1 a	456.6 a
CONDICION CORPORAL (3)			

a, b, c: diferentes letras en cada columna significa diferencias significativas p≤0.05 (Holgado y Rabasa, comunicación personal).

El Criollo ha sido caracterizado morfológicamente en relación al dimorfismo sexual, típico de esta raza. Martínez *et al.* (1998) trabajando con seis variables zoométricas encuentran diferencias entre sexo que varían entre 4% y 13%, con excepción al ancho de cabeza que alcanza un 31% más en los machos en relación a las hembras. Los autores consideran que la selección natural y la adaptación han favorecido el dimorfismo en esta raza.

CARACTERÍSTICAS A NIVEL MOLECULAR

Polimorfismos en el sistema Mayor de Histocompatibilidad. Gen DRB3.2

Dentro de los múltiples mecanismos de defensa que puede desarrollar el sistema inmune en animales, se encuentran aquellos dirigidos específicamente hacia un patógeno determinado. En mamíferos se describieron más de 100 genes involucrados en este proceso y se los agrupa dentro de una familia denominada Complejo Mayor de Histocompatibilidad (*MHC*). Esta familia tiene 3 clases de genes (clase I, II y III).

En el bovino, al *MHC* se lo denomina BoLA (*Bovine Lynphocytary Antigen*) y se localiza en el brazo corto del cromosoma 23 y abarca aproximadamente 2000 Kb (kilobases) del genoma. De los genes incluidos en este sistema, el que más se expresa y que mayor polimorfismo presenta es el gen *DRB3*. Actualmente se encuentran publicados 104 alelos de este gen (http://www.projects.roslin.ac.uk/bola/drbtab.html).

Se han desarrollado diversas técnicas para determinar la variación dentro del complejo BoLA, y probablemente la de mayor impacto en bovinos fue la de PCR-RFLP (Polimerase Chain Reaction-Restriction Fragment Lenght Polymorphisms). Sin embargo, cuando es necesario determinar el genotipo para el gen DRB3.2 en muchos animales, esta técnica no sólo resulta laboriosa y costosa, sino que además el nivel de resolución que permite actualmente esta técnica es bajo. La técnica de PCR-SSOP (Polimerase Chain Reaction-Sequence Specific Oligonucleotides Polymorphisms) es utilizada en humanos extensivamente para el genotipado del HLA (Human Leucociyte Antigen) en estudios de compatibilidad en trasplante de órganos. Esta misma técnica fue adaptada a bovinos y se desarrolló un conjunto de oligos que en diferentes combinaciones permiten detectar todos los alelos publicados (Sala, L.; comunicación personal).

La población bajo análisis se conformó a partir de bovinos Criollos de 11 establecimientos, en los cuales se seleccionaron 188 individuos (18% del total). Los animales estaban inscriptos en la Asociación de Criadores de Ganado Bovino Criollo y fueron elegidos en base a sus registros genealógicos. Las muestras fueron genotipadas por la técnica *PCR-SSOP*. Por esta técnica se detectaron 40 alelos, (38.5 % del total de los alelos descriptos hasta este momento para bovinos por la *ISAG-International Society on Animal Genetics*). La heterocigosis observada en esta población fue de 0.819 y el *PIC* (*Polymorphic Information Content*) de 0.929. La distribución de sus frecuencias alélicas (agrupada por subtipo) se expone en el Cuadro 2. Los alelos más comunes fueron: *DRB3*.2*101, *DRB3*.2*2001/02/03/04 y *DRB3*.2*1801/02 con frecuencias de 16.2%, 15.7% y 13.6%, respectivamente.

Con esta misma metodología, se encontró un patrón de hibridación diferente en un toro Criollo, que no coincidía con lo publicado hasta el presente. Por ello, se estudió la segregación alélica como método confirmatorio de los genotipos obtenidos por PCR-SSOP y se tipificó la familia de este toro: 12 hijos provenían del cruzamiento con vacas Criollas y cruzas Criollo x Cebú (4 y 3 madres, respectivamente), y 3 hijos no tenían madre identificada.

Además, el toro Criollo, las madres y los 15 hijos que heredaron el nuevo alelo fueron analizados por secuenciación directa para excluir posibles errores en el *oligotyping* y para confirmar la presencia de un nuevo alelo. El nuevo alelo presentó la mayor homología con las secuencias de *DRB3*.2*2901 (Z30649) y 1801 (U64461) con una identidad del 98% y 97% respectivamente. El nuevo alelo encontrado presenta diferencias en 3 bases y en un aminoácido (*Arginine* ® *Threonine*) entre los alelos *DRB3**2901 y *DRB3**2902 (Poli *et al.*, 2003).

ADN mitocondrial

El ADN mitocondrial (ADNmt) en bovinos tiene aproximadamente 17 Kb, se encuentra en un alto número de copias en el citoplasma celular y es heredado vía materna. Las mutaciones que se producen y acumulan en el ADNmt a través del proceso evolutivo han demostrado ser una herramienta útil para estudios de filogenia y reconstrucción de procesos migratorios en la mayoría de las especies de mamíferos.

La diversidad nucleotídica dentro de las razas taurinas puede ser agrupada en dos grandes *clusters* haplotípicos. Los clusters representan a la mayoría de las razas europeas y africanas, donde en cada una de ellas un único haplotipo presenta una alta frecuencia y se los denomina como Europeo consenso y Africana consenso, respectivamente (Bradley *et al.*, 1996). Ambos tipos mitocondriales difieren en 3 sustituciones dentro de un fragmento de ADN de 240 pb de la región control del ADNmt.

Cuadro 2. Frecuencias alélicas del Gen DRB3.2 agrupado en subtipos en el ganado bovino Criollo Argentino.

Alelo	Subtipos	Frecuencia Alélica
DR1	101	0.1622
DR 20	2001/02/03/04	0.1569
DR18	1801/02	0.1356
DR15	1501	0.0771
DR 28	2801/02	0.0691
DR5	501/02/03	0.0479
DR 14	14011	0.0426
DR 36	3601	0.0372
DR13	1301/02	0.0346
DR 21	2101	0.0346
DR 44	4401	0.0293
DR12	1201/02	0.0266
DR 23	2301	0.0213
DR 29	2901/29v	0.0213
DR9	901/02	0.0186
DR11	1101	0.0186
DR 16	1601/02	0.0106
DR8	801	0.0080
DR10	1001	0.0080
DR 27	2703/04/07	0.0080
DR2	201	0.0053
DR3	301/02	0.0053
DR7	701	0.0053
DR 26	2601	0.0053
DR4	401	0.0027
DR 35	3501	0.0027
DR 37	3701	0.0027
DR 48	4802	0.0027

Del primer estudio comparativo a nivel del ADNmt (región control de 284 pb) entre el bovino Criollo de Argentina y 4 razas nativas de Brasil (Miretti *et al.*, 2002), se presentan los siguientes rasgos de importancia:

- Ocho nuevos haplotipos fueron descriptos.
- El haplotipo EA1 (el más frecuente de ese estudio 38.9%) fue el único que tuvo coincidencia perfecta con la secuencia Europea consenso.

- El otro haplotipo altamente representado fue el AA1 (33.3%) que tiene una coincidencia perfecta con la secuencia Africana consenso.
- Los restantes 7 haplotipos encontrados son variaciones de los Europeos consenso (EA2–EA3–EA4–EA5) y los otros son más cercanas a los Africanos (AA2–AA3–AA4).
- El bovino Criollo de Argentina tuvo mayoritariamente la secuencia Europea consenso, sin embargo las variantes EA2, EA4 y EA5 estuvieron presente.
- Una nueva secuencia relacionada a la Africana consenso AA2 estuvo ausente en las razas brasileras y también en las portuguesas, siendo hasta el momento, sólo informada en el Bovino Criollo de Argentina.
- Los resultados pueden ser considerados como un reflejo de la distribución de los haplotipos del ADNmt entre los bovinos ibéricos 500 años atrás.
- Los datos genotípicos en este estudio comparativo de las secuencias de ADNmt entre el bovino Criollo de Argentina y las razas Criollas de Brasil muestran como evidencia a una nueva subdivisión dentro del linaje taurino, la cual puede haber ocurrido aún antes de la división del ADNmt entre africanos y europeos.

CARACTERIZACIÓN LECHERA DE LA VACA CRIOLLA

El ganado bovino Criollo, por su adaptación al Subtrópico Argentino, puede ser un recurso genético de interés para producir leche bajo condiciones ambientales y de producción marginales, que caracterizan a los sistemas de los pequeños productores. El Criollo en Argentina se maneja como un animal de carne, sin embargo es ordeñado para el consumo familiar. Habitualmente el productor encierra el ternero durante la noche y ordeña a la mañana (12 horas), con lo cual la producción de las otras 12 horas se destinan a la crianza de los terneros.

Para caracterizar la producción de leche en el CER Leales INTA, se ordeñaron durante dos temporadas un plantel de vacas Criollas, con el mismo manejo que realiza el productor, encierre del ternero de 12 horas y ordeñe manual con apoyo del ternero. En el Cuadro 3 se resumen los resultados obtenidos (Holgado y Rabasa, comunicación personal).

Por otro lado, evaluaciones realizadas con doble pesada de los terneros, indican que por ordeñe solamente se extrajo el 62±35 % de la leche acumulada durante las 12 horas de encierre (100%). Si se divide el rendimiento obtenido por ordeñe (296.83 litros) en 0.62 se obtiene la leche

Cuadro 3. Producción de leche de vacas criollas. CER Leales INTA.

CONTROL NUMERO	DIAS DESDE PARICION	PRODUCCION LECHE (litros)	PRODUCCION ACUMULADA (litros)
1	30	2.07	62.10
2	59	2.28	66.12
3	91	1.73	55.36
4	125	1.44	48.96
5	155	1.12	33.60
6	188	0.93	30.69
TOTAL	0-188		296.83

producida (478.76 litros en 188 días). Si se asume que en idéntico tiempo se produce un volumen similar, la producción de leche de las vacas Criollas sería de 957.52 litros/lactancia de 188 días, es decir, 5.09 litros/día.

BIBLIOGRAFÍA

BRADLEY, D.G.; MACHUGH, D.E.; CUNNINGHAM, P. & LOFTUS, R.T. 1996. Mitochondrial diversity and the origin of African and European cattle. Proc. Natl. Acad. Sci USA. 93:5131-5135.

MIRETTI, M.M; PEREIRA, H.A.; POLI, M.A.; CONTEL, E.P.B. & FERRO, J.A. 2002. African-Derived Mitochondrial in South American Native Cattle Breeds (*Bos taurus*). Evidence of a New Taurine Mitochondrial Linage. The Journal of Heredity. 93:323-330.

POLI, M.A.; SALA, L. & ZANDOMENI, R.O. 2003. Identification of a new BoLA-*DRB3.2* allele. Anim. Genet 34: 389-390.