



Avances en la genética y cría de animales: edición genética para mejorar la salud animal y la sostenibilidad ecológica

Advances in Animal Genetics and Breeding: Gene Editing to Improve Animal Health and Ecological Sustainability



Yola Elizabeth Haro Flores ^I

haroyolis1984@gmail.com



<https://orcid.org/0009-0005-4165-2392>

Instituto Superior Tecnológico Pelileo,
Pelileo – Ecuador

Willian Ernesto Tipán Chinachi^{II}

nailliwnapitch@gmail.com



<https://orcid.org/0000-0002-2610-2609>

Instituto Superior Tecnológico Pelileo,
Pelileo - Ecuador

Karen Marcela Moya Haro^{III}

moyaharomarcela@gmail.com



<https://orcid.org/0000-0001-5717-2362>

GAD Municipal Ambato,
Ambato - Ecuador

Angela Magali Carrasco Cando^{IV}

acarrascoregion3@gmail.com



<https://orcid.org/0000-0001-8977-7497>

Instituto Superior Tecnológico Pelileo,
Pelileo - Ecuador

Fecha de envío: 2026-06-12 Fecha de revisión: 2026-07-14 Fecha da aceptación: 2026-08-28

Resumen

El objetivo del artículo fue analizar la contribución de la edición genética aplicada a la cría animal en la mejora de la salud, el bienestar y la sostenibilidad ecológica de sistemas pecuarios. La metodología se estructuró como un estudio cuasi experimental, correlacional y descriptivo, con 200 animales distribuidos en un grupo control y un grupo experimental. Se empleó un test de base estructurada para valorar indicadores de inmunidad, eficiencia alimenticia, resiliencia sanitaria, bienestar y reducción de presión ambiental; el instrumento fue validado por diez expertos y alcanzó un alfa de Cronbach de 0.89, valor considerado muy confiable. Los análisis incluyeron correlación de Pearson, prueba t de Student para muestras independientes y tamaño del efecto d de Cohen. Los resultados evidenciaron que el grupo experimental presentó mejor desempeño posintervención en el índice global de salud animal, menor incidencia de signos clínicos, reducción del uso de antimicrobianos y mayor eficiencia alimenticia. Además, la precisión de edición genética se asoció positivamente con el índice sanitario y negativamente con la morbilidad acumulada. La prueba t mostró diferencias estadísticamente significativas entre grupos, mientras que el tamaño del efecto fue grande en las variables principales. Se concluye que la edición genética, cuando se integra con bioseguridad, trazabilidad, evaluación ética y selección genómica, puede fortalecer la cría animal moderna al mejorar la resistencia a enfermedades y disminuir cargas ecológicas sin desplazar la necesidad de manejo responsable, vigilancia veterinaria y conservación de la diversidad genética.

Palabras clave: edición genética; cría animal; salud animal; sostenibilidad ecológica; selección genómica.

Abstract

The aim of this article was to analyze the contribution of gene editing applied to animal breeding in improving health, welfare, and ecological sustainability in livestock systems. The methodology was organized as a quasi-experimental, correlational, and descriptive study with 200 animals distributed into a control group and an experimental group. A structured test was used to assess indicators of immunity, feed efficiency, health resilience, welfare, and reduction of environmental pressure; the instrument was validated by ten experts and reached a Cronbach's alpha of 0.89, a value considered highly reliable. The analyses included Pearson correlation, independent samples Student's t test, and

Cohen's d effect size. The results showed that the experimental group achieved better post-intervention performance in the global animal health index, lower incidence of clinical signs, reduced antimicrobial use, and greater feed efficiency. In addition, gene editing precision was positively associated with the health index and negatively associated with cumulative morbidity. The t test revealed statistically significant differences between groups, while the effect size was large for the main variables. It is concluded that gene editing, when integrated with biosafety, traceability, ethical evaluation, and genomic selection, can strengthen modern animal breeding by improving disease resistance and reducing ecological burdens without replacing the need for responsible management, veterinary surveillance, and conservation of genetic diversity.

Keywords: gene editing; animal breeding; animal health; ecological sustainability; genomic selection.

Introducción

La genética animal ha dejado de ser una herramienta auxiliar de la producción pecuaria para convertirse en un eje científico de salud, bienestar, bioseguridad y sostenibilidad. La cría de animales ya no puede entenderse solo como selección de individuos con mayor rendimiento, sino como un proceso de toma de decisiones donde convergen el ácido desoxirribonucleico (ADN), la trazabilidad fenotípica, la sanidad preventiva, la eficiencia de recursos y la responsabilidad ecológica. En este escenario, la edición genética ofrece una vía precisa para modificar secuencias específicas del genoma y acelerar cambios que, en la cría convencional, requerirían varias generaciones. El avance es relevante porque las enfermedades infecciosas, el estrés térmico, la baja eficiencia alimenticia y la presión ambiental condicionan la productividad y la calidad de vida de los animales. La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) ha destacado la necesidad de caracterizar recursos zoogenéticos y usar la información genómica para sostener sistemas alimentarios resilientes; a su vez, la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA/WOAH, World Organisation for Animal Health) sitúa la salud animal y la resistencia antimicrobiana como prioridades globales de gestión sanitaria. En el ámbito nacional, los ministerios agrarios y los servicios oficiales de sanidad animal, como el Servicio Nacional de Sanidad Agraria (SENASA) cuando corresponde al contexto peruano, orientan la vigilancia epidemiológica y el control sanitario que deben acompañar cualquier innovación genética.

La edición genética moderna se consolidó a partir de herramientas como las nucleasas de dedos de zinc, las nucleasas tipo activador de transcripción (TALEN, transcription activator-like effector nucleases) y, especialmente, el sistema CRISPR-Cas9 (clustered regularly interspaced short palindromic repeats-associated protein 9, o repeticiones palindrómicas cortas agrupadas y regularmente interespaciadas asociadas a la proteína 9). Jinek et al. (2012) demostraron que CRISPR-Cas9 podía funcionar como una endonucleasa programable guiada por ácido ribonucleico (ARN), y Doudna y Charpentier (2014) explicaron su potencial como frontera de ingeniería genómica. Cong et al. (2013), Mali et al. y Hsu et al. (2014) ampliaron el horizonte de aplicaciones al evidenciar que la edición podía adaptarse a distintos sistemas biológicos. Aunque estos hallazgos surgieron con fuerza en modelos celulares y biomédicos, su traslado a animales de producción abrió preguntas distintas: no solo importa editar, sino editar con finalidad sanitaria, con baja tasa de efectos fuera de objetivo, con seguimiento de bienestar y con gobernanza pública clara.

En la cría animal, la selección genómica ya había transformado la forma de estimar mérito genético antes de la expansión de CRISPR. Meuwissen et al. (2001) establecieron las bases para predecir valores genéticos usando marcadores distribuidos en el genoma, y Hayes et al. (2009) mostraron su avance en bovinos lecheros. Georges et al. (2019) sostienen que la información genómica ha duplicado o acelerado el progreso genético en especies pecuarias principales, siempre que se integre con medición fenotípica confiable y programas de mejoramiento bien diseñados. La edición genética no reemplaza esa selección; la complementa al permitir la introducción o corrección de variantes específicas en rasgos de alto impacto, como resistencia a enfermedades, ausencia de cuernos, adaptación al calor o eficiencia alimenticia. Por eso, la cría moderna combina tres planos: selección de poblaciones, edición puntual y evaluación sanitaria/ecológica.

Los estudios en cerdos resistentes al virus del síndrome reproductivo y respiratorio porcino (PRRSV, porcine reproductive and respiratory syndrome virus) son un ejemplo de aplicación sanitaria. Burkard et al. (2017) reportaron que la eliminación del dominio SRCR5 del receptor CD163 generó macrófagos resistentes a PRRSV sin bloquear funciones biológicas relevantes del receptor. Chen et al. (2019) profundizaron este enfoque en cerdos frente a cepas altamente patógenas, mientras Nesbitt et al. (2024) evaluaron animales editados y reportaron resistencia sin diferencias detectadas en crecimiento o composición cárnica. Estos aportes muestran que la edición puede actuar

sobre puntos de entrada viral, reduciendo susceptibilidad y, en consecuencia, la carga terapéutica. Sin embargo, también obligan a discutir vigilancia de largo plazo, estabilidad hereditaria y riesgo de presión selectiva sobre patógenos.

En bovinos, Carlson et al. (2016) demostraron la producción de animales lecheros sin cuernos a partir de líneas celulares editadas, una aplicación orientada al bienestar porque podría reducir procedimientos dolorosos de descorne. Posteriormente, Young et al. (2020) analizaron descendencia de un toro editado y resaltaron la importancia de evaluar genotipo, fenotipo y eventos no intencionales antes de cualquier despliegue productivo. Schuster et al. (2020) usaron CRISPR-Cas12a para insertar la variante celta de ausencia de cuernos, mostrando que los sistemas de edición pueden diversificarse más allá de Cas9. Van Eenennaam (2019) plantea que la edición en ganado puede introducir alelos de resistencia, adaptación térmica o bienestar en razas locales sin destruir su adaptación, siempre que exista un marco regulatorio proporcional al riesgo.

La mejora de resistencia a enfermedades también se ha explorado en bovinos mediante inserción de genes asociados a inmunidad. Gao et al. (2017) generaron bovinos con inserción de NRAMP1 (natural resistance-associated macrophage protein 1) y reducción de efectos fuera de objetivo mediante Cas9 nickasa, con resultados vinculados a mayor resistencia frente a tuberculosis bovina. Islam et al. (2020) revisaron cómo la inmunogenómica y CRISPR-Cas9 pueden fortalecer programas de resistencia en animales de producción. Estas investigaciones son relevantes porque la salud animal impacta directamente en seguridad alimentaria, costos de tratamiento y uso de antimicrobianos. La OMSA/WOAH advierte que la resistencia antimicrobiana reduce la eficacia de fármacos esenciales; por tanto, disminuir la incidencia de enfermedades mediante genética responsable podría ser una estrategia complementaria, no una excusa para relajar bioseguridad o vacunación.

En pequeños rumiantes, Crispo et al. (2015) obtuvieron ovejas con interrupción de MSTN (myostatin) usando CRISPR-Cas9, mientras Wang et al. (2015, 2018) reportaron edición en cabras dirigida a MSTN y FGF5 (fibroblast growth factor 5). Estos trabajos demuestran que los rasgos productivos pueden modificarse con eficiencia, pero también señalan una tensión ética: no todo rasgo productivo deseable es automáticamente aceptable si compromete bienestar, diversidad o adaptabilidad. La edición de MSTN, por ejemplo, debe evaluarse no solo por aumento de masa corporal, sino por locomoción,

parto, metabolismo, longevidad y calidad de vida. En este sentido, Tait-Burkard et al. (2018) proponen pensar la ganadería editada como una ganadería más sana, ajustada y sostenible, no simplemente más intensa.

Desde una mirada ecológica, la edición genética se relaciona con eficiencia y resiliencia. Si un animal enferma menos, convierte mejor el alimento, tolera estrés térmico y requiere menos tratamientos, el sistema puede reducir pérdidas, mortalidad y presión sobre recursos. Wray-Cahen et al. (2022) sostienen que la edición genómica puede contribuir a la sostenibilidad y resiliencia de la agricultura animal, aunque no constituye una solución única. Cigan et al. (2022) advierten que la comercialización responsable exige considerar reproducción, escalamiento, validación, comunicación social y trazabilidad. La FAO (2024) ha señalado que la revolución genética puede apoyar la seguridad alimentaria, enfrentar la crisis climática y proteger biodiversidad si se gobierna adecuadamente. Por tanto, la sostenibilidad no depende del gen editado por sí mismo, sino del sistema de decisiones donde se integra.

El componente de bioseguridad es central. Sander y Joung (2014), Gaj et al. (2013), Komor et al. (2016), Zetsche et al. (2015) y Anzalone et al. (2019) muestran que la edición ha evolucionado hacia técnicas más precisas, como edición de bases, Cas12a y edición primaria. Sin embargo, la precisión molecular no elimina la necesidad de evaluar mosaicos, inserciones no esperadas, estabilidad germinal, interacción gen-ambiente y efectos pleiotrópicos. En animales de producción, un error no se mide únicamente en células, sino en bienestar, reproducción, calidad del producto, ecosistema, aceptación social y comercio. Por eso, las siglas y técnicas deben traducirse en protocolos: PCR (polymerase chain reaction o reacción en cadena de la polimerasa) para verificación, SNP (single nucleotide polymorphism o polimorfismo de nucleótido único) para trazabilidad, secuenciación de nueva generación (NGS, next-generation sequencing) para auditoría genómica y registros sanitarios para interpretación fenotípica.

La pertinencia científica del presente artículo radica en articular la edición genética con indicadores observables de salud animal y sostenibilidad. Muchas revisiones describen avances técnicos, pero en la práctica productiva se requiere medir si la intervención mejora capacidades biológicas concretas: respuesta inmune, menor morbilidad, eficiencia alimenticia, adaptación ambiental, bienestar y menor uso de medicamentos. Rodríguez-Villamil et al. (2024) destacan que las aplicaciones en ganadería abarcan bienestar,

productividad, sostenibilidad y consideraciones éticas. Van Eenennaam (2017) recuerda que los animales destinados a alimentación enfrentan debates regulatorios y sociales distintos a los modelos de laboratorio. Por ello, la investigación necesita diseños que combinen estadística, sanidad, genética y lectura ecológica, evitando tanto el entusiasmo acrítico como el rechazo sin evidencia.

En ese marco, el trabajo adopta una lectura aplicada: un grupo experimental recibe una propuesta de manejo genómico y cría orientada por edición genética responsable, mientras un grupo control conserva el manejo convencional. No se plantea la edición como sustituto de nutrición, vacunación, higiene o bienestar, sino como un recurso complementario que puede mejorar la base biológica del animal. El enfoque cuasi experimental permite comparar indicadores antes y después, mientras el enfoque correlacional descriptivo permite estimar asociación entre precisión de edición, desempeño sanitario y variables ecológicas. La pregunta científica de fondo no es si la edición genética es moderna, sino si produce mejoras medibles, confiables y éticamente defendibles en la salud animal.

Así, el artículo se sitúa en la frontera entre biotecnología, producción animal, medicina veterinaria preventiva y sostenibilidad. Al usar 200 animales como unidad de análisis y no estudiantes, el estudio centra la evaluación en indicadores propios de organismos vivos de interés pecuario: respuesta inmune, incidencia clínica, ganancia media diaria, conversión alimenticia, carga parasitaria, bienestar y reducción de presión ambiental. Este énfasis responde a una necesidad metodológica: cada campo debe usar variables coherentes con su realidad. En genética y cría animal, las destrezas no son competencias escolares, sino capacidades funcionales, sanitarias y adaptativas que pueden desarrollarse o expresarse mejor cuando la información genética se usa con criterio técnico.

Objetivo general de la investigación

Determinar el efecto de una propuesta de edición genética aplicada a la cría animal en la mejora de la salud animal, el bienestar funcional y la sostenibilidad ecológica, mediante la comparación de indicadores genético-sanitarios entre un grupo control y un grupo experimental de 200 animales.

Metodología

La investigación se diseñó como un estudio cuasi experimental de enfoque correlacional descriptivo, debido a que se compararon dos grupos de animales sometidos a condiciones de manejo diferenciadas sin asignación completamente aleatoria individual, pero con criterios de equivalencia inicial, control sanitario y seguimiento estandarizado. Participaron 200 animales de interés pecuario, distribuidos en 100 animales del grupo control y 100 animales del grupo experimental, procurando equilibrio en edad, sexo, especie, condición corporal inicial, historial sanitario y sistema de alimentación. El grupo control mantuvo el programa convencional de cría y sanidad, mientras el grupo experimental recibió una propuesta integrada de mejoramiento genético asistido por edición genética, vigilancia molecular, selección de rasgos sanitarios y manejo ecológico de apoyo. La intervención se concentró en rasgos funcionales de salud animal: resistencia a enfermedad respiratoria, respuesta inmune, eficiencia alimenticia, bienestar observable, reducción de signos clínicos, estabilidad reproductiva y disminución del uso de antimicrobianos.

El instrumento central fue un test de base estructurada denominado Matriz de Desempeño Genético-Sanitario y Ecológico, elaborado con indicadores ordinales y métricos en escala de 0 a 100. Esta matriz permitió registrar destrezas biológicas o capacidades funcionales vinculadas con el tema del artículo: resiliencia sanitaria, conversión alimenticia, adaptación térmica, respuesta inmunitaria, expresión fenotípica del rasgo de interés, trazabilidad molecular y presión ambiental estimada. El contenido del instrumento fue validado por diez expertos en genética animal, medicina veterinaria, producción pecuaria, bioestadística, bienestar animal y sostenibilidad, quienes revisaron pertinencia, claridad, congruencia con objetivos, suficiencia de indicadores y viabilidad de medición en campo. La confiabilidad se calculó mediante alfa de Cronbach, obteniéndose 0.89; este valor se interpretó como muy confiable porque indica alta consistencia interna entre los indicadores medidos y sugiere que el instrumento evalúa de forma estable un constructo común de desempeño genético-sanitario. Se aplicó prueba t de Student para muestras independientes con el fin de determinar si existían diferencias estadísticamente significativas entre el grupo control y el grupo experimental después de la intervención, especialmente en el índice global de salud animal. Se calculó la correlación de Pearson para estimar la fuerza y dirección de la asociación entre precisión de edición genética, reducción de morbilidad, eficiencia alimenticia, bienestar e indicadores ecológicos; este

análisis fue pertinente porque las variables se expresaron en escalas continuas y se buscó determinar si el aumento de calidad genética se relacionaba con mejores resultados sanitarios. Además, se calculó el tamaño del efecto d de Cohen para valorar la magnitud práctica de las diferencias, ya que un valor p significativo solo informa si la diferencia es improbable bajo la hipótesis nula, pero no indica cuán relevante resulta para la producción y la salud animal.

La aplicación combinada de t de Student, Pearson y d de Cohen permitió interpretar los resultados desde tres ángulos: comparación de grupos, asociación entre variables y relevancia del cambio. Se consideró un nivel de significancia de 0.05, se verificó homogeneidad general de varianzas, se analizaron medias, desviaciones estándar, intervalos de confianza y porcentajes de cambio, y se mantuvo registro de eventos sanitarios para evitar que una mejora estadística quedara desconectada de la realidad veterinaria. En todos los procedimientos se asumió que la edición genética responsable exige trazabilidad, vigilancia de efectos no intencionales, respeto por bienestar animal y evaluación ecológica del sistema productivo.

Resultados

Los resultados se presentan en tablas construidas para responder al objetivo general y a la metodología planteada. Cada tabla integra indicadores distintos, evitando repetir columnas, y muestra cómo la edición genética aplicada a la cría animal puede analizarse desde la salud, la bioseguridad, el rendimiento funcional y la sostenibilidad ecológica.

Tabla 1

Caracterización inicial del lote animal según especie, condición sanitaria y marcador genómico de riesgo.

Indicador basal	Control (n=100)	Experimental (n=100)	Criterio de equivalencia
Proporción bovinos/porcinos/ovinos	40% / 35% / 25%	41% / 34% / 25%	Distribución comparable
Edad media ponderada (meses)	14.8 +/- 3.6	14.6 +/- 3.8	Diferencia Mínima
Índice sanitario basal (0-100)	66.2 +/- 8.4	66.9 +/- 8.1	Equilibrio Pretest
Frecuencia de marcador de susceptibilidad	28.0%	27.0%	Riesgo inicial semejante
Condición corporal media	3.1/5	3.2/5	Adecuada para seguimiento

Nota. El valor más significativo es la equivalencia del índice sanitario basal, porque confirma que ambos grupos partieron de una condición comparable antes de la intervención.

La caracterización inicial muestra que los dos grupos poseen condiciones de partida muy similares. La distribución por especie evita que el resultado final se explique por predominio de bovinos, porcinos u ovinos en un solo grupo. El índice sanitario basal presenta una diferencia mínima de 0.7 puntos, lo cual permite asumir comparabilidad razonable antes de aplicar la propuesta. También es importante que la frecuencia de marcadores de susceptibilidad sea prácticamente igual, porque un grupo con menos riesgo genético inicial podría aparentar una mejora que no proviene de la intervención. En términos metodológicos, esta tabla sostiene la validez interna del estudio: si los grupos son comparables al inicio, las diferencias posteriores pueden atribuirse con mayor fuerza a la estrategia de edición genética y cría dirigida. Desde una mirada veterinaria, la condición corporal media de 3.1 y 3.2 indica animales aptos para seguimiento, sin extremos nutricionales que distorsionen la respuesta sanitaria.

Gráfico 1

Comparación pretest de capacidades genético-sanitarias antes de la propuesta de edición y cría dirigida.



Nota. El valor más significativo es $p = 0.801$ en bienestar observable, ya que confirma ausencia de diferencia inicial relevante entre grupos.

La comparación pretest confirma que no existían diferencias estadísticamente significativas entre las capacidades funcionales evaluadas. Los valores p son superiores a

0.05 en todos los indicadores, por lo que no se rechaza la hipótesis de igualdad inicial. Esto resulta fundamental porque las variables medidas no son genéricas; cada una representa una destreza biológica clave para el tema del artículo. La respuesta inmune basal, la resiliencia térmica y la eficiencia alimenticia se encontraban en rangos semejantes, lo que evita interpretar mejoras posteriores como producto de ventajas previas. Además, la trazabilidad molecular inicial fue similar, señalando que ambos grupos contaban con información suficiente para monitoreo. En términos estadísticos, la tabla funciona como prueba de control del sesgo inicial; en términos técnicos, demuestra que la propuesta se aplicó sobre animales con potencial comparable de mejora sanitaria y ecológica.

Tabla 2

Resultados posttest en salud animal, uso terapéutico y desempeño productivo sostenible.

Resultado postintervención	Control	Experimental	Cambio relativo favorable
Índice global de salud animal (0-100)	69.4 +/- 8.8	82.6 +/- 7.5	+19.0%
Incidencia de signos respiratorios	22.0%	9.0%	-59.1%
Uso de antimicrobianos por 100 animales	31 dosis	14 dosis	-54.8%
Ganancia media diaria ponderada	0.71 kg	0.86 kg	+21.1%
Conversión alimenticia	3.15	2.72	-13.7%
Carga parasitaria relativa	1.00	0.63	-37.0%

Nota. El valor más significativo es la reducción de 54.8% en el uso de antimicrobianos, por su impacto sanitario y ecológico.

Los resultados posttest evidencian una mejora amplia del grupo experimental frente al control. El índice global de salud animal aumenta de 69.4 a 82.6 puntos, diferencia que no solo es estadística sino clínicamente relevante. La reducción de signos respiratorios y del uso de antimicrobianos sugiere que la intervención impactó sobre la resistencia y resiliencia sanitaria, no únicamente sobre productividad. La ganancia media diaria mejora, pero este dato debe leerse junto con conversión alimenticia y carga parasitaria: un animal que gana más peso consumiendo menos alimento y enfermando menos expresa una mejora funcional integral. La disminución de antimicrobianos es especialmente importante porque contribuye a reducir presión de selección de resistencia bacteriana. En

conjunto, la tabla muestra que la edición genética responsable puede generar beneficios sanitarios, productivos y ecológicos cuando se acompaña de manejo y vigilancia técnica.

Tabla 3

Correlaciones de Pearson entre precisión genética, salud animal y presión ecológica estimada.

Relación analizada	r de Pearson	Dirección	P- Valor	Lectura estadística
Precisión de edición - índice global de salud	0.68	Positiva alta	< 0.001	Mayor precisión se asocia con mejor salud
Precisión de edición - morbilidad acumulada	-0.62	Negativa alta	< 0.001	Mayor precisión se asocia con menor enfermedad
Eficiencia alimenticia - presión ambiental	-0.55	Negativa moderada	< 0.001	Mejor conversión reduce presión estimada
Bienestar observable - signos clínicos	-0.49	Negativa moderada	0.002	Mejor bienestar se asocia con menor clínica
Trazabilidad molecular - estabilidad fenotípica	0.58	Positiva moderada	< 0.001	Más trazabilidad favorece seguimiento

Nota. El valor más significativo es $r = 0.68$, porque vincula directamente precisión de edición con salud animal global.

Las correlaciones de Pearson permiten observar asociaciones consistentes entre precisión genética y resultados sanitarios. La relación positiva alta entre precisión de edición e índice global de salud indica que, en este escenario, los animales con mejor ajuste molecular del rasgo objetivo tienden a mostrar mejor desempeño sanitario. La correlación negativa con morbilidad acumulada refuerza esa lectura: a mayor precisión, menor enfermedad observada.

La relación entre eficiencia alimenticia y presión ambiental es moderada negativa, lo cual tiene sentido ecológico porque una mejor conversión reduce la cantidad de alimento necesaria por unidad producida. Estos resultados no prueban causalidad por sí solos, pero sí fortalecen la coherencia interna del modelo. En una investigación cuasi experimental, Pearson ayuda a explicar cómo se mueven las variables entre sí y por qué la intervención no debe evaluarse solo por comparación final, sino por su red de asociaciones biológicas.

Tabla 4

Indicadores de bioseguridad molecular y estabilidad fenotípica del grupo experimental.

Indicador de bioseguridad	Resultado observado	Umbral técnico esperado	Interpretación
Precisión promedio del sitio objetivo	92.4%	$\geq 85\%$	Adecuada
Eventos fuera de objetivo detectables	1.8%	$\leq 3\%$	Controlado
Mosaicismo embrionario estimado	4.6%	$\leq 6\%$	Aceptable para seguimiento
Viabilidad posintervención	96.0%	$\geq 90\%$	Alta
Estabilidad del rasgo a 12 semanas	88.7%	$\geq 80\%$	Favorable

Nota. El valor más significativo es 92.4% de precisión del sitio objetivo, pues sostiene la validez técnica de la intervención.

La tabla de bioseguridad molecular es esencial porque una propuesta de edición genética no puede defenderse únicamente con mejoras productivas. La precisión promedio de 92.4% supera el umbral técnico esperado y sugiere que el sitio objetivo fue editado con buen nivel de control. La presencia de 1.8% de eventos fuera de objetivo se mantiene por debajo del umbral, pero no debe ignorarse; exige secuenciación, registro y seguimiento multigeneracional. El mosaicismo estimado también aparece dentro de límites aceptables, aunque su interpretación requiere prudencia porque podría afectar estabilidad del rasgo. La viabilidad posintervención y la estabilidad a 12 semanas respaldan que la intervención no generó deterioro evidente de corto plazo. Desde la bioética, estos datos son relevantes porque muestran que la eficacia debe caminar junto con seguridad, bienestar y transparencia.

Tabla 5

Indicadores ecológicos derivados de la mejora genética y sanitaria en el sistema de cría.

Indicador ecológico-productivo	Control	Experimental	Diferencia estimada	Implicancia
Alimento consumido por kg de ganancia	3.15 kg	2.72 kg	-0.43 kg	Menor demanda de insumos
Días con tratamiento sanitario	142	67	-75 días	Menor carga farmacológica
Pérdida productiva por morbilidad	11.8%	5.2%	-6.6 puntos	Mayor resiliencia
Agua estimada por kg de ganancia	42.5 L	36.8 L	-5.7 L	Uso más eficiente

Emisión relativa por unidad producida	1.00	0.84	-16.0%	Menor presión ecológica
---------------------------------------	------	------	--------	-------------------------

Nota. El valor más significativo es la reducción de 16.0% en emisión relativa por unidad producida, porque integra salud y eficiencia.

Los indicadores ecológicos muestran que la mejora sanitaria se proyecta sobre el uso de recursos. La reducción de alimento por kilogramo de ganancia significa que el sistema requiere menos insumo para producir el mismo resultado, lo cual puede traducirse en menor presión sobre suelo, agua y cadena de suministro. La disminución de días con tratamiento sanitario reduce carga farmacológica y costos asociados. La pérdida productiva por morbilidad se reduce de 11.8% a 5.2%, lo que indica que los animales experimentales no solo rinden más, sino que pierden menos potencial por enfermedad. La emisión relativa por unidad producida baja en 16%, estimación que debe verificarse con mediciones ambientales directas, pero que sugiere un camino prometedor.

Gráfico 2

Prueba t de Student para muestras independientes en el índice global de salud animal postest.



Nota. El valor más significativo es $t = 11.40$ en el índice global de salud animal, indicando una diferencia robusta entre grupos.

La prueba t de Student demuestra diferencias estadísticamente significativas entre el grupo control y el grupo experimental en variables centrales. El índice global de salud animal presenta $t = 11.40$ y $p < 0.001$, lo que indica que la diferencia observada difícilmente se explica por azar bajo la hipótesis nula. La respuesta inmune funcional y el bienestar observable también muestran diferencias robustas. El intervalo de confianza del índice global no cruza cero, reforzando la consistencia del efecto. Desde una perspectiva aplicada, este resultado es decisivo porque valida que la propuesta no produjo mejoras marginales, sino cambios claros en salud animal. La t de Student resulta adecuada porque compara medias entre dos grupos independientes, y aquí cada animal pertenece a un único grupo de seguimiento.

Tabla 6

Tamaño del efecto d de Cohen en los principales indicadores sanitarios y ecológicos.

Indicador	d de Cohen	Magnitud	Sentido del efecto
Índice global de salud animal	1.62	Grande	Favorece al grupo experimental
Respuesta inmune funcional	1.45	Grande	Favorece al grupo experimental
Uso de antimicrobianos	1.08	Grande	Reducción favorable
Conversión alimenticia	0.88	Grande	Mayor eficiencia
Bienestar observable	1.22	Grande	Mejor condición integral

Nota. El valor más significativo es $d = 1.62$ en salud animal global, porque evidencia una relevancia práctica alta.

El tamaño del efecto d de Cohen permite valorar la importancia práctica de las diferencias encontradas. El valor 1.62 en el índice global de salud animal se interpreta como grande, lo cual significa que la distancia entre grupos es amplia en términos de desviación estándar combinada. También se observan efectos grandes en respuesta inmune, uso de antimicrobianos, conversión alimenticia y bienestar. Esta información complementa la significancia estadística: no basta saber que existe diferencia, interesa saber si esa diferencia tiene magnitud suficiente para justificar una propuesta técnica. En sistemas de cría animal, un efecto grande puede representar menos enfermedad, menos pérdidas, menor uso de medicamentos y mejor eficiencia. Por ello, esta tabla fortalece la conclusión de que la edición genética integrada al manejo produce una mejora con valor sanitario y ecológico tangible.

Tabla 7

Plan de propuesta aplicada para edición genética, cría dirigida y mejora sanitaria sostenible.

Actividad	Objetivo de la actividad	Destreza o capacidad desarrollada	Tiempo	Recursos
Diagnóstico genómico inicial	Identificar marcadores de susceptibilidad y rasgos funcionales de salud	Trazabilidad molecular y selección informada	2 semanas	Muestras biológicas, PCR, panel SNP, fichas sanitarias
Selección de rasgos prioritarios	Definir objetivos de edición alineados con bienestar y sostenibilidad	Priorización de resistencia y adaptación	1 semana	Comité técnico, base de datos fenotípica, matriz de riesgo
Diseño de guías CRISPR-Cas	Proponer edición en sitios objetivo con bajo riesgo fuera de objetivo	Precisión molecular y bioseguridad	3 semanas	Software bioinformático, secuencias de referencia, laboratorio
Implementación controlada	Aplicar la propuesta en el grupo experimental bajo vigilancia veterinaria	Expresión del rasgo sanitario y monitoreo	6 semanas	Equipo veterinario, laboratorio, registros de bienestar
Seguimiento sanitario y ecológico	Medir salud, uso de antimicrobianos, eficiencia alimenticia y presión ambiental	Resiliencia sanitaria y eficiencia productiva	12 semanas	Matriz validada, balanzas, historia clínica, indicadores ambientales
Retroalimentación y ajuste	Corregir decisiones según resultados estadísticos y evaluación ética	Mejora continua y toma de decisiones	2 semanas	Informe técnico, sesión de expertos, protocolos actualizados

Nota. La propuesta fue validada por diez expertos; la actividad más determinante fue el seguimiento sanitario y ecológico porque conectó la edición genética con resultados verificables en campo.

La propuesta se organizó en fases progresivas para asegurar coherencia entre diagnóstico, edición, seguimiento y ajuste técnico. La validación por diez expertos permitió revisar si las actividades eran pertinentes para el objetivo del artículo y si los indicadores podían aplicarse en animales reales sin confundir desempeño genético con manejo ambiental. La tabla no presenta la validación como columna porque su función es describir la ejecución de la propuesta; sin embargo, la validación fue un proceso previo y transversal. La actividad de diagnóstico genómico inicial permitió identificar riesgos y rasgos prioritarios, mientras el diseño de guías CRISPR-Cas fortaleció la precisión molecular. El seguimiento sanitario y ecológico fue la fase más importante porque verificó si la edición y la cría dirigida generaban cambios observables en salud, bienestar y uso de recursos. De esta manera, la propuesta evita reducir la edición genética a un acto de laboratorio y la convierte en una estrategia integral de mejora animal.

Discusión

Los resultados obtenidos son coherentes con la tendencia científica que considera la edición genética como una herramienta complementaria a la selección genómica. El incremento del índice global de salud animal en el grupo experimental coincide con los planteamientos de Georges et al. (2019), quienes sostienen que la información genómica acelera el progreso genético cuando se integra a programas de mejoramiento bien estructurados. Del mismo modo, Meuwissen et al. (2001) y Hayes et al. (2009) permiten entender por qué la medición genómica aumenta la precisión de selección: no se depende únicamente de observar el fenotipo final, sino de anticipar mérito biológico mediante marcadores. En el estudio, esa lógica se expresa en mayor respuesta inmune, menor morbilidad y mejor eficiencia alimenticia. La diferencia frente al grupo control no debe interpretarse como superioridad automática de la tecnología, sino como evidencia de que una propuesta genético-sanitaria integrada puede producir cambios funcionales cuando existe control de manejo, validación del instrumento y seguimiento estadístico.

La mejora sanitaria observada dialoga directamente con Burkard et al. (2017), Chen et al. (2019) y Nesbitt et al. (2024), quienes reportaron resistencia a PRRSV mediante modificación de CD163. Aunque el presente estudio no se limita a una sola especie ni a un único patógeno, comparte la lógica de intervenir puntos biológicos relevantes para reducir susceptibilidad. También se aproxima a Gao et al. (2017), quienes evidenciaron que la inserción de NRAMP1 podía asociarse con resistencia frente a tuberculosis bovina. Islam et al. (2020) refuerzan esta lectura al proponer que inmunogenómica y CRISPR-Cas9 pueden mejorar resistencia a enfermedades. En términos prácticos, que el grupo experimental reduzca signos clínicos y uso de antimicrobianos resulta importante porque la OMSA/WOAH advierte que la resistencia antimicrobiana amenaza la eficacia de tratamientos veterinarios. Sin embargo, la edición no debe usarse como reemplazo de vacunación, higiene, manejo nutricional o diagnóstico temprano; más bien, los resultados sugieren que puede disminuir presión sanitaria cuando se integra a un sistema preventivo.

La eficiencia de edición y la baja tasa de eventos no intencionales son consistentes con la evolución técnica descrita por Jinek et al. (2012), Doudna y Charpentier (2014), Cong et al. (2013), Hsu et al. (2014), Sander y Joung (2014), Gaj et al. (2013), Komor et al. (2016), Zetsche et al. (2015) y Anzalone et al. (2019). Estas contribuciones muestran que la edición ha pasado de nucleasas de corte doble a variantes más finas, como Cas12a,

edición de bases y edición primaria. Aun así, los resultados de la tabla de bioseguridad no autorizan una lectura triunfalista. La precisión promedio del grupo experimental debe acompañarse con secuenciación, trazabilidad y evaluación multigeneracional. Young et al. (2020) evidenciaron que incluso en aplicaciones prometedoras, como bovinos sin cuernos, se requiere análisis genómico y fenotípico de la descendencia. Por ello, el hallazgo más relevante no es solo que la edición funcione, sino que puede auditarse con criterios objetivos.

En bienestar animal, los resultados se relacionan con Carlson et al. (2016), Schuster et al. (2020) y Van Eenennaam (2019), quienes presentan la ausencia de cuernos como una aplicación potencialmente favorable porque reduce intervenciones dolorosas. En esta investigación, el indicador de bienestar mejoró en el grupo experimental, especialmente cuando la edición se combinó con manejo, observación veterinaria y control ambiental. Esto respalda el argumento de Tait-Burkard et al. (2018): la edición genética puede generar animales más sanos y ajustados a sistemas productivos, siempre que no se limite a aumentar rendimiento. Crispo et al. (2015), Wang et al. (2015) y Wang et al. (2018) muestran que modificar genes de crecimiento es técnicamente posible; sin embargo, los resultados aquí sugieren que los rasgos sanitarios y adaptativos deben ocupar un lugar prioritario frente a rasgos meramente productivos si se busca sostenibilidad y aceptación ética.

La dimensión ecológica también encuentra respaldo en Wray-Cahen et al. (2022), Cigan et al. (2022), Rodríguez-Villamil et al. (2024) y Van Eenennaam (2017). La reducción de conversión alimenticia y de presión ambiental estimada en el grupo experimental puede explicarse porque animales más sanos transforman mejor los recursos, disminuyen pérdidas y requieren menos tratamientos. La FAO ha destacado que la revolución genética puede apoyar seguridad alimentaria y biodiversidad si se gobierna adecuadamente. No obstante, la sostenibilidad observada debe leerse con prudencia: una mejora individual no garantiza automáticamente menor impacto del sistema si se incrementa el número total de animales o si no se conservan razas locales. Por eso, la edición debe vincularse a objetivos ecológicos explícitos: menor morbilidad, menor desperdicio, menor mortalidad, conservación de diversidad genética y adaptación a climas locales.

La significancia estadística reportada mediante t de Student y el tamaño del efecto grande mediante d de Cohen fortalecen la interpretación de los hallazgos. Cohen (1988) plantea

que la magnitud del efecto permite valorar relevancia práctica, lo cual resulta clave en investigaciones aplicadas a animales. Una diferencia puede ser estadísticamente significativa y, aun así, poco útil para productores o veterinarios; en este caso, la diferencia entre grupos fue amplia en salud global, morbilidad y eficiencia alimenticia. La correlación de Pearson confirmó que mayor precisión de edición se relacionó con mejores indicadores sanitarios y menor carga clínica. Este patrón coincide con la lógica de Kasinathan et al. (2015), quienes relacionan la reducción del intervalo generacional con aceleración de ganancia genética, y con Georges et al. (2019), quienes enfatizan que el progreso depende de datos robustos. La estadística, por tanto, no adorna el artículo: permite separar intuición tecnológica de evidencia medible.

Finalmente, los resultados contrastan con las advertencias regulatorias y éticas de Van Eenennaam (2017, 2019), Cigan et al. (2022) y Wray-Cahen et al. (2022). El uso de edición genética en animales de producción requiere responder preguntas sobre trazabilidad, bioseguridad, bienestar, comercio, percepción pública y equidad de acceso. La propuesta validada por expertos mostró pertinencia técnica alta, pero la validación de contenido no equivale a autorización regulatoria ni a aceptación social. Los hallazgos son científicamente prometedores porque demuestran asociación entre edición, salud y sostenibilidad; al mismo tiempo, exigen límites: no liberar animales sin seguimiento, no reducir diversidad genética, no ocultar eventos no intencionales, no usar la tecnología para intensificar sufrimiento y no presentar como natural lo que requiere vigilancia molecular. En síntesis, el estudio aporta evidencia aplicada para sostener que la edición genética puede mejorar la salud animal si se desarrolla dentro de una cría responsable, transparente y ecológicamente orientada.

Conclusiones

La investigación permite concluir que la edición genética aplicada a la cría animal, cuando se integra con selección genómica, vigilancia veterinaria, bioseguridad y manejo ecológico, contribuye de manera significativa a mejorar indicadores de salud animal. El grupo experimental mostró mayor índice global de salud, menor incidencia clínica, reducción del uso de antimicrobianos y mejor eficiencia alimenticia, con diferencias estadísticamente significativas y tamaños de efecto de magnitud alta. La contribución científica del artículo radica en demostrar que la edición genética no debe evaluarse únicamente por su precisión molecular, sino por su capacidad de traducirse en destrezas

biológicas funcionales: resistencia, resiliencia sanitaria, bienestar, adaptación ambiental y estabilidad productiva.

Asimismo, se concluye que la sostenibilidad ecológica de la edición genética depende de su gobernanza. Los resultados respaldan su potencial para disminuir pérdidas, presión sanitaria y uso de recursos, pero también evidencian la necesidad de trazabilidad, evaluación de efectos no intencionales, conservación de diversidad genética y validación ética permanente. El aporte central es proponer una lectura equilibrada: la edición genética no es una solución aislada ni un riesgo inevitable, sino una herramienta científica que puede fortalecer la salud animal si se aplica con evidencia, prudencia, transparencia y responsabilidad social.

Referencias

- Anzalone, A. V., Randolph, P. B., Davis, J. R., Sousa, A. A., Koblan, L. W., Levy, J. M., Chen, P. J., Wilson, C., Newby, G. A., Raguram, A., & Liu, D. R. (2019). Search-and-replace genome editing without double-strand breaks or donor DNA. *Nature*, 576, 149-157. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1711-4>
- Burkard, C., Lillico, S. G., Reid, E., Jackson, B., Mileham, A. J., Ait-Ali, T., Whitelaw, C. B. A., & Archibald, A. L. (2017). Precision engineering for PRRSV resistance in pigs: Macrophages from genome edited pigs lacking CD163 SRCR5 domain are fully resistant to both PRRSV genotypes while maintaining biological function. *PLOS Pathogens*, 13(2), e1006206. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1006206>
- Carlson, D. F., Lancto, C. A., Zang, B., Kim, E. S., Walton, M., Oldeschulte, D., Seabury, C., Sonstegard, T. S., & Fahrenkrug, S. C. (2016). Production of hornless dairy cattle from genome-edited cell lines. *Nature Biotechnology*, 34(5), 479-481. <https://doi.org/10.1038/nbt.3560>
- Chen, J., Wang, H., Bai, J., Liu, W., Liu, X., Yu, D., Feng, T., Sun, Z., Zhang, L., Ma, L., Hu, Y., Zou, Y., Tan, T., Zhong, J., Hu, M., Bai, X., Pan, D., Xing, Y., Zhao, Y., Tian, K., Hu, X., & Li, N. (2019). Generation of pigs resistant to highly pathogenic-porcine reproductive and respiratory syndrome virus through gene editing of CD163. *International Journal of Biological Sciences*, 15(2), 481-492. <https://doi.org/10.7150/ijbs.25862>

- Cigan, A. M., Doran, T., & Harper, G. S. (2022). Technical considerations towards commercialization of genome edited livestock. *CABI Agriculture and Bioscience*, 3, 47. <https://doi.org/10.1186/s43170-022-00107-5>
- Cohen, J. (1988). *Statistical power analysis for the behavioral sciences* (2nd ed.). Lawrence Erlbaum Associates.
- Cong, L., Ran, F. A., Cox, D., Lin, S., Barretto, R., Habib, N., Hsu, P. D., Wu, X., Jiang, W., Marraffini, L. A., & Zhang, F. (2013). Multiplex genome engineering using CRISPR/Cas systems. *Science*, 339(6121), 819-823. <https://doi.org/10.1126/science.1231143>
- Crispo, M., Mulet, A. P., Tesson, L., Barrera, N., Cuadro, F., dos Santos-Neto, P. C., Nguyen, T. H., Creneguy, A., Brusselle, L., Anegon, I., & Menchaca, A. (2015). Efficient generation of myostatin knock-out sheep using CRISPR/Cas9 technology and microinjection into zygotes. *PLOS ONE*, 10(8), e0136690. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0136690>
- Doudna, J. A., & Charpentier, E. (2014). The new frontier of genome engineering with CRISPR-Cas9. *Science*, 346(6213), 1258096. <https://doi.org/10.1126/science.1258096>
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2023). Genomic characterization of animal genetic resources. FAO. <https://www.fao.org/animal-genetics/resources/guidelines/en/>
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2024). The genetic revolution can support food security, tackle the climate crisis and protect biodiversity. FAO. <https://www.fao.org/newsroom/detail/the-genetic-revolution-can-support-food-security--tackle-the-climate-crisis-and-protect-biodiversity/en>
- Gaj, T., Gersbach, C. A., & Barbas, C. F. (2013). ZFN, TALEN, and CRISPR/Cas-based methods for genome engineering. *Trends in Biotechnology*, 31(7), 397-405. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2013.04.004>
- Gao, Y., Wu, H., Wang, Y., Liu, X., Chen, L., Li, Q., Cui, C., Liu, X., Zhang, J., & Zhang, Y. (2017). Single Cas9 nickase induced generation of NRAMP1 knockin cattle with reduced off-target effects. *Genome Biology*, 18, 13. <https://doi.org/10.1186/s13059-016-1144-4>

- Georges, M., Charlier, C., & Hayes, B. (2019). Harnessing genomic information for livestock improvement. *Nature Reviews Genetics*, 20, 135-156. <https://doi.org/10.1038/s41576-018-0082-2>
- Hayes, B. J., Bowman, P. J., Chamberlain, A. J., & Goddard, M. E. (2009). Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of Dairy Science*, 92(2), 433-443. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1646>
- Hsu, P. D., Lander, E. S., & Zhang, F. (2014). Development and applications of CRISPR-Cas9 for genome engineering. *Cell*, 157(6), 1262-1278. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2014.05.010>
- Islam, M. A., Amin, M. R., Sultana, M. N., & Hossain, M. A. (2020). Improvement of disease resistance in livestock: Application of immunogenomics and CRISPR/Cas9 technology. *Animals*, 10(12), 2236. <https://doi.org/10.3390/ani10122236>
- Jinek, M., Chylinski, K., Fonfara, I., Hauer, M., Doudna, J. A., & Charpentier, E. (2012). A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. *Science*, 337(6096), 816-821. <https://doi.org/10.1126/science.1225829>
- Kasinathan, P., Wei, H., Xiang, T., Molina, J. A., Metzger, J., Broek, D., Kasinathan, S., Faber, D. C., & Allan, M. F. (2015). Acceleration of genetic gain in cattle by reduction of generation interval. *Scientific Reports*, 5, 8674. <https://doi.org/10.1038/srep08674>
- Komor, A. C., Kim, Y. B., Packer, M. S., Zuris, J. A., & Liu, D. R. (2016). Programmable editing of a target base in genomic DNA without double-stranded DNA cleavage. *Nature*, 533, 420-424. <https://doi.org/10.1038/nature17946>
- Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J., & Goddard, M. E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157(4), 1819-1829. <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>
- Nesbitt, C., Rathje, C., Lillico, S. G., Whitelaw, C. B. A., & Burkard, C. (2024). Pigs lacking the SRCR5 domain of CD163 protein are resistant to PRRSV and have no detected adverse phenotypes. *Frontiers in Genome Editing*, 6, 1322012. <https://doi.org/10.3389/fgeed.2024.1322012>
- Niu, Y., Shen, B., Cui, Y., Chen, Y., Wang, J., Wang, L., Kang, Y., Zhao, X., Si, W., Li, W., Xiang, A. P., Zhou, J., Guo, X., Bi, Y., Si, C., Hu, B., Dong, G., Wang, H.,

- Zhou, Z., Li, T., Tan, T., Pu, X., Wang, F., Ji, S., Zhou, Q., Huang, X., Ji, W., & Sha, J. (2014). Generation of gene-modified cynomolgus monkey via Cas9/RNA-mediated gene targeting in one-cell embryos. *Cell*, 156(4), 836-843. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2014.01.027>
- Proudfoot, C., Lillico, S., & Tait-Burkard, C. (2019). Genome editing for disease resistance in pigs and chickens. *Animal Frontiers*, 9(3), 6-12. <https://doi.org/10.1093/af/vfz013>
- Rodriguez-Villamil, P., de Oliveira, C. S., & Menchaca, A. (2024). Gene editing in livestock: Innovations and applications. *Animal Reproduction*, 21(3), e20240054. <https://doi.org/10.1590/1984-3143-AR2024-0054>
- Sander, J. D., & Joung, J. K. (2014). CRISPR-Cas systems for editing, regulating and targeting genomes. *Nature Biotechnology*, 32, 347-355. <https://doi.org/10.1038/nbt.2842>
- Schuster, F., Aldag, P., Frenzel, A., Hadeler, K. G., Lucas-Hahn, A., Niemann, H., & Petersen, B. (2020). CRISPR/Cas12a mediated knock-in of the Polled Celtic variant to produce a polled genotype in dairy cattle. *Scientific Reports*, 10, 13570. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-70531-y>
- Tait-Burkard, C., Doeschl-Wilson, A., McGrew, M. J., Archibald, A. L., Sang, H. M., Houston, R. D., Whitelaw, C. B. A., & Watson, M. (2018). Livestock 2.0: Genome editing for fitter, healthier, and more productive farmed animals. *Genome Biology*, 19, 204. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1583-1>
- Van Eenennaam, A. L. (2017). Genetic modification of food animals. *Current Opinion in Biotechnology*, 44, 27-34. <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2016.10.007>
- Van Eenennaam, A. L. (2019). Application of genome editing in farm animals: Cattle. *Transgenic Research*, 28(Suppl. 2), 93-100. <https://doi.org/10.1007/s11248-019-00141-6>
- Wang, H., Yang, H., Shivalila, C. S., Dawlaty, M. M., Cheng, A. W., Zhang, F., & Jaenisch, R. (2013). One-step generation of mice carrying mutations in multiple genes by CRISPR/Cas-mediated genome engineering. *Cell*, 153(4), 910-918. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2013.04.025>
- Wang, X., Niu, Y., Zhou, J., Yu, H., Kou, Q., Lei, A., Zhao, X., Yan, H., Cai, B., Shen, Q., Zhou, S., Zhu, H., & Chen, Y. (2018). CRISPR/Cas9-mediated MSTN

disruption and heritable mutagenesis in goats causes increased body mass. *Animal Genetics*, 49(1), 43-51. <https://doi.org/10.1111/age.12626>

Wang, X., Yu, H., Lei, A., Zhou, J., Zeng, W., Zhu, H., Dong, Z., Niu, Y., Shi, B., Cai, B., Liu, J., Huang, S., Yan, H., Zhao, X., Zhou, G., He, X., Chen, X., Yang, Y., Jiang, Y., Shi, L., Tian, X., Wang, Y., Ma, B., Huang, X., Qu, L., Chen, Y., & Liu, J. (2015). Generation of gene-modified goats targeting MSTN and FGF5 via zygote injection of CRISPR/Cas9 system. *Scientific Reports*, 5, 13878. <https://doi.org/10.1038/srep13878>

World Organisation for Animal Health. (2025). Antimicrobial resistance. WOA. <https://www.woah.org/en/what-we-do/global-initiatives/antimicrobial-resistance/>

Wray-Cahen, D., Bodnar, A., Rexroad, C., Siewerdt, F., & Kappes, S. M. (2022). Advancing genome editing to improve the sustainability and resiliency of animal agriculture. *CABI Agriculture and Bioscience*, 3, 21. <https://doi.org/10.1186/s43170-022-00091-w>

Young, A. E., Mansour, T. A., McNabb, B. R., Owen, J. R., Trott, J. F., Brown, C. T., & Van Eenennaam, A. L. (2020). Genomic and phenotypic analyses of six offspring of a genome-edited hornless bull. *Nature Biotechnology*, 38, 225-232. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0266-0>

Zetsche, B., Gootenberg, J. S., Abudayyeh, O. O., Slaymaker, I. M., Makarova, K. S., Essletzbichler, P., Volz, S. E., Joung, J., van der Oost, J., Regev, A., Koonin, E. V., & Zhang, F. (2015). Cpf1 is a single RNA-guided endonuclease of a class 2 CRISPR-Cas system. *Cell*, 163(3), 759-771. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2015.09.038>

Declaración

Declaración	Detalle
Conflicto de intereses	Los autores declaran que no existe conflicto de interés posible.
Financiamiento	No existió asistencia financiera de partes externas para la elaboración del presente artículo.
Agradecimiento	N/A
Nota	El artículo no es producto de una publicación anterior.