

CAPÍTULO 6

ASIGNACIÓN RACIAL

DEFINICIÓN DE RAZA. METODOS DE ASIGNACIÓN RACIAL.
PROGRAMAS Y APLICACIONES DE LA ASIGNACIÓN RACIAL

Andrés Rogberg Muñoz, Agustín H. Falomir Lockhart, Daniel E. Goszczynski

6.1 Generalidades de la asignación racial

6.1.1 ¿Qué es una raza?

El concepto de raza se aplica casi específicamente a los animales domésticos, de producción, de trabajo o de compañía. Desde el punto de vista genético suele utilizarse para designar subgrupos o poblaciones de la misma especie que presentan diferencias genéticas por estar parcialmente aisladas (natural o artificialmente), pero que son capaces de seguir reproduciéndose entre sí. El aislamiento pudo haberse originado por causas geográficas, como subgrupos que fueron llevados por los humanos a zonas aisladas (el perro sin pelo de Perú) o islas (raza bovina Jersey); por eventos de domesticación independiente (los cerdos); o, como en el caso de muchas razas modernas, por el aislamiento artificial/intencional realizado por el hombre (barrera racial). En el caso de los animales salvajes, el aislamiento geográfico que determina diferencias evolutivas a nivel fenotípico suele constituir sub-especies. Sin embargo, existen casos intermedios como algunas poblaciones de peces de criadero, donde no se utiliza el término “raza”. Originalmente, muchas razas modernas se seleccionaron y diferenciaron

por características morfológicas definidas, siendo el pelaje uno de los caracteres más considerados. Como consecuencia del aislamiento se generaron diferencias, que además de observarse fenotípicamente, pueden detectarse a nivel del genoma.

6.1.2 Definición de asignación

Si bien en el ámbito veterinario y de la producción animal el concepto de raza nos es familiar, muchas veces su determinación no es tan sencilla, y la determinación de la raza de origen de un animal por algún método dado es lo que llamamos asignación racial. En general, las asociaciones de criadores de razas han definido patrones fenotípicos particulares para cada una, y un animal puede ser considerado de esa raza si se adapta a esas descripciones; sin embargo, este método es subjetivo al inspector. Por otro lado, existen registros genealógicos que avalan la pureza de un determinado individuo, aunque en muchos casos las paternidades declaradas puedan ser erróneas. Ante un contexto comprendido por el desarrollo tecnológico, los avances en genética, el acceso masivo a la información y la inclusión del análisis de ADN como una herramienta disponible, surge la posibilidad de implementar métodos de asignación racial cada vez más seguros y confiables. En este sentido, podemos definir la asignación racial molecular como la determinación de la raza de un animal a través de un estudio de ADN con fines de control, comercialización, trazabilidad, forenses, u otra naturaleza.

Un punto a tener en cuenta para asignar la raza de un individuo es que, independientemente del método de asignación racial utilizado, se requiere de un patrón previamente definido para la raza y con el cual se hará la comparación. Por ejemplo, si el método usado se basa en características observables a simple vista (fenotípicos en el animal vivo) será necesaria una descripción minuciosa de las características morfológicas y de pelaje aceptadas, mientras que si el método se basa en estudios de ADN, se requerirá una base de datos poblacional

compuesta por un número de animales pura de la raza previamente genotipados para los mismos marcadores a utilizar para la asignación racial (ver capítulo 4).

6.1.3 Características de clasificación de razas en las especies domésticas

En la Tabla 1 se detallan algunos de los criterios que se utilizan para clasificar y diferenciar las razas de diferentes especies de animales domésticos. Estos criterios son utilizados para la asignación racial a nivel fenotípico y en algunos casos hasta pueden determinar que un animal sea reconocido o no como miembro de una raza.

		CRITERIO DE CLASIFICACIÓN			
Especie		Color de capa	Origen	Morfológico	Función
MAMÍFEROS	Gato	Sí	País de origen de la raza	Estructura corporal/Tamaño corporal/ Largo del pelo	----
	Vacuno	Sí	Centro de Domesticación (Medio Oriente/India)	Presencia y forma de cuernos/Largo prepucio/ Tamaño y forma gibas/Largo del pelo/otros	Lechero/Carnicero/Trabajo
	Perro	Sí	----	Tamaño corporal (pequeños/medianos/grandes/gigantes)	Deportivo/Terrier/Caza/ Trabajo/Compañía/Pastores
	Búfalo	Sí	País de origen de la raza	Tamaño corporal/Forma y largo cuernos	Lechero/Carnicero/Trabajo
	Cerdo	Sí	Centro de Domesticación (Europa/Asia)	Tamaño corporal	De producción/mascotas
	Cabra	Sí	----	Tamaño corporal	Lechero/Carnicero/Fibra
	Equino	Sí	País de origen de la raza	Peso/Altura/Modo de andar/ Temperamento	Trabajo/Deportes/Paseo
	Conejo	Sí	País de origen de la raza	Tamaño/Tipo de oreja/Largo de pelo	Carne/Piel/Pelo
	Ovino	Sí	----	Tipo y largo de lana/ Presencia o ausencia de cuernos	Lechero/Carnicero/Lana
AVES	Gallina	Sí	País de origen de la raza	Tamaño corporal/Color de piel/Cantidad de plumas/Color de huevos/otros	Huevos/Carne/Ornamental
	Pavo	Sí	País de origen de la raza	Tamaño corporal (Pesado/liviano)	----

Tabla 6.1: Criterios de clasificación de las razas dentro de las principales especies de animales domésticos.

6.2 Métodos de asignación racial

La raza de un animal puede determinarse genéticamente desde dos enfoques: por métodos determinísticos, basados en el análisis de marcadores específicos de raza (por ejemplo, genes asociados a color de capa o piel), y por métodos probabilísticos, que determinan la similitud o la distancia entre el genotipo del animal muestreado con respecto a una poblaciones de referencia (animales puros).

6.2.1 Métodos determinísticos

Para generar una característica visual diferencial, muchas razas fueron seleccionadas hacia unos pocos o un único patrón de pelaje. Consecuentemente, los genes de pigmentación fueron sometidos a una presión selectiva durante mucho tiempo, y por ese motivo la búsqueda de marcadores raciales privativos se enfocó inicialmente sobre características. Los análisis comenzaron en ratones, y se trasladaron por homología a las especies domésticas, dando lugar al estudio de genes como MC1R (Receptor de Melanocortina 1), ASIP (proteína de señalización agutí) y TYRP1 (Proteína relacionada a tirosinasa 1), entre otros. Estos genes desempeñan roles importantes en la vía de síntesis de la melanina (Bennett y Lamoreux 2003).

Para mencionar algunos ejemplos, en bovinos el gen MC1R presenta dos mutaciones, cuyos alelos determinan la prevalencia de eumelanina (cabello de capa negro) y feomelanina (cabello rojo o amarillo); algunos estudios señalan que este gen actúa de manera similar en cerdos. El gen ASIP ha sido asociado a variaciones en el color de pelaje de las ovejas, y el gen TYRP1 está correlacionado a variaciones de color en vacas, ovejas y cerdos. Finalmente, el gen KIT ha sido asociado al color blanco dominante en cerdos domésticos, y estudios recientes sugieren que también podría estar relacionado con los patrones de manchas blancas en razas lecheras bovinas.

La elección de un método determinístico para una asignación racial no siempre resulta adecuada y dependerá de cada problemática en

particular ya que el método requiere alelos exclusivos de cada raza a diferenciar. Por ejemplo, si utilizamos genes relacionados con la determinación del pelaje, no podríamos diferenciar razas con pelajes similares. Sin embargo, existen ejemplos donde estos métodos han sido utilizados con éxito. En el año 2002, Maudet y Taberlet utilizaron por primera vez tres mutaciones ubicadas en el gen MC1R para autenticar tres quesos franceses (con denominación de origen, RDO). Los quesos Beaufort, Abondance y Reblochon deben ser producidos sólo por las razas lecheras Montbéliard, Abondance y Tarentaise, y en el estudio se pudo detectar algunas adulteraciones por la utilización de leche Holstein en la fabricación. Los investigadores determinaron las frecuencias de cuatro variantes alélicas en el gen MC1R y encontraron variantes exclusivas para las razas. En la Tabla 6.2 se muestran los datos adaptados del trabajo original (Maudet y Taberlet, 2002).

Raza	Color de capa	Genotipo
Abondance	Marrón y blanco	e/e (AA)
Montbéliard	Rojo y blanco	e/e (AA)
Tarentaise	Rojizo con negro	E1/E1 (BB) o E+/E1 (BC)
Holstein	Blanco y negro	E ^D E ^D (DD)

Tabla 6.2. Genotipos del gen MC1R en diferentes razas lecheras criadas en Francia: Abondance, Montbéliard, Tarentaise y Holstein (Adaptada de Maudet y Taberlet, 2002).

Como se puede observar en la Tabla, la raza Holstein posee el alelo ED fijado (y exclusivo de la raza en este contexto). Las razas Abondance y Montbéliard presentan el mismo genotipo (e/e) y no podría diferenciarse una de otra utilizando este método, aunque sí los quesos provenientes de la raza Tarentaise (siempre en el contexto de estas cuatro razas). Sin embargo, los genotipos de las tres razas francesas se diferencian completamente del Holstein; por lo tanto, al detectar el alelo ED en una muestra, se puede demostrar la adulteración con otra raza diferente a la Abondance, Montbéliard y Tarentaise (probablemente Holstein).

6.2.2 Métodos probabilísticos

Partiendo de la idea de que el genotipo de un individuo es más parecido a los de su población de origen que a los de cualquier otra población, es posible determinar la raza de pertenencia por funciones de máxima verosimilitud, estadística bayesiana o distancias genéticas. Por supuesto, esto requiere una base de datos poblacional previa que incluya un número representativo de animales por raza a asignar (ver capítulo 4).

6.2.2.1 Métodos de máxima verosimilitud

Los métodos de máxima verosimilitud son procedimientos matemáticos que consideran los datos observados como muestras de procesos aleatorios, o modelos cuyos parámetros son desconocidos. Dada una distribución de probabilidad D , con una densidad de probabilidad L_d , caracterizada por un parámetro θ , y dada una muestra de x_i datos observados para $i = 1 \dots n$, la probabilidad asociada a los datos observados puede ser calculada como:

$$P(\{x_i\}_{i=1}^n | \theta) = L_d(\theta | \{x_i\}_{i=1}^n)$$

Si el parámetro θ no es conocido, es posible inferir sobre su verdadero valor a partir de la muestra θ . El método de máxima verosimilitud busca, en el espacio de todos los valores posibles, el valor de θ que maximiza la probabilidad de haber observado la muestra dada. La incertidumbre asociada a esta estimación se expresa normalmente por los intervalos de confianza del 95% para θ .

6.2.2.2 Métodos bayesianos

Los métodos bayesianos infieren los parámetros del modelo combinando la máxima verosimilitud con la información previa. La información sobre el parámetro θ debe expresarse mediante la

especificación de una distribución previa $P(\theta)$. La distribución $P(\theta)$ es ponderada hacia el θ más probable de acuerdo a la información previa disponible. El resultado es la probabilidad posterior, que corresponde a nuestras creencias acerca de los parámetros, teniendo en cuenta tanto los datos anteriores como los observados. Suponiendo que las frecuencias alélicas en cada locus de cada población tienen a priori una igual densidad de probabilidad, la probabilidad posterior de observar individuos con el genotipo $A_k A_k$ en el locus j de la población i es igual a:

$$\frac{(n_{ijk} + 1/K_j + 1)(n_{ijk} + 1/K_j)}{(n_{ij} + 2)(n_{ij} + 1)} \quad \text{si } k = k'$$

donde n_{ijk} es el número de alelos k muestreados en el locus j en la población i ; n_{ij} es el número de genes muestreados en la población i ; y k_j es el número total de alelos observados en todas las poblaciones en el locus j . Esto nos indica la probabilidad de que un individuo pertenezca a una población y se puede utilizar como un umbral o criterio de asignación.

6.2.2.3 Métodos de distancia genética

Los métodos de distancia genética asignan la población desconocida a la más cercana, es decir, la población desconocida se aparea con la que genera distancia genética promedio menor. Se utilizan cálculos de distancia genética como la estándar de Nei, Chord, o Da (Takezaki y Nei, 1996). La asignación basada en distancia no requiere una matemática compleja; se puede adaptar a las propiedades de los marcadores moleculares y está libre de supuestos de Hardy-Weinberg o desequilibrios de ligamiento. Su principal desventaja es la falta de una probabilidad asociada a la asignación.

6.2.2 Programas de asignación

Los programas más comúnmente usados para la asignación racial se listan en la Tabla 6.3. El uso de cada uno de ellos debe ser evaluado dependiendo del marco de la problemática a resolver y el tipo y número de marcadores disponibles.

Programa	Criterio	Marcador		Enlace
		Tipo	Densidad	
GeneClass2	Distancia genética	STR SNP RFLP AFLP	Baja densidad (no pueden estar ligados)	www1.montpellier.inra.fr/CBGP/software/GeneClass
	Frecuencia génica			
	Bayesiano			
Structure	Bayesiano	STR SNP RFLP AFLP	Baja densidad (no pueden estar ligados)	pritchardlab.stanford.edu/structure.html
Admix	Bayesiano	SNP	Baja y Alta densidad	www.genetics.ucla.edu/software/admixture
FastStructure	Bayesiano	SNP	Baja y Alta densidad	rajanil.github.io/fastStructure
BAPS	Bayesiano	SNP	Baja y Alta densidad	www.helsinki.fi/bsg/software/BAPS
Wichrun	Máxima verosimilitud	STR	Baja densidad	bml.ucdavis.edu/research/research-programs/ecology-evolution-conservation/salmon-research/salmon-genetics-software

Tabla 6.3: Características de los programas más utilizados para la asignación racial a partir de datos de marcadores moleculares.

6.3 Usos de los métodos de asignación

Los métodos de asignación racial, además de ser variados, tienen una gran diversidad de utilidades en diferentes áreas: i) en el campo de la producción, para certificar determinados productos, acreditar sus condiciones de elaboración y su origen, tomar decisiones y mejorar los esquemas productivos (principalmente en casos de razas compuestas y

cruzamiento); ii) en el campo de la biodiversidad, para apoyar la conservación de razas a través de sus relaciones e historia; iii) en el campo de la justicia, como soporte a pericias en casos judiciales.

6.3.1 Certificación de productos alimenticios

En un mundo cada vez más globalizado, la certificación de la inocuidad, calidad y procedencia de los productos de origen animal se ha vuelto un tema de gran importancia. En los últimos años se han sucedido eventos sanitarios que han provocado que consumidores individuales, asociaciones de consumidores e incluso países compradores de estos productos, empiecen a demandar controles sobre los productos que compran, su producción y transporte. Los ejemplos de mayor difusión abarcan zoonosis, como la gripe aviar y la gripe porcina, enfermedades relacionadas al tipo de alimentación que consumen los animales, como la encefalopatía espongiforme bovina, e intoxicaciones por el consumo de subproductos animales con alto contenido de químicos tóxicos, como la crisis de las dioxinas. Estos ejemplos ponen de manifiesto la importancia de controlar tanto el producto como el animal y el sistema de producción. Por su parte, la Organización Mundial de la Salud posee dos programas relacionados al consumo de alimentos: Seguridad Alimentaria (*Food Safety* <http://www.who.int/foodsafety/en/#>) y “Vigilancia de intoxicaciones alimentarias” (*Foodborne Disease Surveillance* http://www.who.int/foodborne_disease/en/#).

En este contexto, la asignación racial puede ser una herramienta que indirectamente resuelva algunas de estas cuestiones. Se podría pensar que el hecho de conocer la raza de un individuo nos brinda una limitada información. Sin embargo, ciertas razas poseen atributos de calidad superiores a otras y una determinación racial podría asegurarnos una cierta calidad (mínima al menos). Aunque las posibilidades son más amplias, la raza nos puede dar información geográfica, ya que hay razas que se crían casi exclusivamente en algunos países o regiones, o hay

países o regiones donde no se crían determinadas razas. Más aún, dado que el ecosistema y/o el modo de producción de ciertas regiones son particulares o exclusivos, y muchas veces algunas razas fueron seleccionadas y criadas exclusivamente en esas mismas regiones, la certificación racial podría estar dándonos también información sobre la producción. Pero veamos más en detalle cada una de las situaciones que mencionamos:

6.3.1.1 Calidad

Cuando hablamos de alimentos, en la mayoría de los casos la calidad de los mismos no puede ser testada o probada por el consumidor previo a su compra. Como se mencionó, existen razas o poblaciones que poseen atributos exclusivos de calidad y la certificación racial podría asegurar una calidad mínima al consumidor. Algunas razas o comercializadores de productos alimenticios de origen animal han aprovechado este reconocimiento para generar marcas propias o certificaciones que agregan valor a sus productos y en algunos casos logran distribuir el beneficio en la cadena de producción. Veamos algunos ejemplos:

Carne Angus Certificada: es el programa de la Asociación Argentina de Angus; en su página web aparecen varios criterios para la certificación, algunos raciales como el pelaje (negro o colorado sólido típico del Angus) y el carácter mocho (absoluto en la raza) y otros de calidad que también se le atribuyen a la raza (Wheeler et al., 2005), como la muscularidad, la madurez/edad, la buena tipificación de la canal, grasa de cobertura y marmoleado. Todos caracteres fenotípicos y de calidad.

Munchi's y San Isidro Labrador: estas marcas de productos lácteos alegan la calidad de sus productos debido al uso de leche obtenida de animales de raza Jersey. La raza Jersey es reconocida por el mayor contenido de sólidos en la leche (Auldist et al., 2004).

Jamón Ibérico: es una denominación de origen y de calidad del jamón español criado a partir de animales con al menos un 50% de sangre de razas Ibéricas. Esta certificación contempla además una certificación del proceso de alimentación (Gobierno de España/Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marítimo 2014).

Raza Nostra: portal y carnicería española que vende carne de razas bovinas, ovinas y suinas reconocidas y certificadas (Raza Nostra 2014).

6.3.1.2 Trazabilidad

La trazabilidad es un término muy amplio que puede utilizarse para productos y procesos, en particular productos de origen animal. Existen varias definiciones, por ejemplo, las Normas ISO 8402 la definen como “la capacidad de establecer la historia de los procesos de origen de un producto, su uso y procedencia mediante referencia a un registro escrito”, mientras que la Regulación Europea (ER) 178/2002 la define como “la habilidad para trazar y seguir un animal, un alimento o un ingrediente a través de todas las etapas de producción y distribución”. En el caso de los animales, se han generado varios métodos de identificación para los individuos en las etapas productivas como caravanas, bolos ruminales, análisis retinal, entre otros, que luego requieren una continuidad a nivel de faena, empaque y distribución. Por otro lado, el ADN ha demostrado ser una herramienta utilizable para el seguimiento en toda la cadena, desde los animales hasta sus derivados alimenticios, ya que se encuentra en toda célula nucleada del individuo (es decir en cualquier tejido) y se mantiene inalterado con la mayoría de los tratamientos de cocción, conservación o curado.

Si bien los métodos de asignación racial no pueden identificar individuos, debido a que no es el objetivo del análisis, pueden en ciertos contextos servir como control de fraudes. En las diferentes regiones del mundo las razas criadas varían notoriamente, esto se debe principalmente a condiciones climáticas e históricas. De este modo se

podría chequear la adulteración de productos animales provenientes de ciertas regiones con productos locales de inferior calidad y/o más baratos. Un ejemplo de esta utilidad se puede encontrar en un estudio realizado por nuestro grupo (Rogberg-Muñoz et al., 2014) donde se testeó la posibilidad de identificar carne Argentina en el mercado chino. En el contexto de las crecientes importaciones de carne en China y la informalidad remanente del mercado cárnico interno, pueden ocurrir adulteraciones que impliquen el etiquetado de carne producida localmente como carne importada. China es uno de los principales productores de carne del mundo (y principales consumidores en total a nivel país) y su producción se basa en el ganado local llamado Ganado Amarillo Chino, aunque prácticamente toda esta producción es volcada al mercado interno. La carne importada proviene mayoritariamente de países donde las razas europeas son mayoritarias, por lo tanto una asignación racial podría servir para la búsqueda de fraudes en los que carne local se etiquete como importada.

6.3.1.3 Denominación de origen

Ya se mencionó que las razas producidas en diferentes países del mundo pueden ser distintas, pero en algunas regiones (incluso pequeñas áreas) pueden llegar a ser exclusivas y esto ha sido aprovechado para agregar valor al producto. La Comunidad Europea en sus regulaciones 509/2006 y 510/2006 (Unión Europea 2006) establece tres certificaciones para productos regionales:

Protected designation of origin (PDO): se refiere a productos originarios de una determinada área o región, que asegura condiciones ambientales y de producción exclusivas del área.

Protected geographical indication (PGI): se refiere a productos originarios de una determinada área o región, que asegura una determinada calidad debido a condiciones ambientales y de producción de esa área (pueden o no ser exclusivas).

Traditional speciality guaranteed (TSG): se refiere a productos elaborados con materias primas y procesos tradicionales, que lo hacen diferente a otros.

Existen numerosos trabajos que utilizan la asignación racial por ADN para dar soporte a este tipo de certificaciones. En el trabajo realizado por Negrini et al. (2008) se demostró la utilidad de un set de 90 SNP para identificar la carne de cuatro regiones Europeas que cuentan con PGI: “Guaranteed Pure Highland Beef” (Escocia), “Vitellone dell’Appennino Centrale” (Italia), “Ternera de Navarra” (España) y “Boeuf de Chalosse” (Francia), con resultados que fueron superiores al 80% de efectividad. Por su parte, investigadores españoles han demostrado la utilidad de 25 microsatélites para determinar y certificar la composición racial de la PDO “Jamón Ibérico” (García et al., 2006). Bajo un enfoque determinístico, Russo et al. (2007) desarrollaron un test de ADN utilizando el locus MC1R (responsable de la coloración de pelaje) para autenticar quesos “Parmigiano Reggiano” producidos únicamente con leche de la raza Reggiana. En ese momento estos quesos tenían un valor de mercado que duplicaba el de quesos similares sin denominación de origen.

6.3.2 Pureza, cruzamientos e híbridos

Una posible utilidad de la asignación racial es la determinación del grado de pureza de un animal. En razas que poseen un registro abierto y/o que la absorción está permitida, la determinación de la proporción de genes de la raza pura nos puede permitir definir si un animal es lo suficientemente puro para ser aceptado como “Puro”. En general, se acepta que un animal es puro luego de un número de generaciones en las que se utilizó un progenitor puro. Este número de generaciones puede variar, pero luego de 5 generaciones el porcentaje del genoma de la raza absorbente es casi 97% y luego de 7 generaciones ese porcentaje es mayor a 99%. Alternativamente, un análisis de ADN con un número adecuado de marcadores nos puede determinar más

exactamente ese valor y adelantar el proceso de absorción eligiendo a los animales que poseen una mayor porción del genoma de la raza absorbente (Hillel et al., 1990). Por otro lado, existen casos en que algunos criadores pudieran utilizar animales de otras razas para corregir o modificar un carácter, frente a la duda la organización responsable del registro (o el comprador del animal) podría solicitar un análisis que confirme su pureza. En el caso de los Labradores de color plateado, algunos criadores alegan que es una variante natural y otros que fue por cruzamiento con Weimaraner. Si bien el American Kennel Club se expidió al respecto en el 2000, aún existe controversia.

Otro aspecto a considerar son las evaluaciones genéticas basadas en datos fenotípicos (evaluaciones bajo un Modelo Animal). En general los programas de evaluación son llevados a cabo por las Asociaciones de Criadores de cada raza e incluyen animales puros o con un cierto grado de pureza. Sin embargo existen razas de origen mixto o compuestas (Brangus y Braford en bovinos, PampINTA en ovinos) formadas por la cruce de dos o más razas, o programas de cruzamiento en los que participan varias razas. En estos casos, la determinación racial por ADN podría ayudar a determinar qué porcentaje exacto de cada raza posee cada individuo y así poder predecir mejor el mérito genético de los animales a ser seleccionados (VanRaden et al., 2007).

Asimismo, se puede considerar un cruzamiento entre individuos de dos especies diferentes, aunque en general no son buscados estos cruzamientos y mucho menos evaluados. Sin embargo, existen varios casos entre los animales domésticos, como el cruzamiento entre burros y caballos, cabras y ovejas, vacunos y yak (*Bos grunniens* en Asia), o entre animales domésticos y salvajes como cerdos con chanchos jabalíes, perros con zorros o lobos y cruzamiento entre camélidos americanos (llamas con guanaco o alpacas con vicuñas). En algunos de estos casos puede ser necesaria la identificación de su carácter híbrido por cuestiones comerciales o legales, por ejemplo en el tráfico ilegal de animales (Di Rocco et al., 2011).

6.3.3 Programas de conservación

En el mundo existen alrededor de 7.600 razas que corresponden a 18 especies de mamíferos y 16 de aves (Groeneveld et al., 2010), algunas de las cuales se encuentran en extinción debido a la consanguinidad y el cruzamiento con otras razas. Los estudios moleculares pueden ayudar a determinar la diversidad conservada en una determinada raza, como también la relación entre diferentes razas para ayudar a la conservación de razas en peligro de extinción o con un alto grado de consanguinidad. En este sentido se puede utilizar otras razas muy cercanas genéticamente para expandir los rodeos o aumentar la variabilidad genética de una determinada población y así conservar sus aptitudes diferenciales. Por ejemplo en ovinos, Baumung et al. (2006) investigaron la diversidad de razas austríacas y lograron establecer la relación entre las diferentes razas de ese país y la recomendación de conservación de alguna de ellas.

6.3.4 Casos forenses

En el área forense, los animales pueden ser las víctimas (ya sean robados, atacados o hasta muertos), los atacantes (de personas, otros animales o de la propiedad privada), los responsables de accidentes, o la prueba que conecte al sospechoso con la escena del crimen, por ejemplo a través de los rastros de ADN en mordidas o pelos encontrados en pertenencias del sospechoso.

6.3.4.1 Mascotas

En los animales de compañía, la asignación racial suele ocupar un espacio histórico-científico o simplemente se realiza por la curiosidad del dueño del animal (Kurushima et al., 2013). Sin embargo, la asignación racial puede dar información sobre posibles enfermedades o susceptibilidades que pueda tener un perro o un gato; más aún, en el área forense se ha sugerido la utilización de la asignación racial en casos de ataque de perros a humanos, ya que las razas Pit Bull y

Rottweiler han sido las que más ataques realizaron en EEUU. En este sentido, el determinar la raza del perro puede ayudar a resolver casos judiciales (Kanthaswamy et al., 2009).

6.3.4.2 Peces

Como se comentó anteriormente, el concepto de raza aplicado a los peces se puede asimilar a las poblaciones de una misma especie que por eventos geográficos han quedado casi aisladas unas de otras y han sufrido una deriva génica en consecuencia. Se ha propuesto la utilización de métodos de asignación racial para la detección del origen geográfico del pescado comercializado y el control de las áreas utilizadas por los barcos pesqueros (Ozerov et al., 2013). Por otra parte, estos métodos han demostrado ser útiles en el control y la certificación de la pesca deportiva. En el año 2000, Primmer et al. detectaron un intento de fraude en un concurso de pesca de salmones en Finlandia cuando un pescador intentó ganar el concurso con un espécimen traído de otro lago cercano, en donde los peces tienen un mayor tamaño medio.

6.3.4.3 Animales silvestres

Así como en la pesca, existen regulaciones a nivel mundial para la caza de determinados animales y prohibición para las especies en peligro (Cirelli, 2002). Sin embargo, la caza ilegal persiste. En estos casos forenses es muy común que los imputados aleguen que los restos animales son de especies domésticas, y si las especies silvestres son muy cercanas a las domésticas, estos mismos métodos se pueden aplicar para diferenciarlas (diferenciación de especie). Se han publicado varios artículos con ejemplos relacionados a la caza ilegal, por ejemplo, se han utilizado estas técnicas para detectar la caza y venta de Cacatúas en Australia (White et al., 2012), matanzas de Lobos en Italia (Caniglia et al., 2010) y de muflones en España (Lorenzini et al., 2011).

6.3.4.4 Casos judiciales

Al momento de realizar un estudio de ADN, ya sea de paternidad o de identificación genética por comparación de perfiles, es muy importante la base de datos de referencia para el cálculo de la probabilidad (índice de paternidad o forense, ver capítulo 5) y exactitud del resultado. En este sentido, Lirón et al. (2007) sugirieron que un análisis previo de la raza de los individuos involucrados permitiría usar las frecuencias específicas de raza o grupo racial y obtener un resultado más exacto.

6.4 Referencias Bibliográficas

- AKC. "American Kennel Club." <http://www.akc.org/> (June 3, 2014).
- Auldish, Martin J, Keith A Johnston, Nicola J White, W Paul Fitzsimons, and Michael J Boland. 2004. "A Comparison of the Composition, Coagulation Characteristics and Cheesemaking Capacity of Milk from Friesian and Jersey Dairy Cows." *The Journal of dairy research* 71(1): 51–57. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15068067> (February 3, 2014).
- Baumung, R, V Cubric-Curik, K Schwend, R Achmann, and J Sölkner. 2006. "Genetic Characterisation and Breed Assignment in Austrian Sheep Breeds Using Microsatellite Marker Information." *Journal of animal breeding and genetics = Zeitschrift für Tierzüchtung und Züchtungsbiologie* 123(4): 265–71. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16882093>.
- Bennett, Dorothy C., and M. Lynn Lamoreux. 2003. "The Color Loci of Mice - A Genetic Century." *Pigment Cell Research* 16(4): 333–44. <http://www.blackwell-synergy.com/links/doi/10.1034%2Fj.1600-0749.2003.00067.x> (May 1, 2014).
- Caniglia, Romolo, Elena Fabbri, Claudia Greco, Marco Galaverni, and Ettore Randi. 2010. "Forensic DNA against Wildlife Poaching: Identification of a Serial Wolf Killing in Italy." *Forensic science*

international. Genetics 4(5): 334–38.

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1872497309001628>

(February 25, 2014).

Cirelli, MT. 2002. "PROTECCIÓN Y ORDENACIÓN DE LA FAUNA." In *Tendencias Legislativas En La Ordenación de La Fauna*, Rome: Servicio del Derecho para el Desarrollo, Oficina Jurídica de la FAO.

<http://www.fao.org/docrep/005/Y3844S/Y3844S00.HTM> (March 12, 2014).

García, David, Amparo Martínez, Susana Dunner, José L Vega-Pla, Cristina Fernández, Juan V Delgado, and Javier Cañón. 2006. "Estimation of the Genetic Admixture Composition of Iberian Dry-Cured Ham Samples Using DNA Multilocus Genotypes." *Meat science* 72(3): 560–66. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22061741> (January 13, 2014).

Gobierno de España/Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marítimo. 2014. "Norma de Calidad de La Carne, El Jamón, La Paleta Y La Caña de Lomo Ibéricos." *BOLETÍN OFICIAL DEL ESTADO*: 1569–85. <http://www.boe.es/boe/dias/2014/01/11/pdfs/BOE-A-2014-318.pdf>.

Groeneveld, L F, J a Lenstra, H Eding, M a Toro, B Scherf, D Pilling, R Negrini, E K Finlay, H Jianlin, E Groeneveld, and S Weigend. 2010. "Genetic Diversity in Farm Animals--a Review." *Animal genetics* 41 Suppl 1: 6–31. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20500753> (June 5, 2014).

Hillel, J., T. Schaap, A. Habermeld, A. J. Jeffreys, Y. Plotzky, A. Cahaner, and U. Lavi. 1990. "DNA Fingerprints Applied to Gene Introgression in Breeding Programs." *Genetics* 124(3): 783–89. <http://www.genetics.org/content/124/3/783.short> (June 2, 2014).

Kanthaswamy, Sree, Bradley K Tom, Anna-Maria Mattila, Eric Johnston, Melody Dayton, Jennifer Kinaga, Bethany Joy-Alise Erickson, Joy Halverson, Dennis Fantin, Sue DeNise, Alexander Kou, Venkat Malladi, Jessica Satkoski, Bruce Budowle, David Glenn Smith, and Mikko T Koskinen. 2009. "Canine Population Data Generated from a Multiplex STR Kit for Use in Forensic Casework." *Journal of forensic sciences*

54(4): 829–40. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19486242> (June 11, 2014).

Kurushima, J D, M J Lipinski, B Gandolfi, L Froenicke, J C Grahn, R a Grahn, and L a Lyons. 2013. "Variation of Cats under Domestication: Genetic Assignment of Domestic Cats to Breeds and Worldwide Random-Bred Populations." *Animal genetics* 44(3): 311–24. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23171373> (January 13, 2014).

Lirón, Juan P, María V Ripoli, Pilar Peral-García, and Guillermo Giovambattista. 2007. "Implication of Population Structure in the Resolution of Cattle Stealing Cases." *Journal of forensic sciences* 52(5): 1077–81. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17680792> (June 11, 2014).

Lorenzini, Rita, Pierangela Cabras, Rita Fanelli, and Giuseppe L Carboni. 2011. "Wildlife Molecular Forensics: Identification of the Sardinian Mouflon Using STR Profiling and the Bayesian Assignment Test." *Forensic science international. Genetics* 5(4): 345–49. <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1872497311000342> (February 21, 2014).

Maudet, C, and P Taberlet. 2002. "Holstein's Milk Detection in Cheeses Inferred from Melanocortin Receptor 1 (MC1R) Gene Polymorphism." *Journal of dairy science* 85(4): 707–15. [http://www.journalofdairyscience.org/article/S0022-0302\(02\)74127-1/abstract](http://www.journalofdairyscience.org/article/S0022-0302(02)74127-1/abstract) (April 28, 2014).

Negrini, R, L Nicoloso, P Crepaldi, E Milanesi, R Marino, D Perini, L Pariset, and S Dunner. 2008. "Traceability of Four European Protected Geographic Indication (PGI) Beef Products Using Single Nucleotide Polymorphisms (SNP) and Bayesian Statistics." *Meat science* 80: 1212–17.

Ozerov, Mikhail, Anti Vasemägi, Vidar Wennevik, Rogelio Diaz-Fernandez, Matthew Kent, John Gilbey, Sergey Prusov, Eero Niemelä, and Juha-Pekka Vähä. 2013. "Finding Markers That Make a Difference: DNA Pooling and SNP-Arrays Identify Population Informative Markers for

Genetic Stock Identification.” *PloS one* 8(12): e82434.
<http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=3864958&tool=pmcentrez&rendertype=abstract> (June 7, 2014).

Primmer, C R, M T Koskinen, and J Piironen. 2000. “The One That Did Not Get Away: Individual Assignment Using Microsatellite Data Detects a Case of Fishing Competition Fraud.” *Proceedings. Biological sciences / The Royal Society* 267(1453): 1699–1704.
<http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=1690726&tool=pmcentrez&rendertype=abstract> (June 12, 2014).

Raza Nostra. 2014. “Marcas de Calidad de Raza Nostra.”
<http://www.razanostra.com/RazaNostra-MarcasdeCalidad.htm> (March 2, 2014).

Di Rocco, F, D M Posik, M V Ripoli, S Díaz, M L Maté, G Giovambattista, and L Vidal-Rioja. 2011. “South American Camelid Illegal Traffic Detection by Means of Molecular Markers.” *Legal medicine (Tokyo, Japan)* 13(6): 289–92.
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21982877> (June 8, 2014).

Rogberg-Muñoz, A, S Wei, MV Ripoli, BL Guo, MH Carino, N Castillo, EE Villegas Castagnaso, JP Lirón, HF Morales Durand, L Melucci, E Villarreal, P Peral-García, YM Wei, and G Giovambattista. 2014. “FOREIGN MEAT IDENTIFICATION BY DNA BREED ASSIGNMENT IN CHINESE MARKET.” *Meat Science*.

Russo, Vincenzo, Luca Fontanesi, Emilio Scotti, Marco Tazzoli, Stefania Dall’Olio, and Roberta Davoli. 2007. “Analysis of Melanocortin 1 Receptor (MC1R) Gene Polymorphisms in Some Cattle Breeds: Their Usefulness and Application for Breed Traceability and Authentication of Parmigiano Reggiano Cheese.” *Italian Journal of Animal Science* 6(3): 257–72.
<http://www.aspajournal.it/index.php/ijas/article/view/ijas.2007.257> (March 10, 2014).

Takezaki, N., and M. Nei. 1996. "Genetic Distances and Reconstruction of Phylogenetic Trees From Microsatellite DNA." *Genetics* 144(1): 389–99. <http://www.genetics.org/content/144/1/389> (June 4, 2014).

Unión Europea. 2006. "EU Agricultural Product Quality Policy." http://ec.europa.eu/agriculture/quality/index_en.htm (March 12, 2014).

VanRaden, P M, M E Tooker, J B Cole, G R Wiggans, and J H Megonigal. 2007. "Genetic Evaluations for Mixed-Breed Populations." *Journal of dairy science* 90(5): 2434–41. <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030207717411> (June 9, 2014).

Wheeler, TL, LV Cundiff, S. D. Shackelford, and M. Koohmaraie. 2005. "Characterization of Biological Types of Cattle (Cycle VII): Carcass, Yield, and Longissimus Palatability Traits." *Journal of Animal Science* 83: 196–207. <http://www.animal-science.org/content/83/1/196.short> (February 3, 2014).

White, Nicole E, Rick Dawson, Megan L Coghlan, Silvana R Tridico, Peter R Mawson, James Haile, and Michael Bunce. 2012. "Application of STR Markers in Wildlife Forensic Casework Involving Australian Black-Cockatoos (*Calyptorhynchus* Spp.)." *Forensic science international. Genetics* 6(5): 664–70. <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1872497311001943> (January 24, 2014).