

## NOTABREVE

# ESTUDIO GENEALÓGICO DEL PERRO CIMARRÓN URUGUAYO

## PEDIGREE ANALYSIS OF THE CANINE BREED CIMARRON URUGUAYO

Martínez, M.<sup>1\*</sup>, Armstrong, E.<sup>1</sup>, Gagliardi, R.<sup>1</sup> y Llambí, S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Área Genética. Departamento de Genética y Mejora Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad de la República. Lasplacas 1550. Montevideo. Uruguay. \*martenca@gmail.com

### PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Razas autóctonas. Recursos genéticos. Endogamia.

### ADDITIONAL KEYWORDS

Autochthonous breeds. Genetic resources. Inbreeding.

### RESUMEN

Para evaluar la variabilidad genética de la raza canina Cimarrón Uruguayo, se analizó la totalidad de la información genealógica disponible (n= 6079) utilizando el programa informático ENDOG v4.5. Los datos recabados sugieren sobrerrepresentación de determinados reproductores y pérdida de genotipos fundacionales. La *F* media para la población de referencia viva apta para la reproducción fue de 0,03, la cual ha aumentado en generaciones recientes. La población ha tenido una evolución favorable en relación a crecimiento en número de individuos, aunque es muy heterogénea y requiere la aplicación de criterios en los cruzamientos que tiendan a minimizar el nivel de consanguinidad por generación.

### SUMMARY

In order to assess the genetic variability of the Cimarron Uruguayo dog breed, we analyzed all the available pedigree records (n=6079) using ENDOG v4.5 software. The results suggest over representation of certain breeding animals and loss of founder genotypes. Mean *F* of the reference population, consisting of live breeding animals, was 0.03, which has increased in recent generations. The population has had a favourable evolution with regard to number of individuals, although it is very heterogeneous and requires the application of mating criteria tending to the minimization of inbreeding levels per generation.

### INTRODUCCIÓN

El Cimarrón Uruguayo (CU), única raza canina autóctona del Uruguay, tiene su ori-

gen más probable en mastines y lebreles traídos por los primeros conquistadores españoles (Silveira *et al.*, 2002). Hacia fines del siglo XVIII la misma atraviesa por un fuerte cuello de botella debido a matanzas por sobrepoblación y formación de jaurías. Tiene el reconocimiento oficial del Kennel Club Uruguayo (KCU) y de la Federación Cinológica Internacional (FCI), contando además con estudios previos de caracterización molecular y etno-morfológicos (Silveira *et al.*, 1998a, 1998b; Martínez *et al.*, 2007; Llambí *et al.*, 2008).

Por otra parte, la información genealógica como herramienta para analizar estructura y variabilidad genética ha sido ampliamente utilizada. Con este fin el programa informático ENDOG (Gutiérrez y Goyache, 2005) ha sido aplicado con éxito para analizar diferentes poblaciones animales (Adán *et al.*, 2007; Fernández *et al.*, 2007; Valera *et al.*, 2000). Debido a que una de las principales inquietudes de la Sociedad de Criadores de CU es el desconocimiento de los niveles de consanguinidad media en la raza, en este estudio se analiza la estructura poblacional y la variabilidad genética de la raza canina CU a través de datos genealógicos.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron los registros del KCU para 6079 animales nacidos entre 1979 y 2008

Recibido: 10-7-09. Aceptado: 24-6-10.

Arch. Zootec. 60 (232): 1327-1330. 2011.

inclusive, determinándose estructura poblacional (ratio sexual y por edades). Con el programa ENDOG v4.5 (Gutiérrez y Goyache, 2005) se calculó: número de fundadores ( $f$ ), número efectivo de fundadores ( $f_e$ ), número efectivo de ancestros ( $f_a$ ), número de ancestros que explican el 50% de la variabilidad genética, coeficiente de relación media ( $AR$ ), coeficientes de consanguinidad individual y poblacional ( $F$ ), número de generaciones equivalentes (EqG), incremento de la tasa de consanguinidad poblacional por EqG ( $\Delta F$ ), número efectivo poblacional ( $N_e$  calculado según el método de Gutiérrez *et al.*, 2008). Los análisis se efectuaron en la población total (PT) y en una población de referencia (PR) definida como los animales vivos aptos para la reproducción (entre 3 y 10 años). Para ello se tomó como representativa la población de individuos nacidos en el período 2000-2002. En ambas poblaciones se analizó la distribución de consanguíneos según rangos establecidos ( $0 < F \leq 0,06$ ;  $0,06 < F \leq 0,12$  y  $F > 0,12$ ). Por último se realizó un estudio de la evolución de los promedios de  $F$  y  $AR$  de la raza por año de nacimiento.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Ambos sexos se distribuyeron de manera equitativa para ambas poblaciones (**tabla I**). En la **tabla II** se observa que tanto para PT como para PR, los ancestros que explican el 50% de la variabilidad genética y el  $f_a$  resultaron bajos, sugiriendo una sobrerrepresentación de determinados reproductores

(Adán *et al.*, 2007; Fernández *et al.*, 2007; Glazewska, 2008). La relación  $f_e/f$  en ambos casos (0,05 para PT y 0,14 para PR) indica pérdida de genotipos fundacionales y la similitud encontrada entre los parámetros  $f_a$  y  $f_e$  podría deberse al número promedio de EqG calculada (2,6 y 2,8 para PT y PR respectivamente) (Gutiérrez *et al.*, 2005; Leroy *et al.*, 2006; Royo *et al.*, 2007).

Para la PR el  $N_e$  fue de 56,9 (s.d 1,40) y el  $\Delta F$  por EqG de 1,7%. Leroy *et al.* (2009) sostiene que el  $N_e$  no debería ser menor a 50 y que un incremento de la consanguinidad generacional de entre 0,5 y 1% es aceptable. Los valores obtenidos indican pérdida de variabilidad genética (Calboli *et al.*, 2008) y la elección de reproductores privilegiando el apareamiento de unos pocos animales a pesar de existir un aparente equilibrio entre sexos, explicarían estos resultados.

Para la PT y PR el porcentaje de consanguíneos fue similar (41,7 y 47,2% respectivamente) (**tabla II**). La  $F$  promedio dentro de este grupo fue de 0,07 para PT y 0,06 para PR. Si bien la mayoría de los trabajos establecen un nivel crítico para  $F$  entre 0,1 y 0,12, otros autores consideran como máximo aceptable un valor de 0,0625 (Valera *et al.*, 2000; Florio, 2005; Fernández *et al.*, 2007), por lo que los valores registrados en el CU son cercanos al límite.

En la **figura 1** se observa que en la apertura de registros la  $F$  fue cero, ya que el 84,2% son animales base, estando los valores de consanguinidad hasta ese momento probablemente subestimados (Valera *et al.*,

**Tabla I.** Estructura poblacional de la raza CU (PT). VR: animales vivos reproductores; V<3 A: animales vivos menores de 3 años. (Population structure of CU breed (total population). VR: live breeding animals. V<3 A: live animals of less than three years of age).

	Nº animales	(%)	Nº hembras	(%)	Nº machos	(%)
Totales	6079	100	3034	100	3045	100
Muertos	2277	37,5	1142	37,6	1135	37,3
VR	2464	40,5	1234	40,7	1230	40,4
V<3 A	1338	22,0	658	21,7	680	22,3

## ESTUDIO GENEALÓGICO DEL PERRO CIMARRÓN URUGUAYO

**Tabla II.** Parámetros poblacionales y número de individuos por rangos de consanguinidad para la población total (PT) y para la población viva apta para la reproducción (PR). Ancestros 50%: número de ancestros que explican el 50% de la variabilidad genética. (Population parameters and number of individuals per inbreeding rank for the total population (PT) and for the live breeding population (PR). Ancestros 50%: number of ancestors that explain 50% of the genetic diversity).

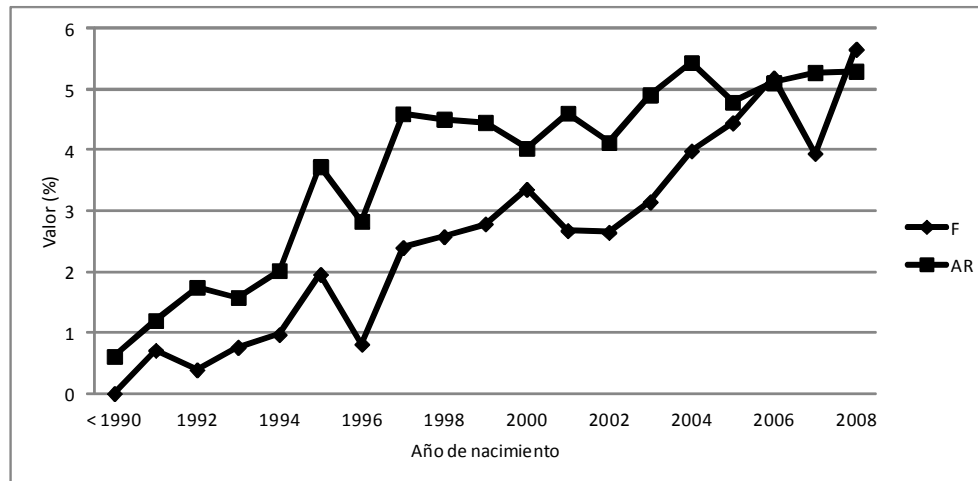
	PT	PR
N	6079	1455
$f$	689	259
$f_e$	31	37
$f_a$	25	31
ancestros 50%	11	14
AR	0,04	0,04
F	0,03	0,03
F= 0	3541 (58,3%)	769 (52,8%)
0<F≤6	1322 (21,7%)	350 (24,1%)
6<F≤12	669 (11,0%)	218 (15,0%)
F>12	547 (9,0%)	118 (8,1%)

2000; Barba *et al.*, 2001). Posterior al año 2006, la mayoría son registros de nacimiento aumentando el conocimiento del pedigrí y

por ende el incremento en la consanguinidad, con valores cercanos a 0,05 en la última generación completa analizada. El parámetro AR como predictor de evolución de F, hace prever que la misma ha comenzado a aumentar en generaciones recientes con tendencia al alza si no se toman medidas al respecto (Gutiérrez *et al.*, 2008).

Esta población ha tenido una evolución favorable en cuanto a crecimiento en número de individuos, sin embargo es muy heterogénea, coexistiendo individuos muy consanguíneos ( $F=0,38$ ) con otros de consanguinidad cero. Al contar hasta el momento únicamente con datos genealógicos no contrastados por ADN, el asesoramiento sobre cruzamientos convenientes que minimicen el parentesco debe realizarse con cautela. Según Oliehoek y Bijma (2009), para estos casos, la aplicación del método de selección por contribuciones óptimas requiere de la corrección de registros incompletos e identificación de fundadores verdaderos.

Al tratarse del único recurso genético canino local, este trabajo constituye una herramienta hacia la implementación de un programa oficial de preservación de la raza.



**Figura 1.** Evolución de F y AR por año para la población total, expresada en porcentajes. (Evolution of F and AR indexes per year for the total population, expressed in percentages).

AGRADECIMIENTOS

Al presidente de la SCCU (año 2007), Francisco Criserá por el apoyo en la obtención de los datos genealógicos. A CSIC-UdelaR por financiar el proyecto que dio

origen a este trabajo. A los Drs. Rody Artigas, Wanda Iriarte y al Dr. Jorge Estévez por la colaboración en el procesamiento de los datos. Al Dr. Juan Pablo Gutiérrez por el asesoramiento en el uso del programa ENDOG.

BIBLIOGRAFÍA

- Adán, S., Fernández, M., Justo, J.R., Rivero, C.J., Rois, D. y Lama, J. 2007. Análisis de la información genealógica en la raza ovina Ovella Galega. *Arch. Zootec.*, 56: 587-592.
- Barba, C., Forero, J., Cumbreiras, M., Sanz, R. y Delgado, J.V. 2001. Análisis de la situación genética de la raza porcina Manchado de Jabugo. *Arch. Zootec.*, 50: 181-185.
- Calboli, F.C.F., Sampson, J., Fretwell, N. and Balding, D.J. 2008. Population structure and inbreeding from pedigree analysis of purebred dogs. *Genetics*, 179: 593-601.
- Fernández, M., Justo, J.R., Rivero, C.J., Adán, S., Rois, D. y Lama, J. 2007. Análisis de la información genealógica en las razas bovinas Morenas Gallegas. *Arch. Zootec.*, 56: 607-615.
- Florio, J. 2005. Consanguinidad en la ganadería bovina. Manual de Ganadería doble propósito, 10: 129-134.
- Glazewska, I. 2008. Genetic diversity in Polish hounds estimated by pedigree analysis. *Livest. Sci.*, 113: 296.
- Gutiérrez, J.P. and Goyache, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122: 172-176.
- Gutiérrez, J.P., Marmi, J., Goyache, F. and Jordana, J. 2005. Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122: 378-386.
- Gutiérrez, J.P., Cervantes, I., Molina, A., Valera, M. and Goyache, F. 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. *Genet. Sel. Evol.*, 40: 359-378.
- Kennel Club Uruguayo. Cimarrón Uruguayo. <http://www.kcu.com.uy> (15/05/09).
- Leroy, G., Rognon, X., Varlet, A., Joffrin, C. and Verrier, E. 2006. Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123: 1-9.
- Leroy, G., Verrier, E., Meriaux, J.C. and Rognon, X. 2009. Genetic diversity of dogs breeds: within-breed diversity comparing genealogical and molecular data. *Anim. Genet.*, 40: 323-332.
- Llambí, S., Gagliardi, R., Martínez, M., Estévez, J., Gorozurreta, A., Costa, G., Bianco, C., Artigas, R. and Arruga, M.V. 2008. Analysis of two populations of the Uruguayan canine breed Cimarrón (*Canis familiaris*) using RAPD markers. *Rev. MVZ Córdoba*, 13: 1464-1468.
- Martínez, M., Gagliardi, R., Armstrong, E. y Llambí, S. 2007. Estudio de variabilidad genética mediante análisis de pedigrí en el perro Cimarrón Uruguayo. VIII Simposio Iberoamericano de la red de Ciencia y Tecnología para el desarrollo (CYTED). Quevedo. Ecuador.
- Oliehoek, P.A. and Bijma, P. 2009. Effects of pedigree errors on the efficiency of conservation decisions. *Genet. Sel. Evol.*, 41: 9.
- Royo, L.J., Álvarez, I., Gutiérrez, J.P., Fernández, I. and Goyache, F. 2007. Genetic variability in the endangered Asturcón pony assessed using genealogical and molecular information. *Livest. Prod. Sci.*, 107: 162-169.
- Silveira, C., Fernández, G. y Barba, C. 1998a. El perro Cimarrón, la raza canina autóctona del Uruguay. *Arch. Zootec.*, 47: 533-536.
- Silveira, C., Mernies, B., Fernández, G. y Barba, C. 1998b. Estudio biométrico de una población canina de la raza Cimarrón. *Arch. Zootec.*, 47: 529-532.
- Silveira, C., Fernández, G. y Barba, C. 2002. Primeros datos de la caracterización etnológica del perro Cimarrón. *Arch. Zootec.*, 51: 223-228.
- Valera, M., Martínez, J., Molina, A. y Rodero, A. 2000. Estudio poblacional de la raza equina autóctona Losina. *Arch. Zootec.*, 49: 135-145.