



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA

**PROGRAMA DE DOCTORADO
EN RECURSOS NATURALES Y GESTIÓN SOSTENIBLE**

TESIS DOCTORAL

**Caracterización morfométrica y molecular del bovino
criollo en la provincia de Manabí (ECUADOR)**

DOCTORANDO

D. ORLY FERNANDO CEVALLOS FALQUEZ

DIRECTORES DE TESIS

PROF. DR. JUAN VICENTE DELGADO BERMEJO

PROF. DR. CECILIO JOSÉ BARBA CAPOTE

CÓRDOBA, 2017

TITULO: *Caracterización morfométrica y molecular del bovino criollo en la provincia de Manabí (Ecuador)*

AUTOR: *Orly Fernando Cevallos Falquez*

© Edita: UCOPress. 2017
Campus de Rabanales
Ctra. Nacional IV, Km. 396 A
14071 Córdoba

www.uco.es/publicaciones
publicaciones@uco.es



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA

POSTGRADO EN RECURSOS NATURALES Y GESTIÓN SOSTENIBLE

**Caracterización morfométrica y molecular del bovino
criollo en la provincia de Manabí (ECUADOR)**

Tesis presentada por D. ORLY FERNANDO CEVALLOS FALQUEZ
para optar al grado de Doctor por la Universidad de Córdoba
(España)

Vº Bº
Director



Dr. Juan Vicente Delgado Bermejo

Vº Bº
Director

Dr. Cecilio José Barba Capote



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA



D. JUAN VICENTE DELGADO BERMEJO, PROFESOR TITULAR DEL DEPARTAMENTO DE GENÉTICA DE LA UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA.

INFORMA:

Que la tesis Doctoral titulada “Caracterización morfométrica y molecular del bovino criollo en la provincia de Manabí (ECUADOR)”, que se recoge en la siguiente memoria y de la que es autor D. ORLY FERNANDO CEVALLOS FALQUEZ, ha sido realizada bajo mi dirección, cumpliendo las condiciones exigidas para que la misma pueda optar al Grado de Doctor por la Universidad de Córdoba.

Lo que suscribo como director de dicho trabajo y a los efectos oportunos, en Córdoba a quince de marzo de dos mil diecisiete.



Fdo. Dr. Juan Vicente Delgado Bermejo



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA



D. CECILIO JOSÉ BARBA CAPOTE, PROFESOR CONTRATADO DOCTOR DEL DEPARTAMENTO DE PRODUCCIÓN ANIMAL DE LA UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA.

INFORMA:

Que la tesis Doctoral titulada “Caracterización morfométrica y molecular del bovino criollo en la provincia de Manabí (ECUADOR)”, que se recoge en la siguiente memoria y de la que es autor D. ORLY FERNANDO CEVALLOS FALQUEZ, ha sido realizada bajo mi dirección, cumpliendo las condiciones exigidas para que la misma pueda optar al Grado de Doctor por la Universidad de Córdoba.

Lo que suscribo como director de dicho trabajo y a los efectos oportunos, en Córdoba a quince de marzo de dos mil diecisiete.

Fdo. Dr. Cecilio José Barba Capote



TÍTULO DE LA TESIS:

CARACTERIZACIÓN MORFOMÉTRICA Y MOLECULAR DEL BOVINO CRIOLLO EN LA PROVINCIA DE MANABÍ (ECUADOR)

DOCTORANDO: **D. ORLY FERNANDO CEVALLOS FALQUEZ**

INFORME RAZONADO DEL/DE LOS DIRECTOR/ES DE LA TESIS

(Se hará mención a la evolución y desarrollo de la tesis, así como a trabajos y publicaciones derivados de la misma).

Durante el desarrollo de la Tesis el doctorando ha profundizado en el conocimiento del sistema bovino lechero de doble propósito en la provincia de Manabí de Ecuador, a través de la caracterización racial de la población del Ganado Criollo de Manabí en sus aspectos zoométricos, morfológicos, fanerópticos y genéticos (microsatélites), conocimientos que son extrapolables al resto de poblaciones bovinas criollas ecuatorianas que actualmente siguen sin ser caracterizadas desde el punto de vista científico. Asimismo, el doctorando ha adquirido las habilidades y competencias necesarias para poder abordar la problemática del sector desde una doble perspectiva; por una parte desde la orientación investigadora con toda su secuencia metodológica y por otra parte la resolución de problemas sectoriales de modo solvente.

La Tesis plantea un objetivo estratégico el conocimiento del rango de biológico de variación de la base animal como punto de partida del programa de desarrollo ganadero que permita la mejora de las producciones en el sistema de doble propósito bajo criterios de sostenibilidad. Se aplica una metodología convencional sobre caracterización exteriorista en una población no descrita científicamente hasta ahora, así como una metodología actual sobre caracterización genética. Finalmente se propone el patrón racial como para la creación del libro genealógico, la puesta en funcionamiento del control oficial de

rendimiento del ganado y el diseño del programa de mejora de la raza. Asimismo, se valida un panel de marcadores genéticos de tipo microsatélite que pueden utilizarse como herramienta de apoyo en el programa de mejora genética a través de las pruebas de exclusión de paternidad/maternidad y de asignación de individuos a poblaciones. Esta tesis no finaliza un proyecto de investigación, sino solo el cierre de la primera fase de un proyecto de desarrollo ganadero que precisa continuar con investigaciones complementarias en el resto de áreas zootécnicas.

La presente Tesis Doctoral ha dado lugar a los siguientes trabajos:

Cevallos, O.F.; C. Barba; J.V. Delgado; A. González; J. Perea; E. Angón y A. García. 2016. *Caracterización zoométrica y morfológica del ganado criollo de Manabí (Ecuador). Revista Científica, FCV-LUZ / Vol. XXVI, N° 5, 313-323.*

Cevallos, O.F.; Estupiñán, K.; Rizzo L.; Merizalde, D.; González, A.; Delgado, J.V. y Barba, C. 2015. *Caracterización etnológica y propuesta de estándar racial para el bovino de doble propósito de la provincia de Manabí, Ecuador. Libro de Proceedings III Congreso Internacional de Ciencia Tecnología, Innovación y Emprendimiento. Universidad de Bolívar. pp 117-122.*

Cevallos, O.F.; A. González, D. Zambrano, C. Barba; M. Luque, Y. Torres y A. García. 2014. *Avances en caracterización genética de ganado bovino Criollo del Litoral ecuatoriano. Revista Ciencia y Tecnología – UTEQ. Vol. 7 (2): 199-206.*

Por todo ello, se autoriza la presentación de la tesis doctoral.

Córdoba, a quince de marzo de dos mil diecisiete



Fdo.: Juan Vicente Delgado Bermejo

A handwritten signature in blue ink, consisting of a large, sweeping initial letter followed by several smaller, connected letters.

Fdo.: Cecilio José Barba Capote

AGRADECIMIENTOS

Deseo dejar constancia de mis sinceros agradecimientos a todas aquellas personas e instituciones que de una u otra manera contribuyeron en el desarrollo de la presente investigación:

A la Universidad Técnica Estatal de Quevedo.

A la Universidad de Córdoba.

Laboratorio de Genética Molecular Aplicada. Animal Breeding Consulting, S.L. Córdoba (España)

Grupo de Investigación “Mejora y Conservación de los Recursos Genéticos de los Animales Domésticos” (AGR-218) Plan Andaluz de Investigación. Departamento de Genética. Universidad de Córdoba (España)

Al Dr. Eduardo Díaz Ocampo. Rector de la Universidad Técnica Estatal de Quevedo.

Al Dr. Anton García Martínez. Coordinador del Programa de Maestría y Doctorado de la Universidad de Córdoba (España).

Al Dr. Juan Vicente Delgado. Docente de la Universidad de Córdoba (España) y Director de Tesis.

Al Dr. Cecilio Barba Capote. Docente de la Universidad de Córdoba (España) y Director de Tesis.

A la Dra. Jenny Torres Navarrete. Decana de la Facultad de Ciencias Pecuarias. UTEQ.

Al Dr. Byron Oviedo Bayas. Director de Investigación de la UTEQ.

A mis compañeros de labores Ings. José Nieto Rodríguez, Mercedes Carranza Patiño, Silvia Saucedo Aguiar, Fabricio Canchignia Martínez Nicolás Cruz Rosero, Jaime Morante Carriel, Vanessa Canchignia, Ketty Cobeña Rosado y Eduardo Solís.

A mis familiares y amigos quienes directa o indirectamente me impulsaron a seguir adelante y compartieron mis alegrías y tristezas.

A todos aquellos que de una u otra forma contribuyeron al feliz término de la presente investigación.

A Dios y la Virgen

A mi esposa Diana Mariana y mis hijos Anthonella Fernanda y Fernando Andrés por su amor, confianza y paciencia. A mis madres Ana Rosa y Lastenia a mis Hermanos: Mariela, Anita, Viviana y José por su inmenso apoyo moral y toda mi familia.



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA



El desarrollo de la presente Tesis Doctoral se enmarca dentro del Convenio Específico de Cooperación en Postgrado entre:

La Universidad de Córdoba (España) y la Universidad Técnica Estatal de Quevedo (Ecuador),

Asimismo el estudio se ha desarrollado dentro del marco de los Proyecto de investigación:

"Caracterización racial de ganado bovino de doble propósito de la provincia de Manabí" financiado por el FOCICYT de la Universidad Técnica Estatal de Quevedo (Ecuador) durante el periodo 2014/215 y dirigido por D. Orly Fernando Cevallos Falquez y D. Cecilio José Barba Capote.

Finalmente, para la colegiatura en el postgrado y la estancia del Doctorando en la Universidad de Córdoba, España, ha disfrutado de beca de colegiatura del Área de Postgrado de la Universidad Técnica Estatal de Quevedo (UTEQ).

ÍNDICE GENERAL

1. INTRODUCCIÓN Y JUSTIFICACIÓN	9
1.1. Introducción	9
1.2. Justificación	11
2. OBJETIVOS	15
3. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA	17
3.1. Marco Histórico	17
3.1.1. Domesticación del ganado bovino	17
3.1.2. Expansión del ganado bovino por el mundo	19
3.1.3. Origen y evolución de las razas bovinas criollas iberoamericanas	20
3.1.4. El ganado bovino en Ecuador	22
3.1.5. Generalidades del ganado bovino criollo	26
3.2. Marco Geográfico	27
3.2.1. Medio Físico	27
3.2.1.1. Localización	27
3.2.1.2. Clima	27
3.2.1.3. Aspectos geológicos y geomorfológicos	29
3.2.1.4. Suelo	29
3.2.1.5. Hidrografía	30
3.2.2. Medio biótico	30
3.2.2.1. La vegetación	30
3.2.2.2. La fauna	31
3.2.3. Uso y propiedad de la tierra	31
3.2.4. Características de los sistemas de producción	34
3.3. Marco legal e institucional	35
3.3.1. Situación del bovino en Ecuador	35
3.3.2. Situación del bovino en la provincia de Manabí	35
3.3.3. Marco normativo zootécnico en Ecuador	37
3.3.3.1. Organización	37

3.3.3.2.	Estructura y funcionamiento del Libro Genealógico	38
3.3.3.3.	Valoración de reproductores	43
3.4.	Marco conceptual metodológico	45
3.4.1.	Concepto de raza	45
3.4.2.	Caracteres descriptores y diferenciadores de base etnogenética	47
3.4.3.	Caracterización zoométrica, morfológica y faneróptica	49
3.4.3.1.	Morfometría	50
3.4.3.2.	Morfología	56
3.4.3.3.	Faneróptica	59
3.4.4.	Caracterización genética	64
3.4.4.1.	Marcadores genéticos	64
3.4.4.2.	Aplicación de los marcadores moleculares en genética animal	69
3.4.4.3.	Diversidad genética intra-racial	70
3.4.4.3.1.	Número de alelos por locus	70
3.4.4.3.2.	Número efectivo de alelos	71
3.4.4.3.3.	Frecuencias alélicas	72
3.4.4.3.4.	Heterocigosidad	72
3.4.4.3.5.	Contenido de Información Polimórfica	74
3.4.4.3.6.	Equilibrio de Hardy-Weinberg	75
3.4.4.3.7.	Estadísticos F de Wright	76
3.4.4.4.	Diversidad genética inter-racial	78
3.4.4.4.1.	Análisis multidimensionales	78
3.4.4.4.2.	Distancias genéticas	81
3.4.4.4.3.	Arboles filogenéticos o estudios de vecindad	83
3.4.4.4.4.	Estructura genética	87
3.4.4.5.	Consideraciones finales	90
4.	MATERIAL Y MÉTODOS	99
4.1.	Población y recopilación de información	99
4.2.	Muestra	100
4.2.1.	Muestreo para las variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas	100
4.2.2.	Muestreo para las variables de caracterización genética	100

4.3. Metodología	103
4.3.1. Metodología para la obtención de variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas	103
4.3.2. Metodología para la obtención de datos de marcadores genéticos	104
4.3.2.1. Elección del panel de microsatélites	104
4.3.2.2. Extracción de ADN	107
4.3.2.3. Amplificación in vitro de ADN mediante PCR, secuenciación y tipificación de muestras	107
4.4. Análisis estadísticos	108
4.4.1. Variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas	108
4.4.2. Microsatélites del ADN	108
4.4.2.1. Diversidad genética intra-racial	108
4.4.2.2. Diversidad genética inter-racial. Relaciones con otras razas	109
5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	113
5.1. Variables zoométricas o morfométricas	113
5.1.1. Caracterización del ganado criollo de Manabí según las variables zoométricas	113
5.1.2. Análisis comparativo entre sexos según las variables zoométricas	115
5.1.3. Caracterización del ganado Criollo de Manabí según los índices zoométricos	116
5.1.4. Análisis comparativo entre sexos según los índices zoométricos	119
5.1.5. Estudio de la armonicidad del modelo morfoestructural	119
5.2. Estudio de los caracteres morfológicos y fanerópticos	121
5.2.1. Caracterización y variación fenotípica para variables fanerópticas	121
5.2.2. Caracterización y variación fenotípica para variables morfológicas en la cabeza	124
5.2.3. Caracterización y variación fenotípica para variables morfológicas en el cuerpo	125
5.3. Caracterización genética	128
5.3.1. Diversidad genética intra-racial	128

5.3.1.1.	Número de alelos y frecuencias alélicas	128
5.3.1.2.	Contenido de información polimórfica (PIC) y heterocigosidades observada (H_o) y esperada (H_e)	131
5.3.1.3.	Equilibrio Hardy-Weinberg	135
5.3.1.4.	Estadísticos F de Wright	136
5.3.2.	Diversidad genética inter-racial, relaciones con otras razas	137
5.3.2.1.	Análisis multidimensionales	137
5.3.2.2.	Distancias genéticas	138
5.3.2.3.	Estudios de vecindad	141
5.3.2.4.	Estructura genética	141
5.4.	Consideraciones finales	146
6.	CONCLUSIONES	149
7.	RESUMEN	153
8.	SUMMARY	157
9.	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	161
10.	ANEXOS	177

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1.- <i>Uso y distribución de la tierra en Ecuador, según provincia y tipología de cultivo/aprovechamiento, a fecha 31/12/2015.</i>	32
Tabla 2.- <i>Estructura del marco normativo zootécnico de Ecuador en el caso de la especie bovina.</i>	38
Tabla 3.- <i>Valores medios de las principales variables zoométricas en razas criollas ecuatorianas.</i>	92
Tabla 4.- <i>Valores medios de las principales variables zoométricas en otras razas criollas iberoamericanas.</i>	93
Tabla 5.- <i>Valores medios de las principales variables fanerópticas en razas criollas ecuatorianas.</i>	94
Tabla 6.- <i>Valores medios de las principales variables fanerópticas en razas criollas ecuatorianas. Continuación.</i>	94
Tabla 7.- <i>Valores medios de las principales variables fanerópticas en otras razas criollas iberoamericanas.</i>	95
Tabla 8.- <i>Valores medios de las principales variables fanerópticas en otras razas criollas iberoamericanas. Continuación.</i>	95
Tabla 9.- <i>Valores medios de las principales variables de diversidad genética en razas criollas ecuatorianas y autóctonas españolas.</i>	96
Tabla 10.- <i>Resultados sobre principales variables de diversidad genética en el estudio de microsatélites en razas bovinas criollas colombianas.</i>	97
Tabla 11.- <i>Resultados sobre principales variables de diversidad genética en el estudio de microsatélites en otras razas bovinas criollas iberoamericanas.</i>	98
Tabla 12.- <i>Muestra de bovinos criollos analizada para las variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas.</i>	101
Tabla 13.- <i>Muestras de bovinos criollos analizadas para marcadores genéticos.</i>	102
Tabla 14.- <i>Microsatélites recomendados por la FAO para estudios de biodiversidad en ganado bovino.</i>	105

Tabla 14bis.- <i>Microsatélites recomendados por la FAO para estudios de biodiversidad en ganado bovino. (Continuación).</i>	106
Tabla 15.- <i>Poblaciones bovinas utilizadas en el estudio comparativo: denominación, acrónimo, país de procedencia y número de animales.</i>	111
Tabla 16.- <i>Estadísticos descriptivos y anova de las variables zoométricas analizadas en el ganado bovino de Manabí.</i>	116
Tabla 17.- <i>Estadísticos descriptivos y anova de los índices zoométricos analizados en el ganado bovino de Manabí.</i>	118
Tabla 18.- <i>Matriz de los coeficientes de correlación de Pearson entre las variables estudiadas.</i>	120
Tabla 19.- <i>Estadísticos descriptivos de las variables fanerópticas en el ganado bovino de Manabí.</i>	122
Tabla 20.- <i>Estadísticos descriptivos de las variables morfológicas de la cabeza en el ganado bovino de Manabí.</i>	124
Tabla 21.- <i>Estadísticos descriptivos de las variables morfológicas del cuerpo en el ganado bovino de Manabí.</i>	126
Tabla 22.- <i>Frecuencias alélicas de 28 microsatélites en bovinos Criollos de Ecuador.</i>	130
Tabla 23.- <i>Microsatélites analizados, número de alelos detectados, Número efectivo de alelos (A_e), Heterocigosidades esperada insesgada (H_e) y observada (H_o), Contenido de Información Polimórfica (PIC), valores de F_{is}, su intervalo de confianza y las desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg (HWE_d).</i>	134
Tabla 24.- <i>Distancias genéticas D_A (debajo de la diagonal) y de F_{ST} (encima de la diagonal) entre pares de poblaciones.</i>	140
Tabla 25.- <i>Proporción de asignación (Q) de cada población a cada uno de los clúster cuando $K=23$ (K óptimo).</i>	145

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.- Mapa de la Provincia de Manabí.	28
Figura 2.- Detalle de superficie de pastos en explotación bovina de doble propósito en la provincia de Manabí.	33
Figura 3.- Ejemplar de la población de Ganado Criollo de Manabí, de capa jaspeada (también denominada abarcinada, chorreada o atigrada).	34
Figura 4.- Detalle de la cabeza y tronco en un animal de la muestra estudiada de GCM, donde pueden observarse algunas de las variables fanerópticas y morfológicas consideradas.	44
Figura 5.- Ejemplo de Análisis Factorial de Correspondencia en el estudio de la raza Macabea (Ecuador) en comparación con otras razas bovinas. Tomado de Vargas et al., 2016 (PLOS ONE).	79
Figura 6.- Ejemplo de Árbol filogenético en el estudio de la raza Macabea (Ecuador) en comparación con otras razas bovinas. Tomado de Vargas et al., 2016 (PLOS ONE)	86
Figura 7.- Ejemplo de análisis de subestructura genética en el estudio de la raza Macabea (Ecuador) en comparación con otras razas bovinas. Tomado de Vargas et al., 2016 (PLOS ONE).	89
Figura 8.- Ejemplar prototípico de Ganado Criollo de Manabí.	127
Figura 9.- Análisis Factorial de Correspondencia entre el Ganado Criollo de Manabí y otras 33 razas bovinas analizadas.	139
Figura 10.- Representación Neighbor-Joining de las distancias genéticas D_A entre el Ganado Criollo de Manabí y otras 33 poblaciones bovinas analizadas.	142
Figura 11.- Estructura genética del Ganado Criollo de Manabí y otras 33 poblaciones bovinas analizadas.	144

1.- INTRODUCCIÓN Y JUSTIFICACIÓN

1.1. Introducción

La diversidad de los animales domésticos está compuesta por los recursos genéticos animales que comprenden todas las especies, razas y estirpes que revisten interés económico, científico y cultural para la agricultura, tanto aquellas que son habitualmente utilizadas en la actualidad como aquellas otras que podrían emplearse en el futuro. De hecho, el Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (DAD-IS), es la base de datos de FAO que recopila información sobre las poblaciones animales de interés agroalimentario a nivel mundial y que, actualmente, cuenta con registros sobre 37 especies animales distintas (alpaca, asno, avestruz, bisonte americano, bovino, búfalo, caballo, camello, caprino, casuario, cerdo, ciervo, codorniz, conejillo de indias, conejo, dromedario, emú, faisán, gallina, ganso doméstico, golondrina, guanaco, llama, ñandú, ovino, paloma, pato doméstico, pato mudo, pavo, pavo real, perdiz, perro, pintada, tinamú chileno, vicuña y yak doméstico) (DAD-IS, 2017).

La conservación de los recursos genéticos animales nativos tiene uno de sus pilares en la contribución que realiza dicho patrimonio ganadero a la seguridad alimentaria en el territorio donde asientan (FAO, 2007). Por otro lado, el uso racional de los recursos genéticos locales contribuye a mitigar el cambio climático (FAO, 2012). Las razas locales favorecen el desarrollo de una ganadería sostenible con gran capacidad de aprovechamiento de los recursos endógenos de la zona, disminuye la dependencia de insumos externos al sistema y favorece la resiliencia del sistema (Oosting et al, 2014), ante el riesgo de desastres en agricultura, como en inundaciones, sequías, epizootias, entre otras. Finalmente, la potenciación de las sinergias existentes entre la producción agrícola y ganadera tropical mediante el aprovechamiento de subproductos y residuos de cultivos permite reducir los costos de producción y mejorar la eficiencia energética de la producción ganadera (Oosting et al, 2014).

Actualmente, la visión de la preservación de los recursos zoogenéticos potencia la dimensión social del sistema en el marco de la conservación de la biodiversidad de los animales domésticos de cada país, contribuyendo al mantenimiento sustentable de los modos de vida rural y donde el valor de legado se considera un servicio ambiental generado por los pequeños productores (Oosting et al, 2014).

Según el segundo informe sobre la situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura (FAO, 2015), a nivel mundial se cuenta con 14.869 poblaciones registradas en la base de datos global de recursos genéticos animales de la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), conocida como Diversidad de los Animales Domésticos (DADIS). Asimismo, 1.711 de estas poblaciones se corresponden con mamíferos de Latinoamérica y El Caribe, siendo éste el continente que cuenta con menor proporción de poblaciones (20%) descritas y caracterizadas. La especie bovina (*Bos taurus* y *Bos indicus*) dispone actualmente de un inventario de 1.109 razas de las 4.772 razas locales incluidas en la precitada

base de datos, siendo sólo 141 las poblaciones de esta especie referenciadas en toda Latinoamérica y El Caribe.

Desde la celebración de la Cumbre de la Tierra celebrada en Río de Janeiro (1992) hasta nuestros días, la necesidad de caracterizar y conservar los recursos genéticos animales se ha convertido en una prioridad a escala mundial que viene siendo refrendada en múltiples conferencias internacionales, destacando la Primera Conferencia Técnica Internacional sobre Recursos Zoogenéticos en Interlaken (Suiza) en el año 2007. A partir de dicho momento, se reafirma y constata que la gestión sostenible de los recursos zoogenéticos a nivel mundial es de vital importancia para la agricultura, la producción de alimentos, el desarrollo rural y el ambiente (FAO, 2007).

Así las cosas, los esfuerzos para evaluar y caracterizar las razas criollas deberían tener prioridad en las políticas iberoamericanas de desarrollo rural, no siendo el interés de la preservación el conocimiento como tal de poblaciones animales en peligro de extinción, sino su utilización y puesta en valor en el agro de cada país de origen basados en el aprovechamiento de sus características de adaptación a su entorno.

1.2. Justificación

La propuesta de este trabajo de investigación se realiza a partir de la demanda social existente y los lineamientos del Ecuador recogidos en el Plan Nacional del Buen Vivir 2013-2017 y se concreta dentro de los ejes estratégicos de la Universidad Técnica Estatal de Quevedo (Ecuador), con el objetivo de favorecer la competitividad del sector y mejorar las condiciones de vida de la población rural. En ese sentido, aunque la incidencia de pobreza medida en necesidades básicas insatisfechas (NBI), según el INEC (2016), se redujo de 41,7% en el año 2008 al 33,7% en 2012, este indicador es 4,3 veces mayor en las zonas rurales en comparación con los hogares urbanos, siendo la incidencia más alta encontrada la presente en los hogares de la provincia de

Manabí (57,8%), seguida de otras provincias como Los Ríos (57,3%), Bolívar (57,1%), Esmeraldas (52,1%), Chimborazo (50,9%), Amazonía (50,7%), Santo Domingo (49,5%) y Cotopaxi (48%) (INEC, 2016).

Dentro del Plan Nacional del Buen Vivir elaborado por el Gobierno de Ecuador se hace un diagnóstico exhaustivo de la situación en Ecuador y los retos que deben acometerse. En este apartado señalamos algunos de los más relevantes que implican directamente al desarrollo del mundo rural y, concretamente a la Zona de Planificación 4 que agrupa las provincias de Manabí y Santo Domingo de los Tsachilas. Se muestra información extraída del Plan del Buen Vivir:

Objetivo 10. Impulsar la transformación de la matriz productiva, orientado tanto a la mejora del conocimiento y como a la innovación con el fin de obtener una producción primaria y transformada basada en recursos propios para sustitución inicial de importaciones. Dentro de este objetivo, las políticas y lineamientos estratégicos a tener en cuenta de forma específica serían:

- 10.1. Diversificación y generación de mayor valor agregado en la producción nacional
- 10.2 Promoción de la intensidad tecnológica en la producción primaria, de bienes intermedios y finales, al objeto de articular la investigación científica, tecnológica y la educación superior con el sector productivo, para una mejora constante de la productividad y competitividad sistémica en el marco de las necesidades actuales y futuras del sector productivo y el desarrollo de nuevos conocimientos.
- 10.4. Impulso a la producción y la productividad de forma sostenible y sustentable, fomentando la inclusión y redistribución de los factores y recursos de la producción en el sector agropecuario, acuícola y pesquero mediante el fortalecimiento de la producción rural organizada y la agricultura familiar campesina,

bajo formas de economía solidaria, para incluirlas como agentes económicos de la transformación en matriz productiva, promoviendo la diversificación y agregación de valor y la sustitución de importaciones, en el marco de la soberanía alimentaria.

- 10.6. Potenciación de procesos comerciales diversificados y sostenibles en el marco de la transformación productiva (10.6)

Por otra parte, en lo relacionado con la pérdida de recursos zoogenéticos, el panorama no es diferente al descrito para los recursos fitogenéticos (INIAP, 2008 y Ruiz-Sánchez, 2012). Las demandas selectivas del mercado y las opciones de cruzamiento con razas mejoradas, han llevado al abandono de especies nativas y razas criollas y, consecuentemente, a una reducción general de la variación genética en las especies de animales domésticos. El fenómeno se ha agudizado por la presión que ejercen las multinacionales de genética animal en las que se vuelve prácticamente obsesiva la uniformización de los fenotipos de animales. De las especies animales nativas de los Andes, con excepción del grupo de camélidos (llamas y alpacas), la única especie que se ha sometido a un manejo pecuario comercial y que tiene significación en la seguridad alimentaria de la población altoandina es el cuy (*Cavia porcellus* y *C. aperea*).

En caso de la especie bovina, si bien no se cuenta con información censal precisa, se estima que la población del ganado bovino criollo en pureza en la actualidad está disminuyendo progresivamente y, próximamente, podría entrar en riesgo de abandono o desaparición debido a la presión que ejerce la utilización de otras razas exóticas y sus cruces, generalmente de origen cebuino, dada su elevado nivel de competitividad bajo las condiciones climáticas y de explotación existentes en latitudes tropicales.

En los países emergentes, donde generalmente la mayor parte de los sistemas de producción ganadera se desarrollan en condiciones ambientalmente desfavorables, existen grandes incertidumbres de producción y de mercado de cara al futuro, de ahí que la conservación de la diversidad genética y el mejoramiento de los recursos genéticos animales locales tienen una gran importancia estratégica porque representan recursos alternativos para mantener la producción animal ante cualquier cambio drástico de tipo ambiental o económico.

En el Ecuador, los trabajos de investigación sobre el ganado criollo son muy escasos y, específicamente, en el ámbito de la caracterización racial resultan casi nulos. Por lo tanto, se hace necesario abordar estudios sobre la caracterización morfométrica y faneróptica con el fin de obtener información sobre el grado de variabilidad genética en la población ganadera de bovino criollo de la provincia de Manabí, con el fin de utilizar la información generada en el desarrollo de un programa de cría que permita el establecimiento de un programa de mejora genética compatible en la gestión sostenible de los sistemas tradicionales de explotación de la provincia. En este sentido, con independencia que el potencial de este ganado explotado en pureza no es compatible con la especialización en producción láctea, su utilización alternativa en sistemas mixtos, así como en producción de carne (apreciada por el bajo contenido de grasa en los mercados) e incluso como biotipo de elección para los rodeos, aprovechando su rusticidad y capacidad de adaptación a ambientes hostiles (De Alba, 2011).

2. OBJETIVOS

Objetivo general

- Caracterización morfométrica y genética del bovino criollo en la provincia de Manabí (Ecuador)

Objetivos específicos

- Análisis del rango biológico de variación de los caracteres morfométricos, morfológicos y fanerópticos del ganado criollo de Manabí.
- Determinación del nivel de dimorfismo sexual existente en la población
- Caracterización genética basada en los microsatélites del ADN.
- Estimación de la diversidad genética intraracial del ganado criollo de Manabí y relación con otras razas de su contexto.

3.- REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

3.1. MARCO HISTÓRICO

3.1.1.- Domesticación del ganado bovino

El inicio de la actividad ganadera se remonta al período del Neolítico, hace más de 10.000 años atrás, periodo en el que los seres humanos nómadas, es decir, que migraban junto con grandes rebaños de animales en busca de alimento. Se considera que la domesticación de animales y plantas es uno de los avances más importantes de la historia y uno de los prerrequisitos para el surgimiento de las civilizaciones humanas (Diamond, 2002).

Tras los primeros episodios de domesticación, la agricultura se expandió rápidamente a casi todos los hábitats terrestres y el hombre, capturando animales y domesticándolos, fue consciente de la reducción de la incertidumbre en la obtención de alimento aunque esto suponía tener que manejarlos, proveerles de alimento y protegerlos frente a predadores. Así pues, tuvo lugar y se desarrolló el proceso de domesticación en distintas especies, lo que conllevó el desarrollo de los movimientos trashumantes del ganado de unas regiones a otras en búsqueda los mejores pastos, emulando los movimientos naturales de los animales salvajes (Diamond y Bellwood, 2003).

Los principales centros de domesticación y, por tanto, de diversidad genética en las especies ganaderas más importantes se encontrarían en la cadena andina de América del Sur (llamas, alpacas y conejillos de Indias); América central (pavos y patos criollos); las estepas euroasiáticas (caballo); la meseta del Himalaya (yaks); el norte asiático (renos); la zona meridional de la Península Arábiga (dromedario); el área que actualmente corresponde a la península de Irán (camello); y en el caso de la especie que nos ocupa: África nororiental (bovinos y asnos); Asia sudoccidental incluido el Creciente Fértil (ganado bovino, ovino, caprino y porcino); la región del valle del Indo (bovinos, ovejas, cabras, gallinas y búfalos de agua); Asia sudoriental (gallinas y bovino de Bali); China oriental (bovinos, gallinas y búfalos de pantano).

Los estudios sobre domesticación en cualquier especie siempre resultan complejos, si bien la especie bovina es una de las más estudiadas y cuenta con profusa documentación al respecto. Asimismo, esta área de conocimiento puede ser abordada a través de diferentes disciplinas tanto en lo que se refiere a los análisis descriptivos como a la datación de su edad. En el caso del ganado bovino, a los tradicionales análisis zooarqueológicos, que van desde el estudio de las pinturas rupestres en cuevas y los grabados utensilios y enseres, hasta los estudios osteométricos y dentales de los hallazgos arqueológicos de los propios animales, recientemente se le suman los análisis de marcadores genéticos del ADN (nuclear y mitocondrial). En cualquier caso, se hace necesaria una visión multidisciplinar de todas las fuentes de información que contribuya a dar respuesta a todas las incógnitas científicas existentes, especialmente en cuanto a la datación de la edad se refiere dado que aquellas estimaciones basadas en marcadores morfológicos podrían subestimar sin duda la antigüedad de los episodios de domesticación teniendo en cuenta que los animales que participaron en el proceso de domesticación inicial no habrían sido particularmente diferentes de sus antepasados salvajes desde el punto de vista morfológico (Dobney y Larson, 2006). Por su parte, el proceso de datación molecular, si bien es independiente de los cambios morfológicos, se caracteriza por presentar elevadas tasas de error y suele basarse en puntos de calibración

poco fiables. Métodos como las técnicas de obtención de perfiles demográficos que determinan los intentos iniciales de manejar el ganado por parte de la especie humana y la calibración de relojes moleculares mediante el empleo de información de ADN antiguo están ofreciendo nuevas vías para definir las épocas de la domesticación (Zeder *et al.*, 2006).

En cualquier caso, parece ser que cada vez es más cierto que la domesticación del ganado bovino no sólo tuvo lugar en distintas regiones del mundo sino también se llevó a cabo en épocas diferentes, si bien diversos estudios sobre AND mitocondrial ponen de manifiesto que probablemente se produjeron procesos de introgresión genética de formas primitivas entre las poblaciones domesticadas, especialmente en el ganado europeo (Lira, 2010).

A modo sintético, se podría resumir que todos los bovinos actuales proceden del ancestro denominado *Bos primigenius primigenius* o Uro que dio lugar, entre otros, a los dos géneros de bovino doméstico de mayor interés agroalimentario: *Bos taurus* (bovino europeo) y *Bos indicus* (bovino cebú), los cuales se separaron evolutivamente entre sí mucho antes del inicio de la domesticación (Troy *et al.*, 2001). Así pues, el foco más antiguo de domesticación correspondió al *Bos taurus* y tuvo lugar en distintos puntos del área mesopotámica hace entre 8.000 y 9.000 años, mientras que el *Bos indicus* fue domesticado de forma independiente y más tardíamente en torno al Valle del río Indo, en el sur de Asia (Epstein y Mason, 1984) y en el Baluchistán pakistaní donde existen evidencias del retraso en la aparición de la agricultura y el manejo de animales a una antigüedad mínima de finales del VII milenio a.C. (Lira, 2010).

3.1.2. Expansión del ganado bovino por el mundo

Se hace necesario destacar que la expansión del ganado bovino en la edad antigua por muchas regiones del fue consecuencia de la existencia de fuertes migraciones durante largos períodos de tiempo, bien por instinto propio de

supervivencia de los animales o bien por su asociación a las poblaciones humanas que los manejaban a lo largo de las grandes rutas trashumantes. En cualquier caso, la mayoría de los tratadistas señalan que los centros de domesticación constituyeron plataformas de partida para su difusión, en la India, Asia Menor y Egipto, entre los años 6.000-4.000 AC. Desde estos lugares tuvieron lugar dos corrientes migratorias hacia Europa, por dos itinerarios distintos pero teniendo como eje el mar Mediterráneo. Una de ellas recorrió Europa central y la otra, partiendo de Egipto bordea el continente africano, penetrando en la Península ibérica por el estrecho de Gibraltar para encontrarse con la primera (Beteta, 2014).

Posteriormente, en la era moderna, la expansión del ganado bovino por el continente americano proveniente de la introducción de ganado del sur de España tras el descubrimiento y la conquista de América, y de las posteriores migraciones con origen en España, Portugal y algunos países del norte de Europa. Las fuertes presiones selectivas en estos ambientes a lo largo de cientos de años hicieron posible que solo unas pocas poblaciones animales consiguiesen adaptarse y perpetuarse como el ganado criollo que conocemos hoy en día, si bien hay que tener en cuenta que en el siglo XIX tuvo lugar la entrada de animales de tipo cebuino y otras razas mejoradas durante el siglo XX que han influido igualmente en las poblaciones locales (Ajmone-Marsan et al., 2010).

3.1.3.- Origen y evolución de las razas criollas iberoamericanas

El bovino criollo desciende directamente de los animales que llegaron a la isla que actualmente conforman República Dominicana y Haití en 1.493 con motivo del segundo viaje de Colón, extendiéndose posteriormente por todo el continente americano (De Alba, 1987; Primo, 1992; Rodero et al., 1992; Bouzat et al., 1998; Laguna, 1991; y Beteta, 2014). Asimismo, existen distintas referencias históricas sobre la existencia de este ganado en la región de la

costa de Ecuador (Bouzat et al, 1998; Beteta, 2014), aunque la información es insuficiente para el conocimiento del origen, historia y evolución de esta especie en dicho país (De Alba, 197 y Laguna, 1991). Algunos autores describen la existencia de dos poblaciones bovinas de influencia en la conformación del ganado criollo ecuatoriano a partir de su entrada al país en el año 1.532. La primera, a partir de animales provenientes de las Antillas que se extendieron por Venezuela, Colombia, Ecuador y Perú, asentándose finalmente en las regiones de sierra en Ecuador. La segunda corriente bovina, proveniente por vía marítima de Panamá, se extendió por la región de costa ecuatoriana (Bouzat et al., 1998).

Por otra parte, de forma similar a lo ocurrido en relación a la creación del ganado Sanga en el continente africano, en toda Sudamérica ha tenido lugar un proceso de introducción de ganado cebú en las poblaciones de ganado criollo para intentar una mejor adaptación de estas poblaciones a las condiciones tropicales. El ganado criollo proviene en origen de las migraciones que hubo tras el descubrimiento y la conquista de América, que llevó consigo ganado desde España, Portugal y algunos países del norte de Europa. Las fuertes presiones selectivas en estos ambientes hicieron que solo unos pocos grupos consiguiesen adaptarse y perpetuarse como el ganado criollo que conocemos hoy en día, en el que, además, se observan variantes del haplotipo T1 africano debido a esas primeras migraciones desde la península Ibérica (Ajmone-Marsan et al., 2010).

En cuanto al origen del ganado bovino ecuatoriano, no cabe duda que comparte gran parte de la historia de colonización, adaptación y evolución con el resto de poblaciones suramericanas. No obstante, hay dos datos especialmente reseñables en la conformación y evolución de la ganadería bovina de Ecuador: en primer lugar, el papel desempeñado por el conquistador Sebastián de Belalcázar y, en segundo lugar, la importancia de la ruta de Panamá. En el primer caso, el hombre clave, en la fundación de ganaderías en la zona que hoy comprende Colombia, Venezuela y Ecuador, es Sebastián de

Belalcázar, de origen ganadero, tuvo una permanente preocupación por el establecimiento de ganaderías en la región y, por otro lado, la importancia de la vía de Panamá en la introducción de ganado para la colonización del imperio de los Incas, siendo Guayaquil la cabeza de puente continental para proveer de ganado a Chile, Perú, Ecuador y Sur de Colombia desde Panamá (Villalobos et al, 2009).

En el caso del ganado criollo de Manabí (GCM), con independencia de su presumible origen, está en el recuerdo colectivo de los ganaderos de la existencia de unos "*animales de reconocida mansedumbre, resistencia y rusticidad*". Animales adaptados a las condiciones extremas propias de la zona, soportan épocas prolongadas con escasez de alimentos, con capacidad para realizar grandes desplazamientos en una topografía accidentada, viven en condiciones de altas temperaturas, resistentes a enfermedades parasitarias y de gran rusticidad lo que permitía aprovechar adecuadamente los pastos disponibles en las diferentes épocas del año y adaptándose a las condiciones de manejo del propietario. Estos animales eran conocidos como "*manzanillo*", "*cachudo*" o "*cholo*" por los pobladores de la provincia de Manabí y estaban distribuidos por los cantones de Montecristi, Rocafuerte, Puerto López, Porto Viejo y Sucre.

3.1.4.- El ganado bovino criollo en Ecuador

El ganado criollo ecuatoriano ha sido el resultado de varios cientos de años de selección natural sobre un abanico de poblaciones locales asentadas en diferentes regiones del país que contaban con un importante tamaño efectivo de la población fundadora. No obstante, hay que tener en cuenta que a partir de las primeras décadas del siglo XX, en que se inició la introducción de bovinos extranjeros para la producción de carne y de leche (Barsky y Cosse, 1981), En ese sentido, del durante mucho tiempo se pensó que las razas exóticas eran la mejor alternativa para implementación de programas de desarrollo ganadero al atribuir los resultados obtenidos inicialmente a las

aptitudes productivas de las razas introducidas y no al vigor híbrido que produce el mestizaje. Sin embargo, con el transcurso del tiempo y los cruzamientos desordenados se han producido procesos de absorción de la base animal criolla y el número de estas poblaciones disminuyó drásticamente (SICA, 2001).

La base de datos de la FAO sobre poblaciones animales (DADIS) refleja la existencia de 21 poblaciones bovinas en Ecuador (DADIS, 2017), de las cuales cinco son de tipo europeo (*Bos taurus*): Angus, Brown Swiss, Holstein, Jersey, Normanda; otras tres de tipo asiático (*Bos indicus*): Brahman, Gir, Nelore; y doce de ellas criollas: Bravo de Páramo, Chusco, Criollo de la península de Santa Elena, Criollo ecuatoriano, Esmeraldeño, Galapaqueño, Jaspeado manabita, Macabea, Moro, Zarumeño y el resto que podrían considerarse de tipo sintético (Pizán, Sahiwal, Santa Gertrudis).

Bravo del Páramo: Bovino adaptado a las alturas y los páramos ecuatorianos. Se encuentra en las provincias de Carchi, Imbabura, Pichincha, Cotopaxi, Tungurahua y Chimborazo. No se dispone de datos descriptivos específicos de la raza en DAD-IS.

Chusco: Raza adaptada a condiciones de gran altura, por encima de los 3500 msnm. Otras denominaciones: criollo de las sierras o serrano. Los únicos datos descriptivos que figuran en DAD-IS son el peso vivo de 400 y 500 kg para hembras y machos respectivamente; peso al nacimiento de 25 y 30 kg y producción de leche de 240 kg por lactación con 5% de grasa y una duración de 120 días.

Criollo de la península de Santa Elena: Otras denominaciones: criollo de la península. No se dispone de datos descriptivos específicos en el Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos de la FAO (DAD-IS, 2017).

Criollo ecuatoriano: No se dispone de datos descriptivos específicos en el Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos de la FAO (DAD-IS, 2017).

Esmeraldeño: Biotipo ubicado en la provincia del Carchi, en la Sierra ecuatoriana. No se dispone de datos descriptivos específicos en el Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos de la FAO (DAD-IS, 2017).

Galapagueño: Población bovina de origen ibérico, exclusiva y perfectamente adaptada a las condiciones de las Islas Galápagos. La población podría oscilar entre 5.000 y 10.000 cabezas y se encuentra en régimen feral, concretamente en las zonas más áridas de las islas Isabela, San Cristóbal, Santa María y Santa Cruz. Desde el punto de vista descriptivo, según Samandaroff (citado por DAD-IS, 2107), los machos presentan cabeza larga, grande, frente ancha, ojos grandes y vivos, cuernos bien plantados, fuertes y dirigidos hacia los lados, pecho bien formado y musculoso, tronco profundo y amplio, anca bien formada, corta y ligeramente inclinada, cola bien puesta con abundante mechón, la alzada a la cruz es de 120-140 centímetros según la edad y el individuo; todo lo cual les da un aspecto majestuoso y elegante, parecido al ganado de lidia. Por su parte, las hembras tienen cabeza fina y graciosa, cuernos bien plantados y dirigidos lateralmente, cuello delgado y bien proporcionado, tronco profundo y bien desarrollado, cola bien larga y con abundante mechón, ubres bien desarrolladas, esponjosas y bien irrigadas.

Jaspeado Manabita: Este ganado es conocido como manzanillo, cachudo o cholo por los pobladores de la provincia de Manabí, con sus cantones: Montecristi, Rocafuerte, Puerto López, Portoviejo y Sucre. Estos animales son de aspecto musculoso los machos, las hembras bastante femeninas de manto suave y terso con pelo fino y corto, el color del manto es amarillo (bayo) en diferentes tonalidades con blanco, por lo que se le conoce como manzanillo castaño u oscuro, se pueden encontrar animales con manchas blancas en el vientre y extremidades oscuras hasta más arriba de los corvejones y rodilla,

con cabeza y mucosas oscuras, hocico, morro, orejas, cascotes, borla de cola y extremo del escroto pigmentado o negro. La lengua y los cuernos pueden no ser pigmentados. La cabeza bien proporcionada, primigenia de tamaño mediano y fina, con cuernos largos en forma de lira, media luna o corona, que pueden o no ser pigmentados. Perfil recto, cara magra y expresiva, frente ancha y recta, ojos vivos con arrugas alrededor de las órbitas, morro puede o no ser pigmentado. Cuello fuerte y de longitud mediana (delgado).

Macabea: Raza criolla de origen ibérico cuya singularidad radica en su hábitat, ya que es la única raza local Iberoamericana que se formó y se mantiene en la región amazónica ecuatoriana, encontrándose totalmente integrada y adaptada al trópico húmedo desde el punto de vista ecológico y también sociológico, ya que forma parte de las comunidades aborígenes de la región (Vargas et al., 2015). Animales de formato corporal pequeño que guarda un claro paralelismo con el grupo de razas criollas iberoamericanas.

Moro: Biotipo ubicado en la provincia del Carchi, en la Sierra ecuatoriana. No se dispone de datos descriptivos específicos en el Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos de la FAO (DAD-IS, 2017).

Zarumeño: Raza de origen ibérico de capa blanca o encerada cuya tendencia a la capa blanca podría explicarse como ventaja competitiva frente a los constantes azotes de la mosca *Dermatobia hominis* o Nuche. Esta población se desarrolló en zonas cercanas a la villa real de Zaruma, como Miranda y El Bosque, sitios ideales para producción de leche. No es una raza armónica, con tendencia al tamaño excesivo de la cabeza, dorso ensillado, anca caída, inserción alta de la cola, poca anchura del riñón, estrechez de isquiones, falta de refinamiento, poca capacidad abdominal y ubres defectuosas, siendo algunos "defectos" compensatorios, como la mayoría de razas criollas ibéricas, la inserción alta de la cola, aumenta el diámetro vertical y por lo tanto la capacidad de la pelvis, lo cual representa facilidades en el momento del parto; mientras que el anca caída y el lomo ensillado lo habilitaban para las grandes caminatas por terrenos abruptos y escarpados existentes en la zona. Por otra

parte, son animales muy fértiles y longevos, de gran mansedumbre y con destacadas habilidades maternas.

3.1.5. Generalidades del ganado criollo bovino

El bovino criollo es el resultado del proceso selectivo soportando durante cinco siglos por la descendencia del ganado llegado al continente americano procedente de la península Ibérica, bajo la presión de la selección natural, originando una población que se caracteriza por su adaptación y calidad biológica de estos animales a las zonas climáticas (De Alba, 19897).

Primo (1992) manifiesta que el ganado criollo es valioso por su rusticidad, por lo que puede ser utilizado como animal de triple propósito: leche, carne, trabajo. Desde esta perspectiva, sus índices productivos son aceptables bajo las condiciones adversas de crianza con pastos pobres y sequías.

Este ganado es de tamaño mediano, encontrando las hembras con un peso vivo entre 400 y 440 kg, siendo su conformación angulosa, semejante a los tipos lecheros. La inserción alta y adelantada de su cola le facilita el parto, por lo cual los casos de distocia son muy raros. La longevidad y fertilidad de la vaca Criolla hace que no sean raros los casos vientres que a los 13 ó 15 años estén pariendo su décimo segundo ternero. Por su parte, el toro tiene una conformación más carnícera y es de mayor tamaño, oscilando su peso entre 600 y 800 kg, lo que confirma la existencia de un claro dimorfismo sexual (De Alba, 2011).

El ganado criollo tiene gran importancia por ser pie de cría o la población base de los sistemas de producción de gran parte de los países iberoamericanos, debiendo promover programas de desarrollo y mejora ganadera de forma compatible con la conservación de las características de adaptación a dichos ecosistemas (De Alba, 2011).

3.2. MARCO GEOGRÁFICO

3.2.1.- Medio físico

3.2.1.1.- Localización

La provincia de Manabí dispone de una superficie total de 18.893,7 km² que representan el 7,36% del territorio nacional y su población de 1.185.025 habitantes corresponde al 9,8% del total del Ecuador. La longitud de su línea costera desde Cojimíes hasta Ayampe alcanza los 354 Km. y su ancho promedio hasta los límites orientales con Los Ríos, Pichincha y Guayas es de aproximadamente 80 Km. La distancia en línea recta desde los límites Esmeraldas hasta el sur con Guayas es de 250 Km. Manabí está conformada por 22 cantones. Estos son: Portoviejo, Bolívar, Chone, El Carmen, Flavio Alfaro, Junín, Jipijapa, Manta, Montecristi, Paján, Pichincha, Rocafuerte, Santa Ana, Sucre, Tosagua, 24 de Mayo, Olmedo, Jaramijó, Puerto López, Jama, Pedernales, San Vicente.

3.2.1.2.- El clima

El clima de Manabí es cálido, y se encuentra supeditado a la existencia de dos estaciones bien diferenciadas: la invernal y la de verano. El periodo invernal (diciembre-mayo) es el más caluroso. Se caracteriza por un aumento de temperatura y se ve influenciado por la corriente Caliente del Niño, que corre desde de Panamá hacia nuestras costas. El período de verano (junio-diciembre) se encuentra influenciado por la Corriente de Humboldt, que es fría, que corre de Sur a Norte y que al llegar al Cabo Pasado se desvía hacia las Islas de Galápagos o Colón. La Corriente de Humboldt afecta el Cerro de Paján, el cantón Jipijapa, el cantón Montecristi, el cantón Manta, la parte Sur del cantón Sucre hasta el Cabo Pasado, constituyendo así una extensa área que se caracteriza por su sequedad y por una vegetación especial. El resto de la provincia tiene clima cálido y húmedo principalmente en los valles surcados por montañas.



Figura. 1. Mapa de la Provincia de Manabí.

Fuente: <http://www.explored.com.ec/ecuador/manabi.html>

3.2.1.3.- Aspectos geológicos y geomorfológicos

La provincia de Manabí se encuentra atravesada por la cordillera denominada “Costanera” y que tiene su origen en Colonche que nace en la provincia del Guayas. La altura de esta cordillera oscila entre los 400 y 500 metros sobre el nivel del mar. La Cordillera de Colonche ingresa a la provincia de Manabí tomando los nombres de Cerros de Paján, continua hacia el Norte con los Cerros de Puca, los cuales cruzan los cantones Veinticuatro de Mayo y Santa Ana. Luego siguen los Cerros de Las Mercedes, de donde se desprende un ramal que va formando las Tabladas de San Plácido, hasta terminar en las colinas de Portoviejo y Río chico. En el cantón Montecristi existen los cordones aislados de los Cerros de Montecristi con 443 metros de altura y los Cerros de Hojas con 400 metros de altura.

3.2.1.4.- El suelo

En líneas generales, los suelos de la provincia de Manabí son de tipo franco arenosos, limosos y/o arcillo limosos, con profundidad en las zonas altas e inundables en las zonas bajas hacia la costa del pacífico. En cualquier caso, se caracterizan por su textura variable y por una distribución irregular de materia orgánica.

La superficie total alcanza 1.923.000 hectáreas, de la que más de 512.000 hectáreas están dedicadas a pastos cultivados que sirven de base para la alimentación del ganado bovino. Por otra parte, al bosque natural le corresponde alrededor de 311.000 hectáreas, además de un área superior a 163.000 hectáreas orientada a arboricultura tropical. Por otra parte, también se determina la existencia de otras 137.000 hectáreas donde el 50% de la superficie se combina con cultivos de ciclo corto (arroz, maíz, maní, yuca, etc.) mientras que el otro 50% con pastos cultivados. Asimismo, se destaca el espacio total que ocupan los cuerpos de agua artificiales, con un área total de 2.000 hectáreas, resaltando la presa Poza Honda y la Esperanza (INAC, 2014).

3.2.1.5.- Hidrografía

La conformación orográfica de la provincia de Manabí, especialmente en el caso del cruce la cordillera de Chongón-Colonche y la Cordillera de Balzar, impide la existencia de ríos de gran caudal con procedencia en la Cordilla de los Andes, lo que determina la existencia de ciertas zonas de la provincia estén predispuestas a inundaciones en las temporadas invernales de mayor precipitación. El sistema hidrográfico de la provincia nace en la Cordillera Costanera, que la atraviesa de sur a noreste, originando tres vertientes: la del río Esmeraldas, la del río Guayas y la del océano Pacífico. No obstante, destaca la presencia de los ríos Chone y Portoviejo como únicos ríos de cauce profundo.

3.2.2.- Medio biótico

3.2.2.1.- La vegetación

Dados los climas de tipo tropical seco y tropical húmedo, la vegetación existente se corresponde con la de sabana y bosques de tipo deciduo, semi-deciduo y bosque lluvioso de tierras bajas. La sabana verdadera, en el sentido de pastizal (con predominio de gramíneas) al descubierto con árboles dispersos, está probablemente limitada en la mayoría de los casos a llanuras aluviales con suelos profundos. En las áreas de sabana en las llanuras aluviales, son comunes árboles esparcidos de Mimosaceae, tales como *Samanea saman* con su corona ancha y con forma de paraguas y *Pseudosamanea guachapele*. El bosque deciduo con un dosel relativamente cerrado y la casi ausencia de gramíneas predomina en la misma región en suelos rocosos, poco profundos en los cerros. El elemento florístico más conspicuo del bosque deciduo es el árbol *Ceiba trichistandra* con su tronco grotesco, grueso y torcido y corteza verde, la cual es fotosintética durante la estación seca cuando los árboles carecen de hojas; Otros árboles son también comunes, tales como *Eriotheca ruizii*, *Pseudobombax guayasense*.

Finalmente, la vegetación del bosque lluvioso de las tierras bajas es alto, denso y siempreverde, con el dosel frecuentemente de 30 m o más de altitud y una diversidad alta de especies.

3.2.2.2.- La fauna

La fauna predominante son las aves, incluyendo determinadas especies raras y coloridas de pájaros, así como algunos mamíferos, anfibios y reptiles. En las zonas de rivera son importantes también la presencia de invertebrados en las riveras y también de especies bioacuáticas, dada la gran biodiversidad piscícola del país.

3.2.3.- Uso y propiedad de la tierra

Según los últimos datos oficiales publicados por el Instituto Nacional de Estadística y Censos (INEC, 2016), la mayor parte de la tierra cultivable de Ecuador está destinada a Pastos cultivados con un 29,4% de superficie, seguida de la superficie de Pastos naturales (11,9%). Asimismo, los Cultivos permanentes representan un 11,8% y los Cultivos Transitorios y Barbecho suponen otro 8,4% del territorio. Por su parte, la superficie forestal del país, en Montes y Bosques, se sitúa en el 30,3%. Este análisis estructural nos informa de la importancia de la ganadería ecuatoriana ligada a la base territorial, dada la elevada proporción de superficie útil dedicada a la producción de pastos, siendo la explotación de la especie bovina, con casi 6 millones de cabezas, la primera producción pecuaria del país de forma destacada con respecto al resto de las especies ganaderas.

En otro orden de cosas, al analizar el uso del suelo por regiones: Costa, Sierra y Oriente en lo que respecta al aprovechamiento ganadero, se determina que, aproximadamente, la tercera parte de la superficie útil, tanto en la Región Costa (33%) como en la Región Oriental (32,5%), están ocupada por Pastos cultivados, mientras que en ambos casos el 5% del territorio corresponde a

Pastos naturales. Por su parte, en la Región Sierra, se observa que los Pastos naturales (25,2%) predominan sobre los Pastos cultivados (21,8%). Asimismo, en esta área se encuentra la mayor proporción de suelo forestal al contabilizar un 53,4% del espacio ocupado por Montes y Bosques.

En la Tabla 1 se muestra la distribución del uso del suelo ecuatoriano, según provincia, donde se informa del número de hectáreas existentes en pastos cultivados, pastos naturales, cultivos permanentes, cultivos transitorios, superficie total y porcentaje total.

Tabla 1. Uso y distribución de la tierra en Ecuador, según provincia y tipología de cultivo/aprovechamiento, a fecha 31/12/2015.

Provincia	Pastos Cultivados	Pastos naturales	Cultivos permanentes	Cultivos transitorios	Total	%
Manabí	840.7489	113.823	193.167	98.224	1.245.963	16,9
Guayas	203.085	75.806	265.264	267.635	811.791	11,0
Los Ríos	86.047	22.024	221.596	230.622	560.288	7,6
Loja	94.968	337.909	47.595	60.765	541.237	7,3
Esmeraldas	229.753	9.741	191.751	12.523	443.768	6,0
Morona	372.424	38.866	11.780	8.934	432.005	5,9
Pichincha	195.807	98.011	55.709	27.815	377.342	5,1
El Oro	237.301	8.220	93.442	9.057	348.020	4,7
Azuay	94.409	199.699	4.743	23.750	322.600	4,4
Bolívar	132.280	90.174	35.140	38.637	296.230	4,0
Zamora Chinchipe	154.391	44.500	11.333	4.154	214.378	2,9
Sto Domingo	145.922	1.063	52.525	5.269	204.779	2,8
Sucumbíos	106.294	4.343	54.039	8.207	172.884	2,3
Pastaza	131.970	4.878	11.641	3.257	151.746	2,1
Cañar	53.458	61.286	27.084	7.590	1149.418	2,0
Imbarura	57.667	42.141	15.174	17.644	132.626	1,8
Tungurahua	32.390	31.677	9.651	20.665	124.383	1,7
Carchi	29.609	55.409	4.266	15.941	105.225	1,4
Napo	80.286	3.076	8.441	1.903	93.906	1,3
Orellana	30.886	7.040	27.548	16.450	81.925	1,1
Santa Elena	12.759	14.411	3.387	8.371	38.927	0,5

Fuente: Instituto Nacional de Estadística y Censos. Ecuador.

Por otro lado, al realizar un análisis de tendencia sobre la última década, se observa la superficie de cultivos permanentes presenta una tasa de crecimiento positiva del 1,25%, aproximadamente; la categoría de cultivos transitorios muestra una tasa media de variación del -0,91% y, en los que respecta a pastos, los Pastos cultivados presentan un ligero incremento (0,45%), mientras que, en los Pastos naturales, el comportamiento claramente descendente durante este mismo periodo (-8,24%).

En Ecuador coexisten tres modalidades de tenencia de la tierra: propiedad privada, comunal y estatal, representado cada una de ellas distintos tipos de uso y aprovechamiento y de formas de vida. Según el Censo Nacional Agropecuario (INEC, 2016), la tipología predominantes es la propiedad privada sobre el resto de modalidades. Así, el 94,5% de la superficie agrícola (11.680.469 ha) es de propiedad privada; el 4,9% es de propiedad comunal (602.862 ha) y, solamente, el 0,6%, es decir, 73.261 ha, son tierras de instituciones públicas. En la provincia de Manabí, la proporción de superficie de tierra en manos privadas es ligeramente mayor a la media nacional.



Figura 2. Detalle de superficie de pastos en explotación bovina de doble propósito en la provincia de Manabí.

3.2.4.- Características de los sistemas de producción del Ganado Criollo de Manabí

Según Torres (2015), los sistemas de producción del ganado criollo de Manabí son mixtos de doble propósito (DP) y constituyen la actividad principal de numerosas familias en la provincia ecuatoriana. La explotación tipo desarrolla una modalidad familiar de subsistencia que combina la actividad agrícola con la ganadera. La dimensión media es de 16 vacas en una superficie de 44 ha, consumiendo pastos naturales, subproductos agrícolas y pastos cultivados: principalmente saboya (*Panicum maximum*), gramalote (*Axonopus affinis*) y elefante (*Pennisetum purpureum*). La productividad diaria por explotación se sitúa en torno a 52 litros de leche diarios y tiende a un parto por vaca y año. El perfil de los productores es de 53 años de edad con cinco miembros en la unidad familiar, 24 años de antigüedad en la actividad y el 85% de los productores desean continuar con la actividad. Destaca el elevado número de productores (97,8%) que destinan la mayor parte de la producción a canales comerciales cortos favoreciendo la viabilidad económica.



Figura 3. Ejemplar de la población de Ganado Criollo de Manabí, de capa jaspeada o también denominada chorreada o atigrada.

3.3. MARCO LEGAL E INSTITUCIONAL

3.3.1.- Situación del bovino en Ecuador

Ecuador dispone de un censo en torno a 4,6 millones de cabezas de ganado, correspondiendo a la provincia de Manabí la mayor concentración de animales, con aproximadamente 1,06 millones de cabezas (23,22%), una tercera parte se corresponden al ganado criollo (INEC, 2016). La modalidad de producción del ganado criollo se corresponde con el sistema de DP de tipo familiar y uso múltiple del territorio, con pastoreo directo, utilización de subproductos agrícolas, escaso nivel tecnológico y bajo nivel de inversiones (Torres et al., 2015).

Del estudio relativo a preferencia de los productores en las razas criollas lecheras tropicales (CLT) en países de Latinoamérica, se desprende la ausencia de estudios de caracterización y comportamiento productivo de estos animales, siendo la inexistencia de información sobre estas razas el principal problema apreciado por productores y asesores técnicos sobre el uso de razas criollas en Ecuador (Torres et al., 2015). Sin embargo, este estudio refleja que los investigadores y académicos identifican hasta 20 razas criollas lecheras tropicales en 10 países diferentes, entre las que destacan cinco poblaciones distintas en Ecuador: Pizan, Cuenca, Loja, Jaspeado manabita y Galapagueño.

3.3.2.- Situación del bovino en la provincia de Manabí

Dentro del sector primario, la provincia de Manabí combina la agricultura y la ganadería, siendo la explotación de bovino en sistema de producción de doble propósito (en adelante, DP) la principal actividad pecuaria. En el caso de la agricultura, predomina el cultivo de maíz (*Zea mays*), arroz (*Oryza sativa*), banano (*Musa acuminata*), palma africana (*Elaeis guineensis*) y caña de azúcar (*Saccharum officinarum*, si bien, coincidiendo con Angón et al. (2013), el

recurso tierra compite con otras actividades agrarias en función de los márgenes. En cualquier caso, la provincia de Manabí concentra el 9,4% de la producción de leche aunque la información respecto al conocimiento de los sistemas bovinos de DP es aún escasa.

No obstante, según los resultados preliminares obtenidos (Torres, 2015) muestran que el sistema bovino de DP de la zona tropical de la costa de la provincia de Manabí (Ecuador) es el más frecuente (95,5%), siendo igualmente propietarios de los predios una proporción del 95,5%. Esta modalidad productiva responde a un sistema familiar, mixto de uso múltiple (agricultura y ganadería) basado en el pastoreo directo, el aprovechamiento de subproductos y un escaso nivel tecnológico y de inversiones.

La dimensión media de las explotaciones es de 16 vacas y 44 ha, con alta variabilidad entre explotaciones. La mayor parte de la producción se transforma y se destina a canales de comercialización cortos que favorecen la viabilidad económica del DP. Por otro lado, el sistema de DP tiene como objetivo prioritario la responsabilidad social focalizada hacia una renta mínima, la provisión de alimentos y la generación de autoempleo digno de un segmento social excluido de otros mercados laborales y con bajo costo de oportunidad. Los productores son de mediana edad y presentan bajo nivel de formación y asociacionismo. Mayoritariamente tienen intención de continuar en la actividad, visualizan el relevo generacional y su mayor preocupación se asocia a temas de inseguridad y robos en la explotación. Asimismo, la rentabilidad obtenida se sitúa en el orden del 40% para la producción de leche y 14, 28% para la producción de carne.

Finalmente, se evidencia la existencia de iniciativas a favor de la implementación de Planes de desarrollo ganadero enfocados al apoyo y mejoramiento de las técnicas de manejo y cuidado del ganado bovino, con este fin se emprenden programas de capacitación y formación de promotores en el mejoramiento genético del hato ganadero de la provincia.

3.3.3.- Marco normativo zootécnico en Ecuador

Con fecha 5 de mayo de 2016, tuvo lugar la publicación de la Resolución 059 de 23 de marzo de 2016 –Registro Oficial, núm. 748- (MAGAP, 2016) sobre la Normativa técnica aplicable para el Registro Oficial de Asociaciones de Criadores y Registros Zootécnicos de Razas Bovinas Puras y/o Sintéticas, todo ello de conformidad con el artículo 400 de la Constitución de la República del Ecuador relativo a la soberanía sobre la biodiversidad; y el artículo 7 de la Ley Orgánica Del Régimen de la Soberanía Alimentaria relativo a la *“recuperación, uso, conservación y desarrollo de la agrobiodiversidad y de los saberes ancestrales vinculados a ella. Las leyes que regulen el desarrollo agropecuario y la agrobiodiversidad crearán las medidas legales e institucionales necesarias para asegurar la agrobiodiversidad, mediante la asociatividad de cultivos, la investigación y sostenimiento de especies, la creación de bancos de semillas y plantas y otras medidas similares así como el apoyo mediante incentivos financieros a quienes promuevan y protejan la agrobiodiversidad”*.

El objetivo propuesto radica en el mejoramiento genético a través de la ejecución de la normativa técnica aplicable para el registro oficial de asociaciones de razas puras y/o sintéticas y depende de la eficiencia de los registros que garanticen la genealogía de los animales por raza y aseguren sus registros.

Asimismo, se pretende el desarrollo de una ganadería por medio del inventario, caracterización y manejo de las razas ganaderas.

3.3.3.1.- Organización

El marco zootécnico ecuatoriano se estructura en 2 títulos, 4 capítulos, 9 secciones, 36 artículos y 3 disposiciones transitorias, observando un enorme paralelismo estructural con la base legislativa del marco zootécnico español (MARM, 2009), si bien carece de Catálogo Oficial de Razas Ganaderas en el caso de Ecuador.

Tabla 2. Estructura del marco normativo zootécnico de Ecuador en el caso de la especie bovina.

Título I	Generalidades
Capítulo I	<i>Autoridad nacional competente, objeto y ámbito de aplicación.</i>
Título II	Registro oficial de razas bovinas puras y/o sintéticas
Capítulo I	<i>Definiciones, competencias y registro oficial de razas</i>
Capítulo II	
Sección I	<i>De las asociaciones de criadores de bovinos de razas puras y/o sintéticas</i>
Sección II	<i>De los establecimientos inscritos en las asociaciones de criadores de razas puras y/o sintéticas oficialmente reconocidas.</i>
Sección III	<i>De los libros genealógicos</i>
Sección IV	<i>Del control de rendimientos y programa de mejora</i>
Sección V	<i>Sistema Nacional de Información y Bases de datos de las razas</i>
Sección VI	<i>Reproducción y Bancos de germoplasma</i>
Sección VII	<i>Ferias ganaderas de la raza</i>
Sección VIII	<i>Órganos de coordinación</i>
Sección IX	<i>Laboratorios y Centros de genética</i>
Capítulo III	<i>Importaciones</i>
Capítulo IV	<i>Información y Registros</i>

3.3.3.2.- Estructura y Funcionamiento del Libro Genealógico

La organización de los libros genealógicos del ganado vacuno en Ecuador viene regulada los artículos 18, 19 y 20 de la referida Resolución 059, de 23 de marzo de 2016, de la forma que sigue:

División del libro genealógico: *Todo libro genealógico deberá ser específico para cada raza y estará integrado, al menos, de una Sección Principal, que podrá estar formada por los siguientes registros:*

- *Registro de Servicios: Para aquellos animales de ambos sexos que hayan participado en un servicio, inseminación o transferencia de embriones.*
- *Registro de Nacimientos: Para aquellos animales de ambos sexos que cumplan las condiciones del artículo 19 y los reglamentos específicos para cada raza.*
- *Registro Definitivo: Para aquellos ejemplares reproductores que procedan del registro de nacimientos y cumplan las condiciones del artículo 19 y los reglamentos específicos para cada raza.*

Además, salvo en los supuestos en que, de conformidad con la normativa internacional no sea posible, podrán constituirse los siguientes registros o secciones anexas, que se ajustarán a los criterios técnicos de cada raza:

- *Registro Fundacional: Para libros genealógicos de nueva creación o que cuentan con pocos ejemplares registrados, en el que se incluirán, siempre referidos a una fecha límite desde la creación del libro o registro, aquellos animales que cumplan las características mínimas de la raza o las condiciones establecidas reglamentariamente para la apertura de ese nuevo registro.*
- *Sección Auxiliar: Para aquellos animales o sus descendientes, o sólo para las hembras, en su caso, que, o bien tienen alguna genealogía desconocida, o bien no fueron registrados en su momento, pero que superen la prueba de valoración o calificación prevista para cada raza y demuestren - por sí mismos o a través de sus descendientes- unas cualidades fenotípicas, productivas o funcionales notables, siempre de acuerdo con los reglamentos específicos para cada raza.*
- *Registro de Méritos: En él se inscribirán los animales reproductores pertenecientes a la sección principal que hayan demostrado unas cualidades genéticas y fenotípicas sobresalientes, de acuerdo los reglamentos específicos para cada raza.*

Inscripción de los animales en el libro genealógico: Sólo podrán ser objeto de inscripción, en sus respectivos libros genealógicos, los ejemplares en los que concurren las circunstancias que se especifican en esta normativa, y en el reglamento específico de cada raza.

- a) En la Sección Principal del libro genealógico correspondiente a cada una de las razas se inscribirán los animales que cumplan, al menos, los siguientes requisitos:
- Provenir de padres y abuelos inscritos o registrados en el libro genealógico de la misma raza. No obstante lo anterior, en las razas cuyo reglamento específico disponga que la inscripción de padres y abuelos haya sido realizada en la sección principal del libro genealógico, el registro fundacional se considerará, a estos efectos, parte de la sección principal del libro genealógico.
 - Haber sido declarada la cubrición, la inseminación artificial o la transferencia de embriones por el ganadero o un profesional responsable de la misma en el libro de servicios, y haber sido declarado el nacimiento en el libro de nacimientos por el procedimiento establecido a estos efectos por la asociación de criadores gestora del libro genealógico, o por vía telemática, en su caso. Se podrán establecer excepciones para la exigencia de declaración de cubrición en el caso de las razas explotadas en sistema extensivo, conforme se detalle en el reglamento específico de cada raza.
 - Haber sido identificados de acuerdo con lo previsto en la presente normativa.
 - Tener establecida una filiación, con arreglo a las normas del libro genealógico de cada raza y a las disposiciones del artículo 20 del presente instrumento legal.

b) En el Sección Auxiliar del libro genealógico podrán ser inscritos o registrados los ejemplares que se encuentren en alguno de los siguientes casos:

- Cuando una hembra no responda a los requisitos exigidos para ser inscrita en la Sección Principal (Registro de Servicios, Registro de Nacimientos y Registro Definitivo), la asociación de criadores que gestione el libro genealógico podrá decidir que dicha hembra sea inscrita o no en la sección auxiliar de dicho libro, siempre que responda a las siguientes exigencias:
 - Ser identificada de acuerdo con las normas establecidas en el libro genealógico.
 - Ajustarse al patrón estándar de la raza. Responder, en el caso de existir, a los criterios de rendimientos mínimos fijados, según las normas establecidas en el programa de mejoramiento.
 - Las dos últimas exigencias mencionadas en el apartado anterior podrán ser diferenciadas, según que dicha hembra pertenezca a dicha raza, aunque carezca de origen conocido.
 - Exclusivamente en las razas en que así lo permita la normativa, los machos que cumplan los requisitos que al efecto apruebe la autoridad competente.

c) Sin perjuicio de lo anterior: i. La hembra cuya madre y abuela estén inscritas en la Sección Auxiliar del libro, de acuerdo con los criterios señalados en el apartado C, y cuyo padre y dos abuelos estén inscritos en la Sección Principal (Registro de Servicios, Registro de Nacimientos o Definitivo), será considerada hembra de raza pura y se inscribirá en la citada Sección Principal, siempre de acuerdo con la normativa. Aquellos animales inscritos en la Sección Auxiliar de los que pueda demostrarse

la ascendencia genealógica necesaria para acceder a la Sección Principal, por marcadores genéticos o, en su caso, mediante otros medios o mecanismos válidos y reconocidos internacionalmente, que deberán ser determinados, podrán ser inscritos en dicha Sección Principal. iii. Los ejemplares procedentes de otro país que satisfagan los reglamentos específicos de cada raza, podrán inscribirse en el Registro de un libro genealógico a cuyos criterios corresponda, siempre que vayan acompañados de la documentación que contenga los datos necesarios para practicar dicha inscripción, de acuerdo con la normativa específica de raza. Ninguna asociación reconocida oficialmente podrá oponerse a tal inscripción en su libro genealógico.

Filiación:

Las Asociaciones de criadores oficialmente reconocidas y las autoridades competentes deberán establecer mecanismos de control de filiación para garantizar las genealogías de los animales inscritos en los libros genealógicos de cada raza, a través de análisis de los marcadores genéticos o en su caso mediante otros medios o mecanismos válidos y reconocidos por la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG, por sus siglas en inglés) que deberán ser determinados en los Reglamentos Específicos de la raza y ser acordes a las indicaciones del Centro Nacional de Referencia en Genética Animal.

El control de filiación de los animales inscritos en los libros genealógicos se llevará a cabo mediante un muestreo aleatorio y un control obligatorio. El muestreo aleatorio se hará sobre los ejemplares existentes en las ganaderías de esa raza, y prioritariamente sobre los que hayan sido obtenidos mediante la aplicación de técnicas de reproducción asistida; mientras, el control obligatorio se realizará en los siguientes casos:

Para los machos que participen en pruebas de valoración individual. ii. Para los machos destinados a la reproducción, ya sea mediante la inseminación artificial, o por monta natural

En todo caso, las asociaciones de criadores oficialmente reconocidas para la gestión del libro genealógico podrán establecer que, con carácter obligatorio, se lleve a cabo el control de filiación en las poblaciones que se considere necesario.

3.3.3.4.- Valoración de reproductores

Según el artículo 23 de la Resolución 059, de 23 de marzo de 2016, (MAGAP, 2016), la valoración de los reproductores será responsabilidad de las asociaciones de criadores oficialmente reconocidas para llevar los libros genealógicos y/o rendimiento lechero o cárnico o por la entidad competente respectiva. Dicha evaluación genética deberá realizarse en base a las siguientes modalidades:

- i. Valoración por ascendencia: válida tanto para elegir los progenitores que se utilizarán en los apareamientos dirigidos como para la elección de los animales candidatos a sementales en la subsiguiente valoración individual del animal. Podrán tenerse en cuenta un mayor o un menor número de generaciones que les preceden, y la información contendrá valores genéticos (maternos y paternos), y características fenotípicas y genealógicas.
- ii. Valoración individual del animal: es la que se lleva a cabo directamente sobre el individuo, a través de la comprobación de sus características y el control de sus rendimientos. Se podrá efectuar en campo, en estación o en otros lugares autorizados por la asociación respectiva o por la entidad competente.
- iii. Valoración por la descendencia y colaterales: es aquella que se hace sobre un individuo a través de los controles de la progenie y los animales relacionados por parentesco, distribuidos en las distintas haciendas.

La evaluación genética se llevará a cabo basándose en la información genealógica y fenotípica. Los resultados se expresarán en forma de valores genéticos, en la documentación genealógica y en los catálogos de sementales y hembras mejorantes de la raza para los distintos objetivos de selección. Al publicar los resultados de la evaluación, se incluirán los datos sobre la fiabilidad y la fecha de evaluación. Asimismo, dicha evaluación se podrá complementar con el cálculo de índices sintéticos específicos para cada objetivo.

Los métodos estadísticos aplicados en la evaluación genética de los animales, y la precisión de ésta, deberán ajustarse a la normativa y a los principios establecidos por el Comité Internacional de Registro Animal para la comprobación de rendimientos del ganado (ICAR).



Figura 4. Detalle de la cabeza y tronco en un animal de la muestra estudiada de GCM, donde pueden observarse algunas de las variables fanerópticas y morfológicas consideradas.

3.4. MARCO CONCEPTUAL METODOLÓGICO

3.4.1.- Concepto de raza

Sin duda alguna, el concepto de raza es uno de los elementos más controvertidos de la zootecnia, tanto que en la comunidad científica podemos diferenciar la existencia de situaciones tan extremas entre sí que varían desde las posiciones que defienden de los etnólogos más ortodoxos o puristas (Sierra, 2001; Rodero y Herrera, 2000; entre otros) hasta aquellas otras netamente escépticas o incluso que podrían considerarse como negacionistas de este propio concepto (Orozco, 1985).

A continuación se exponen algunas de las definiciones más relevantes que han sido postuladas por algunos de los tratadistas más importantes de la historia en el ámbito de la zootecnia:

“Colectividad de individuos que poseen un conjunto de caracteres distintivos y transmisibles por generación” (González Pizarro, 1903).

“Grupos de poblaciones que de hecho o en potencia son capaces de mezclarse y que reproductivamente se hallan aislados de otros grupos semejantes”. (Mayr, 1949).

“Conjunto de individuos con caracteres morfológicos, fisiológicos y psicológicos propios, por los que se les distingue de otros de su misma especie y que son transmisibles por herencia dentro de un margen de fluctuación conocido” (Aparicio Sánchez, 1956).

“Grupo segregado de la población que por sus características morfológicas y fisiológicas demuestran poseer un origen común, cuyo exterior y producción media lo distinguen de los demás grupos de la misma especie, y que transmiten esos caracteres a su descendencia” (Inchausti y Tagle, 1967).

“Una población de animales domésticos que cumple con las siguientes condiciones: caracteres heredables que la identifican; los criadores han constituido formalmente una asociación de criadores para la gestión de la raza; y cuenta con el reconocimiento de las Administraciones Públicas”. (Lerner y Dolnald, 1969)

“Grupo de animales de características similares que reproduciéndose entre sí dan una progenie del mismo tipo, dentro de los estándares publicados por la organización de registro” (Alderson, 1974).

“Una población de orden subespecífico que posee identidad genética, presentando la descendencia una semejanza en los caracteres étnicos (dentro de una media y varianza presumible), cuando se desarrolla dentro del mismo nicho ecológico al de los progenitores”. (Aparicio Macarro, 1987).

“Poblaciones que se distinguen por un conjunto de caracteres visibles exteriormente, que están determinados genéticamente y que se han diferenciado de otras de la misma especie a lo largo de proceso histórico, teniendo en cuenta que se han originado y localizado en un área determinada con un ambiente común”. (Rodero y Herrera, 2000)

“Grupo subespecífico de animales domésticos con características externas definidas e identificables que le permite ser diferenciado por apreciación visual de otros grupos definidos de la misma especie”. (Scherf, 2000),

“Raza es un concepto técnico-científico, identificador y diferenciador de un grupo de animales, a través de una serie de características (morfológicas, productivas, psicológicas, de adaptación, etc.) que son transmisibles a la descendencia, manteniendo por otra parte una cierta variabilidad y dinámica evolutiva” (Sierra, 2001)

“Las razas son conceptos culturales más que entidades físicas, y el concepto varía de un país a otro. Para que sea posible llevar a cabo una ordenación sostenible, es necesario considerar y comprender la diversidad en los ámbitos de la especie, entre las razas y dentro de las mismas razas. En los 12.000 años transcurridos desde la primera domesticación, se han desarrollado más de 7.000 razas de animales domésticos. Estas razas representan ahora combinaciones únicas de genes. Por tanto, todos los recursos zoogenéticos son el resultado de la intervención humana, y estos recursos, a diferencia de la biodiversidad silvestre, requieren una gestión humana permanente y activa”. (FAO, 2007)

Según, De Alba (2011), las razas son poblaciones que se distinguen por un conjunto de caracteres visibles exteriormente, que están determinados genéticamente y que se han diferenciado de otras de la misma especie a lo largo de proceso histórico, teniendo en cuenta que se han originado y localizado en un área determinada con un ambiente común.

3.4.2.- Caracteres descriptores y diferenciadores de base etnogenética.

Coincidiendo con Sierra (2001), son tres los grupos de caracteres descriptores y diferenciadores de base etnogenética que mayoritariamente son empleados en estudios de caracterización racial: a) De tipo morfológicos y faneróptico; b) De tipo fisiozootécnico; y c) y marcadores genéticos como predictores raciales.

Los caracteres morfológicos (morfométricos y morfológicos propiamente dichos) y fanerópticos son aquellos que nos concretan determinados valores fenotípicos del exterior del animal como el tamaño, peso, perfil, medidas, color, tipo de piel, pelo, lana, cuernos, plumas, etc., lo que permite una rápida descripción y diferenciación racial *de visu*.

Los caracteres fisiozootécnicos actúan como descriptores externos de una serie de parámetros fisiozootécnicos siendo estimados a partir de los registros o controles pertinentes. Dentro de ellos y, referidos específicamente a la especie bovina, se pueden diferenciar: a) De tipo productivo: orientación láctea (cantidad y calidad de la leche), orientación cárnica (pesos y crecimientos en el comportamiento individual de los terneros, rendimiento y calidad de la canal y de la carne, entre otros); b) De tipo reproductivo: fecundidad, fertilidad, prolificidad, intervalo entre partos en las hembras, así como la libido y parámetros de calidad macro y microscópica del semen en los machos, sin menoscabo de todos aquellos del área biotecnológica de la reproducción asistida comunes a ambos sexos: ; de comportamiento o psicológicos, capacidad de adaptación, etc.; c) De tipo funcional, de comportamiento o psicológicos: lidia, arrastre o cabestraje, entre otros; d) De capacidad de adaptación, etc.

Finalmente, los marcadores genéticos, especialmente los microsatélites, aunque aún no poseen una capacidad definitiva a la hora de describir y diferenciar razas de ganado, sin embargo suponen un apoyo complementario de gran importancia. En este sentido, para algunos autores, la valoración de distancias genéticas entre poblaciones animales podría permitir diferenciar dichos grupos (razas) en virtud de las frecuencias alélicas correspondientes, ya que estas distancias pueden ser debidas tanto a mutaciones y deriva genética, como a selección natural y artificial. Desgraciadamente los *loci* responsables de las diferencias debidas a dicha selección natural y artificial no suelen estar disponibles para el análisis de las distancias genéticas (Molina, 2001), con lo que difícilmente este método puede ser suficientemente fiable para diferenciar razas en base a procesos selectivos artificiales ya que son caracteres neutros, pero si son válidos para estudiar las dinámicas naturales de las poblaciones. El estudio de las distancias genéticas a partir de microsatélites además puede ser más útil para evaluar la variabilidad intra-raza (Barker *et al.*, 1993), la estabilidad genética de las poblaciones (equilibrio), la identificación genética de

individuos y poblaciones, la trazabilidad genética y la pertenencia de individuos a poblaciones, entre otros aspectos, .

En definitiva, reiterando nuestras coincidencias con buena parte de los criterios expuestos por Sierra (2001) en su análisis del Concepto de raza: evolución y realidad, quien a su vez se basa en postulados de Ponzoni (1997) e incluso Cavalli-Sforza (1995), la forma óptima de caracterizar y diferenciar las razas sería mediante la inclusión en el estudio de los caracteres morfológicos y fisiozootécnicos así como también se hace necesario tener en cuenta los marcadores genéticos del ADN.

3.4.3.- Caracterización zoométrica, morfológica y faneróptica

La caracterización racial basada en las variables externas de los animales asienta sobre tres elementos claramente diferenciados entre sí: zoometría, morfología y faneróptica. En este sentido, la zoometría permite estudiar la dimensión de las regiones corporales del animal mediante mediciones concretas y de su variación normal para una determinada población (Torrent, 1982), por cuanto se basa en distintas medidas e índices que vienen determinadas por variables de tipo cuantitativo (Herrera, 2003), mientras que el análisis de las variables relativas a la morfología del animal (conformación) se considera habitualmente como de caracteres subjetivos (Dalton, 1980), si bien aportan información de gran relevancia zootécnica. En este caso, se trata de determinadas variables, que si bien pudiesen someterse a un análisis cuantitativo, se miden por apreciación visual directa sin utilizar técnicas analíticas mediante un ejercicio mental, basándose en la valoración de la forma o la comparación de la forma de una región corporal de un individuo con el ideal de la raza, tanto en una visión general como regional, siguiendo los criterios expuestos por Hernández (2000). Así pues estos caracteres se asimilan a variables de naturaleza cualitativa, exigiéndose al calificador/valorador una gran capacidad de observación sin perjuicio de la

capacitación técnica pertinente. Finalmente, el estudio faneróptico se centra en el análisis de variables de naturaleza estrictamente cualitativa, principalmente referidas a la piel, como es el caso de los caracteres de la dermis, coloraciones, dotación glandular, caracteres del pelo, encornaduras, pezuñas, etc.

3.4.3.1. Morfometría

Teniendo en cuenta que la zoometría estudia las formas de los animales mediante mediciones corporales concretas que nos permiten cuantificar la conformación corporal, coincidimos con Parés (2009) en que la actualidad de trata de una técnica que ha perdido aplicación en producción animal dado que actualmente se da más importancia a los caracteres netamente productivos. No obstante, la zoometría constituye una herramienta básica en la implantación de programas de desarrollo ganadero al resultar esencial en la descripción y caracterización de las razas animales así como en la posterior inscripción de animales en libros genealógicos. En este sentido, el ganado bovino es la segunda especie más estudiada en este campo científico, por detrás de la especie equina, tal y como se demuestra al revisar los grandes tratados históricos de etnología, como es el caso del demonizado “Exterior de los Grandes Animales Domésticos” (Aparicio, 1956) como uno de los tratados más estudiado en España.

Por otra parte, en el contexto iberoamericano, aunque han sido muchos los trabajos de caracterización racial desarrollados en las últimas décadas, en el caso de Ecuador es necesario promover la realización de trabajos de caracterización zoométrica de las razas tropicales que permita definir con más precisión las medidas bovinométricas así como establecer las correlaciones que pudiesen existir con parámetros productivos y reproductivos, en consonancia con lo preconizado por Edwards (1992) en la especie equina.

Variables zoométricas:

Las principales medidas lineales se agrupan en cuatro bloques: a) medidas de alzada: alzada a la cruz, alzada al dorso, alzada a la grupa, alzada al nacimiento de la cola y alzada al esternón; b) medias de longitud: longitud de la cabeza, longitud craneal, longitud facial, diámetro longitudinal, longitud occípito-coxígea, y longitud ilio-isquiática o de la grupa; c) medias de anchura: anchura de la cabeza, anchura craneal, anchura facial, diámetro bicostal, diámetro entre encuentros y anchura de la grupa; y d) perímetros: perímetro torácico, perímetro del carpo, perímetro de la caña anterior, perímetro de la caña posterior y perímetro abdominal.

Anchura de la cabeza (ACF). Distancia máxima existente entre los puntos más salientes de los arcos cigomáticos u órbitas. Tomada con compás de brocas.

Longitud de la cabeza (LCF). Distancia máxima existente entre la protuberancia occipital externa (nuca) y el punto más rostral o anterior del labio maxilar. También denominada Longitud cefálica total. Tomada con compás de brocas.

Longitud de la cara (LR). Distancia existente entre el punto medio de la línea imaginaria que une los arcos cigomáticos y el punto más rostral o anterior del labio maxilar. También denominada longitud facial. Tomada con compás de brocas.

Longitud del cráneo (LCR). Distancia existente entre la protuberancia occipital externa y el punto medio de la línea imaginaria que une los arcos cigomáticos. Tomada con compás de brocas.

Alzada a la cruz (ACR). Distancia existente entre el punto más culminante de la cruz (entre 3ª y 4ª apófisis espinosas de las vértebras torácicas) y el suelo, la protuberancia occipital externa y el punto medio

de la línea imaginaria que une los arcos cigomáticos. Denominada también alzada principal o talla. Tomada con bastón zoométrico.

Diámetro bicostal (DBC). Distancia existente entre ambos planos costales a nivel de la 5ª costilla (en la zona más próxima a la axila). Denominada también anchura torácica. Tomada con bastón zoométrico.

Distancia entre encuentros (DEE). Distancia existente entre los puntos más craneales y laterales de los encuentros o articulaciones escápulo-humerales. Tomada con bastón zoométrico.

Diámetro dorsoesternal (DDE). Distancia existente entre el punto más declive de la cruz y la cara inferior de la región esternal por detrás del codo. Tomada con bastón zoométrico.

Perímetro torácico (PT). Distancia que se recorre desde el punto más declive de la cruz descendiendo por el costado hasta la región esternal en el punto situado inmediatamente por detrás del codo y llegando nuevamente hasta la cruz por el otro costado. También denomina perímetro recto torácico. Tomada con cinta métrica flexible e inextensible.

Perímetro de la caña anterior (PC). Distancia que recorre la parte más estrecha del hueso metatarso, en su tercio medio. Tomada con cinta métrica flexible e inextensible.

Longitud occipital-isquiál (LOI). Distancia que comprendida entre el punto más craneal y lateral de la articulación escápulo humeral (encuentro) y el punto más caudal de la tuberosidad isquiática (punta de nalga). Tomada con bastón zoométrico.

Alzada entrada a la grupa (AEG). Distancia existente entre la unión entre el lomo y la grupa y el suelo, en línea completamente vertical. Denominada también “*alzada a las palomillas*”. Tomada con bastón zoométrico.

Longitud de la grupa (LG). Distancia comprendida entre la tuberosidad ilíaca externa (punta del anca) y el tuberosidad isquiática (punta de la nalga). También denominada longitud ilio-isquiática Tomada con compás de brocas.

Anchura interilíaca (All). Distancia comprendida entre las dos tuberosidades ilíacas externas o puntas del anca. Tomada con compás de brocas.

Peso vivo (PV). Peso del animal. Tomado con báscula Gallagher W210

Índices zoométricos:

Los índices zoométricos son el resultado de combinar dos variables zoométricas entre si y nos aportan información sobre la proporcionalidad existente entre las referidas variables métricas. En ese sentido, la información ofrecida por estos índices tiene un alto poder discriminante al acumularse la información de las dos variables, superando en muchas la que ofrece cada variable de forma individual y aislada (Hevia y Quiles, 1993).

Así las cosas, se dividen en tres grupos claramente diferenciados, por un lado aquellos de interés etnológico que se utilizan para la diagnosis racial: índice cefálico, índice craneal, índice facial, índice corporal, índice torácico, índice ilio-isquiático e índice de compacidad; por otro lado, aquellos otros de interés funcional: índice dátilo-costal (aptitud lechera), índice de proporcionalidad, índice de proporcionalidad relativa del tórax, índice de peso relativo, índice de grueso relativo de la caña, índice de carga de la caña, índice dátilo-torácico e índice podal posterior; y, finalmente, otros índices: índice de anamorfosis, coeficiente de proporcionalidad corporal, índice de gracilidad subesternal, índice auricular/tórax, índices de Alderson (índice de peso, índice de alzada inclinada, índice de longitud. Índice de anchura inclinada, índice de longitud de

equilibrio de la pata delantera, índice de balance, índice acumulado e índice de profundidad) e índices de Skorkowski (W1, W2, W3, W4, W5, W6).

Especial atención merece la información suministrada por los índices zoométricos basados en caracteres étnicos referidos a la cabeza dado que se trata de una región corporal muy poco influenciada por los factores medioambientales y por el manejo, siendo por tanto indicadores de gran interés desde el punto de vista la diagnosis racial, a diferencia del resto de índices zoométricos que podrían verse afectados por determinados factores de variación, como sería el caso del estado de carnes del animal.

Los principales índices son:

Índice cefálico (ICEF = $AC \cdot 100 / LC$). Es la relación existente o cociente establecido entre la anchura de la cabeza (x100) y la longitud de la cabeza. Este índice permite clasificar los animales en dolicocefalos (<50), braquicefalos (<50) y mesocéfalos (50).

Índice torácico (ITOR = $DBC \cdot 100 / DDE$). Es la relación existente o cociente establecido entre diámetro bicostal (x100) y la alzada dorso-esternal. El índice torácico refleja las variaciones en la forma de la sección torácica, siendo mayor (más circular) en el ganado de carne y menor (más elíptico) en el ganado lechero. Para las razas mediolíneas tenemos un índice entre 86 y 88, situándose el brevilíneo en 89 o más y el longilíneo en 85 o menos, según (Pares, 2009)

Índice pelviano (IPEL = $AG \cdot 100 / AII$). Es la relación existente o cociente establecido entre la anchura inter-ilíaca (x100) y la longitud ilioisquiática. Este índice indica la relación entre anchura y longitud de pelvis, lo que refleja una pelvis proporcionalmente más ancha que larga o al revés. También denominado índice ilio-isquiático.

Índice de peso relativo ($IPR = PV \cdot 100 / AC$). Es la relación existente o cociente establecido entre el peso vivo (x100) y la alzada a la cruz. También denominado de compacidad.

Índice dáctilo-costal ($IDC = PC \cdot 100 / DBC$). Es la relación existente o cociente establecido entre el perímetro de caña anterior (x100) y el diámetro bicostal.

Índice de profundidad relativa del tórax ($IPRT = DDE \cdot 100 / AC$). Es la relación existente o cociente establecido entre el diámetro dorso-esternal (x100) y la alzada a la cruz.

Índice de grueso relativo de la caña ($IGRC = PC \cdot 100 / AC$). Es la relación existente o cociente establecido entre el perímetro de caña anterior (x100) y la alzada a la cruz.

Índice de carga de la caña ($ICC = PC \cdot 100 / PV$). Es la relación existente o cociente establecido entre el perímetro de caña anterior (x100) y el peso vivo.

Índice dáctilo-torácico ($IDT = PC \cdot 100 / PT$). Es la relación existente o cociente establecido entre el perímetro de caña anterior (x100) y el perímetro recto torácico. El índice dáctilo-torácico proporciona igualmente una idea del grado de finura del esqueleto, siendo su valor mayor en los animales carniceros que en los lecheros. No debe deducirse de ello que sea siempre deseable un aumento del volumen de las extremidades, un “exceso de hueso”, puesto que debe considerarse también la calidad y forma de los huesos, así como de las articulaciones y tendones. También denominado índice metacarpo-torácico.

Índice de anamorfosis ($IANA = PT^2 / AC$). Es la relación existente o cociente establecido entre el perímetro recto torácico (elevado a 2) y la alzada a la cruz. Un índice menor indica un tipo más alto de patas y más

liviano, tendente a un tipo de velocidad; en caballos, un aumento en este índice indica una tendencia hacia un tipo de fuerza (Dowdall, 1987).

Índice morfológico de Alderson sobre alzada inclinada (IALD1 = AC-AEG). Es la diferencia existente entre la alzada a la cruz y la alzada a la grupa.

Índice morfológico de Alderson sobre longitud de equilibrio de la pata delantera (IALD2 = AC-DDE). Es la diferencia existente entre la alzada a la cruz y el diámetro dorso-esternal.

Índice Skorkowski W1 ($W1 = AC \cdot 100 / LR$). Es la relación existente o cociente establecido entre la anchura de la cabeza (x100) y la longitud de la cara.

Índice Skorkowski W5 ($W5 = AC \cdot 100 / DDE$). Es la relación existente o cociente establecido entre la alzada a la cruz (x100) y el diámetro dorso-esternal.

Índice Skorkowski W6 ($W6 = DDE \cdot 100 / DE$). Es la relación existente o cociente establecido entre el diámetro dorso-esternal (x100) y la anchura entre encuentros.

3.4.3.2. Morfología.

Según Herrera (2003), La apreciación de la forma en un grupo de animales de una determinada raza, o la comparación de la forma de un individuo con el ideal de la raza, tanto en una visión general como regional, es el primer ejercicio mental que se realiza. Es un proceso de comparación, en el que se afirma o excluye y que necesita de una gran capacidad de observación. Son caracteres cualitativos por residir en la apreciación de la forma.

Las principales variables morfológicas se agrupan en dos bloques: a) De la cabeza: perfil cefálico, tamaño de las orejas, orientación de las orejas y tipo de orbitas; b) Del cuerpo: Longitud del cuello, presencia/ausencia de giba, línea dorsolumbar, vientre, inclinación de la grupa, posición del nacimiento de la cola, forma de la nalga, finura de la cola y aplomos; y c) Específicas de la ubre: tamaño de la ubre, inserción de la ubre, simetría forma de las ubres, tamaño de los pezones, uniformidad de los pezones y presencia de pezones supernumerarios.

Perfil cefálico: Esta variable, que mide la silueta del perfil del hueso frontal de los animales, es una de los tres caracteres plásticos (junto al peso y las proporciones corporales) del sistema descriptivo desarrollado por Baron para la clasificación racial. Así se tienen animales con perfil recto o rectilíneos (0) que se considera el tipo medio, otros son concavilíneos (-), que sería la desviación negativa y en sentido positivo serían los convexilíneos (+). El perfil recto se denomina ortoide, el perfil cóncavo es celoide, y el convexo también se conoce como cirtoide. Asimismo, también pueden encontrarse denominaciones ultra y sub que hacen referencia a extremos biológicos o intermedios.

Tamaño de las orejas: Porte o envergadura de dicha región corporal en el animal, valorando si el ejemplar tiene un tipo de oreja pequeña, mediana o grande.

Orientación de las orejas: Disposición o alineación de dicha región corporal en el animal respecto a la horizontal del suelo, valorando si el ejemplar tiene un tipo de oreja horizontal, inclinada o caída.

Órbitas: Relieve que dicha región corporal presenta respecto a la superficie circundante de la cabeza del animal, valorando si el ejemplar tiene las órbitas marcadas, poco marcadas o muy marcadas.

Longitud del cuello: Extensión de dicha región corporal del animal, valorando si el ejemplar tiene un cuello de tipo corto, mediano o largo.

Giba o morrillo: Protuberancia cérico-torácica consistente en el desarrollo exacerbado o hipertrofia del músculo romboide cervical, posiblemente sin funcionalidad específica pero pudiéndose considerar un carácter sexual secundario. Se determina la presencia o ausencia de dicho carácter en el animal.

Línea dorsolumbar: Línea que forma la columna vertebral del animal respecto a la horizontal, valorando si el ejemplar tiene una línea dorso lumbar de tipo recto, poco ensillada (algo hundida) o claramente ensillada (hundida).

Vientre: Línea que forma dicha región corporal respecto a la horizontal, valorando si el ejemplar tiene un vientre de tipo recogido, algo recogido o muy recogido.

Inclinación de la grupa: Variable que define el ángulo que forma con la horizontal, la línea que une la punta del anca con la de la nalga, valorando si el ejemplar presenta una inclinación horizontal, algo inclinada o muy inclinada.

Posición nacimiento de la cola: Situación o emplazamiento de esta región corporal respecto a la grupa, valorando si el ejemplar tiene una línea dorso lumbar de tipo alto, en línea o entre isquiones.

Forma de la nalga: Relieve del borde posterior del muslo que informa del desarrollo muscular existente en dicha región corporal en el animal. Se determina si el ejemplar tiene un tipo cóncavo, recto, suavemente convexa o convexa.

Finura de la cola: Espesor de dicha región corporal del animal, valorando si el ejemplar tiene una cola de tipo fina, mediana o gruesa.

Aplomos: Líneas verticales que determinan la dirección que deben tener los miembros del animal para considerarse bien conformados, valorando

si el ejemplar tiene buenos aplomos o presenta defectos ya sea en un par o en ambos pares.

Inserción ubre: Líneas que los indican la ubicación y la fuerza con que la ubre se adhiere a la pared abdominal mediante los ligamentos laterales, determinando si el animal tiene una inserción de ubre mala o pendulosa, normal y firme, o avanzada en mes.

Tamaño de los pezones: Dimensión de dicha parte de la ubre, determinando si el ejemplar presenta un tipo pequeño, mediano o largo.

Pezones supernumerarios: Pezones adicionales o extras, generalmente no funcionales, que se sitúan en posiciones ectópicas en la ubre. Se determina la presencia o ausencia de dicho carácter en el animal.

3.4.3.3. Faneróptica

Históricamente, las variables fanerópticas han sido las más comúnmente utilizadas en caracterización racial dada la facilidad de observación y de recopilación de datos con que cuentan. De hecho, son múltiples los ejemplos de razas que se han basado su descripción principalmente en este tipo de atributos externos, especialmente en el caso del color de la capa que en no pocas ocasiones es el responsable del propio nombre que recibe, pudiendo poner como ejemplo la denominación de las razas Blanca Cacereña, Cárdena Andaluza, Negra Andaluza, Rubia Gallega, etc. en España, o bien la raza Blanco Orejinegro en Colombia.

Las variables fanerópticas se agrupan en tres bloques: a) De la capa: Extensión de la capa, color de la capa, pigmentación de las mucosas, pigmentación de las pezuñas, pigmentación de las ubres y pigmentación ubres/escroto; b) De los cuernos: posición de los cuernos, forma de los cuernos, desarrollo de los cuernos, sección del cuerno, color de la pala, color del pitón; y, c) De la piel y el pelo: presencia/ausencia de papada;

ausencia/presencia pliegue umbilical, presencia/ausencia de morillo o giga, longitud del pelo, finura del pelo, presencia/ausencia de flequillo.

Extensión de la capa: Esta variable mide la extensión de la coloración de la capa, valorando si el ejemplar presenta capa uniforme por todo el cuerpo o también denominada monocolor (un solo color), o bien capa bicolor (dos colores) o, en su caso, tricolor (tres colores).

Color de la capa: Esta variable mide el color base de la capa y la presencia de aquellos otros colores complementarios, en su caso, valorando si el ejemplar presenta capa blanca, baya, colorada, castaña, negra, berrenda en colorado, berrendo en negro o jaspeada. En este sentido, los distintos pelajes se deben a dos pigmentos básicos, el negro y el castaño (colorado), que unidos al blanco (falta de pigmentación) y modificados por una serie de factores de extensión, restricción, distribución, intensidad y dilución determinan toda la gama de colores de capa (Rabasa *et al.*, 1976). El pigmento castaño o colorado puede presentar distintas tonalidades que van desde el bayo (el más claro), el rubio, el castaño, el tostado y el colorado. Estas diferencias se deben probablemente a una serie de alelos del gen principal R. El negro se debe a un gen denominado B, es epistático sobre R. El blanco se debe al gen N y en dosis única es coepistático con B y R, en homocigosis (NN) el animal es casi blanco. Los animales heterocigotos para N, cuyos pelos pigmentados son negros, tienen capas conocidas como moras o azulejas, mientras que aquellos cuyos pelos pigmentados con castaños, el color de capa es rosado o rosillo. Se conocen como hoscas a los animales de capas castañas modificadas por un oscurecimiento distal que se manifiesta en cabeza, cuello, miembros, tronco y cola y que se debe al gen Bs. que actúa como recesivo. El azotado o chorreado (bandas negras verticales sobre una capa castaña), es un hosco que se modifica por la interacción entre los genes Bs y Ps (Rabasa *et al.*, 1976). En cualquier caso, en las regiones cálidas con intensa luz solar, los

pelajes claros como blancos o crema absorben 40 a 50 % menos calor y reflejan una mayor proporción de las longitudes de onda infrarrojas incidentes de efectos calóricos que las capas negras u oscuras, lo que contribuye a mantener y regular mejor la temperatura corporal en estas condiciones climáticas (Bavera, 2004).

Particularidades complementarias de la capa: Esta variable mide la existencia de particularidades complementarias de la capa de color blanco, valorando la presencia o ausencia de los caracteres bragado, meano, bociblanco, lucero, coliblanco, orejinegro y cariblanco, entre otros.

Pigmentación de las mucosas: Esta variable mide el tipo de pigmentación existente en las mucosas nasales, valorando si el ejemplar presenta pigmentación en negro, mixta o sonrosada. Las mucosas externas de los bovinos se ubican en el hocico o morro, en la región palpebral y en la región perianal. El gen Ps en estado homocigoto determina pigmentación negra en las citadas regiones. Al estado heterocigoto (Psp) da una pigmentación parcial de las mismas regiones y se denomina hocico pintado. El doble recesivo (psps) da un hocico de color pardo rosado que por oposición se llama hocico blanco (Rabasa *et al.*, 1976). Este gen forma parte de un grupo de ligamiento junto al gen Bs. asociado con fertilidad femenina en bovinos Criollos (Sal Paz *et al.*, 1976)

Pigmentación de las pezuñas: Se mide la pigmentación de las pezuñas, determinado si el ejemplar presenta pigmentación en negro, mixta o sonrosada.

Pigmentación de las ubres/escroto: Se mide la pigmentación de la ubre/escroto, determinado si el ejemplar presenta pigmentación en negro, mixta o sonrosada.

Posición de los cuernos: Esta variable mide la posición del cuerno respecto a su lugar de nacimiento, valorando si el ejemplar presenta el tipo proceros (cuernos con nacimiento delante de la línea de nuca), ortoceros (nacimiento en la propia línea de la nuca) y opistoceros (nacimiento detrás de la línea de la nuca).

Forma de los cuernos: Esta variable mide la forma del cuerno, valorando si el ejemplar presenta el tipo espiral, gancho alto, gancho medio, gancho bajo, semilunar, en copa, gancho alto invertido, en corona, o en forma de lira.

Desarrollo de los cuernos: Esta variable mide el porte o volumen de los cuernos, valorando si el ejemplar presenta cuernos de tipo grande, mediano o pequeño.

Sección del cuerno: Esta variable mide la forma del área del cuerno en su base, valorando si el ejemplar presenta cuernos con sección tipo circular o tipo oval.

Color de la pala: Esta variable mide la coloración de la pala del cuerno, valorando si el ejemplar presenta coloración clara u oscura.

Color del pitón: Esta variable mide la coloración de la punta o pitón del cuerno, valorando si el ejemplar presenta coloración blanca, acaramelada-verdosa o negra.

Tipo de pelo: Variable que puede segregarse en otras dos, como es la Longitud del pelo, como la variable que mide la longitud del pelo del animal, valorando si el ejemplar tiene un tipo de pelo corto, medio o largo; y la Finura del pelo, como la variable que mide el diámetro del pelo del animal, valorando si el ejemplar tiene un tipo de pelo fino, medio o grueso. En ese sentido, según Bavera (2004), el efecto del viento es mayor en el pelaje corto que en el largo, al renovar la capa de aire saturado por otro más seco. El pelaje corto, lustroso y ralo se observa en

los animales adaptados al clima tropical, ya que al retener menos aire favorece la transferencia térmica por radiación y convección; es una capa menos aislante (Bavera, 2004). Los animales que cambian o mudan su pelo antes, soportan mejor elevadas temperaturas y los animales de tamaño grande dentro de una misma raza tienen menos densidad de pelos que los de menor tamaño (Bavera, 2004). Asimismo, el pelo largo y abundante está presente en aquellas razas localizadas en zonas frías.

Tupé o flequillo: Variable que mide el pelo existente en la testuz o frente del animal, valorando la presencia o ausencia del mismo.

Papada: Se trata del pliegue cutáneo que nace en la región intermaxilar, progresa por el canal exterior y se prolonga por el borde ventral del cuello. Se relaciona con la capacidad del animal para el intercambio de calor con el medio. Se determina la presencia o ausencia del carácter en el animal y, en su caso, si es de tipo continuo o discontinuo.

Pliegue umbilical: Se trata del pliegue cutáneo en la línea media del vientre. Se relaciona con la capacidad del animal para el intercambio de calor con el medio. Se determina la presencia o ausencia del carácter en el animal. Así las cosas, en el caso del ganado cebuino, además de su giba característica, este tipo de animales presenta grandes pliegues cutáneos a lo largo de la papada y zona ventral del cuerpo, aumentando notablemente su capacidad para intercambio de calor con el medio.

Borla de la cola: Conjunto de pelos o mechones que conforman la parte distal o terminal de la cola. Se determina si es grande, mediana o pequeña.

3.4.4.- Caracterización genética

3.4.4.1. Marcadores genéticos

Cualquier gen que muestre polimorfismo, es decir, la presencia de dos o más alelos y, que sea estable durante la vida de un individuo se puede utilizar como marcador genético. Los marcadores genéticos son loci que presentan características detectables que pueden diferir entre individuos. Se acepta que son sinónimos de variación en las secuencias del DNA y que ésta puede ser revelada mediante diferentes técnicas. Los marcadores genéticos tienen las características inherentes al material genético, son caracteres constantes, permanentes, indelebles, se presentan en el individuo durante toda su vida y son ajenos a la acción del medio ambiente. El nivel de variación de los marcadores genéticos es fundamental cuando se estudian relaciones genéticas dentro y entre razas (Bretting y Widrlechner, 1995).

Los marcadores genéticos se dividen en dos grandes grupos, por un lado, los más clásicos, polimorfismo bioquímicos e inmunogenéticos basados en proteínas: isoenzimas y proteínas de reserva, así como antígenos específicos como los grupos sanguíneos y el sistema mayor de histocompatibilidad y, por otra parte, los basados en polimorfismos del ADN: RFLP (o Polimorfismo en la longitud de fragmentos de restricción), AFLP (Amplified fragment length polymorphism), RAPD (Random amplification of polymorphic DNA), Minisatélites o VNTR (Número variable de repeticiones en tándem), microsatélites (SSR o STR), SNP (Single nucleotide polymorphism), SFP (Single feature polymorphism) y TRAPs (Target Region Amplification Polymorphism).

En cuanto al los primeros, se basan en la observación del polimorfismo en la secuencia de aminoácidos de una proteína. Los marcadores bioquímicos más utilizados son los marcadores isoenzimáticos, esto es, enzimas con la misma función pero con distinto tamaño, carga o conformación. Algunos de los primeros marcadores de este tipo fueron los grupos sanguíneos y las

inmunoglobulinas, especialmente empleados en los test de diagnóstico de paternidad en la especie equina. Este tipo de marcadores presentan bajo polimorfismo y baja sensibilidad y por ello tienen aplicaciones limitadas en comparación con los marcadores genéticos moleculares basados en el ADN, de ahí que hayan sido sustituidos por aquellos.

Respecto a los polimorfismos genéticos, los RFLP (Polimorfismo en la longitud de fragmentos de restricción) son secuencias específicas de nucleótidos en el ADN que son reconocidas y cortadas por las enzimas de restricción. Fueron los primeros marcadores moleculares que se utilizaron en estudios de caracterización del genoma, como por ejemplo en el caso de estudios de la hibridación entre poblaciones *Bos taurus* y *Bos indicus* (Nijman y col., 2003), pero su uso en ganadería ha sido muy limitado debido a la complejidad y coste de la técnica, además de la gran cantidad de ADN requerida y la dificultad existente en la comparación de resultados entre distintos experimentos (Bishop y col., 1995).

Por otro lado, los AFLP (Amplified fragment length polymorphism) son fragmentos de restricción obtenidos a partir de ADN genómico. Estos polimorfismos que corresponden a mutaciones puntuales, inserciones o deleciones que afectan a dianas de restricción. Tienen la ventaja de ser repetibles de un experimento a diferencia de los RAPDs. No obstante, se manifiestan como ausencia o presencia de bandas por lo que son marcadores dominantes y por tanto, son menos informativos para ser usados en análisis de ligamiento que los marcadores codominantes. Esta técnica se desarrolló inicialmente para el análisis del genoma de plantas y después fue utilizada en animales habiendo despertado un enorme interés en estudios de identificación, para la elaboración de mapas genéticos y para el establecimiento de relaciones genéticas entre individuos. Se han utilizado en pruebas de parentesco, diversidad genética, estructura genética de las poblaciones, identificación de híbridos y reconstrucción filogenética (Bensch y Akesson, 2005). Esta herramienta se ha utilizado para caracterizar la diversidad genética, como el

caso de los cerdos europeos (San Cristóbal y col., 2006), para detectar la hibridación entre subespecies bovinas (Nijman y col., 2003), para evaluar la diversidad genética, como el caso de las cabras italianas (Ajmone-Marsan y col., 2010), como un marcador que ayuda a la selección de características productivas, como el caso del marmoleo de la carne de los bovinos negros japoneses (Tsuji y col., 2004).

Los polimorfismos generados con RAPD-PCR (Random amplification of polymorphic DNA) son marcadores genéticos multialélicos, multilocus y dominantes, con herencia mendeliana. Su carácter dominante (los heterocigotos usualmente no son detectables) los hace menos informativos para su aplicación a la elaboración de mapas genéticos, sin embargo, son útiles en la detección de genes singulares y como marcadores en la identificación de estirpes o variedades (Alves y col., 2005). Esta técnica tiene como inconveniente su baja repetibilidad. No obstante, se ha utilizado mucho en estudios de genética de poblaciones en plantas, pero no tanto en animales domésticos, si bien existe algún trabajo como el desarrollado por Rincón et al. (2000) para detectar diferenciación genética en poblaciones de los bovinos Criollos Uruguayos.

Del mismo modo, los Minisatélites son polimorfismos que se basan en la existencia de un número variable de repeticiones en tándem, de una secuencia básica que oscila entre 6 y 100 nucleótidos. El número de veces que se repite y el motivo de repetición varían mucho, lo que los hace muy útiles como marcadores genéticos. A causa de su gran variabilidad, es por lo que también se les denomina VNTRs (variable number tandem repeats). Se detectan mediante electroforesis y su análisis suele realizarse utilizando la tecnología de hibridación ADN-ADN que es muy larga y laboriosa, además de que requiere mucha cantidad de ADN de gran calidad para su ejecución. A pesar de elevado carácter polimórfico, los minisatélites prácticamente no se utilizan en estudios de diversidad genética debido a las dificultades técnicas que entrañan su gran tamaño y el elevado número de repeticiones que presentan.

Los microsatélites son marcadores moleculares conocidos como SSRs (Simple Sequence Repeats), STRs (Short Tandem Repeats), SSLPs (Simple Sequence Length Polymorphisms), SSMs (Simple Sequence Motifs), STMs (Sequence Target Microsatellites). Son regiones no codificantes de ADN compuestas por moléculas de 1 a 6 nucleótidos repetidas en tándem (Goldstein and Pollock, 1997; Mommens *et al.*, 1998). Se encuentran distribuidos al azar por todo el genoma, son muy abundantes, exhiben gran polimorfismo y son fáciles de identificar; estas circunstancias hacen que se utilicen como marcadores genéticos. Los microsatélites han sido ampliamente utilizados como marcadores moleculares y tienen el particular atributo de sufrir tasas de mutaciones mas altas que en el resto del genoma (Jarne y Lagoda, 1996). Se han planteado muchas hipótesis sobre la función de los microsatélites, una de ellas es que pueden tener una función sobre la estructura de los cromosomas (Nordheim and Rich, 1983) y, aunque la función de este DNA no se ha determinado completamente, se cree que podría actuar como punto focal para la recombinación genética durante la meiosis (Gross and Garrad, 1986). La ventaja de los microsatélites son su estabilidad y la posibilidad de realizar reacciones denominadas múltiplex, amplificando varios *loci* al mismo tiempo (Kimpton *et al.*, 1993). Por otra parte su análisis se ha facilitado con el uso de fluorocromos y secuenciadores automáticos de ADN.

Por su parte, los marcadores denominados SNPs (single nucleotide polymorphisms) son variaciones que se originan por la aparición de mutaciones puntuales, como inserciones o deleciones, en lugares que no afectan a ninguna diana de restricción conocida, de forma que los fragmentos de DNA variantes pasarían inadvertidos con los sistemas de detección anteriores. Se encuentran en posiciones definidas del genoma llamadas STS (sequence tagged sites) y se pueden usar para la elaboración de mapas genéticos, para definir la estructura genética de una población o para realizar estudios funcionales. Se espera que puedan usarse para realizar estudios genéticos a gran escala como determinar el ligamiento entre las variaciones de una secuencia y los fenotipos heredados, debido a que pueden estar en un

fragmento de ADN funcional y observar así la relación causa-efecto entre el genotipo y su expresión, o también pueden estar en fragmento ligados al gen, lo que permite también establecer dicha relación por ligamiento. También podrían ser una herramienta eficiente para la identificación genética en aplicaciones legales y forenses. Son muy interesantes como marcadores genéticos ya que muchas enfermedades conocidas, como por ejemplo la anemia falciforme en humanos se produce por mutaciones de una simple base. Algunas ventajas de los SNPs sobre otros marcadores genéticos son que se presentan en un gran número de localizaciones, están distribuidos uniformemente por todo el genoma y están en regiones codificantes, en intrones y en regiones que flanquean los genes, las técnicas empleadas para su detección son simples y producen patrones de lectura no ambiguos, siguen una herencia mendeliana, presentan una baja tasa de mutación y una alta Heterocigosidad en las poblaciones. La detección de estos polimorfismos se realiza mediante métodos directos (secuenciación) o indirectos (SSCP, AS-PCR y Chips entre otros) (Vignal y col., 2002).

Los Polimorfismos para la amplificación de regiones blanco), más conocidos por su acrónimo inglés TRAP ("*Target Region Amplification Polymorphism*"), son un tipo de marcador molecular que está basado en la amplificación del ADN genómico mediante la reacción en cadena de la polimerasa. La técnica utiliza dos cebadores de 18 nucleótidos de longitud para generar los marcadores. Uno de los cebadores, denominado «cebador fijo», se diseña sobre una secuencia de ADN blanco o diana. El otro cebador, denominado «cebador arbitrario», es una secuencia arbitraria de ADN con un núcleo rico en AT o GC que se unen preferencialmente a exones o intrones, respectivamente. La amplificación por PCR se realiza a través de cinco ciclos con una temperatura de hibridación de 35°C, seguidos por 35 ciclos con una temperatura de hibridación de 50°C. Para diferentes especies de plantas, cada reacción de PCR puede generar hasta 50 fragmentos fácilmente observables con un tamaño que va desde 50 hasta 900 pares de bases.

3.4.4.2. Aplicación de los marcadores moleculares en genética animal

Los marcadores de ADN son útiles tanto en investigación básica, como sería el caso de los análisis filogenéticos y la búsqueda de genes útiles en la investigación aplicada, ya sea en la selección asistida por marcador, las pruebas de paternidad o su aplicación en la trazabilidad de los alimentos. De hecho, los marcadores moleculares se han empleado en trabajos muy diversos, los cuales varían desde la caracterización racial hasta el establecimiento de relaciones genéticas entre diversas razas bovinas (Cañón et al., 2001; Freeman et al., 2006; Jordana et al., 2003; Machugh et al., 1994; Machugh et al., 1998; Moazami-Goudarzi y col 1994; Moazami-Goudarzi et al., 1997). Además se han utilizado para detectar situaciones de “cuello de botella” (Ramey et al., 2000; Spencer et al., 2000), consanguinidad (Pariset et al., 2003; Chikhi y col 2004), migración (Hanotte y col 2002; Wilson y Rannala 2003), filogenia (Machugh et al., 1997; Mommens et al., 1999; Ritz et al., 2000), hibridación entre poblaciones (Kumar et al., y col 2003; Freeman et al., 2006) o, tamaño efectivo de las poblaciones (Hayes y col 2003).

Bajo la coordinación de la FAO, se puso en marcha la iniciativa denominada MoDAD (Measurement of Domestic Animal Diversity), con objeto de elaborar una serie de recomendaciones técnicas para realizar estudios de diversidad genética con marcadores moleculares, concretamente microsatélites, en animales de granja dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/marker.pdf y dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/ISAG_2004_Poster_markerlists.pdf.

(Baumung et al., 2004) hicieron una revisión de la metodología empleada en los estudios de diversidad genética en todas las especies de animales domésticos realizados por diferentes grupos de investigación en el mundo. Todo ello para realizar megaestudios utilizando información homologable entre diversos laboratorios distantes, de forma que sea factible la realización de trabajo en equipo de forma coordinada con el fin de optimizar la obtención de unos resultados conseguir con iniciativas de tipo individual.

Los marcadores microsatélites han sido utilizados ampliamente para estudios de caracterización y diversidad genética, relaciones genéticas entre poblaciones, influencia de una o varias razas sobre otra (*admixture*), pruebas de paternidad, consanguinidad, cuellos de botella genéticos entre otros, siendo además una herramienta poderosa para determinar la diferenciación genética entre especies domesticas como los bovinos, caprino, ovino y cerdos (Buchanan et al., 1994; Zamorano et al., 1998; Diez-Tascón et al., 2000; y Martínez et al., 2000, entre otros).

Tanto la FAO como la ISAG (Sociedad Internacional de Genética Animal), se han inclinado por los microsatélites como herramientas de elección para estudios de biodiversidad, por ello hemos utilizado estas técnicas para los objetivos de caracterización del Criollo de Manabí que nos ocupa.

3.4.4.3. Diversidad genética intra-racial

En el caso de los estudios de caracterización y diversidad genética, los indicadores más frecuentemente utilizados son el número medio de alelos por locus (N_a), el número efectivo de alelos (N_e), las frecuencias alélicas, la heterocigosidad observada (H_o), la heterocigosidad esperada (H_e) y el contenido de información polimórfica (PIC).

3.4.4.3.1. Número de alelos por *locus* (N_a):

Su cálculo solo requiere contabilizar los alelos detectados por *locus*, y hacer el promedio. Gracias a esta medida obtenemos información complementaria a la que tenemos con el polimorfismo.

Se han reportado una gran diversidad de valores de este índice, pudiendo destacar resultados en razas autóctonas españolas: Alistana Sanabresa 6.9 ± 0.8 ; Asturiana de la Montaña 6.6 ± 0.7 ; Asturiana de los Valles 7.0 ± 0.7 ;

Sayaguesa 6.4 ± 0.6); Tudanca 6.8 ± 0.8 ; Avileña Negra-Ibérica 6.9 ± 0.7 ; Bruna del Pirineus 7.1 ± 0.7 ; Morucha 6.9 ± 0.7); Pirenaica 5.8 ± 0.4 ; y Retinta 6.8 ± 0.6 , según Cañón et al. (2001), o bien en las razas Marismeña (8,74); Berrenda en Colorado (7,38); Berrenda en Negro (4,89); Pajuna (7,16); Retinta (6,07); Negra Andaluza (5,96); Vaca Canaria (7,04) y Vaca Palmera (5,07), según Avilés (2012). De la misma manera, se encuentran valores de 9,8 en la raza de Lidia (Cortés, 2008). Por su parte, en razas autóctona portuguesas: Alentejana 5.8 ± 0.5 ; Barrosã 6.7 ± 0.6 ; Maronesa $6,1 \pm 0.6$; Mertolenga $5,9 \pm 0.5$; y Mirandesa $5,5 \pm 0.4$ (Cañón et al., 2001). Igualmente, estos mismos autores encontraron otros valores en razas francesas: Aubrac $6,2 \pm 0.6$; Gasconne 7.2 ± 0.6 ; y Salers $6,1 \pm 0.6$; así como Dalvit et al. (2008) en razas italianas (8,2); y Brenneman et al. (2007) en la raza sintética Senepol (6,6). Finalmente, en razas criollas iberoamericanas, Avilés (212) reporta datos en Texas Longhorn (6,85); Criollo Mexicano (9,19); Criollo Colombiano (7,80); Criollo Uruguayo (5,41); Criollo Pilcomayo (7,85); y Criollo Argentino (5,81), además de 4,29 en criollo Uruguayo, según Armstrong et al. (2006). Por último, Avilés (2012) también menciona datos en razas cosmopolitas: Frisona (5,41) y Hereford (4,85).

3.4.4.3.2. Número efectivo de alelos (N_e):

El número efectivo de alelos (NEA) se define como la probabilidad de que dos alelos de un locus elegido al azar en la población sean idénticos por descendencia y esta probabilidad es igual al inverso de la frecuencia esperada de individuos homocigotos en la población (Kimura y Crow, 1964).

Se calcula mediante la expresión matemática:

$$EN_A = \frac{1}{\sum p_i^2}$$

Donde p_i es la frecuencia del alelo i

3.4.4.3.3. Frecuencias Alélicas:

El cálculo de las frecuencias se hace por recuento alelos presentes, asumiendo que la observación de un solo alelo se corresponde la condición de homocigosis y por lo tanto que no hay alelos nulos y tampoco alelos no amplificados. Se trata del cociente que se obtiene del número de alelos iguales en una población dividido por el número total de alelos.

3.4.4.3.4 Heterocigosis:

El concepto de Heterocigosis se puede resumir como la proporción o frecuencia promedio de individuos de una población que ostentan dos alelos diferentes en un *locus* concreto. Del concepto de Heterocigosis se originan la Heterocigosis observada (H_o) y esperada (H_e).

La H_o se obtiene dividiendo el número de individuos heterocigotos para cada *locus* por el total de individuos analizados. La H_o media para varios *loci* es una buena medida del grado de variación genética. La H_e es la probabilidad que dos alelos seleccionados aleatoriamente sean diferentes en una población en equilibrio. Es calificada como una medida mas apropiada de la variación genética y conocida como índice de diversidad genética de Nei (Nei, 1977; Nei, 1987).

El cálculo de la H_e , puede realizar mediante la ecuación:

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^k x_i^2$$

Donde x_i : frecuencia del alelo i y k : número de alelos

Los valores respectivos de H_o que se observan en publicaciones donde se realizan estudios de caracterización genética oscilan entre 0,52 y 0,74. Así las cosas, se han reportado una gran diversidad de valores de este índice, pudiendo destacar resultados en razas autóctonas españolas: Alistana Sanabresa 0.629 ± 0.032 ; Asturiana de la Montaña 0.652 ± 0.037 ; Asturiana de los Valles 0.656 ± 0.045 ; Sayaguesa 0.654 ± 0.031 ; Tudanca 0.596 ± 0.040 ; Avileña Negra-Ibérica 0.589 ± 0.043 ; Bruna del Pirineus 0.619 ± 0.033 ; Morucha 0.640 ± 0.036 ; Pirenaica 0.543 ± 0.052 ; y Retinta 0.614 ± 0.040 , según Cañón et al. (2001), o bien en las razas Marismeña (0,6921); Berrenda en Colorado (0,6897); Berrenda en Negro (0,5524); Pajuna (0,6812); Retinta (0,7100); Negra Andaluza (0,6323); Vaca Canaria (0,6662); y Vaca Palmera (0,5909), según Avilés (2012). De la misma manera, se encuentran valores de 0,52 en la raza de Lidia (Cortés, 2008). Por su parte, en razas autóctonas portuguesas: Alentejana 0.622 ± 0.054 ; Barrosã 0.716 ± 0.037 ; Maronesa 0.635 ± 0.045 ; Mertolenga 0.626 ± 0.039 ; y Mirandesa 0.625 ± 0.037 (Cañón et al., 2001). Igualmente, estos mismos autores encontraron otros valores en razas francesas: Aubrac 0.569 ± 0.043 ; Gasconne 0.630 ± 0.039 ; y Salers 0.580 ± 0.046 ; Finalmente, en razas criollas iberoamericanas, Avilés (2012) reporta datos en Texas Longhorn (0,6645); Criollo Mexicano (0,6951); Criollo Colombiano (0,7135); Criollo Uruguayo (0,6467); Criollo Pilcomayo (0,7412); Criollo Argentino (0,6685); Por último, Avilés (2012) también menciona datos en razas cosmopolitas: Frisona (0,6726) y Hereford (0,6563).

Por su parte, respecto a los valores de H_e que se observan en publicaciones donde se realizan estudios de caracterización genética oscilan entre 0,5 y 0,75. De la misma forma que en el caso de los valores de H_o , se han reportado diversidad de resultados en este índice, pudiendo destacar resultados en razas autóctonas españolas: Alistana Sanabresa 0.681 ± 0.027 ; Asturiana de la Montaña 0.705 ± 0.034 ; Asturiana de los Valles 0.683 ± 0.042 ; Sayaguesa 0.707 ± 0.028 ; Tudanca 0.651 ± 0.036 ; Avileña Negra-Ibérica 0.692 ± 0.034 ; Bruna del Pirineus 0.672 ± 0.030 ; Morucha 0.709 ± 0.039 ; Pirenaica 0.628 ± 0.037 ; y Retinta 0.693 ± 0.033 , según Cañón et al. (2001), o bien en las razas Marismeña

(0,7207); Berrenda en Colorado (0,7494); Berrenda en Negro (0,6113); Pajuna (0,7160); Retinta (0,7268); Negra Andaluza (0,6844); Vaca Canaria (0,7042) y Vaca Palmera (0,5727), según Avilés (2012). De la misma manera, se encuentran valores de ,072 en la raza de Lidia (Cortés, 2008). Por su parte, en razas autóctonas portuguesas: Alentejana 0.655 ± 0.052 ; Barrosã 0.708 ± 0.039 ; Maronesa 0.664 ± 0.041 ; Mertolenga 0.671 ± 0.035 ; y Mirandesa 0.635 ± 0.026 (Cañón et al., 2001). Igualmente, estos mismos autores encontraron otros valores en razas francesas: Aubrac 0.611 ± 0.036 ; Gasconne 0.708 ± 0.023 ; y Salers 0.631 ± 0.036 ; Finalmente, en razas criollas iberoamericanas, Avilés (2012) reporta datos en Texas Longhorn (0,7067); Criollo Mexicano (0,7639); Criollo Colombiano (0,7521); Criollo Uruguayo (0,6642); Criollo Pilcomayo (0,7635); Criollo Argentino (0,6609); Por último, Avilés (2012) también menciona datos en razas cosmopolitas: Frisona (0,6912); y Hereford (0,6748).

3.4.4.3.5. Contenido de Información Polimórfica (PIC):

El criterio mas utilizado es que un *locus* será polimórfico si el alelo mas común presenta una frecuencia menor al 99% en la población que se encuentra bajo estudio (Shete *et al.*, 2000), por cuanto cada uno de ellos debe contar al menos con dos alelos. Es un parámetro frecuentemente utilizado para medir la capacidad discriminatoria de los *loci*. Existen varias ecuaciones matemáticas que lo definen y en todas ellas sus valores varían siempre entre 0 y 1. El calculo del Contenido de Información Polimórfica (PIC) de cada microsatélite se aplica una formula propuesta por (Botstein et al., 1980). Con dicho índice es posible determinar si un marcador es o no informativo, los valores de PIC superiores a 0,5 son altamente informativos, valores entre 0,25 y 0,5 son medianamente informativos y los valores inferiores a 0,25 son poco informativos.

El modelo que se utiliza para el cálculo del PIC es el siguiente:

$$\text{PIC} = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2p_i^2 p_j^2$$

Donde p_i es la frecuencia alélica del i -ésimo alelo y n el número de alelos observados.

3.4.4.3.6. Equilibrio Hardy-Weinberg:

En una población infinita donde los cruzamientos se producen de manera aleatoria, las frecuencias alélicas y genotípicas no varían de generación en generación en ausencia de mutación, migración y selección. Por tanto, se dice que están en equilibrio Hardy-Weinberg (Hardy, 1908) aquellas poblaciones que se encuentran en dicha situación, alcanzándose dicho estado en una sola generación en el momento que se cumplan los requisitos.

El procedimiento de cálculo más habitual para conocer si existen desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg es la comparación de genotipos observados con los esperados dentro de una muestra. Se usa la prueba de Chi-cuadrado (X^2) para detectar la discordancia de las frecuencias genotípicas para cada combinación *locus*/población. Se construye una tabla de contingencia de genotipos y se hace un cálculo de Chi-cuadrado (X^2) con los datos de los genotipos observados frente a los esperados.

Con este procedimiento se obtienen resultados aceptables cuando el tamaño de la muestra es grande y el número de alelos de cada *locus* es pequeño. Sin embargo, cuando la muestra es pequeña y la cantidad de alelos es grande los valores de Chi-cuadrado (X^2) no son confiables. Estos inconvenientes se evitan utilizando programas informáticos que generan una distribución sintética de la

población a partir de los genotipos observados. Se usan métodos como el de Monte Carlo que unen alelos aleatoriamente en genotipos, repitiendo esta operación por ejemplo 1000 veces, con lo que se produce una serie de nuevas poblaciones que son evaluadas para el HWE haciendo una prueba de Chi-cuadrado (X^2). Por ejemplo con el programa informático Genepop (Raymond and Rousset, 1995) si hay más de cuatro alelos se utiliza la estimación no sesgada (Guo and Thompson, 1992).

El equilibrio Hardy-Weinberg es una condición previa en el estudio de la estructura genética de poblaciones, como el caso de los métodos basados en modelos Bayesianos en los que se requiere que la población este en equilibrio. Bajo esta suposición, cada alelo de cada *locus* en cada genotipo, es una muestra independiente; la idea es asignar, en la medida de lo posible, cada individuo a su grupo (Pritchard *et al.*, 2000).

3.4.4.3.7. Estadísticos F de Wright:

La distribución de la variabilidad genética de una población se puede analizar mediante el cálculo de los estadísticos F de Wright (1965), posteriormente revisados por (Chakraborty y Danker-Hopfe, 1991). Existe una relación sencilla entre ellos:

$$1 - F_{IT} = (1 - F_{IS}) - (1 - F_{ST})$$

El estadístico F_{IS} mide el parecido entre los dos alelos de un gen de un individuo y es una medida del grado de endogamia en una población al interpretarse como la probabilidad de que los dos alelos de un mismo gen sean idénticos. El estadístico F_{IS} es la correlación entre dos alelos, relativa a la subpoblación o el exceso o déficit de heterocigotos que podría darse entre individuos de la misma subpoblación y este parámetro puede variar entre -1 a 1. Valores negativos de F_{IS} indican exceso de heterocigotos en la población

respecto a las proporciones esperadas de equilibrio de Hardy Weinberg y valores positivos indican el efecto contrario.

El parámetro F_{IT} mide la desviación de las frecuencias esperadas de heterocigotos respecto de las observadas del conjunto de la población. Los parámetros F_{IS} y F_{IT} toman valores positivos cuando hay un déficit de heterocigotos y valores negativos cuando han un exceso de heterocigotos. El estadístico F_{IT} es la correlación relativa a la población total o índice de fijación de los individuos respecto al total de la población, o desviación de las frecuencias genotípicas observadas en la población total respecto a las esperadas considerando que existe equilibrio Hardy-Weinberg. Si la población total se encuentra en panmixia (individuos con igual probabilidad de cruzarse) el valor sería 0.

El estadístico F_{ST} mide el parecido entre los individuos de una población explicando el porcentaje de variabilidad genética que se debe a la existencia de una estructura en subpoblaciones o variedades. Asume que la deriva genética es la fuerza predominante en la diferenciación de poblaciones. El estadístico F_{ST} es la correlación entre dos alelos tomando al azar uno de cada subpoblación. Ha sido interpretado como el grado de diferenciación genética o flujo genético entre las poblaciones denominándose, índice de diferenciación genética y su valor varía de 0 a 1 y a diferencia del F_{IS} y el F_{IT} , no puede ser un valor negativo (Nei, 1973). Un valor de cero indica que las frecuencias alélicas son iguales en las poblaciones analizadas y por el contrario, un valor de 1 demuestra que las frecuencias alélicas están fijadas y son diferentes en las poblaciones. Valores de 0,00 y 0,05 se consideran bajos, 0,05 y 0,15 indican diferenciación genética moderada y un rango de 0,15 y 0,25 señalan que la diferenciación es alta y valore superiores a 0,25 la diferenciación es muy alta (Wright, 1965).

3.4.4.4 Diversidad genética inter-racial

3.4.4.4.1.- Análisis multidimensionales

El análisis Factorial de correspondencia es el equivalente del procedimiento de Componentes Principales para variables cualitativas, intenta explicar una variable hipotética (factor), por medio de un modelo lineal en el que el factor (o varios factores) es función de un conjunto extenso de variables observables. Es una técnica descriptiva para representar tablas de contingencia, es decir, tablas en donde se recoge la frecuencia de aparición de dos o más variables cualitativas en un conjunto de elementos. En general una tabla de contingencia es un conjunto de números positivos dispuestos en una matriz, donde el número de cada casilla representa la frecuencia absoluta observada para la combinación de las dos variables.

El método de análisis de componentes principales (ACP), que es un ejemplo de análisis por ordenamiento, utiliza para tal fin las estructuras de los autovectores (también llamados eigens ó raíces latentes) de la matriz de correlación o bien de una matriz de varianza-covarianza entre las variables originales. El ACP y el análisis factorial de correspondencia (AF) tienen como objetivo encontrar una estructura más simple reduciendo la dimensionalidad de las variables sin perder información. Para simplificar el análisis de los datos se reduce el número de variables a un pequeño número de índices o factores. Algunas diferencias entre estas dos técnicas son que las componentes principales están definidas como una combinación lineal de las variables originales y no están basadas en un modelo estadístico particular y por lo tanto no se requiere el cumplimiento de supuestos previos. Por otra parte mediante el ACP se busca explicar una gran parte de la varianza total, mientras que con el AF se enfatiza el estudio en las relaciones entre las variables explicadas con las covarianzas o correlaciones. El AF resulta apropiado cuando el objetivo consiste en encontrar un grupo de variables similares, altamente correlacionadas, y postular que esas similitudes provienen del hecho de que éstas son variables «latentes o factores» que actúan en forma particular sobre el proceso estudiado.

El análisis de correspondencia (AC) es un procedimiento de ordenación apropiado para datos de frecuencias (tablas de contingencia). En este caso, la distinción entre objeto y variable es menos relevante porque éstos son ordenados en forma simultánea.

En el AF las variables están expresadas como una combinación y en el análisis factorial de correspondencia (AFC) es un tipo de análisis canónico particularmente bien adaptado para describir las asociaciones entre dos variables cualitativas, es decir, el análisis de una tabla de contingencia que cruza las modalidades de dos variables (Belkhir y col., 2003). Por consiguiente, las propiedades de este método se han venido a utilizar sobre tablas (gráficas). Se habla entonces de análisis de las correspondencias múltiples (ACM) en el cual cada individuo presenta normalmente el valor 1 una vez y una vez solamente para una única modalidad para cada variable (cuadro disyuntivo completo).

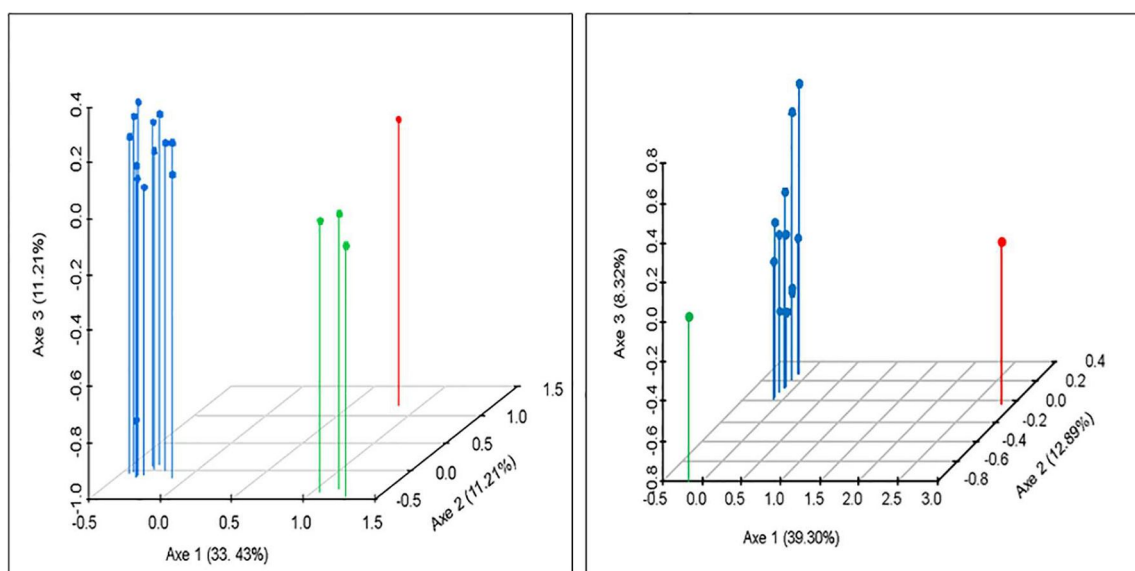


Figura 5. Ejemplo de Análisis Factorial de Correspondencia en el estudio de la raza Macabea en comparación con otras razas bovinas. Tomado de Vargas et al., 2016 (PLOS ONE).

Con el programa computacional Genetix v.4.05 (Belkhir y col., 2003), se elabora un cuadro 0/1/2 que corresponde a una codificación más conveniente a los datos de la genética de los organismos diploides tal como fue propuesto por (She y col., 1987). Concretamente, los objetos analizados se ven como una nube de puntos en un hiperespacio que tiene tantas dimensiones como alelos. El algoritmo busca las direcciones independientes, en este hiperespacio la longitud de las cuales la inercia -tamaño que, por analogía con la física, representa la integral de la masa (aquí por ej. el número de individuos en un punto del hiperespacio) multiplicada por el cuadrado de la distancia en el centro de los datos del hiperespacio (aún llamado centra de gravedad) es máxima. Estas direcciones, que son definidas por los vectores propios de la matriz, determinan una serie de ejes factoriales. Por convenio, el primer eje es el que tiene la más fuerte contribución a la inercia total. Para utilizar los datos genotípicos individuales, cada individuo está representado por su resultado para cada modalidad de cada variable (los alelos de distintos locus), lo que representa 0 para la ausencia, 1 para la presencia del alelo en el estado heterocigoto y 2 para el estado homocigoto. Para cada eje determinado en el análisis se calculan también un conjunto de coeficientes para cada uno de los individuos y alelos, se trata:

- a) de las contribuciones absolutas: expresando la parte tomada por un elemento otorgado (individuo o alelos) en la inercia explicada por un factor.
- b) de las contribuciones relativas: quiénes expresan la parte tomada por el eje en la contribución del individuo o el alelo a la inercia total (representando la dispersión de la nube de los puntos).
- c) de los datos de todos los puntos, individuos y alelos, a los distintos ejes, salvaguardados en un fichero. Este último puede utilizarse en otra utilidad gráfica para dibujar nubes de puntos. Estos datos se utilizan también para dibujar nubes de puntos en dos o tres dimensiones, a las cuales es posible hacer sufrir rotaciones y zooms, para imaginarlos bajo ángulos diferentes.

En otras palabras, el análisis de correspondencia puede condensar la información de un gran número de alelos y *loci* en pocas variables sintéticas. Con este método las frecuencias alélicas de las poblaciones en todos los *loci*, se usan como y el cluster de cada población se representa gráficamente (Li y col., 2005).

3.4.4.4.2. Distancias genéticas

Las distancias genéticas ayudan a entender las relaciones evolutivas entre poblaciones. La teoría matemática base de los programas, incluye aspectos gráficos, combinatorios, cadenas de Markov junto con estadísticos (de máxima verosimilitud y remuestreo), investigación de operaciones (optimización, investigación heurística) y ciencias de la computación. Afortunadamente, los conceptos son simples aún cuando el proceso matemático es complejo. Los resultados se presentan como una matriz de valores entre cada población.

Los modelos para estudiar divergencia entre dos poblaciones que descienden de una población ancestral común se diseñaron originalmente para especies, y asumen una evolución independiente de cada población. Después de la especiación (el momento en que dos poblaciones se convierten en dos especies distintas), por definición, no existe migración entre poblaciones, por lo que la migración se ignora en los modelos utilizados. Cuando se utilizan microsatélites, que son neutros, se asume que la selección tampoco afecta a los cambios en las frecuencias alélicas de estos marcadores. Por lo tanto, la diversidad genética observada viene determinada por dos parámetros: deriva genética y, para periodos de tiempo largos, mutación. El modelo clásico de deriva genética y mutación se diseñó en principio para el estudio de relaciones entre especies, por lo que el periodo de tiempo que se estudia es largo por definición (miles de generaciones). Cuando se estudian razas, se estudian periodos de tiempo más cortos (cientos de años), por lo que el efecto de la mutación se puede ignorar.

Las distancias genéticas pueden dividirse en dos grupos:

- a) Basadas en la distribución de frecuencias:
- b) Basadas en la distribución del tamaño de los alelos:

Actualmente hay una gran variedad de procedimientos para estimar la distancia genética entre poblaciones. El cálculo de la distancia genética entre dos poblaciones da una estimación relativa del tiempo que ha pasado desde que las poblaciones han existido. Estimaciones pequeñas de la distancia entre dos poblaciones pueden indicar subestructura de las poblaciones y que existe flujo genético entre las poblaciones, o también pueden indicar un completo aislamiento pero que se han separado por un corto periodo de tiempo. Cuando dos poblaciones están aisladas genéticamente, los procesos de mutación y deriva llevan a la diferenciación en las frecuencias alélicas; conforme se incrementa el tiempo de separación, las frecuencias alélicas también se diferencian (Felsenstein, 2004).

La neutralidad de cada locus debe ser analizada. Selección, mutación y deriva pueden conducir a la divergencia de las frecuencias alélicas, mientras que la migración conducirá a la homogenización de las frecuencias alélicas.

Las desviaciones de las frecuencias alélicas se pueden deber a varias causas. Si hay un exceso de heterocigotos puede indicar la presencia de selección por sobredominancia o la ocurrencia de cruzamientos entre poblaciones. Por otra parte, un exceso de homocigotos puede ser por: locus bajo selección, alelos nulos, consanguinidad en la población la presencia de subestructura de la población o efecto Wahlund (apareamiento más probable en individuos relacionados).

Uno de los métodos más empleados en el cálculos de las distancias genéticas es D_A o Distancia de Nei et al. (1983):

$$DA = 1 - \frac{1}{r} \sum_j^r \sum_i^{mj} \sqrt{x_{ij} y_{ij}}$$

Las distancias genéticas clásicas no tienen en cuenta la migración, pero el *FST* se puede usar para el cálculo de tasa de migración entre poblaciones. Si se supone que existe equilibrio entre deriva genética y migración, el coeficiente de consanguinidad en el estado de equilibrio toma una forma similar al coeficiente de consanguinidad en el caso de equilibrio entre deriva y mutación. Un aumento en la tasa de migración produce un descenso en el coeficiente de consanguinidad. La migración y la mutación mantienen la diversidad genética dentro de las poblaciones naturales. Entre poblaciones, la migración permite un intercambio de genes (flujo genético), que tiende a homogenizar la constitución genética de un grupo de poblaciones.).

3.4.4.4.3. Árboles filogenéticos o estudios de vecindad.

Los análisis filogenéticos, árboles filogenéticos o evolutivos son las estructuras básicas necesarias para identificar las diferencias entre poblaciones y poder analizarlas desde el punto de vista estadístico.

Existen algunos métodos estadísticos usados para la construcción de los árboles filogenéticos de datos moleculares. Los más comúnmente usados son: Métodos de distancia, Métodos de máxima parsimonia y Métodos de verosimilitud. Además, aunque se utilicen diferentes tipos de marcadores de ADN la variación obtenida da resultados similares en la relación de esas poblaciones. En ese sentido, la presencia de migración o selección afecta la interpretación de los árboles (Cavalli-Sforza y Feldman, 2003) En los métodos basados en matrices de distancia, el árbol se construye usando un algoritmo basado en algunas relaciones funcionales entre los valores de distancia. Los métodos parsimoniosos, buscan el árbol que requiera el número más pequeño

de cambios evolutivos, para explicar las diferencias observadas entre los OTUs en estudio y se denominan árboles de máxima parsimonia. Los métodos de máxima verosimilitud son los más complicados, algunos se basan en las frecuencias génicas (Cavalli-Sforza y Edwards, 1967) o en la secuencia de aminoácidos o de nucleótidos (Felsenstein, 2004). Los métodos de máxima verosimilitud permiten evaluar cual modelo proporciona el mejor ajuste a los datos. Las pruebas estadísticas, también permiten evaluar el grado de confianza de la topología propuesta.

En la construcción de árboles filogenéticos hay dos procesos de inferencia: la topología y el largo de las ramas para una topología dada. Cuando la topología se conoce, la estimación del largo de las ramas es relativamente simple y existen varios métodos para hacerlo (mínimos cuadrados y máxima verosimilitud). El problema es la reconstrucción de la topología por la gran cantidad de opciones; por ello, algunos autores han considerado la topología de un árbol como un parámetro estadístico (Felsenstein, 2004). Una de las propiedades estadísticas más importantes es la consistencia. Un estimador es consistente si conforme aumenta la cantidad de datos (aproximándose al infinito), el valor estimado se aproxima al valor verdadero del parámetro con una probabilidad de 1. Felsenstein (1978) argumentó que los árboles filogenéticos bajo algunas circunstancias son inconsistentes en la estimación de la topología y que el error está directamente relacionado con el número de caracteres considerados, es decir que bajo determinadas circunstancias, conforme aumenta el número de caracteres el árbol propuesto tiende a ser erróneo cuando el método se basa en la máxima parsimonia (Felsenstein, 2004).

Método Neighbor-Joining (NJ): Saitou y Nei (1987) desarrollaron un método de reconstrucción de árboles muy eficiente, que está basado en el principio de mínima evolución. Este método no examina todas las posibles topologías pero en cada grupo de poblaciones, se utiliza el principio de mínima evolución. Cuando se utilizan 4 o 5 poblaciones da idénticos resultados que el de mínima

evolución. Uno de los conceptos más importantes de este método es el de “vecino”, el cual se define como dos poblaciones que están conectadas por un nodo en un árbol sin raíz, es decir, los pares más próximos o “vecinos” de poblaciones o grupos de poblaciones (unidades taxonómicas), de forma que se minimice la longitud total de un árbol. Un par de vecinos son dos unidades conectadas por un simple nodo en un árbol sin raíz y con dos ramas que se unen en un nodo interior. En general, es posible definir la topología de un árbol por la unión sucesiva de pares de vecinos para formar nuevos pares de vecinos. Al principio se obtiene una figura como una estrella en la que todas las ramas parten del mismo punto. Se consideran vecinos el par de grupos que, cuando se juntan, producen el árbol cuya longitud total es la más corta, y éstos se unen para formar una unidad combinada. El procedimiento para identificar los vecinos entre un número reducido de unidades es repetido hasta que sólo quedan tres unidades. Por otro lado, estos mismos autores defienden que con la utilización de esta metodología se obtiene el árbol correcto para datos puramente aditivos, donde la distancia entre cada par de unidades (unidades taxonómicas) es la suma de las longitudes de las ramas que las unen en el árbol. Estudios de simulación sugieren que este es el mejor método de los de matriz de distancia. En el caso aditivo el NJ sería el árbol de mínima evolución, es decir, que la suma de las desviaciones entre las distancias de pares de taxa y las longitudes de cada paso del árbol es mínima. Se elige la matriz de distancias DA para construir un árbol filogenético basado en el algoritmo Neighbour-Joining. Este método ha demostrado ser el más eficiente en la práctica cuando no todos los supuestos estadísticos se cumplen (Takahashi y Nei, 2000; Tateno y col., 1994).

Cuando se construye un árbol filogenético es importante saber la confiabilidad del árbol obtenido. Son dos los errores posibles: errores de topología (diferencias entre el árbol obtenido y el verdadero) y errores en el largo de las ramas (desviaciones del largo de las ramas obtenidas, respecto a las verdaderas). Aunque parecen situaciones independientes, el largo de las

ramas, está directamente relacionado con la topología, si el largo de una rama es negativo, toda la topología es incorrecta (Nei y Kumar, 2000).

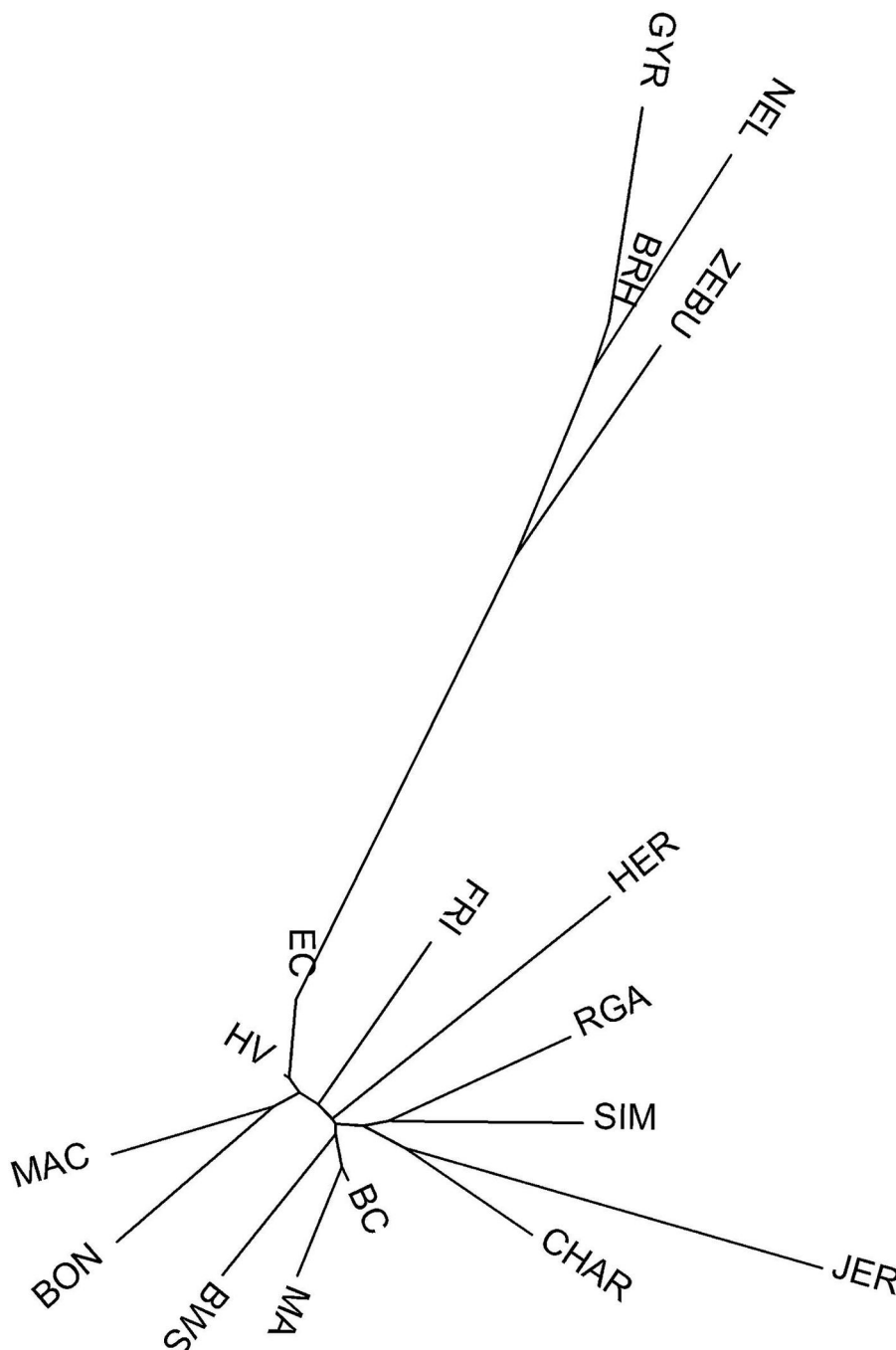


Figura 6. Ejemplo de Árbol filogenético en el estudio de la raza Macabea en comparación con otras razas bovinas. Tomado de Vargas et al., 2016 (PLOS ONE).

3.4.4.4. Estructura genética

Son varios los métodos descritos para la correcta asignación de individuos a poblaciones (Cornuet y col., 1999; Falush y col., 2003; Paetkau y col., 1995; Paetkau y col., 2004; Pritchard y col., 2000; Rannala y Mountain, 1997), pudiéndose reducir a dos tipologías: a) Métodos basados en distancia genética; y b) Métodos basados en modelos probabilísticos.

Los primeros se basan en el cálculo de la matriz de distancia entre cada par de individuos y se representa entonces de forma gráfica en forma de árbol y los clusters son identificados de manera visual. Los segundos asumen que cada cluster es tomado de algún modelo paramétrico, se infieren los parámetros de cada cluster y entonces se hace la inferencia del cluster de cada individuo. Los inconvenientes de estos métodos, son que suponen que las frecuencias alélicas se encuentran en equilibrio Hardy-Weinberg y que el ligamiento entre alelos también lo está; en un momento dado se deben corroborar estos supuestos. A su vez, Dentro de los métodos probabilísticos, también encontramos dos: b.1) Método de frecuencias, donde los individuos se asignan a la población en la que el genotipo del individuo es más probable que ocurra; y b.2) Métodos Bayesianos, similares al de frecuencias, pero asumen una densidad de probabilidad *a priori* de las frecuencias alélicas de cada locus en cada población. Los realiza de la misma forma que el anterior, solo cambia la fórmula de cálculo de la verosimilitud. La diferencia principal, es que la influencia de la frecuencia de alelos raros aquí desaparece.

En el caso de los métodos Bayesianos, para obtener el grado de relación entre grupos se han utilizado los polimorfismos del ADN, donde construyen cadenas o clusters. Se trata de determinar si partes del genoma (clusters) son heredados en una tasa mas alta de la normal desde una población parental, para ello se requiere que las poblaciones se hayan muestreado adecuadamente (Falush y col., 2003). Este método pretende asignar individuos a poblaciones con base a sus genotipos estimando las frecuencias alélicas de cada locus.

En primera instancia se consideran datos de un genotipo multilocus de individuos muestreados, colectados de una población con estructura desconocida. Pritchard y col. (2000) introdujeron un método para identificar poblaciones diferentes; posteriormente se estudia la ascendencia de los individuos muestreados. Se consideran dos modelos para la ascendencia de los individuos, el primero un modelo no-combinado, en el que se asume que los individuos son tomados de forma pura de una de las k poblaciones y el modelo combinado, en el que se permite mezcla de los ancestros; es decir, una fracción q_k del genoma de un individuo viene de la subpoblación K . En ambos modelos se supone que no existe ligamiento entre ellos y que proporcionan información independiente de los ancestros de los individuos en cuestión.

Por otra parte, Falush et al. (2003) introdujeron un modelo en el que se acepta ligamiento entre los marcadores, el cual se incluye en el modelo combinado, para explicar la correlación entre los marcadores ligados. Este modelo permite la estimación del origen de la región del cromosoma dentro del individuo y proporciona una mejor resolución en el estudio del proceso histórico de la muestra. Estos modelos están disponibles en el programa Structure v 2.0 disponible en: <http://pritch.bsd.uchicago.edu>.

Los supuestos principales para estos modelos son que las frecuencias génicas están en equilibrio en el ligamiento y que existe equilibrio Hardy-Weinberg dentro de las poblaciones, por tanto, la similitud del genotipo del individuo i está condicionada por las frecuencias alélicas de su población de origen (Z_i). Q es el vector multidimensional de la proporción de los ancestros para todos los miembros de la muestra. El valor de a representa el valor relativo de la población K al material genético de la muestra; cuando los valores de a son mayores a 1, cada individuo está tomando copias de alelos de las K poblaciones en igual proporción. Para valores pequeños de a (<1), cada individuo se origina sobre todo en una población, con cada una siendo igualmente probable. Conforme a tiende a 0, el modelo se va haciendo similar al no combinado.

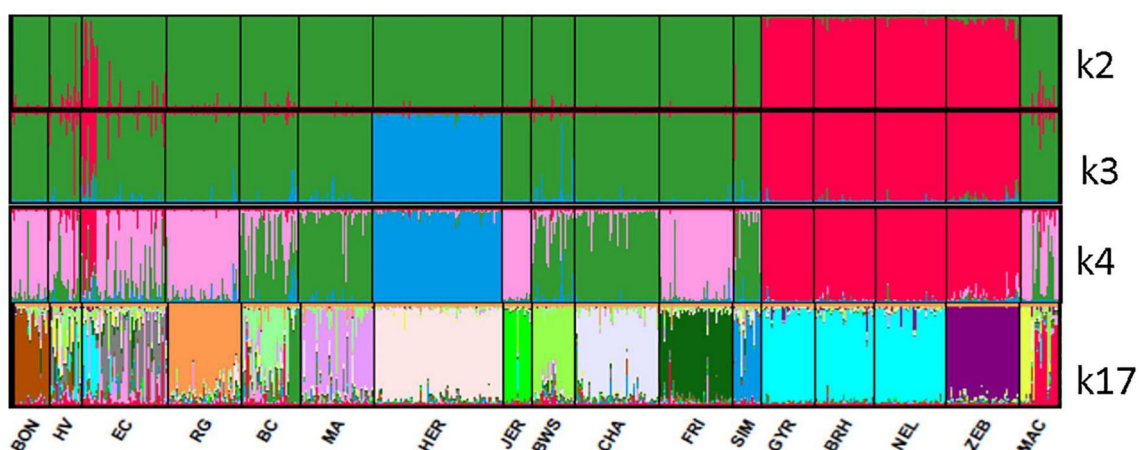


Figura 7. Ejemplo de análisis de subestructura genética en el estudio de la raza Macabea en comparación con otras razas bovinas. Tomado de Vargas et al., 2016 (PLOS ONE)

Finalmente, se hace necesario reseñar la importancia en la realización de estudios de caracterización genética de razas criollas iberoamericanas mediante marcadores moleculares a lo largo de los últimos años (Delgado et al, 2010), resultando que los criollos representan importantes reservorios de diversidad genética y que se deben implementar medidas de conservación apropiadas para estas razas nativas con el fin de minimizar la endogamia y el cruzamiento no controlado. En este sentido, hay que resaltar que Ecuador es uno de los países con menor número de estudios presenta sobre razas criollas o locales.

Por otra parte, tras el estudio de las huellas genéticas del ganado ibérico en América 500 años después de la llegada de Colón (Martínez et al., 2012), se constata que el ganado criollo aún muestran una fuerte y predominante huella de sus antepasados ibéricos, si bien las razas criollas difieren ampliamente entre sí, tanto en la estructura genética como en las influencias recibidas de otras razas. De ahí que se reitere la necesidad de desarrollar programas que eviten su extinción o una mayor erosión genética, lo que comprometería siglos de adaptación selectiva a una amplia gama de condiciones ambientales, evitando así los procesos de absorción genética derivados de la influencia de

las razas cebuinas (Villalobos et al., 2015). Sirva como ejemplo, el trabajo realizado sobre la raza bovina Macabea (Vargas et al., 2016), en que se muestra la importancia de este recurso zoogenético ecuatoriano por sus atributos relevantes y únicos en el contexto amazónico, considerando su alto nivel de pureza y la influencia nula de las razas exóticas cosmopolitas con los europeos o de origen asiático.

3.4.4.5. Consideraciones finales:

El ganado bovino criollo podría dividirse en tres grandes agrupamientos obedeciendo a su adaptación a diferentes entornos y los procesos selectivos que ha ido superando a lo largo del tiempo: 1) tipo tropical propiamente dicho, aquel amoldado a las condiciones tropicales y subtropicales donde encaja la mayor parte del ganado de doble propósito; 2) tipo pantaneiro, propio de las zonas encharcadas estacionalmente o a lo largo de todo el año y 3) tipo alta montaña, característico de la zona andina y áreas de alta montaña por su adaptación a las alturas.

En cualquier caso, según Primo (1992) el ganado criollo presenta unas características generales comunes a todo el conjunto:

- Caracteres morfológicos:
 - Cabeza con cuernos, excepto la raza Romosinuano en Colombia, el Mocho Nacional y el Caracú, variedad mocha en Brasil.
 - Dorso de apariencia ensillada, excepto la raza Casanare de Colombia.
 - Desprendimiento alto de la cola.
 - Predominio de una sola capa de pelo de color entre amarillo claro y rojo cereza, excepto la raza BON en Colombia, las criollas de Argentina, Uruguay y la Crioula Lageana en Brasil.

- Piel bien pigmentada y ombligo corto.
- Caracteres funcionales:
 - Sobresalientes en fertilidad, habilidad materna y longevidad.
 - Mansedumbre natural, excepto la raza Casanare de Colombia.
 - Partos normales y terneros fuertes al nacimiento.
 - Toros sexualmente activos.
 - Alto vigor híbrido en cruces con Cebú.

A estos atributos cabría sumar su gran capacidad de adaptación y resistencia a distintos entornos y condiciones climáticas, destacando especialmente su tolerancia al calor. En este sentido, se destaca la presencia más o menos generalizada de papada (continua o discontinua) así como de pliegue umbilical, atributos que se relacionan con la adaptación de estos animales a climas cálidos (Vilaboa Arroniz et al., 2012). Asimismo, también habría que mencionar algunos otros rasgos de gran importancia en su diferenciación frente a poblaciones con influencia de ganado cebú, como es el caso de la relación anchura de la oreja con respecto a su longitud de manera que para el criollo se observan valores 0.59 (oreja redondeada) en contraposición a 0.47 para Nelore (oreja alargada), destacando el posible valor como elemento diferenciador de cruzamientos (Poli, 1989). De la misma forma, Zayas et al. (2012) estudiaron el tamaño de la oreja en la raza Pampa Chaqueño en Paraguay desde el punto de vista métrico y su categorización en tipos pequeño, mediano y grande, encontrando las mayores frecuencias de presentación para las orejas medianas proponiendo poder considerar el resto de tipologías como criterios de descarte racial.

Finalmente las tablas 3 a 11 muestran, a modo de compendio, los valores medios de las principales variables zoométricas, morfológicas, fanerópticas y de marcadores del ADN (microsatélites) en distintas razas bovinas criollas iberoamericanas.

Tabla 3. Valores medios de las principales variables zoométricas en razas criollas ecuatorianas.

PAIS	RAZA	AÑO	LCF	ACF	ACR	LOI	PT	PC	LG	All	PV
Ecuador	Pizán	2008	44,1	20,7	130,0	139,5	177,0	17,8	46,55	43	
Ecuador	Colorado Lojano	2011	48,4	21,3	115,6	190	164,9	16	46	41	280
Ecuador	Encerado Lojano	2011	49	21,4	115,0	187	161	16	45,5	42	265
Ecuador	Negro Lojano	2011	49	21	117,0	191	164	16,3	47	41	300
Ecuador	Pintado Lojano	2011	48,5	21	114,7	188,6	160	16	45	41,6	262
Ecuador	Patus	2015	47,5	20,8	108,5	131,5	165,83	15,5	34,42	40,83	
Ecuador	Macabea	2015	51,90	25,0	125,0	143,6	177,0		52,5	50,0	
Ecuador	Criollo Esmeraldas	2015	48,1	21,2	128,79	150,02	166,87	17,20	43,82	39,56	
Ecuador	Criollo Cuenca	2016	49,5	21,2	123,3	145,2	170,9	16,9	46,8	46,9	374,9
Ecuador	Holstein	2016	50,3	22,2	129,5	149,9	178,9	17,9	47,6	48,1	425,5
Ecuador	Brown Swiss	2016	51,6	22,2	133,8	155,2	179,9	18,1	48,9	51,0	444,6
Ecuador	Jersey	2016	47,6	21,4	121,8	141,2	168,9	16,8	46,8	46,3	355,7

Tabla 4. Valores medios de las principales variables zoométricas en otras razas criollas iberoamericanas.

PAIS	RAZA	AÑO	ACF	LCF	ACR	LOI	PT	PC	LG	All	PV
Uruguay	Criollo Uruguayo	2001			119,17	137,93	156,35	16,5	31,84	41,44	
Argentina	Criollo Argentino	2002	50-53	22-23	117-125	154-170	164-188				
México	Criollo Mixteco	2002			103,16	111,15	134,1	16,1	37,04	31,95	176,51
Colombia	Casanare	2003	49,05	21,95	121,05	176,5	160,5	16,6	41,2		357
Argentina	Criollo Patagónico	2007	57,95	30,8	130,0	181,9	199		59,01	20,2	
España	Serrana de Teruel	2009	40 - 58	16 - 26	117 - 141	145,5	175	19 - 25	40 -54	38 -54	
Colombia	Caqueteño	2010	51,3	35,3	126,5	146,9	174,1	20,9	42,9	37,1	372,8
Colombia	Hartón del valle	2010	48,3	37,2	129,2	152,3	160,1	21,3	40,5	38,8	465
Colombia	Romosinuano	2010	46,4	38,9	123,5	145,5	175,5	20,6	39,7	38,5	412,2
Colombia	Costeño con Cuerno	2010	47,4	39,3	120,7	125	174,3	21,2	36,9	37,8	415
Venezuela	Limonero	2012	45 - 54	23 - 30	116 - 135	134,5	171,5	17 -23	31- 41	60- 76	
Colombia	Blanco Orejinegro	2014	44- 55	21 -26	114 -133	185,5	174	14 -19	44 -58	39 -57	460
Panamá	Criollo Panamá	2014	43,1	21,0	116,0	125,5	149,5		36,5	36,5	

Tabla 5. Valores medios de las principales variables fanerópticas en razas criollas ecuatorianas.

PAIS	RAZA	AÑO	Capa más frecuente	Segundo color capa	Otras capas	Tipo cuernos	Pigmentación mucosas
Ecuador	Pizán	2008	Blanco	Encerado	Pintado	Proceros	Negras
Ecuador	Colorado Lojano	2011	Colorado encendido	Colorado con blanco	Bayo	Proceros	Negras
Ecuador	Encerado Lojano	2011	Marrón claro	Marrón oscuro		Proceros	Negras
Ecuador	Negro lojano	2011	Negro	Negro con blanco		Proceros	Negras
Ecuador	Pintado	2011	Blanco y negro	Blanco, colorado y negro		Proceros	Negras
Ecuador	Patus	2015	Blanco rojo	Negro y Blanco	Bayo y Negro	Proceros	Negras

Tabla 6. Valores medios de las principales variables fanerópticas en razas criollas ecuatorianas. Continuación.

PAIS	RAZA	AÑO	Pigmentación pezuñas	Tipo de pelo	Papada	Pliegue umbilical	Borla de la cola
Ecuador	Pizan	2008	Ámbar	Grueso	Discontinua	Ausente	Media
Ecuador	Colorado Lojano	2011	Negras	Corto y fino	Discontinua	Ausente	Pequeña
Ecuador	Encerado Lojano	2011	Negras	Corto y fino	Discontinua	Ausente	Pequeña
Ecuador	Negro lojano	2011	Pigmentados	Corto y fino	Discontinua	Ausente	Media
Ecuador	Pintado Lojano	2011	Negras	Corto	Reducida	Ausente	Media
Ecuador	Patus	2015	Negras	Corto	Discontinua	Ausente	Pequeña

Tabla 7. Valores medios de las principales variables fanerópticas en otras razas criollas iberoamericanas.

PAIS	RAZA	AÑO	Capa más frecuente	Segundo color capa	Otras capas	Tipo cuernos	Pigmentación mucosas
Colombia	Harton del Valle	2008	Rojizo	Negro	Amarillo	Opistoreros	Negras y carmelita
Colombia	Casanare	2010	Castaño oscuro	Jabonero	Castaño	Opistoreros	Negras
Colombia	Romosinuano	2010	Bayo	Rojo cereza	Rojo y blanco	Proceros	Claras o negras
Colombia	Costeño con cuernos	2010	Negra	Bayo claro	Bayo oscuro	Proceros	Negras
Colombia	Caqueteño	2010	Bayo	Rojo cereza		Opistoreros	Sonrosada
Colombia	Harton del valle	2008	Rojizo	Negro	Amarillo	Opistoreros	Negras y carmelita

Tabla 8. Valores medios de las principales variables fanerópticas en otras razas criollas iberoamericanas. Continuación.

PAIS	RAZA	AÑO	Pigmentación pezuñas	Tipo de pelo	Papada	Pliegue umbilical	Borla de la cola
Colombia	Hartón del Valle	2008	Negras	Corto	Discontinua	Ausente	Pequeña
Colombia	Casanare	2010	Negras	Fino	Discontinua	Ausente	Pequeña
Colombia	Romosinuano	2010	Negras	Corto	Discontinua	Ausente	Mediana
Colombia	Costeño con cuernos	2010	Negras	Fino y corto	Discontinua	Ausente	Mediana
Colombia	Caqueteño	2010	Negras	Corto	Discontinua	Ausente	Pequeña
Colombia	Hartón del valle	2008	Negras	Corto	Discontinua	Ausente	Pequeña

Tabla 9. Valores medios de las principales variables de diversidad genética en razas criollas ecuatorianas y autóctonas españolas.

PAIS	RAZA	AÑO	He	Ho	NMA	PIC	<i>F_{IS}</i>	<i>F_{IT}</i>	<i>F_{ST}</i>
Ecuador	Negro lojano	2011	0,73	0,67	6,43	0,67	0,09	0,089	0,0008
Ecuador	Encerado	2011	0,74	0,68	6,11	0,68	0,09	0,089	0,0008
Ecuador	Colorados	2011	0,73	0,63	5,43	0,65	0,09	0,089	0,0008
Ecuador	Pintado	2011	0,76	0,73	5,25	0,67	0,09	0,089	0,0008
Ecuador	Macabea	2014	0,73	0,72	7,25	0,71	-0,0097	0,11	0,07
España	Marismeña	2005	0,62	0,61	6,7	0,66			
España	Berrenda en Colorado	2007	0,71	0,7	6,9	0,77	0,087	0,07	0,009
España	Berrenda en Negro	2007	0,72	0,72	7,74	0,74	0,057	0,07	0,009
España	Lidia	2008	0,72	0,52	3,8	0,68	0,009	0,26	0,2

Tabla 10. Resultados sobre principales variables de diversidad genética en el estudio de microsatélites en razas bovinas criollas colombianas.

PAIS	RAZA	AÑO	He	Ho	NMA	PIC	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
Colombia	Hartón del valle	2008	0,79	0,66	9,46	0,79	0,16	0,18	0,049
Colombia	Casanare	2010	0,76	0,63	7,22	0,76	0,2	0,1	0,03
Colombia	Caqueteño	2010	0,77	0,66	9,21	0,73	0,14	0,44	0,16
Colombia	Costeño con cuerno	2010	0,84	0,56	5		0,32		
Colombia	Blanco Orejinegro	2010	0,72	0,62	6,6	0,6	0,15	0,238	0,106
Colombia	San Martinero	2010	0,73	0,73	5		0,07		
Colombia	Romosinuano	2010	0,67	0,54	7,6	0,8	0,27	0,37	0,14
Colombia	Cebuina Colombiana	2010	0,76	0,59	7,6	0,97	0,22	0,37	0,069

Tabla 11. Resultados sobre principales variables de diversidad genética en el estudio de microsatélites en otras razas bovinas criollas iberoamericanas.

PAIS	RAZA	AÑO	He	Ho	NMA	PIC	<i>F_{IS}</i>	<i>F_{IT}</i>	<i>F_{ST}</i>
Venezuela	Limonero	2007	0,69	0,6	8,14	0,65	0,12	0,13	0,009
México	Criollo mexicano	2007	0,76	0,74	7,29	0,74	0,076	0,107	0,033
Perú	Criollo Peruano	2008	0,7	0,68	5	0,7			0,024
Argentina	Patagónico Argentino	2008	0,61	0,57	5,04	0,56	0,066	0,13	0,11
Panamá	Guaymí	2010	0,65	0,63	7,5	0,61	0,033	0,18	0,09
Panamá	Guabalá	2010	0,72	0,71	5,6	0,69	0,053	0,13	0,07
México	Criollo lechero tropical	2012	0,7	0,63	7,75	0,66	0,059	0,178	0,126
Venezuela	Carora	2014	0,66	0,65	4,6	0,61	-0,13	0,12	0,009
Costa Rica	Supobl. Costa Rica	2015	0,78	0,77	10,3	0,76	0,02	0,05	0,03

4.- MATERIAL Y MÉTODOS

4.1.- Población y recopilación de información

El área de estudio fue la provincia de Manabí, compuesta por 22 cantones, que se ubica en la costa ecuatoriana con una superficie de 19.364 km². Se extiende a ambos lados de la línea equinoccial, de 0° 25' N hasta 1° 57' S, y de 79° 24' O a 80° 55' O. Existen dos zonas agroecológicas: 1) Bosque seco tropical (BST), con una altitud promedio de 300 msnm, temperatura media anual de 23 a 25 °C, período de lluvia de diciembre a mayo y precipitación en un rango de 1.000 a 2.000 mm; y 2) Bosque húmedo tropical (BHT), con una altitud de 500 a 600 msnm, temperaturas promedio anual de 23 a 25,5 °C, con un período de lluvia de diciembre a febrero y precipitación en un rango de 2.000 a 3.000 mm. Asimismo la provincia de Manabí concentra la mayor parte del bovino criollo de la región de la costa, disponiendo de un censo de 360.271 hembras adultas, que corresponde al 18% del censo nacional bovino, y distribuyéndose en 25.255 explotaciones (INEC, 2016). Manabí es la demarcación geográfica donde se localiza el criollo Manabita o Jaspeado Manabita (DADIS, 2017).

Cabe destacar la inexistencia de asociaciones de ganaderos en la provincia de Manabí, así como de registros genealógicos y productivos de los animales.

4.2.- Muestra

4.2.1.- Muestreo para las variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas.

Tras la revisión de experiencias previas y protocolos de la FAO (Delgado et al., 2001; Pilling, 2010 y FAO, 2012), se consultó con los criadores sobre los ejemplares que consideraban más característicos y ajustados al biotipo de CGM con el fin de ser sometidos a la medición y recopilación de información, siendo elegidos al azar entre 4 y 8 animales adultos por explotación, en función de una dimensión menor o mayor a 30 hembras reproductoras por unidad de producción, respectivamente. Se utilizó una muestra inicial de 818 animales, quedando reducidos a 773 animales: 753 hembras y 20 machos, tras la realización de un proceso de depuración de las bases de datos. En la Tabla 12 se expone la distribución de animales muestreados, según cantón y sexo, en los que se han estudiados las variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas.

4.2.2.- Muestreo para las variables de caracterización genética

Se han analizado 31 muestras de bovinos Criollos de Ecuador recogidas en la provincia de Manabí (Tabla 13) y adscritos morfológicamente a la población de ganado criollo de Manabí. Fueron animales independientes genealógicamente y tomados al azar. Las muestras de pelo se han recogido en sobres de papel identificados con los datos de cada animal y se han mantenido a temperatura ambiente hasta su envío al laboratorio. Dichas muestras fueron recibidas en el Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de la empresa Animal Breeding Consulting S.L. (ABC) de la Universidad de Córdoba (España) y una vez allí, se les ha asignado a cada una un número de laboratorio.

Tabla 12.- Muestra de bovinos criollos analizada para las variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas.

Cantón de origen	Nº Hembras	Nº Machos	Total animales
24 de mayo	40	1	40
Bolívar	50	1	52
Chone	40	2	42
El Carmen	40	1	41
Flavio Alfaro	40	1	42
Jama	40	1	41
Jipijapa	40	1	40
Manta	40	1	40
Montecristi	40	1	41
Olmedo	40	1	41
Paján	40	1	41
Pedernales	40	1	41
Pichincha	50	1	5
Portoviejo	48	1	50
Rocafuerte	50	1	51
San Vicente	40	1	41
Santa Ana	40	1	40
Sucre	40	1	40
Tosagua	40	1	41
TOTAL	798	20	818

Tabla 13.- Muestras de bovinos criollos de Manabí analizadas para marcadores genéticos.

NLAB	MUESTRA	SEXO	TIPO MUESTRA
212293	3532	H	Pelo
212294	5971	H	Pelo
212295	741	M	Pelo
212296	1037	H	Pelo
212297	9452	H	Pelo
212298	273	H	Pelo
212299	188	H	Pelo
212300	95	H	Pelo
212301	61	H	Pelo
212302	58	H	Pelo
212303	2784	H	Pelo
212304	2832	H	Pelo
212305	2775	H	Pelo
212306	5212	H	Pelo
212307	228	H	Pelo
212308	2768	H	Pelo
212309	2740	H	Pelo
212310	2745	H	Pelo
212311	2931	H	Pelo
212312	2847	H	Pelo
212313	2715	H	Pelo
212314	5782	M	Pelo
212315	22	H	Pelo
212316	9501	H	Pelo
212317	891	H	Pelo
212318	2779	H	Pelo
212319	2771	H	Pelo
212320	2756	H	Pelo
212321	4571	H	Pelo
212322	5542	H	Pelo
212678	1001	M	Pelo
212293	3532	H	Pelo
212294	5971	H	Pelo
212295	741	M	Pelo
212296	1037	H	Pelo
212297	9452	H	Pelo
212298	273	H	Pelo
212299	188	H	Pelo
212300	95	H	Pelo
212301	61	H	Pelo
212302	58	H	Pelo
212303	2784	H	Pelo

4.3.- Metodología

4.3.1.- Metodología para la obtención de variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas

Procedimiento experimental

Con carácter previo a la visita de las explotaciones, se realizó una planificación de actividades y un cronograma de trabajo. Asimismo, la toma de datos se llevó a cabo en fichas técnicas individualizadas por cada uno de los animales que conformaron la muestra.

Variables zoométricas

La base animal seleccionada se valoró a partir de 15 variables morfométricas de entre las recomendadas por Parés (2009): Anchura de la cabeza (ACF), Longitud de la cabeza (LCF), Longitud de la cara (LR), Longitud del cráneo (LCR), Alzada a la cruz (ACR), Diámetro bicostal (DBC), Distancia entre encuentros (DEE), Diámetro dorsoesternal (DDE), Perímetro torácico (PT), Perímetro de la caña (PC), Longitud occipital-isquial (LOI), Alzada entrada grupa (AEG), Longitud grupa (LG), Anchura interilíaca (All) y peso vivo (PV). Para su obtención en campo se utilizó el bastón zoométrico Hauptner, compás de brocas, cinta métrica inextensible y báscula Gallagher W210 (Uruguay).

Índices zoométricos

Se obtuvieron cuatro índices zoométricos de interés etnológico: índice cefálico ($ICEF = AC \cdot 100 / LC$); índice torácico ($ITOR = DBC \cdot 100 / DDE$); índice pelviano ($IPEL = AG \cdot 100 / All$) e índice peso relativo (compacidad) ($IPR = PV \cdot 100 / AC$); seis índices de interés productivo: índice dáctilo-costal ($IDC = PC \cdot 100 / DBC$); índice de profundidad relativa del tórax ($IPRT = DDE \cdot 100 / AC$); índice de grueso relativo de la caña ($IGRC = PC \cdot 100 / AC$); índice carga de la caña ($ICC = PC \cdot 100 / PV$); índice dáctilo-torácico ($IDT = PC \cdot 100 / PT$); y otros seis índices: índice de anamorfosis ($IANA = PT^2 / AC$); índice morfológico de Alderson sobre alzada inclinada ($IALD1 = AC - AEG$); índice morfológico de Alderson sobre

longitud de equilibrio de la pata delantera ($IALD2 = AC - DDE$); índice Skorkowski W1 ($W1 = AC * 100 / LR$); índice Skorkowski W5 ($W5 = AC * 100 / DDE$); e índice Skorkowski W6 ($W6 = DDE * 100 / DE$). Los índices fueron calculados siguiendo la metodología expuesta por Parés (2009).

Variables morfológicas

Se analizaron 25 variables cualitativas, 16 de ellas de tipo morfológico: presencia/ausencia de giba, perfil cefálico; tamaño y orientación de las orejas; órbitas; longitud de cuello; inclinación de la línea dorsolumbar; inclinación de la grupa; posición del nacimiento de la cola; forma de la nalga; finura cola; tipo de vientre, tipo de aplomos; inserción de la ubre; tamaño de los pezones; y presencia/ausencia de pezones supernumerarios; y otras nueve variables de tipo morfológico: forma del cuerno (tipos proceros, ortoceros y opistoceros, es decir, cuernos con nacimiento delante de la línea de nuca, en la propia línea de la nuca y detrás de la línea de la nuca, respectivamente); extensión de la capa; color de la capa; pigmentación de las mucosas; pigmentación de las pezuñas; tipo de pelo, presencia/ausencia de papada, presencia/ausencia pliegue umbilical, y tipo borla de la cola. Para la observación y recopilación de la información de estas variables se siguió la metodología expuesta por Sánchez e Iglesias (2009).

4.3.2.- Metodología para la obtención de datos de marcadores genéticos

4.3.2.1.- Elección del panel de marcadores

Para este trabajo se han analizado 28 microsatélites, recomendados por el comité de expertos de la FAO/ISAG (*Food and Agriculture Organization of the United Nations/International Society of Animal Genetics*) para estudios de diversidad genética en la especie bovina (Tablas 14 y 14bis).

Tabla 14.- Microsatélites recomendados por la FAO para estudios de biodiversidad en ganado bovino.

Microsatélite	Cromosoma	Rango	Cebadores
BM1314	26	173-203	TTCCTCCTCTTCTCTCCAAAC ATCTCAAACGCCAGTGTGG
BM1818	23	90-110	AGCTGGGAATATAACCAAAGG AGTGCTTTCAAGGTCCATGC
BM1824	1	134-165	GAGCAAGGTGTTTTTCCAATC CATTCTCCAACCTGCTTCCTTG
BM2113	2	104-130	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTCCTGAGAGAAGCAACACC
BM8125	17	128-157	CTCTATCTGTGGAAAAGGTGGG GGGGGTTAGACTTCAACATACG
CSRM60	10	180-200	AAGATGTGATCCAAGAGAGAGGCA AGGACCAGATCGTGAAAGGCATAG
CSSM66	14	282-315	ACACAAATCCTTTCTGCCAGCTGA AATTTAATGCACTGAGGAGCTTGG
ETH10	5	160-195	G TTCAGGACTGGCCCTGCTAACA CCTCCAGCCCACCTTCTCTTCTC
ETH185	17	105-145	TGCATGGACAGAGCAGCCTGGC GCACCCCAACGAAAGCTCCCAG
ETH225	9	240-260	GATCACCTTGCCACTATTTCTCCT ACATGACAGCCAGCTGCTACT
ETH3	19	254-290	GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG
HAUT24	22	120-146	CTCTCTGCCTTTGTCCCTGT AATACACTTTAGGAGAAAAATA
HAUT27	27	203-232	TTTTATGTTCATTTTTTGACTGG AACTGCTGAAATCTCCATCTTA
HEL13	11	215-240	TAAGGACTTGAGATAAGGAG CCATCTACCTCCATCTTAAC

Tabla 14bis.- Microsatélites recomendados por la FAO para estudios de biodiversidad en ganado bovino. (Continuación)

Microsatélite	Cromosoma	Rango	Cebadores
HEL9	8	102-136	CCCATTCAGTCTTCAGAGGT CACATCCATGTTCTCACCAC
ILSTS11	14	150-170	GCTTGCTACATGGAAAGTGC CTAAAATGCAGAGCCCTACC
ILSTS6	7	141-182	TGTCTGTATTTCTGCTGTGG ACACGGAAGCGATCTAAACG
INRA23	3	75-107	GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC TAACTACAGGGTGTAGATGAACTC
INRA32	11	100-122	AAACTGTATTCTCTAATAGCTAC GCAAGACATATCTCCATTCTTT
INRA35	16	153-173	ATCCTTTGCAGCCTCCACATTG TTGTGCTTTATGACACTATCCG
INRA37	10	180-200	GATCCTGCTTATATTTAACCAC AAAATTCCATGGAGAGAGAAAC
INRA63	18	265-285	ATTTGCACAAGCTAAATCTAACC AAACCACAGAAATGCTTGGAAG
MM12	9	190-225	CAAGACAGGTGTTTCAATCT ATCGACTCTGGGGATGATGT
SPS115	15	100-130	AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG AACGAGTGTCTAGTTTGGCTGTG
TGLA053	16	150-180	GCTTTCAGAAATAGTTTGCATTCA ATCTTCACATGATATTACAGCAGA
TGLA122	21	120-145	CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC AATCACATGGCAAATAAGTACATAC
TGLA126	20	115-131	CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTCT TTGGTCTCTATTCTCTGAATATTCC
TGLA227	18	171-191	CGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCT ACAGACAGAAACTCAATGAAAGCA

4.3.2.2.- Extracción de ADN

El ADN se ha extraído de las muestras de pelo con raíz de los animales referidos en la Tabla 13 mediante el siguiente protocolo:

1.- Material empleado:

- TE: Tris-HCl 10 mM, EDTA 1 mM pH=8.
- Tampón K: 0,372 g de KCl, 0,051g de MgCl₂, 1 ml de Tris-HCl 1 M (pH=8,5), 0,5 ml de Tween 20 y 98 ml de H₂O. Añadir 100 ug/ml de Proteinasa K justo en el momento en que se va a utilizar.

2.- Método:

- Lavar de 3 a 5 pelos con raíz de cada animal con agua bidestilada y después con etanol 100%.
- Dejar secar.
- Cortar las raíces de los pelos con unas tijeras esterilizadas con alcohol e introducirlos en microtubos.
- Añadir 100 µl de tampón K.
- Incubar a 56 °C durante 45 minutos.
- Elevar la temperatura a 95 °C e incubar durante 10 minutos.
- Conservar a -20 °C hasta su uso.

4.3.2.3.- Amplificación in vitro del ADN mediante PCR, secuenciación y tipificación de las muestras

Los fragmentos obtenidos mediante la PCR se han sometido a una electroforesis en gel de poliacrilamida en un secuenciador automático capilar ABI 3130XL. El genotipado se ha analizado con los programas Genescan Analysis[®] v 3.1.2 y Genotyper[®] 2.5.

4.4.- Análisis estadísticos

4.4.1.- Variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas

Inicialmente se realizó un análisis estadístico descriptivo de las variables cuantitativas estudiadas. Posteriormente, se diferenciaron hembras y machos, para lo que se utilizó un análisis de varianza univariante para comparar rasgos morfométricos utilizando el sexo como único efecto fijo. De igual forma, se estimaron los coeficientes de correlación de Pearson entre todos los rasgos morfométricos y PV. Finalmente, en las variables fanerópticas y morfológicas se calculó la proporción media y el error estándar de la proporción media. Los análisis estadísticos fueron realizados usando el software SPSS, versión 19 (2010).

4.4.2.- Microsatélites del ADN

4.4.2.1.- Diversidad genética intra-racial

Se ha calculado el número medio de alelos por locus (MNA), las frecuencias alélicas, las heterocigosis esperada (H_e) y observada (H_o) y el contenido de información polimórfica (PIC) con el programa MICROSATELLITE TOOLKIT software para Excel (Park, 2001). Se ha calculado el número efectivo de alelos con el programa PopGene (Yeh and Boyle, 1997). Los valores de F_{IS} (coeficiente de consanguinidad) con un intervalo de confianza del 95% se han calculado con el programa informático GENETIX v. 4.05 (Belkhir et al., 2003) y se ha realizado una prueba de equilibrio Hardy-Weinberg (HW) usando el programa GENEPOP v. 3.1c (Raymond and Rousset, 1995), que aplica el test exacto de Fisher usando el método en cadena de Monte Carlo Markov y la corrección de Bonferroni (Guo and Thompson, 1992).

4.4.2.2.- Diversidad genética inter-racial. Relaciones con otras razas

Para este análisis, la población del GCM de Ecuador se ha incluido en una base de datos que comprende otras 33 razas pertenecientes al Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de Animal Breeding Consulting S.L. y del Consorcio BioBovis (<http://biobovis.jimdo.com>), siendo éstas empleadas en el presente análisis sólo a título de grupos de comparación (Tabla 16). Del conjunto de razas analizadas, 14 eran criollas iberoamericanas (Sudamérica (10); Centroamérica (3); Ecuador (4)), otras 9 razas eran ibéricas, 5 razas eran internacionales, otras 5 eran cebuinas y otra más africana (Kenya). El tamaño de la muestra analizada fue de 1495 individuos y 19 microsatélites comunes a todas las poblaciones, empleándose el cálculo de distancia D_A , Nei et al (1983).

4.4.2.2.1. Análisis multidimensionales

El Análisis de Componentes Principales y el Análisis Factorial de Correspondencia tienen como objetivo encontrar la estructura más sencilla reduciendo la dimensionalidad de las variables sin perder información importante. Para realizar esta reducción se simplifica el número de variables a un pequeño número de índices. El Análisis Factorial de Correspondencia con el programa GENETIX (Belkhir et al. 2003).

4.4.2.2.2.- Distancias genéticas

Se han calculado las distancias genéticas D_A (Nei et al. 1983) con el programa informático POPULATIONS (Langella, 1999). Con los valores de distancia obtenidos se ha realizado un dendograma Neighbor-Joining mediante el programa TREEVIEW (Page, 1996) para representar gráficamente las relaciones genéticas entre las razas.

4.4.2.2.3.- Estudios de vecindad

Se han calculado los estadísticos F de Wright (Wright, 1969): el coeficiente de consanguinidad F_{IT} (coeficiente de consanguinidad de cada individuo con respecto a la población total), el coeficiente de diferenciación genética F_{ST} (el efecto de las subpoblaciones en comparación con la población total) y F_{IS} (coeficiente de endogamia de cada individuo en relación a la subpoblación a la que pertenece). Estos estadísticos se han calculado mediante el programa GENETIX (Belkhir et al. 2003).

4.4.2.2.4.- Estructura genética

Se ha realizado un análisis de la subestructura de la población bovina de Manabí utilizando un algoritmo bayesiano del programa de análisis STRUCTURE v 2.1 (Pritchard et al., 2000), que emplea un modelo basado en método de cadenas Markov de Monte Carlo, que estima la distribución a posteriori de cada coeficiente de mezcla de cada individuo (q). La media de esta distribución representa una estimación de la proporción que el genoma de cada individuo tiene de las poblaciones parentales. Con este programa se hace un análisis de agrupamiento de los individuos estudiados en un diferente número de clusters (K) que representarían el número de poblaciones asumidas utilizando un modelo de mezcla en el cual cada individuo podría contener en su genoma porcentajes variables de las poblaciones ancestrales de las que proviene.

Tabla 15.- Poblaciones bovinas utilizadas en el estudio comparativo: denominación, acrónimo, país de procedencia y número de animales

	RAZA/POBLACIÓN	ACRÓNIMO	PROCEDENCIA	n
1	Criollo Ecuador (Manabí)	MAN	Ecuador	31
2	Criollo Ecuador (Santa Elena)	SE	Ecuador	53
3	Criollo Ecuador (Loja)	LOJA	Ecuador	46
4	Criollo Ecuador (Macabea)	MACA	Ecuador	25
5	Texas Longhorn	TLH	USA	59
6	Criollo Lechero Tropical	CLT	México	46
7	Guaymí	GY	Panamá	36
8	Blanco Orejinegro	BON	Colombia	25
9	Hartón del Valle	HV	Colombia	22
10	Caracú	CAR	Brasil	57
11	Pantaneiro	PAN	Brasil	48
12	Criollo Uruguayo	CUR	Uruguay	43
13	Criollo Pilcomayo	PIL	Paraguay	36
14	Criollo Argentino	CARG	Argentina	50
15	Retinto	RET	España	50
16	Avileña	AVI	España	50
17	Rubia Gallega	RGA	España	50
18	Berrenda Colorado	BC	España	40
19	Marismeña	MAR	España	50
20	Pajuna	PAJ	España	38
21	Negra Andaluza	NAN	España	50
22	Vaca Canaria	VCA	España	50
23	Vaca Palmera	PAL	España	50
24	Hereford	HER	Internacional	88
25	Parda Suiza	BWS	Internacional	29
26	Charolais	CHAR	Internacional	58
27	Holstein	HOL	Internacional	50
28	Limousin	LIM	Internacional	47
29	EASZ	EASZ	Kenya	47
30	Gyr	GYR	Brasil	36
31	Brahman	BRH	Brasil	41
32	Sindi	SIN	Brasil	11
33	Guzerat	GUZ	Brasil	15
34	Nelore	NEL	Brasil	68

5.- RESULTADOS Y DISCUSIÓN

5.1.- Variables zoométricas o morfométricas

5.1.1.- Caracterización del Ganado Criollo de Manabí según las medidas zoométricas

En la Tabla 16 se muestran los estadísticos descriptivos y los resultados del análisis de varianza respecto al sexo de las variables zoométricas del GCM. La mayoría de las variables presentan valores menores al 20% de CV, lo que indica la existencia de moderada variabilidad en la población, confirmando así una discreta uniformidad zoométrica, a excepción de los resultados encontrados para el DBC y el PV con valores del CV que superan el 20%. Este hecho constata que DBC y PV son las variables zoométricas con mayor variabilidad (Herrera, 2007), al estar estrechamente correlacionadas con la condición corporal. Por su parte, la homogeneidad fenotípica observada para el resto de variables zoométricas fue sensiblemente menor que en otras razas criollas iberoamericanas: Criollo Uruguayo (Rodríguez et al., 2001); Criollo Pantaneiro en Brasil (Abreu et al, 2005); Criollo Patagónico en Argentina

(Martínez et al., 2007); Criollo Barroso o Salmeco en Guatemala (Jauregui y Melgal, 2009); Criollo Pampa Chaqueño en Paraguay (Martínez-López et al., 2009); Criollo Limonero de Venezuela (Contreras et al., 2011); Criollo de Chinampo en México (Espinoza et al., 2009); Berrenda en Colorado y Berrenda en Negro (González, 2007); Serrana de Teruel (Vigil et al., 2009) y Pallaresa (Jordana et al., 2010) en España; y el criollo ecuatoriano de la provincia de Loja (Apolo y Chalco, 2012) y Casanare en Colombia (Salamanca y Crosby, 2013); así como también ligeramente inferior a otras razas como el Criollo Mixteco en México (Méndez et al., 2002); Criollo de Saavedra en Bolivia (Centellas et al., 2008); y Criollo Lojano (Apolo y Chalco, 2012); Criollo Macabeo (Vargas et al., 2015); y Criollo de Santo Domingo de Tsachilas en Ecuador (Cevallos et al., 2015).

Los resultados obtenidos confirman que, la población criolla analizada presenta mayor formato corporal al conjunto de razas criollas mencionadas anteriormente, especialmente en los parámetros de alzada, longitud y perímetro, a excepción del Criollo Barroso o Salmeco de Guatemala (Jauregui y Melgal, 2009); o la raza Parda Alpina (Brown Swiss norteamericana) en Chiapas (México) (Alfonso et al., 2011), poblaciones que superan en tamaño a la estudiada. De la misma forma, los resultados obtenidos son similares a los valores reportados para otras poblaciones criollas ecuatorianas: Pizán (Alvear, 2008); Criollo de Esmeraldas (Benavides, 2015), Macabea (Vargas et al., 2015), Patúa (Amores, 2015) y Criollo de Cuenca (Alvarado y Rodas, 2016); así como equivalentes a los datos publicados para algunas razas autóctonas españolas: Berrenda en Colorado y Berrenda en Negro (González, 2007); Serrana de Teruel (Vigil et al., 2009) y Pallaresa (Jordana et al., 2010). De la misma forma, nuestros resultados se pueden considerar análogos a los encontrados para las razas Brown Swiss y Holstein adaptadas a las condiciones de Ecuador (Benavides, 2015) y de valor intermedio si se comparan con el conjunto de las razas autóctonas portuguesas (Carolino, 2010).

De todos modos, los niveles elevados en los coeficientes de variación se entienden debido a la importante dispersión de los animales, a su adaptación a distintos ecosistemas y sobre todo a la inexistencia de un programa de cría común. Sin embargo se aprecia como los rasgos fundamentales desde el punto de vista racial, manifiestan los niveles más altos de homogeneidad.

Por todo lo anterior, los resultados obtenidos sitúan a al GCM en el límite superior de la eumetría de la especie, todo ello como probable consecuencia de la selección masal a la que ha sido sometido a lo largo de la historia y, especialmente, a la adaptación al hábitat natural donde se explotan y en ausencia de un programa de mejora genética orientado al incremento de su potencial productivo (FAO, 2013).

5.1.2.- Análisis comparativo entre sexos según las variables zoométricas

Los resultados del análisis de varianza indican que la mayor parte de las variables zoométricas son significativamente diferentes en machos respecto a hembras ($P < 0,001$). Los machos presentan mayores valores que las hembras en la casi totalidad de las variables, a excepción de LR, que es superior en las hembras. Asimismo, no existen diferencias significativas ($P > 0,05$) entre sexos en el DBC y DDE siendo las dos únicas variables zoométricas donde no existen diferencias significativas entre sexos.

Estos resultados avalan la existencia de un acusado dimorfismo sexual en GCM, característica propia de las razas ambientales y poco seleccionadas (Herrera, 2007). En el ámbito iberoamericano, la diferenciación entre machos y hembras ha sido estudiada estadísticamente solo en escasas ocasiones, como es el caso de las razas criollo uruguayo (Rodríguez et al., 2004); criollo Limonero (Chirinos et al. 2011), Criollo de Oaxaca (Fuente et al, 2011) y criollo Casanare (Salamanca y Crosby, 2013), entre otros trabajos, encontrándose resultados similares a los nuestros. Por su parte, la raza Macabea es la única población bovina criolla ecuatoriana donde se ha analizado y determinado también la existencia de un dimorfismo sexual análogo al del GCM.

Tabla 16. Estadísticos descriptivos y anova de las variables zoométricas analizadas en el ganado bovino de Manabí

Variables	N	Media	CV	D.E	Min.	Max.	P
ACF	752	21,83	15,01	3,28	16,00	45,00	0,0001***
LCF	750	48,43	12,30	5,96	19,00	60,00	0,0001***
LR	739	28,96	14,12	4,09	19,00	37,00	0,006**
LCR	720	20,04	12,74	2,55	14,00	36,00	0,0001***
ACR	740	131,97	5,07	6,69	115,00	156,00	0,0001***
DBC	718	54,08	35,44	19,17	37,00	116,00	0,8841 ^{ns}
DEE	685	55,97	16,35	9,15	29,00	79,00	0,0001***
DDE	735	74,40	8,08	6,02	60,00	89,00	0,2284 ^{ns}
PT	715	174,95	8,77	15,34	127,00	219,00	0,0001***
PC	748	17,78	7,12	1,27	15,00	22,00	0,0001***
LOI	716	167,15	12,14	20,29	116,00	205,00	0,0001***
AEG	715	135,14	5,64	7,63	114,00	157,00	0,0001***
AG	714	43,90	17,30	7,60	22,00	60,00	0,0001***
All	694	44,89	11,33	5,09	30,00	58,00	0,0001***
PV	735	455,97	22,59	103,00	202,00	729,00	0,0001***

N = número datos; CV= coeficiente de variación porcentual; D.E. = Desviación estándar; Min = valor mínimo; Max = valor máximo; ** = P < 0,01; *** = P < 0,001; ns = no significativo

5.1.3.- Caracterización del Ganado Criollo de Manabí según los índices zoométricos

Los estadísticos descriptivos obtenidos en los índices zoométricos y del análisis de varianza realizado en el GCM se muestran en la Tabla 17. En general, todos los índices presentan un grado de variabilidad de moderado a alto, donde el coeficiente de variación porcentual no supera el 20%, excepto en el caso del ICEF, ITOR, IPEL, IPR e IDC.

Dentro de los índices de interés etnológico, el valor promedio del ICEF obtenido sitúa a esta población como de tipo dolicocefalo con predominio de la LCF frente a ACF, similar a lo descrito en razas criollas iberoamericanas, como el Criollo de Saavedra en Bolivia (Centellas et al., 2008); Criollo Barroso o Salmeco en Guatemala (Jaúregui et al., 2009); Criollo Limonero de Venezuela (Contreras et al., 2011), o razas autóctonas españolas como las razas asturiana de los valles, bruna de los Pirineos, parda de montaña y pirenaica (Parés y Jordana, 2008); y serrana de Teruel (Vigil et al., 2009). De la misma forma, se estima que el resto de poblaciones criollas ecuatorianas comparadas mantienen también esa tendencia hacia la dolicocefalia, al considerar la relación existente entre los valores promedio de la longitud y anchura de la cabeza (Alvear, 2008; Amores, 2015; Benavides, 2015; y Alvarado y Rodas, 2016).

Asimismo, el ITOR de 72,93 confirma la clasificación de esta agrupación entre los formatos cárnicos especializados y los de tipo lechero, aunque más próxima al modelo lechero. Este resultado se considera similar al encontrado para el criollo limonero (Contreras et al., 2011), aunque muy superior al criollo uruguayo (Rodríguez et al., 2004) y criollo barroso de Guatemala (Jaúregui et al., 2009) y muy alejado de los datos reportados para el criollo de Saavedra (Centellas et al., 2008); de valor 52,88 y bruna de los Pirineos de valor 59,4 (Parés y Jordana, 2008).

El IPEL, con un valor de 103,07, es similar al criollo de Saavedra de 100,72 (Centellas et al., 2008) y criollo argentino de 99,03 (Rabasa et al., 2005), mientras que es claramente inferior a los 153,90 del criollo limonero de Venezuela (Contreras et al., 2011), carácter que se podría asociar a una facilidad de parto dentro de los parámetros normales.

A partir de los valores de IDT obtenidos, el GCM se encuadra dentro de las poblaciones de aptitud láctea dado que dicho promedio (10,20) informa sobre la finura del esqueleto de los animales y su asociación con la capacidad a la producción lechera en esta población.

Tabla 17. Estadísticos descriptivos y anova de los índices zoométricos analizados en el ganado bovino de Manabí.

Índice	N	Media	CV	D.E	Min.	Max.	P
ICEF	746	45,24	18,68	8,45	32,00	93,75	0,2317 ^{ns}
ITOR	699	72,93	36,82	26,85	48,31	164,29	0,9280 ^{ns}
IPEL	680	103,07	14,93	15,38	74,46	168,00	0,0000 ^{***}
IPR	723	343,56	20,35	69,90	162,20	502,10	0,0000 ^{***}
IDC	715	35,50	22,67	8,05	14,16	47,50	0,2287 ^{ns}
IPRT	674	42,29	16,54	7,00	23,97	61,90	0,0960 ^{ns}
IGRC	736	13,47	6,82	0,92	10,96	16,00	0,0001 ^{***}
ICC	722	4,05	23,53	0,95	2,47	7,92	0,0006 ^{***}
IDT	709	10,20	9,91	1,01	8,00	14,18	0,5926 ^{ns}
IAN	702	232,80	14,73	34,30	124,07	350,08	0,0000 ^{***}
ALD1	697	-2,71	28,30	4,95	-16,00	14,00	0,0664 ^{ns}
ALD2	723	57,63	15,28	8,80	33,00	79,00	0,0000 ^{***}
W1	726	4,66	15,41	0,72	3,24	6,90	0,0000 ^{***}
W5	723	1,79	9,03	0,16	1,37	2,27	0,0020 ^{**}
W6	672	1,35	17,65	0,24	0,86	2,87	0,0033 ^{**}

N = número datos; CV= coeficiente de variación porcentual; D.E. = Desviación estándar; Min = valor mínimo; Max = valor máximo; ** = P < 0,01; *** = P < 0,001; ns = no significativo

De igual forma, el valor del IDC informa de la predisposición de estos animales a la producción láctea. Por su parte, el ALD1 informa que este ganado presenta una línea dorsolumbar con inclinación caudal ascendente lo que favorece la gimnástica funcional de los animales en terrenos accidentados. De la observación del cociente OII/ACR se infiere que estos animales presenta un formato corporal típicamente sublongilíneo, característica igualmente compatible con la aptitud lechera.

5.1.4.- Análisis comparativo entre sexos según los índices zoométricos

Los resultados del análisis de varianza muestran que los índices zoométricos de interés etnológico: ICEF y e ITOR muestran diferencias significativas entre sexos ($P < 0,001$), lo que confirma la uniformidad de la población. Por el contrario, los otros dos índices zoométricos de interés etnológico: IPEL y IPR son significativamente diferentes entre sexos ($P < 0,001$), en el sentido que las hembras presentan un mayor valor de IPEL respecto a los machos por la relación que guarda la AG con la facilidad de parto y al contrario los machos ostentan mayor IPR al contar con mayor PV. En cuanto al resto de índices zoométricos, cuatro de ellos: IDC, IPRP, IDT y IALD1 muestran homogeneidad estadística mientras que el resto de índices si evidencian claras diferencias por sexos. En cualquier caso, se hace necesario destacar que, tal y como era de esperar, los índices etnológicos ofrecieron una mayor homogeneidad entre sexos que los índices funcionales.

5.1.5.- Estudio de la armonicidad del modelo morfoestructural

Los coeficientes de correlación de Pearson obtenidos para las distintas variables analizadas (Tabla 18) ofrecen un grado de armonía alto en esta población con el 84,21% de los coeficientes significativos ($P < 0,05$), consolidado por el signo positivo de las correlaciones establecidas, salvo en lo que respecta a la ACF, DBC y DDE, que presentan correlaciones de signo negativo. Por otra parte, el bajo nivel de correlación encontrado muestra la alta variabilidad subyacente en esta población, confirmando lo esperado en este tipo de razas (Herrera, 2007). Por el contrario, son altas las correlaciones en las variables AG, LG y All. Los valores del coeficiente de correlación fenotípica entre el PV y el PT ($r=0,86$), entre el PV y LOI ($r=0,62$), y en menor medida el PV con All y LG ($r=0,54$ y LG $r=0,57$, respectivamente), se podrían utilizar como criterio selectivo en el desarrollo de un programa de cría orientado al incremento del PV. Resultados similares han sido encontrados en el caso de la raza serrana de Teruel en España (Vigil et al, 2009).

Tabla 18. Matriz de los coeficientes de correlación de Pearson entre las variables estudiadas

	ACF	LCF	LR	LCR	ACR	DBC	DEE	DDE	PT	PC	LOI	AEG	LG	All	PV	
ACF	1	-0,04	0,02	-0,12*	-0,1*	0,48*	-0,09*	-0,22*	-0,18*	0,25*	0,07	-0,11*	-0,38*	-0,15*	-0,12*	
LCF		1	0,22*	0,19*	-0,08	-0,31*	0,28*	0,11*	0,3*	0,21*	0,15*	0,15*	0,37*	0,4*	0,27*	
LR			1	0,07	0,02	0,11*	0,4*	-0,06	0,23*	0,05	0,35*	0,18*	0,15*	0,28*	0,22 *	
LC				1	0,4	-0,15*	0,19*	0,03	0,31*	0,28*	0,25*	0,36*	0,26*	0,42*	0,27*	
ACR					1	0,01	0	0,03	0,44*	0,4*	0,41*	0,73*	0,3*	0,28*	0,42*	
DB						1	-0,08	-0,04	-0,23*	0,11*	-0,07	-0,25*	-0,61*	-0,31*	-0,25*	
DE							1	0,17	0,1*	0,07	0,03	0,24*	0	0,18*	0,08	
DD								1	-0,17*	-0,11*	-0,4*	-0,04	-0,13*	-0,21*	-0,28*	
PT									1	0,5*	0,63*	0,61*	0,59*	0,57*	0,86*	
PC										1	0,48*	0,51*	0,13*	0,37*	0,49*	
LOI											1	0,64*	0,55*	0,72*	0,62*	
AEG												1	0,51*	0,55*	0,54*	
AG													1	0,65*	0,57*	
All														1	0,56*	
PV																1,00

* = P<0,05

5.2.- Estudio de los caracteres morfológicos y fanerópticos

5.2.1.- Caracterización y variación fenotípica para variables fanerópticas

Según los resultados expuestos en la Tabla 19 sobre características fanerópticas, en el GCM predominan unos cuernos de tipo proceros ($88,75 \pm 1,12\%$), mientras que a una gran distancia se sitúan los animales con cuernos de tipo ortoceros (tipo lira) con $6,50 \pm 0,87\%$ de los casos y, en menor medida, el tipo opistoceros con el $4,75 \pm 0,75\%$ (tipo espiral). Asimismo, prevalecen las capas monocolors ($81,75\%$), seguidas a gran distancia del conjunto de capas bicolors ($15,75\%$) y, de forma residual, se evidencia la existencia de capas de tipo tricolor ($2,50\%$).

No obstante, predomina la coloración base de la capa en rojo en más del 80% de los casos, al sumar los tipos castaño ($36,33 \pm 1,70\%$), bayo ($17,35 \pm 1,34\%$), berrendo en colorado ($16,48 \pm 1,31\%$) y colorado propiamente dicho ($12,86 \pm 1,18\%$), mientras que las capas con color base en blanco, en negro y en jaspeado muestran unas frecuencias de presentación comprendidas entre el 3 y 5% del total. En este sentido, la capa de tipo jaspeado corrobora la influencia del ganado ibérico en esta población (Primo, 1992 y Rodero et al., 1992) así como justifica la denominación de Jaspeado Manabita que recibe en la escasa bibliografía conocida (Guanimi et al., 2015).

Asimismo, estos animales presentan pigmentación intensa en mucosas y pezuñas en una proporción superior al 93% de los casos, siendo una clara minoría de animales en los que se observa escasa o nula pigmentación ($6,38 \pm 0,86\%$).

Por otra parte, se aprecia la existencia de pelo corto y fino en la totalidad de los animales analizados (100%), posiblemente por su localización tropical, así como también ausencia de morrillo o giba y de pliegue umbilical en todos los ejemplares analizados, lo que confirma escasa influencia de genotipos cebuinos en esta población.

Tabla 19. Estadísticos descriptivos de las variables fanerópticas en el ganado bovino de Manabí.

Variable	Categoría	P.M (%)	EEPM (%)
Forma de la cuerna	Proceros	88,75	1,12
	Ortoceros	6,50	0,87
	Opistoceros	4,75	0,75
Extensión de la capa	Monocolor	81,75	1,37
	Bicolor	15,75	1,29
	Tricolor	2,50	0,55
Color de la capa	Blanco	5,37	0,80
	Bayo	17,35	1,34
	Colorado	12,86	1,18
	Castaño	36,33	1,70
	Berrendo Colorado	16,48	1,31
	Berrendo Negro	2,87	0,59
	Jaspeado	5,12	0,78
	Negro	3,62	0,66
	Pigmentación de las mucosas	Negra	93,63
	Rosada	6,38	0,86
	Mixta	0,00	0,00
Pigmentación de las pezuñas	Negra	93,38	0,88
	Rosada	4,38	0,72
	Mixta	2,25	0,52
Tipo de pelo	Corto y liso	100	0,00
	Largo	0	0,00
Papada	Ausencia	0,00	0,00
	Discontinua	72,38	1,58
	Continua	27,63	1,58
Pliegue umbilical	Presencia	0	0,00
	Ausencia	100	0,00
Borla de la cola	Pequeña	33,13	1,66
	Mediana	60,00	1,73
	Grande	6,88	0,89

P.M. Proporción media; EEPM: Error estándar de la proporción media

Por su parte, se confirma la presencia de papada en la totalidad de los animales, aunque ésta es de tipo discontinuo en el 72% de los casos, a semejanza de la mayor parte de las razas autóctonas ibéricas adaptadas a climas cálidos, y de tipo continuo en el restante 27,63%, como tipología más propia del ganado cebuino. Por último, la borla de la cola es generalmente de tipo mediano (60%), en menor medida de tipo pequeño (33,13%) y minoritariamente de tipo grande (6,88%).

Al comparar los faneros del GCM respecto a otras razas criollas iberoamericanas se encuentra una clara coincidencia en la presencia de la forma de la cuerna correspondiente al tipo “proceros” o de nacimiento adelantado respecto a la mayor de de la razas, así como el color rojo como base predominante del pelaje, tanto en criollo Uruguayo (Fernández et al., 2001), como en criollo Patagónico (Martínez et al., 2007), en criollo Chinampo (Espinoza et al., 2009), en criollo Casanare (Sastre et al., 2010), en criollo de la sierra de Tarahumara (Rubio-Tabárez y Pérez-Eguía, 2015), o en criollo colombiano Costeño con cuernos (Ossa et al., 2011).

Asimismo, la pigmentación mayoritariamente en negro de mucosas y pezuñas, el pelo corto y liso, la presencia mayoritaria de papada, generalmente de tipo discontinuo, así como la ausencia de giba y de pliegue umbilical, son también caracteres comunes a la mayor parte de las razas criollas iberoamericanas, especialmente en el caso de las ecuatorianas como el criollo Lojano, en sus distintas variedades, y el Patúa, mientras que en la raza Pizán se aprecia algunas diferencias en determinados caracteres respecto al modelo general descrito anteriormente.

Por todo ello, podemos aseverar que la conjunción de estos caracteres: capas coloradas, pigmentación en mucosas y pezuñas, pelo corto y liso, presencia de papada pueden asociarse a la capacidad de adaptación y resistencia que esta población animal presenta en ambientes con altas temperaturas y elevado número de horas anuales de irradiación solar. De la misma forma, la ausencia de giba y de pliegue umbilical denota la inexistencia de influencia de ganado cebuino.

5.2.2.- Caracterización y variación fenotípica para variables morfológicas de la cabeza.

Atendiendo a los datos expuestos en la Tabla 20, el perfil cefálico recto es mayoritario ($93,50 \pm 0,87\%$) mientras que, en menor medida, también existen individuos con perfil cóncavo ($4,0 \pm 0,69\%$) y de perfil subconvexo ($2,5 \pm 0,55\%$). De la misma forma, el 92,5% de los animales presenta orbitas marcadas. El tamaño de las orejas es mediano y su orientación de tipo horizontal en el $91,75 \pm 0,97\%$ de los animales. Desde el punto de vista comparativo, no abundan los estudios de caracterización que analicen información específica para variables morfológicas de la cabeza con el tratamiento de variables de naturaleza cualitativa. De hecho, la referencia más importante la encontramos en la raza Casanare (Sastre et al., 2010), donde encontramos resultados análogos en todas las variables estudiadas a excepción del tipo de órbitas, de forma que el GCM presenta órbitas marcadas mayoritariamente en contraposición a la raza Casanare.

Tabla 20. Estadísticos descriptivos de las variables morfológicas de la cabeza en el ganado bovino de Manabí

Variable	Categoría	P.M (%)	EEPM
Perfil cefálico	Cóncavo	4,00	0,69
	Recto	93,50	0,87
	Subconvexo	2,50	0,55
Tamaño de las orejas	Pequeñas	4,75	0,75
	Medianas	91,75	0,97
	Grandes	3,50	0,65
Orientación de las orejas	Horizontales	89,00	1,11
	Caídas	2,88	0,59
	Inclinadas	8,13	0,97
Orbitas	Nada marcadas	2,13	0,51
	Poco marcada	5,38	0,80
	Marcadas	92,50	0,93

P.M. Proporción media; EEPM: Error estándar de la proporción media.

Por otra parte, en el ámbito de las razas criollas ecuatorianas, la única referencia comparativa la hallamos en el criollo de Esmeraldas, reseñando plena coincidencia de resultados en el perfil cefálico aunque se evidencian claras diferencias los valores del tamaño y orientación de las orejas, dado que el criollo de Esmeraldas muestra orejas de tamaño grande y caídas en más de una cuarta parte de los animales (28%).

5.2.3.- Caracterización y variación fenotípica para variables morfológicas en el cuerpo.

Por su parte, en cuanto al resto de variables morfológicas en tronco y extremidades (Tabla 21), esta población presenta un cuello de mediada longitud ($94,75 \pm 0,79\%$), así como una línea dorsolumbar con tendencia a la rectitud (95%) y una grupa con ligera inclinación (93,38%). De la misma forma, la posición del nacimiento de la cola se halla en la misma línea lumbrosacra en el 92,88% de los casos, mientras que la nalga presenta forma recta (93,25%), y la cola es mayoritariamente fina (94,38%). Además, la población presenta buenos aplomos en el 94,38% de los casos, con inserción de la ubre normal y firme (97,5%) y con el vientre recogido en el 93,75% de los animales. El tamaño de los pezones ofrece algo más de variabilidad, con pezones de tipo mediano en el 64,5% de los casos y pezones pequeños en el 33,63%. Asimismo, la presencia de pezones suplementarios solo se manifiesta en el 2,63% de los animales, generalmente siempre de tipo unilateral.

En otro orden de cosas, bajo una óptica comparativa, reiteramos la reflexión enunciada en el apartado anterior en el sentido de la escasez de estudios de caracterización que incorporen variables de esta naturaleza, volviendo a referir como excepción a la raza Casanare (Sastre et al., 2010), donde confirmamos la existencia de resultados similares entre ambas poblaciones, a excepción de las variables tamaño el pezón y presencia de pezones supernumerarios donde se constatan importantes diferencias entre dichas razas.

Tabla 21. Estadísticos descriptivos de las variables morfológicas del cuerpo en el ganado bovino de Manabí.

Variable	Categoría	P.M (%)	EEPM
Longitud de cuello	Corto	2,13	0,51
	Mediano	94,75	0,79
	Largo	3,13	0,62
Giba	Presencia	0	0,00
	Ausencia	100	0,00
Línea dorsolumbar	Recta	95,00	0,77
	Poco ensillada	3,13	0,62
	Muy ensillada	1,88	0,48
Vientre	Muy recogido	1,88	0,48
	Algo recogido	93,75	0,86
Inclinación grupa	Horizontal	4,38	0,72
	Algo inclinada	93,38	0,88
	Muy inclinada	2,25	0,52
Posición nacimiento cola	Alto	2,75	0,58
	En Línea	92,88	0,91
	Entre isquiones	4,38	0,72
Forma de la nalga	Cóncavas	2,63	0,57
	Recta	93,25	0,89
	Suavemente convexa	2,25	0,52
	Convexa	1,88	0,48
Finura cola	Fina	94,38	0,81
	Mediana	2,13	0,51
	Gruesa	3,50	0,65
Aplomos	Buenos	94,38	0,81
	Defectos en un par	5,00	0,77
	Defectos ambos	0,63	0,28
Inserción ubre	Mala pendulosa	2,50	0,55
	Normal y firme	97,50	0,55
	Avanzada en mes	0,00	0,00
Tamaño de los pezones	Pequeños	33,63	1,67
	Medianos	64,50	1,69
	Largos	1,88	0,48
Pezones supernumerarios	Ausencia	97,38	0,57
	Presencia	2,63	0,57

P.M. Proporción media; EEPM: Error estándar de la proporción media.

Por tanto, la población de ganado de la provincia de Manabí responde a un bovino criollo proveniente de *Bos taurus*, con escasa o nula influencia del *Bos indicus*, que se encuadra dentro del conglomerado del bovino criollo tropical DP (Figura 8) que se ha ido formado en las regiones del trópico seco y del trópico húmedo desde la colonización europea de América. Se caracteriza por un formato corporal mediano, que alcanza un PV en las hembras cercano a los 400 kg y, ligeramente superior a los 600 kg en los machos; de proporciones corporales sublongilíneas, de tipo dolicocefalo y siempre con presencia de cuerna, generalmente en forma de gancho (proceros). Presenta una morfoestructura intermedia entre el biotipo cárnico y el lechero, aunque con más tendencia a la aptitud láctea. Animales con buenos aplomos y que muestran rectitud en la línea dorsolumbar con ligera inclinación caudal ascendente, lo que le dota de gran capacidad de desplazamiento y, una inserción de la cola en la misma línea lumbrosacra que denota predisposición a la facilidad de parto en las hembras. El color de la capa predominante es el rojo en sus distintas variantes, si bien con frecuencia aparecen animales de tipo "jaspado" o "averdugado" como tipología de capa primigenia más característica de estos animales en el pasado.



Figura 8. Ejemplar prototípico de Ganado Criollo de Manabí.

5.3.- Caracterización genética.

5.3.1 Diversidad genética intraracial.

5.3.1.1. Número de alelos y frecuencias alélicas del GCM.

Los microsatélites estudiados mostraron un alto grado de polimorfismo genético (Tabla 22), detectándose 229 alelos en los 28 *loci* de los 31 animales estudiados, lo que corresponde a un promedio de 8,18 alelos por locus. El número de alelos por locus varió desde un máximo de 15 alelos hallados para los locus TGLA122, seguido de los 11 alelos detectados para los loci TGLA053 y TGLA227, hasta un mínimo de 4 alelos correspondiente al locus ILSTS011. Más del 60% de los loci presentó 8 o más alelos (17 de 28).

En otras investigaciones, como la de Martínez *et al.* (2015), se ha cuantificado la diversidad genética entre 16 subpoblaciones raciales bovinas de Costa Rica, utilizando como base el análisis de 18 marcadores microsatélites 1.412 muestras de ADN bovino de todo el país. El número promedio de alelos por locus dentro de población fue de 10,3, oscilando entre 8 (Holstein×Jersey) y 13 (Criolla para doble propósito). Asimismo, Avilés (2012), en estudio sobre la influencia de los bovinos andaluces en la formación de las razas bovinas criollas de Iberoamérica, refería un número de alelos que variaba entre un mínimo de 8 y un máximo de 21 con un promedio de 13; mientras que Villalobos (2010), observó también, un número mayor de alelos en los loci CSSM66, MM12 y ETH225 (10) de la población Guaymi y el menor número de alelos se encontró en el locus INRA35 de la población Guabala (2).

Por su parte, Cortes (2008) encuentra una alta variabilidad en el estudio de los distintos encastes de la raza de Lidia en España, donde coinciden los microsatélites TGLA053 (15), TGLA122 (14) y TGLA227 (11), además de Drb (19) como microsatélite de mayor variabilidad. De la misma forma, Quiroz (2008), en su estudio sobre razas criollas mexicanas, encuentra que el microsatélite de mayor variabilidad es TGLA053 (17) y el BM1824 como el de menor variabilidad (7).

El número promedio de alelos en GCM es similar al 8,11 descrito para el Pampa Chaqueño en Paraguay (Delgado et al., 2011), así como el valor de 8,14 reportado para la raza Limonero de Venezuela (Villasmil *et al.* 2008) y al 8,2 de la raza Criolla de Brasil (Steigleder *et al.* 2004). Sin embargo, es superior a los valores reportados para las otras razas criollas: Criollo Argentino (6,26) y Criollo Patagónico (5,32) en Argentina; Cararú (6,74) en Brasil; Blanco Orejinegro (5,74); Caqueteño (7,58), Casanareño (8,00), Costeño con Cuernos (5,26), Chino Santandereano (7,32), Hartón del Valle (7,74), Lucerna (6,63), Romosinuano (5,11), Sanmartienero (6,37) y Velasquez (6,79) en Colombia; Criollo Cubano (7,58) y Siboney (8,05) en Cuba; Criollo ecuatoriano (6,63); Criollo de Baja California (7,05), Criollo de Chiapas (7,84), Criollo de Chihuahua (6,68) y Criollo de Nayarit (7,74) en México; Guabalá (5,79) y Guaymí (7,79) en Panamá; Pilcomayo en Paraguay (7,53); Texas Longhorn (8,05) en Estados Unidos; y Criollo Uruguayo (5,63) en el país del que recibe el nombre, según los resultados de Delgado et al. (2011). De igual forma, este valor del número promedio de alelos en GCM también es superior a los 5.63 reportados para la raza panameña Guabalá en otros estudios (Villalobos *et al.* 2009), además a otros valores entre 6,6 y 7,8 reportados para las razas criolla Argentina y otras poblaciones criollas bolivianas (Lirón *et al.* 2006). Por su parte, el criollo Poblano muestra mayor número promedio de alelos (8,37).

En cuanto a su comparación con la razas autóctonas bovinas españolas, éste es superior a los valores reportados para las razas autóctonas españolas: Alistana Sanabresa (6,9); Asturiana de la Montaña (6,6); Asturiana de los Valles (7,0); Avileña Negra-Ibérica (6,9); Bruna de los Pirineos (7,1); Sayaguesa (6,4; y Tudanca (6,8), según Cañón et al. (2011); así como de las razas Berrenda en Colorado (7,38), Berrenda en Negro (4,89), Canaria (7,04), Negra Andaluza (5,96), Pajuna (7,16), Palmera (5,07) y Retinta (6,07), atendiendo a trabajo de Avilés (2012). Del mismo modo, las razas de Lidia (9,8) y Marismeña (8,74) muestran y de Lidia (Martínez et al., 2005) y mientras que se muestran mayor número promedio de alelos al GCM, según Cortés (2008) y Martínez et al. (2005), respectivamente.

Tabla 22.- Frecuencias alélicas de 28 microsatélites en bovinos Criollos de Ecuador.

LOCUS/ ALELO	FA	LOCUS/ ALELO	FA	LOCUS/ ALELO	FA	LOCUS/ ALELO	FA	LOCUS/ ALELO	FA
BM1314		ETH185		INRA23		TGLA126		CRSM60	
1	8,33	1	4,76	1	3,70	1	40,00	1	25,86
2	8,33	2	14,29	2	9,26	2	12,50	2	18,97
3	6,67	3	7,14	3	3,70	3	15,00	3	6,90
4	8,33	4	57,14	4	3,70	4	2,50	4	3,45
5	15,00	5	2,38	5	5,56	5	17,50	5	32,76
6	40,00	6	9,52	6	20,37	6	10,00	6	3,45
7	5,00	7	4,76	7	27,78	7	2,50	7	8,62
8	3,33	ETH225		8	1,85	TGLA53		CSSM66	
9	5,00	1	6,67	9	18,52	1	15,22	1	31,82
BM1818		2	8,33	10	5,56	2	39,13	2	25,00
1	5,17	3	8,33	INRA32		3	19,57	3	2,27
2	10,34	4	21,67	1	7,41	4	2,17	4	9,09
3	25,86	5	31,67	2	7,41	5	2,17	5	11,36
4	29,31	6	1,67	3	14,81	6	8,70	6	11,36
5	20,69	7	1,67	4	7,41	7	2,17	7	2,27
6	1,72	8	20,00	5	44,44	8	2,17	8	4,55
7	6,90	ETH3		6	9,26	9	4,35	9	2,27
BM1824		1	5,00	7	7,41	10	2,17	HEL9	
1	1,67	2	1,67	8	1,85	11	2,17	1	1,92
2	1,67	3	16,67	INRA35		TLGA227		2	7,69
3	6,67	4	61,67	1	28,33	1	17,24	3	11,54
4	18,33	5	8,33	2	50,00	2	3,45	4	5,77
5	36,67	6	1,67	3	5,00	3	8,62	5	7,69
6	31,67	7	1,67	4	6,67	4	13,79	6	13,46
7	1,67	8	1,67	5	1,67	5	10,34	7	21,15
8	1,67	9	1,67	6	3,33	6	25,86	8	21,15
BM2113		HAUT24		7	3,33	7	10,34	9	7,69
1	8,62	1	28,85	8	1,67	8	5,17	10	1,92
2	6,90	2	5,77	INRA37		9	1,72	ILSTS006	
3	10,34	3	23,08	1	2,38	10	1,72	1	2,38
4	3,45	4	13,46	2	9,52	11	1,72	2	19,05
5	8,62	5	13,46	3	23,81	12		3	4,76
6	17,24	6	1,92	4	7,14	TGLA122		4	57,14
7	12,07	7	9,62	5	14,29	1	3,45	5	9,52
8	20,69	8	3,85	6	11,90	2	8,62	6	7,14
9	10,34	HAUT27		7	30,95	3	1,72	SPS115	
10	1,72	1	11,67	INRA63		4	1,72	1	50,00
BM8125		2	1,67	1	37,50	5	17,24	2	13,79
1	5,00	3	13,33	2	32,14	6	1,72	3	12,07
2	3,33	4	3,33	3	5,36	7	6,90	4	3,45
3	6,67	5	5,00	4	23,21	8	10,34	5	15,52
4	53,33	6	36,67	5	1,79	9	18,97	6	3,45
5	10,00	7	21,67	MM12		10	12,07	7	1,72
6	3,33	8	6,67	1	1,67	11	1,72	ETH10	
7	15,00	HEL13		2	1,67	12	10,34	1	1,79
8	3,33	1	10,34	3	5,00	13	1,72	2	23,21
ILSTS011		2	5,17	4	5,00	14	1,72	3	19,64
1	23,33	3	8,62	5	25,00	15	1,72	4	33,93
2	3,33	4	20,69	6	33,33			5	7,14
3	18,33	5	5,17	7	8,33			6	12,50
4	55,00	6	50,00	8	1,67			7	1,79
				9	18,33				

Finalmente, el GCM muestra mayor variabilidad en número promedio de alelos si lo comparamos con razas francesas: Aubrac, Gasconne y Salers; y otras razas portuguesas: Alentejana, Barrosa, Maronesa, Mertolenga y Mirandesa (Cañón et al., 2001), con valores comprendidos entre 5,5 y 7,2; así como con razas cosmopolitas como Frisona (5,41) y Hereford (4,85), citadas por Avilés (2012).

Cabe destacar que a mayor número de animales muestreados existe mayor posibilidad de detectar un mayor número de alelos, y que se encontró un número relativamente alto para una muestra reducida de animales muestreados, si bien la riqueza alélica de lo más que depende es del polimorfismo de los marcadores elegidos, a igualdad de panel, este parámetro nos avisa de los niveles de diversidad genética de la población, con respecto al resto de las estudiadas. Estos niveles a nivel de población dependen fundamentalmente de la fuerza dispersiva de la deriva que tiende a disminuir la riqueza alélica por aislamiento y consanguinidad; y las fuerzas sistemática de la migración, por la introgresión de genes exóticos que aumentan la riqueza, al igual que la mutación, pero siendo este un fenómeno muy poco frecuente, y finalmente la selección que tiende a disminuir la riqueza.

Por tanto, a la vista de estos resultados se puede concluir que el GCM presenta una elevada diversidad genética intraracial, con valores de diversidad genética superiores a los de otras razas bovinas criollas, autóctonas españolas y cosmopolitas. En ese sentido, el GCM presenta el perfil de una raza joven con gran dinámica fundacional, libre de cruzamientos recientes, sometida a cierta deriva y a escasa selección.

5.3.1.2. Contenido de Información Polimórfica (PIC) y Heterocigosidades observada (H_o) y esperada (H_e).

El rango de valores de Heterocigosidad esperada (H_e) varió entre 0,619 a 0,898, siendo el valor más bajo para el microsatélite *ILSTS011* y el más alto

para el microsatélite *TGLA122*. El valor promedio en la población ascendió a 0,765.

En cualquier caso, si comparamos nuestros resultados de H_o con los valores publicados en otras razas criollas iberoamericanas, encontramos que nuestros datos son superiores a la mayor parte de dichas poblaciones: Criollo Argentino (0,673) y Criollo Patagónico (0,629) en Argentina; Cararú (0,733) en Brasil; Blanco Orejinegro (0,737); Casanareño (0,739), Costeño con Cuernos (0,692), Chino Santandereano (0,726), Lucerna (0,673), Romosinuano (0,651), Sanmartinero (0,692) y Velasquez (0,730) en Colombia; y Siboney (0,746) en Cuba; Criollo ecuatoriano (0,732); Criollo de Baja California (0,742), Criollo de Chiapas (0,741), Criollo de Chihuahua (0,719); Criollo de Nayarit (0,749) y Criollo Poblano (0,693) en México; Guabalá (0,629) y Guaymí (0,735) en Panamá; Pampa Chaqueño (0,750) y Pilcomayo (0,764) en Paraguay; Texas Longhorn (0,707) en Estados Unidos; y Criollo Uruguayo (0,668) en el país del que recibe el nombre, según los resultados de Delgado et al. (2011). Por su parte, las razas Caqueteño (0,780) y Hartón del Valle (0,783) en Colombia, así como el Criollo Cubano (0,793) muestran mayores valores de H_o respecto al GCM.

De igual forma, observamos nuestros resultados de H_o superiores a los de razas autóctonas españolas: Alistana Sanabresa (0,629); Asturiana de la Montaña (0,652); Asturiana de los Valles (0,656); Avileña Negra-Ibérica (0,589); Bruna del Pirineus (0,619); Morucha (0,640); Pirenaica (0,543); Retinta (0,614); Sayaguesa (0,654); Tudanca (0,596); según Cañón et al. (2001), o bien en las razas Marismeña (0,6921); Berrenda en Colorado (0,6897); Berrenda en Negro (0,5524); Pajuna (0,6812); Retinta (0,7100); Negra Andaluza (0,6323); Vaca Canaria (0,6662); y Vaca Palmera (0,5909), según datos referidos por Avilés (2012). En la misma situación hallamos valores en la raza de Lidia (0,52), según Cortés (2008), así como en razas autóctonas portuguesas: Alentejana (0,622); Barrosã (0,716); Maronesa (0,635); Mertolenga (0,626); y Mirandesa (0,625±0.037), atendiendo a Cañón et al. (2001). Igualmente, estos mismos

autores también encontraron valores menores al GCM en razas francesas: Aubrac (0,569); Gasconne (0,630); y Salers (0,580). Por último, esta misma situación se constata también en razas cosmopolitas: Frisona (0,6726) y Hereford (0,6563), según Avilés (2012).

Por otra parte, el rango de valores de Heterocigosidad esperada (He) osciló entre 0,381 a 0,933, siendo el valor más bajo para el microsatélite *ETH185* y el más alto para el microsatélite *ETH225*. El valor promedio en la población ascendió a 0,728.

Así las cosas, al comparar nuestros resultados de He con los valores publicados en otras razas criollas iberoamericanas, encontramos que nuestros datos son superiores en algunos casos de dichas poblaciones: Criollo Argentino (0,678) y Criollo Patagónico (0,670) en Argentina; Cararú (0,711) en Brasil; Blanco Orejinegro (0,697); Costeño con Cuernos (0,671), Lucerna (0,717), Romosinuano (0,669) y Sanmartinero (0,721) en Colombia; Guabalá (0,660) en Panamá; y Criollo Uruguayo (0,674) en el país del que recibe el nombre, según los resultados de Delgado et al. (2011), si bien el valor de He en el GCM está por debajo de la mayor parte de razas criollas consideradas: Casanareño (0,766), Caqueteño (0,787); Chino Santandereano (0,776); Hartón del Valle (0,783) y Velasquez (0,769) en Colombia, así como el Criollo Cubano (0,761) y Siboney (0,762) en Cuba; Criollo ecuatoriano (0,772); Criollo de Baja California (0,760), Criollo de Chiapas (0,782), Criollo de Chihuahua (0,777); Criollo de Nayarit (0,788) y Criollo Poblano (0,774) en México; Guaymí (0,756) en Panamá; Pampa Chaqueño (0,771) y Pilcomayo (0,769) en Paraguay; y Texas Longhorn (0,740) en Estados Unidos.

De igual forma, reiteramos que nuestros resultados de Ho en GCM ha sido superiores a los referidos en el apartado anterior con relación a razas autóctonas españolas, francesas, portuguesas y cosmopolitas.

Tabla 23.- Microsatélites analizados, número de alelos detectados, Número efectivo de alelos (Ae), Heterocigosidades esperada incesgada (He) y observada (Ho), Contenido de Información Polimórfica (PIC), valores de Fis, su intervalo de confianza y las desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg (HWE_d).

Microsatélite	Nº Alelos	Ae	He	Ho	PIC	F _{IS}	F _{IS} IC	HWE _d
BM1314	9	4,68	0,799	0,767	0,767	0,042	(-0,15014 - 0,21386)	ND
BM1818	7	4,67	0,800	0,724	0,754	0,096	(-0,11456 - 0,27911)	ND
BM1824	8	3,65	0,738	0,700	0,680	0,053	(-0,14083 - 0,24121)	ND
BM2113	10	7,72	0,886	0,862	0,857	0,027	(-0,11982 - 0,17368)	ND
BM8125	8	3,06	0,684	0,733	0,647	-0,073	(-0,25023 - 0,10155)	NS
CRSM60	7	4,45	0,789	0,897	0,742	-0,139	(-0,29754 - 0,00310)	ND
CSSM66	9	4,96	0,817	0,818	0,773	-0,001	(-0,18644 - 0,15421)	ND
ETH10	7	4,37	0,785	0,714	0,737	0,092	(-0,14894 - 0,29781)	ND
ETH185	7	2,73	0,649	0,381	0,607	0,419	(0,07514 - 0,68085)	ND
ETH225	8	4,85	0,807	0,933	0,765	-0,159	(-0,30631 - -0,04941)	ND
ETH3	9	2,39	0,591	0,567	0,551	0,042	(-0,20475 - 0,26328)	ND
HAUT24	8	5,34	0,829	0,615	0,788	0,261	(0,05564 - 0,45143)	ND
HAUT27	8	4,52	0,792	0,733	0,751	0,075	(-0,10476 - 0,25920)	ND
HEL13	6	3,16	0,696	0,517	0,648	0,260	(0,03487 - 0,46012)	NS
HEL9	10	7,01	0,874	0,846	0,841	0,033	(-0,14286 - 0,19208)	ND
ILSTS006	6	2,63	0,635	0,619	0,584	0,026	(-0,23833 - 0,23636)	ND
ILSTS011	4	2,55	0,619	0,633	0,551	-0,024	(-0,30079 - 0,24675)	NS
INRA23	10	5,81	0,843	0,778	0,807	0,079	(-0,09790 - 0,24250)	ND
INRA32	8	3,99	0,764	0,852	0,727	-0,118	(-0,29132 - 0,02764)	NS
INRA35	8	2,94	0,671	0,433	0,613	0,358	(0,09463 - 0,59827)	NS
INRA37	7	4,96	0,818	0,762	0,771	0,070	(-0,16513 - 0,26154)	ND
INRA63	5	3,32	0,712	0,750	0,642	-0,055	(-0,27962 - 0,15541)	ND
MM12	9	4,55	0,793	0,833	0,749	-0,051	(-0,24013 - 0,12374)	ND
SPS115	7	3,22	0,702	0,724	0,657	-0,032	(-0,21908 - 0,13218)	NS
TGLA053	11	8,54	0,790	0,652	0,747	0,002	(-0,12310 - 0,10829)	ND
TGLA122	15	4,17	0,898	0,897	0,872	0,039	(-0,18056 - 0,21272)	ND
TGLA126	7	4,41	0,779	0,750	0,730	0,178	(-0,05600 - 0,36455)	ND
TLGA227	11	6,70	0,866	0,897	0,835	-0,036	(-0,17852 - 0,07809)	ND
Media	8,18	4,48	0,765	0,728	0,721	0,049	(-0,00467 - 0,06509)	

NS: No significativo; ND: No determinado

Respecto al Contenido de Información Polimórfica (PIC), los valores de este parámetro nos indican el nivel de información de los microsatélites de manera que, valores superiores a 0,5 se consideran muy informativos; de entre 0,25 a 0,5 son medianamente informativos y, por debajo de 0,25 denotan baja información polimórfica (Martínez *et al.* 2005). Así las cosas, aunque el valor promedio en la población ascendió a 0,721, los resultados obtenidos reflejan un grado de variación comprendido entre un mínimo de 0,551 para los microsatélites *ETH3* y *ILSTS011* y un máximo de 0,872 para el microsatélite *TGLA122*, lo que confirma que todos los microsatélites analizados son muy informativos al superar el nivel de 0,5 y, por tanto, de gran utilidad para valorar la diversidad genética del GCM. En este sentido, no debemos olvidar aquí, que los organismos internacionales recomiendan la utilización del panel de microsatélites empleado, entre otras razones, por sus expectativas en términos de información polimórfica.

5.3.1.3.- Equilibrio Hardy –Weinberg

Como ya se comentó, el promedio de alelos en una población (Tabla 23) indica en cierta manera la variabilidad genética de las poblaciones. Este número medio de alelos es elevado (8,18), aunque el número efectivo de alelos (4,48) es sensiblemente inferior. Tanto el número medio de alelos como el número efectivo de alelos están por encima de la media mostrada por otras razas bovinas criollas (Delgado *et al.* 2011). Otra manera de apreciar la diversidad genética es mediante la proporción de individuos heterocigotos presentes o heterocigosidad. En la Tabla 23 se recogen los valores de heterocigosidad media esperada ($H_e=0,765$) y heterocigosidad media por recuento directo ($H_o=0,728$) en esta población. El promedio de alelos y los valores de heterocigosidad indican que los bovinos criollos de la provincia de Manabí de Ecuador muestran una diversidad genética alta. El valor de FIS con un intervalo de confianza al 95% con 1000 remuestreos es de 0,049 (-0,00467 -0,06509), aunque no es significativo, lo que indica que la población no muestra una

desviación significativa del equilibrio Hardy-Weinberg. En general, los resultados obtenidos muestran una alta diversidad genética en relación a otras investigaciones realizadas por Cañón et al. (2001), Quiroz (2008), Cortés (2008), Delgado et al. (2011), Ginja et al. (2013) y Martínez et al. (2015), entre otros.

A la vista de los resultados encontrados, se puede concluir que los bovinos Criollos de la provincia de Manabí de Ecuador presentan una elevada diversidad genética intra-racial, con valores de diversidad genética superiores a los de otras razas bovinas criollas (Delgado *et al.*, 2011). La raza no se desvía significativamente del Equilibrio de Hardy-Weinberg lo que en principio podría ser un dato favorable pues no se apreciaría ni exceso de homocigotos ni de heterocigotos, y por tanto su estabilidad genética como grupo queda evidenciada, pudiéndose admitir que las fuerzas que desvían del equilibrio no están actuando significativamente, no hay un efecto de deriva comprobado, ni procesos selectivos o cruzamiento recientes. Por todo, podemos admitir que esta población constituye una estructura racial.

5.3.1.4.- Estadísticos F de Wright.

Los valores de F_{st} indican el nivel de diferenciación genética medio que se pone de manifiesto en la población del GCM; pudiendo observar que, de los 28 marcadores genéticos analizados, el 35.71% de ellos (10 marcadores) presentan valores negativos y cuatro marcadores supera el valor a 0.1, y el 50% (14 marcadores) no superan el valor a 0.1, lo que indica que ninguno de estos marcadores serían sensibles para detectar diferenciación genética entre las subpoblaciones, determinándose una ausencia de diferenciación genética intraracial $F_{st} = 0,112 \%$, lo que permite corroborar que no existe diferenciación genética interna de subpoblaciones, por tanto, la raza carece de estructura interna en forma de variedades o ecotipos genéticos, siendo, por tanto

homogénea, resultado muy importante a la hora de diseñar el programa de cría de la raza.

La columna F_{IT} indica el coeficiente de consanguinidad para el total de la población y la columna F_{is} la media de dicho coeficiente obtenido a partir del coeficiente de consanguinidad de cada una de las subpoblaciones en que se divide la población, cabe señalar que valores negativos en estos estadísticos indican que hay un exceso de heterocigotos, y en esta investigación diez microsatélites presentan valores negativos e incluso tres de ellos, como el CRSM60, ETH225 y INRA32 alcanzaron valores de -0,139; -0,159 y -0,118 respectivamente considerando para ellos que el valor máximo de heterocigosis que se alcanzaría en este indicador es de -0,1. Cabe señalar que un marcador que esté con valores de F_{IT} y F_{is} elevados (superiores a 0,1), indican una consanguinidad elevada, sea a nivel de población total o subpoblación, si se presentan este tipo de valores es un indicativo que dichos marcadores tienen una baja resolución y no son útiles para diferenciar a las subpoblaciones que se han establecido. En este caso, son cuatro los marcadores de acuerdo a los resultados de estos estadísticos, la media del F_{is} y F_{IT} de la población es de 3.9 y 14.7 % respectivamente.

5.3.2.- Diversidad genética interracial, relaciones con otras razas

5.3.2.1.- Análisis multidimensionales.

Los resultados del Análisis Factorial de Correspondencia (Figura 9, apartados A y B) son absolutamente concordantes con lo referido en las distancias genéticas –expuesto en el siguiente epígrafe-, apreciando que el GCM se posiciona más próximo a las razas criollas y europeas que a las cebuinas (rodeadas por una línea azul). Por su parte, cuando se eliminan las razas cebuínas para apreciar mejor la distribución del resto de las razas del estudio, se observa que la población del GCM se posiciona más próxima a las otras razas criollas que a las europeas (Figura 9, apartados C y D). En ese sentido,

llama la atención la gran dispersión mostrada por las poblaciones de las cuatro provincias de Ecuador analizadas, a pesar de mantener unas distancias genéticas muy próximas entre ellas.

5.3.2.2.- Distancias genéticas

En la tabla 24, se muestra el grado de distanciamiento genético del GCM respecto al resto de poblaciones analizadas. En líneas generales se aprecia como el GCM presenta un patrón de distancias genéticas que sigue criterios geoevolutivos, dado que puede observarse la mayor proximidad con el resto de los criollos ecuatorianos y razas criollas de países limítrofes como Colombia y Panamá, no pudiendo olvidar que la línea migratoria del bovino que colonizó Ecuador procedía de Puerto Colón en Panamá y Cartagena de Indias en Colombia, área geográfica desde donde se poblaron las regiones de la costa pacífica y más al sur de Colombia, llegando hasta Ecuador.

Es destacable también su proximidad a algunas razas del sur de España cuyos ancestros participaron en la colonización bovina de América, tal es el caso de la raza Berrendo en Colorado.

La influencia de otros bovinos europeos sobre el GCM parece remota ya que se aprecian amplias distancias que indican una escasa influencia de dichos grupos raciales, si es que esta población recibió algún aporte, éste fue muy escaso.

Finalmente, debe congratularnos que la amplia expansión del ganado cebuino en la mayor parte del área tropical iberoamericana parece no haber afectado a esta raza, dado que, ni sus especializaciones cárnicas, ni las lecheras han migrado dentro del GCM.

Figura 9. Análisis Factorial de Correspondencia entre el Ganado Criollo de Manabí y otras 33 razas bovinas analizadas.

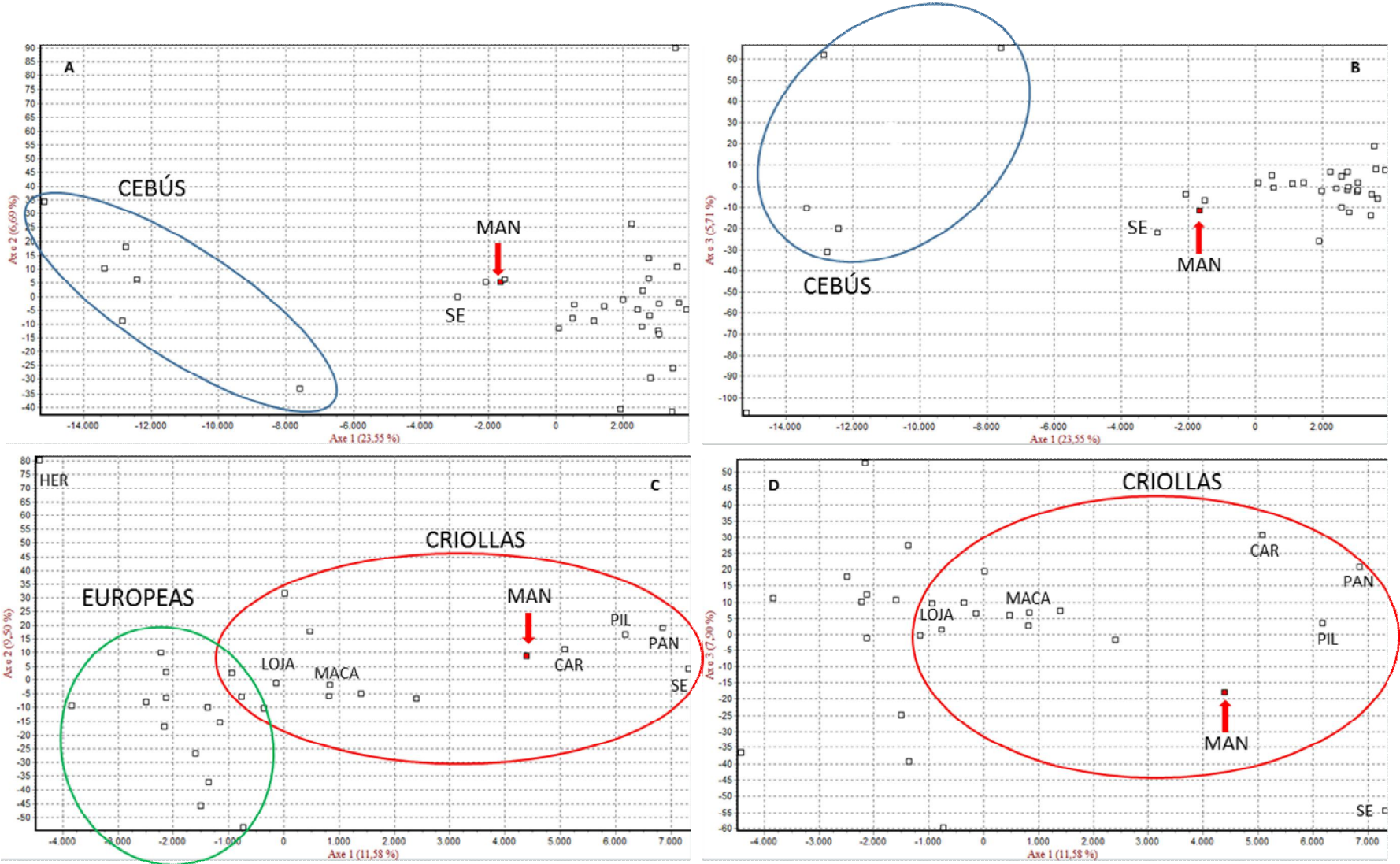


Tabla 24.- Distancias genéticas D_A (debajo de la diagonal) y de F_{ST} (encima de la diagonal) entre pares de poblaciones.

MAN	0,000	0,052	0,061	0,067	0,063	0,084	0,059	0,079	0,039	0,079	0,071	0,100	0,054	0,108	0,067	0,087	0,087	0,040	0,114	0,067	0,089	0,057	0,140	0,098	0,066	0,107	0,088	0,074	0,088	0,143	0,116	0,128	0,144	0,142
SE	0,142	0,000	0,070	0,088	0,081	0,105	0,070	0,104	0,067	0,080	0,076	0,128	0,052	0,108	0,075	0,101	0,100	0,065	0,142	0,086	0,107	0,082	0,150	0,109	0,112	0,128	0,125	0,105	0,094	0,121	0,104	0,113	0,127	0,136
LOJA	0,183	0,179	0,000	0,045	0,047	0,035	0,047	0,067	0,021	0,066	0,068	0,080	0,056	0,099	0,057	0,068	0,074	0,029	0,112	0,046	0,065	0,047	0,116	0,078	0,066	0,074	0,048	0,048	0,101	0,180	0,154	0,168	0,181	0,178
MACA	0,195	0,216	0,137	0,000	0,071	0,077	0,060	0,070	0,036	0,084	0,080	0,121	0,070	0,106	0,088	0,104	0,101	0,053	0,118	0,070	0,093	0,061	0,161	0,100	0,070	0,095	0,076	0,065	0,128	0,201	0,172	0,171	0,213	0,195
TLH	0,177	0,194	0,145	0,171	0,000	0,078	0,044	0,069	0,041	0,088	0,066	0,090	0,051	0,083	0,072	0,067	0,084	0,041	0,107	0,051	0,068	0,058	0,143	0,106	0,073	0,078	0,073	0,057	0,115	0,181	0,149	0,173	0,178	0,162
CLT	0,227	0,250	0,115	0,192	0,188	0,000	0,067	0,073	0,037	0,087	0,078	0,109	0,080	0,123	0,077	0,092	0,095	0,045	0,131	0,069	0,088	0,061	0,156	0,099	0,081	0,081	0,070	0,066	0,128	0,218	0,189	0,205	0,217	0,210
GY	0,179	0,178	0,150	0,152	0,129	0,187	0,000	0,070	0,034	0,065	0,048	0,103	0,052	0,102	0,063	0,063	0,065	0,035	0,106	0,050	0,060	0,049	0,153	0,104	0,080	0,092	0,063	0,056	0,087	0,171	0,125	0,151	0,165	0,153
BON	0,232	0,253	0,177	0,161	0,165	0,188	0,185	0,000	0,042	0,087	0,095	0,104	0,073	0,096	0,082	0,081	0,099	0,046	0,134	0,055	0,082	0,063	0,168	0,125	0,097	0,093	0,077	0,077	0,133	0,231	0,199	0,223	0,236	0,215
HV	0,183	0,193	0,104	0,127	0,135	0,152	0,131	0,150	0,000	0,062	0,051	0,077	0,039	0,089	0,049	0,057	0,067	0,018	0,107	0,034	0,049	0,033	0,127	0,078	0,045	0,057	0,040	0,035	0,082	0,170	0,130	0,144	0,166	0,152
CAR	0,210	0,211	0,164	0,193	0,190	0,201	0,169	0,198	0,175	0,000	0,057	0,108	0,064	0,090	0,089	0,093	0,087	0,053	0,142	0,080	0,080	0,071	0,146	0,114	0,110	0,105	0,097	0,084	0,117	0,191	0,167	0,176	0,180	0,175
PAN	0,183	0,199	0,177	0,183	0,177	0,206	0,147	0,243	0,165	0,144	0,000	0,098	0,042	0,090	0,087	0,092	0,095	0,053	0,145	0,072	0,080	0,070	0,149	0,114	0,090	0,110	0,096	0,076	0,098	0,146	0,120	0,135	0,137	0,140
CUR	0,242	0,283	0,180	0,236	0,179	0,215	0,197	0,191	0,200	0,226	0,226	0,000	0,075	0,097	0,118	0,131	0,135	0,075	0,187	0,089	0,120	0,093	0,146	0,111	0,109	0,132	0,103	0,107	0,141	0,234	0,192	0,208	0,225	0,212
PIL	0,175	0,171	0,168	0,188	0,164	0,206	0,158	0,196	0,148	0,157	0,133	0,192	0,000	0,065	0,086	0,088	0,098	0,037	0,117	0,060	0,079	0,063	0,148	0,102	0,082	0,088	0,096	0,067	0,081	0,138	0,104	0,114	0,141	0,122
CARG	0,228	0,240	0,180	0,200	0,153	0,216	0,191	0,166	0,180	0,180	0,209	0,149	0,150	0,000	0,110	0,108	0,105	0,069	0,157	0,080	0,095	0,100	0,183	0,116	0,097	0,118	0,126	0,090	0,160	0,232	0,207	0,235	0,248	0,230
RET	0,217	0,209	0,162	0,205	0,200	0,201	0,186	0,199	0,158	0,234	0,235	0,258	0,239	0,217	0,000	0,044	0,041	0,042	0,143	0,046	0,061	0,062	0,136	0,110	0,072	0,084	0,089	0,072	0,111	0,190	0,158	0,187	0,193	0,189
AVI	0,227	0,249	0,168	0,222	0,174	0,221	0,186	0,185	0,164	0,230	0,246	0,242	0,235	0,193	0,116	0,000	0,033	0,043	0,144	0,053	0,048	0,065	0,144	0,120	0,082	0,072	0,079	0,063	0,129	0,220	0,193	0,219	0,225	0,217
RGA	0,227	0,232	0,167	0,207	0,185	0,200	0,156	0,212	0,169	0,210	0,219	0,246	0,245	0,209	0,095	0,107	0,000	0,053	0,149	0,053	0,063	0,067	0,150	0,107	0,076	0,069	0,083	0,076	0,136	0,224	0,189	0,219	0,225	0,218
BC	0,173	0,194	0,109	0,151	0,130	0,142	0,124	0,142	0,110	0,160	0,168	0,184	0,152	0,141	0,140	0,129	0,140	0,000	0,087	0,013	0,038	0,025	0,111	0,075	0,046	0,046	0,056	0,034	0,087	0,181	0,148	0,164	0,179	0,168
MAR	0,245	0,288	0,197	0,220	0,192	0,215	0,202	0,205	0,218	0,250	0,271	0,272	0,230	0,229	0,249	0,238	0,231	0,156	0,000	0,101	0,128	0,112	0,208	0,132	0,132	0,135	0,139	0,113	0,193	0,273	0,242	0,271	0,289	0,254
PAJ	0,204	0,214	0,121	0,159	0,137	0,155	0,137	0,142	0,122	0,175	0,182	0,186	0,166	0,138	0,130	0,143	0,129	0,069	0,163	0,000	0,043	0,039	0,132	0,093	0,055	0,052	0,053	0,046	0,110	0,195	0,165	0,198	0,204	0,190
NAN	0,228	0,255	0,133	0,185	0,170	0,177	0,163	0,183	0,149	0,185	0,207	0,219	0,214	0,179	0,164	0,127	0,161	0,098	0,196	0,110	0,000	0,058	0,146	0,122	0,065	0,063	0,085	0,049	0,134	0,219	0,193	0,218	0,222	0,210
VCA	0,201	0,232	0,130	0,162	0,151	0,171	0,159	0,177	0,130	0,195	0,193	0,203	0,203	0,192	0,178	0,171	0,156	0,110	0,193	0,128	0,147	0,000	0,092	0,092	0,063	0,070	0,067	0,050	0,105	0,195	0,163	0,175	0,191	0,184
PAL	0,305	0,331	0,221	0,273	0,232	0,272	0,271	0,260	0,245	0,291	0,285	0,249	0,295	0,294	0,273	0,267	0,266	0,217	0,294	0,227	0,248	0,162	0,000	0,159	0,163	0,152	0,161	0,135	0,186	0,265	0,244	0,258	0,257	0,260
HER	0,250	0,269	0,180	0,214	0,231	0,211	0,227	0,238	0,206	0,247	0,252	0,211	0,266	0,209	0,237	0,251	0,210	0,170	0,211	0,188	0,218	0,193	0,296	0,000	0,095	0,101	0,100	0,092	0,159	0,225	0,198	0,214	0,228	0,223
BWS	0,201	0,267	0,166	0,175	0,184	0,184	0,223	0,212	0,142	0,252	0,223	0,230	0,216	0,201	0,201	0,201	0,190	0,147	0,214	0,158	0,161	0,154	0,276	0,195	0,000	0,077	0,071	0,050	0,137	0,222	0,189	0,213	0,232	0,212
CHAR	0,264	0,289	0,160	0,199	0,166	0,163	0,207	0,177	0,158	0,224	0,250	0,246	0,228	0,212	0,201	0,173	0,167	0,130	0,207	0,128	0,138	0,159	0,239	0,191	0,170	0,000	0,082	0,056	0,146	0,234	0,206	0,227	0,240	0,220
HOL	0,230	0,289	0,140	0,202	0,180	0,188	0,171	0,182	0,132	0,214	0,239	0,207	0,247	0,218	0,220	0,187	0,188	0,143	0,234	0,139	0,183	0,159	0,273	0,206	0,192	0,158	0,000	0,062	0,151	0,238	0,201	0,228	0,244	0,228
LIM	0,236	0,271	0,135	0,171	0,173	0,170	0,184	0,174	0,142	0,199	0,219	0,223	0,207	0,183	0,188	0,168	0,189	0,113	0,194	0,120	0,107	0,149	0,234	0,196	0,156	0,124	0,171	0,000	0,128	0,204	0,177	0,195	0,209	0,196
EASZ	0,241	0,229	0,254	0,283	0,262	0,292	0,232	0,328	0,212	0,285	0,233	0,359	0,228	0,336	0,304	0,323	0,312	0,254	0,374	0,271	0,319	0,291	0,375	0,369	0,325	0,325	0,353	0,322	0,000	0,132	0,083	0,083	0,117	0,085
GYR	0,317	0,281	0,421	0,445	0,429	0,494	0,384	0,524	0,396	0,439	0,352	0,539	0,338	0,498	0,479	0,546	0,508	0,467	0,558	0,463	0,527	0,495	0,561	0,542	0,502	0,549	0,549	0,503	0,280	0,000	0,037	0,070	0,058	0,103
BRH	0,267	0,239	0,343	0,349	0,342	0,404	0,268	0,436	0,274	0,366	0,272	0,433	0,248	0,416	0,374	0,441	0,396	0,362	0,484	0,372	0,432	0,388	0,491	0,441	0,408	0,454	0,434	0,418	0,196	0,125	0,000	0,042	0,059	0,061
SIN	0,333	0,289	0,424	0,397	0,414	0,494	0,358	0,514	0,365	0,418	0,356	0,486	0,315	0,506	0,490	0,544	0,496	0,442	0,551	0,488	0,530	0,473	0,526	0,520	0,489	0,539	0,533	0,494	0,266	0,206	0,165	0,000	0,078	0,080
GUZ	0,366	0,327	0,461	0,464	0,428	0,503	0,394	0,522	0,410	0,427	0,357	0,538	0,378	0,528	0,502	0,562	0,533	0,469	0,582	0,503	0,537	0,497	0,550	0,550	0,541	0,581	0,588	0,522	0,287	0,175	0,192	0,251	0,000	0,102
NEL	0,280	0,271	0,373	0,366	0,346	0,404	0,313	0,440	0,306	0,351	0,285	0,455	0,265	0,446	0,410	0,461	0,431	0,387	0,473	0,409	0,442	0,409	0,490	0,476	0,412	0,461	0,479	0,430	0,182	0,185	0,130	0,202	0,213	0,000

5.3.2.3.- Estudios de vecindad

Las distancias genéticas DA se han representado gráficamente mediante un dendrograma Neigbor-Joining (Figura 10). De forma general, se conforman tres grandes clusters en el árbol, el primero de ellos, más distante y disperso, es el formado por todas las poblaciones cebuinas. El segundo grupo, muy separado del primero, está formado por las razas europeas y, un tercer clúster, formado por todas las razas criollas, ocupa una posición intermedia entre los anteriores.

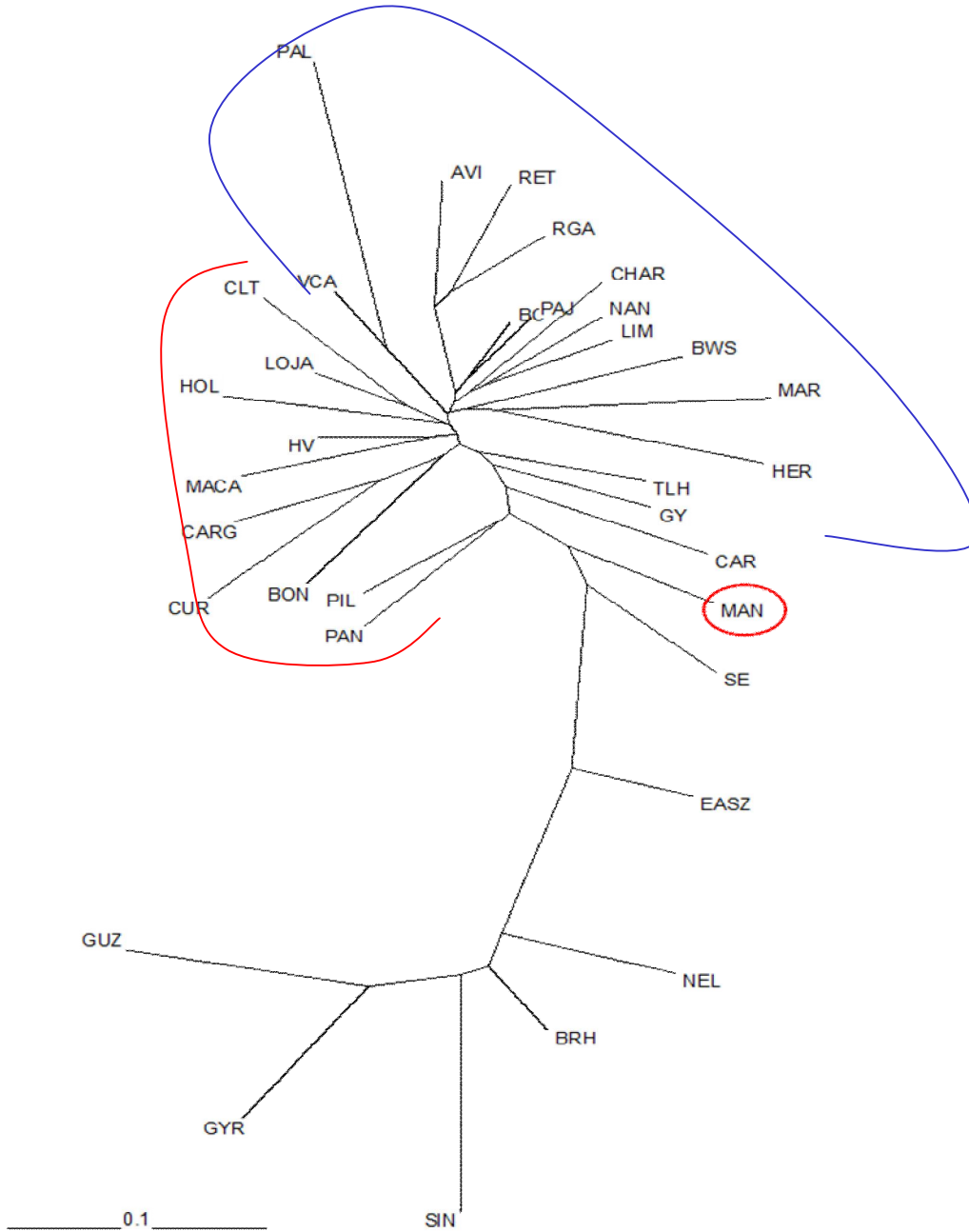
Dentro del grupo de criollas, de nuevo destaca la proximidad de los bovinos de Manabí y de Santa Elena, donde ambos aparecen, muy distantes de las otras poblaciones bovinas ecuatorianas, la de Loja y la Macabea, rompiéndose así la proximidad observada en análisis anteriores entre los criollos ecuatorianos. Algo así ocurre con respecto a los criollos colombianos y panameños, de los que el GCM se distancia en el árbol. Destaca también su lejanía con la española Berrenda en Colorado con la que marcaba una distancia muy corta.

La aparente proximidad existente entre la Manabita y Santa Elena respecto a los cebuinos no es más que un efecto óptico, ya que el recorrido del brazo que las une a los cebuinos es muy largo, mucho mayor que con respecto a cualquier raza criolla e incluso europea.

5.3.2.4.- Estructura genética

En la Figura 11 se presenta gráficamente la estructura poblacional de las 34 poblaciones utilizando el programa informático Structure v.2.1. Se ha realizado con 50000 iteraciones de Burn-in y con número de iteraciones de Cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC) de 100000. Cada individuo se muestra en una barra vertical y cada color representa la proporción del clúster correspondiente (raza en este caso) en forma proporcional. Cuando el número de poblaciones estimadas es 2 ($K=2$), se separan dos clúster, uno formado por las razas cebuinas (en rojo) y otro formado por el resto de las razas (en verde).

Figura 10.- Representación Neighbor-Joining de las distancias genéticas D_A entre el Ganado Criollo de Manabí y otras 33 poblaciones bovinas analizadas.



Los bovinos de Manabí se encuentran en el clúster verde junto con todas las demás razas de raíz europea,. En ninguno de los K analizados se separan las poblaciones del GCM y el criollo de Santa Elena, aunque sí se encuentran diferencias con los bovinos de las otras dos provincias de Ecuador analizadas.

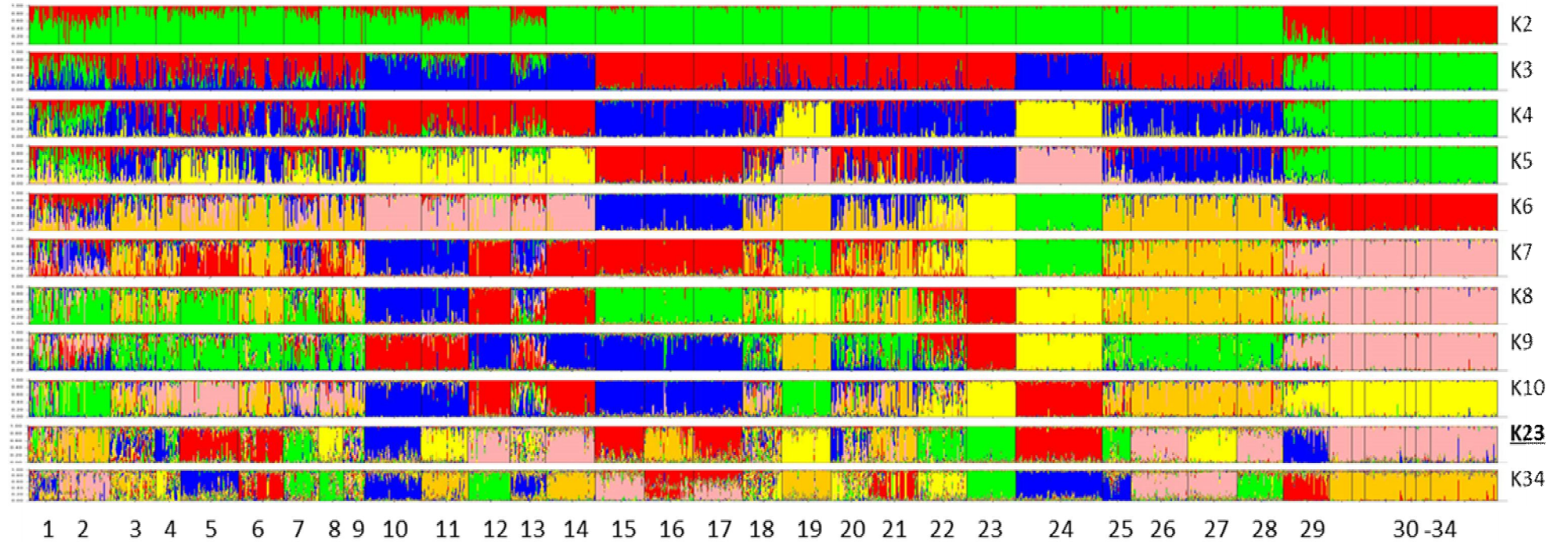
El GCM aparece como una población heterogénea en la que pudiera haber una subestructura de la población, aunque ésta no fue detectada con los estadísticos F. El número óptimo de poblaciones es $K=23$ (Figura 8), cuando los bovinos de Manabí y Santa Elena se agrupan en el mismo clúster, agrupamiento que se mantiene en K sucesivos hasta $K=34$ (número real de poblaciones analizadas).

En el análisis de estructura se aprecia como en el K2 ya se diferencian los dos troncos originarios de *Bos taurus* (europeo y criollo) y *Bos indicus* (cebuino). Desde el K3 se empiezan a diferenciar las razas criollas ecuatorianas y colombianas del resto de criollas. También se aprecian juntas al resto de las razas europeas con la excepción de la Palmera, probablemente por un efecto cuello de botella reciente en esta raza, y por supuesto las poblaciones cebuínas consolidados en su distancia.

En el K23, las definiciones raciales son más claras y, en el K34, ya quedan consolidadas. De hecho, los clusters de las razas criollas, en el que se incluye al ganado criollo de Manabí, están claros, si bien se aprecia un gran número de influencias de las razas criollas vecinas en su interior, lo que da soporte al alto grado de variabilidad que muestra tanto el ganado criollo Manabí como muchas de sus razas vecinas.

En la Tabla 25 se observan los porcentajes de individuos de cada raza que se asignan a cada clúster cuando $K=23$ (K óptimo). El 20,7% de los bovinos de Manabí se asignan al clúster 18, junto con el bovino de Santa Elena, otro 15,4% se asigna al clúster 8 junto con el bovino Pardo Suizo y un 13,7% al clúster 5 junto con los cebús americanos. El resto se asigna a diferentes clúster con porcentajes de asignación Q interiores al 10%.

Figura 11.- Estructura genética el Ganado Criollo de Manabí y otras 33 razas bovinas analizadas.



1: MAN, 2: SE, 3: LOJA, 4: MACA, 5: TLH, 6: CLT, 7: GY, 8: BON, 9: HV, 10: CAR, 11: PAN, 12: CUR, 13: PIL, 14: CARG, 15: RET, 16: AVI, 17: RGA, 18: BC, 19: MAR, 20: PAJ, 21: NAN, 22: VCA, 23: PAL, 24: HER, 25: BWS, 26: CHAR, 27: HOL, 28: LIM, 29: EASZ, 30: GYR, 31: BRH, 32: SIN, 33: GUZ, 34: NEL

Tabla 25.- Proporción de asignación (Q) de cada población a cada uno de los clusters cuando K=23 (K óptimo)

	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10	K11	K12	K13	K14	K15	K16	K17	K18	K19	K20	K21	K22	K23
MAN	0.042	0.015	0.041	0.026	0.137	0.013	0.017	0.154	0.012	0.022	0.007	0.024	0.049	0.020	0.020	0.035	0.013	0.207	0.011	0.029	0.026	0.040	0.041
SE	0.009	0.006	0.014	0.011	0.074	0.006	0.014	0.037	0.009	0.013	0.005	0.008	0.012	0.006	0.012	0.008	0.005	0.691	0.008	0.011	0.022	0.008	0.013
LOJA	0.023	0.028	0.020	0.016	0.023	0.022	0.037	0.048	0.033	0.015	0.023	0.043	0.037	0.030	0.254	0.076	0.045	0.028	0.096	0.045	0.017	0.018	0.024
MACA	0.009	0.008	0.008	0.030	0.027	0.012	0.009	0.128	0.015	0.026	0.025	0.012	0.020	0.016	0.460	0.021	0.022	0.021	0.010	0.075	0.016	0.019	0.012
TLH	0.007	0.011	0.009	0.017	0.007	0.008	0.007	0.011	0.019	0.011	0.009	0.012	0.727	0.014	0.014	0.019	0.008	0.010	0.009	0.026	0.008	0.018	0.019
CLT	0.009	0.011	0.009	0.012	0.018	0.009	0.026	0.035	0.012	0.011	0.018	0.009	0.023	0.014	0.016	0.017	0.019	0.007	0.645	0.031	0.007	0.026	0.015
GY	0.018	0.009	0.015	0.028	0.024	0.022	0.008	0.024	0.013	0.023	0.008	0.016	0.033	0.016	0.022	0.032	0.012	0.032	0.016	0.558	0.027	0.023	0.023
BON	0.011	0.008	0.009	0.738	0.004	0.011	0.009	0.009	0.009	0.005	0.016	0.011	0.011	0.009	0.020	0.031	0.010	0.007	0.010	0.021	0.005	0.023	0.014
HV	0.030	0.017	0.017	0.066	0.078	0.012	0.018	0.082	0.027	0.016	0.062	0.039	0.033	0.034	0.127	0.085	0.073	0.020	0.038	0.056	0.039	0.011	0.022
CAR	0.008	0.007	0.757	0.012	0.012	0.013	0.007	0.008	0.011	0.027	0.014	0.007	0.010	0.010	0.015	0.010	0.014	0.009	0.008	0.011	0.005	0.009	0.016
PAN	0.012	0.009	0.035	0.014	0.035	0.010	0.018	0.012	0.009	0.717	0.007	0.011	0.010	0.010	0.011	0.007	0.011	0.009	0.013	0.013	0.013	0.006	0.008
CUR	0.005	0.020	0.006	0.034	0.002	0.006	0.011	0.010	0.008	0.013	0.008	0.005	0.014	0.019	0.014	0.029	0.013	0.004	0.010	0.013	0.003	0.007	0.746
PIL	0.011	0.010	0.030	0.029	0.168	0.012	0.010	0.037	0.028	0.177	0.032	0.013	0.033	0.023	0.033	0.013	0.026	0.044	0.012	0.041	0.019	0.056	0.142
CARG	0.018	0.005	0.013	0.017	0.003	0.007	0.009	0.018	0.011	0.008	0.020	0.009	0.016	0.007	0.011	0.009	0.011	0.008	0.008	0.008	0.003	0.013	0.767
RET	0.759	0.014	0.008	0.021	0.004	0.013	0.009	0.009	0.019	0.007	0.008	0.015	0.007	0.006	0.016	0.013	0.015	0.010	0.013	0.011	0.005	0.008	0.008
AVI	0.118	0.012	0.007	0.022	0.002	0.010	0.006	0.013	0.013	0.005	0.016	0.663	0.016	0.008	0.008	0.018	0.009	0.006	0.009	0.014	0.004	0.008	0.013
RGA	0.714	0.011	0.013	0.007	0.003	0.016	0.018	0.011	0.012	0.010	0.025	0.048	0.010	0.013	0.008	0.013	0.011	0.007	0.014	0.015	0.004	0.008	0.009
BC	0.036	0.022	0.017	0.064	0.006	0.048	0.042	0.045	0.147	0.018	0.063	0.084	0.043	0.035	0.036	0.029	0.056	0.043	0.029	0.049	0.009	0.040	0.037
MAR	0.005	0.009	0.005	0.010	0.003	0.004	0.007	0.008	0.009	0.008	0.018	0.007	0.010	0.008	0.007	0.006	0.009	0.005	0.010	0.006	0.003	0.838	0.006
PAJ	0.031	0.020	0.014	0.046	0.003	0.025	0.014	0.038	0.393	0.011	0.070	0.028	0.013	0.014	0.018	0.034	0.059	0.008	0.017	0.027	0.006	0.059	0.052
NAN	0.015	0.012	0.019	0.018	0.003	0.394	0.008	0.015	0.030	0.009	0.029	0.176	0.028	0.018	0.014	0.014	0.130	0.005	0.007	0.013	0.005	0.019	0.018
VCA	0.028	0.040	0.009	0.023	0.006	0.011	0.012	0.027	0.020	0.009	0.015	0.016	0.012	0.623	0.014	0.020	0.029	0.013	0.012	0.016	0.006	0.019	0.020
PAL	0.004	0.891	0.005	0.005	0.002	0.004	0.005	0.004	0.005	0.005	0.005	0.004	0.005	0.012	0.007	0.005	0.006	0.004	0.005	0.005	0.003	0.005	0.006
HER	0.006	0.007	0.005	0.011	0.003	0.005	0.850	0.009	0.006	0.004	0.009	0.005	0.006	0.009	0.006	0.008	0.007	0.004	0.009	0.006	0.004	0.011	0.009
BWS	0.010	0.013	0.010	0.013	0.005	0.023	0.015	0.719	0.008	0.007	0.013	0.019	0.011	0.016	0.010	0.017	0.017	0.005	0.018	0.010	0.005	0.026	0.011
CHAR	0.013	0.008	0.005	0.013	0.002	0.008	0.010	0.015	0.009	0.006	0.772	0.011	0.014	0.013	0.009	0.020	0.022	0.005	0.012	0.008	0.003	0.012	0.008
HOL	0.007	0.010	0.005	0.009	0.002	0.006	0.008	0.011	0.011	0.005	0.014	0.013	0.009	0.012	0.009	0.816	0.008	0.004	0.008	0.012	0.004	0.008	0.008
LIM	0.009	0.011	0.006	0.012	0.003	0.032	0.010	0.013	0.010	0.006	0.024	0.012	0.010	0.009	0.012	0.019	0.729	0.005	0.011	0.011	0.004	0.020	0.023
EASZ	0.007	0.011	0.008	0.006	0.082	0.004	0.006	0.006	0.009	0.007	0.008	0.008	0.009	0.009	0.006	0.008	0.007	0.012	0.008	0.012	0.751	0.007	0.008
GYR	0.006	0.003	0.002	0.003	0.918	0.003	0.003	0.004	0.004	0.004	0.003	0.004	0.005	0.002	0.003	0.003	0.003	0.007	0.002	0.003	0.010	0.003	0.003
BRH	0.012	0.003	0.004	0.005	0.850	0.007	0.006	0.007	0.007	0.005	0.004	0.005	0.007	0.005	0.005	0.006	0.004	0.012	0.004	0.009	0.022	0.004	0.005
SIN	0.006	0.011	0.008	0.003	0.828	0.004	0.011	0.009	0.005	0.008	0.003	0.003	0.006	0.008	0.014	0.006	0.008	0.010	0.005	0.008	0.023	0.004	0.008
GUZ	0.003	0.012	0.007	0.006	0.848	0.006	0.005	0.003	0.006	0.007	0.002	0.004	0.005	0.011	0.005	0.002	0.004	0.010	0.019	0.007	0.019	0.004	0.004
NEL	0.006	0.006	0.007	0.004	0.854	0.005	0.003	0.005	0.004	0.009	0.004	0.006	0.006	0.004	0.004	0.004	0.005	0.006	0.006	0.005	0.039	0.004	0.003

5.4.- Consideraciones finales

En los últimos años, Ecuador ha desarrollado un amplio abanico de normas reguladores en los ámbitos de desarrollo ganadero en general y, de la conservación de recursos zoogenéticos, en particular. Todo ello, dentro de las actuaciones derivadas del Plan Nacional del Buen Vivir, concretamente, en el seno de los objetivos encaminados a impulsar la transformación de la matriz productiva, orientados tanto a la mejora del conocimiento como a la innovación, con el fin de obtener unas producciones primaria y transformada basadas en recursos propios para la disminución o, en su caso, sustitución de las importaciones. Este sería el caso de la publicación del marco zootécnico para el Registro Oficial de Asociaciones de Criadores y Registros Zootécnicos de Razas Bovinas Puras y/o Sintéticas (MAGAP, 2016), en sintonía y con cierto paralelismo a la normativa zootécnica española (MARM, 2009), lo que justifica el desarrollo del presente estudio en aras a la consolidación del conocimiento sobre los recursos genéticos locales en Ecuador, en este caso el Ganado Criollo de Manabí como animales de orientación productiva de doble propósito carne-leche y, consecuentemente, el inicio de los programas de desarrollo ganadero y programas de cría en raza pura.

Así las cosas, partiendo de la base legal existente, se hace necesaria una apuesta firme por la organización sectorial en el sentido de que las Administraciones públicas ecuatorianas lleven a cabo el reconocimiento oficial de las razas criollas existentes en el país –incluyendo la publicación oficial del patrón racial en cada caso-, elevando dicha información a las instancias oficiales internacionales, destacando entre ellas a la FAO, así como que apoyen la creación y puesta en funcionamiento de asociaciones de criadores u organizaciones de productores como garantes y elementos clave en la implementación y ejecución de los programas de cría de las razas criollas. Estas acciones conllevarán desde la creación de los primeros registros genealógicos hasta la elección de los objetivos y criterios de selección, pasando por el diseño del programa de control de rendimiento del ganado y el resto de actuaciones complementaria de un programa de mejora.

Adicionalmente a lo anterior, también se hace necesario destacar el esfuerzo realizado por el país en la mejora de la formación investigadora del plantel de técnicos universitarios, teniendo en cuenta que el apoyo a dicho capital humano es el principal activo presente y futuro para el desarrollo económico y social de Ecuador. En este sentido, sirva como ejemplo la celebración del *VIII Simposio iberoamericano sobre conservación y utilización de recursos zoogenéticos* en la Universidad Técnica Estatal de Quevedo, en noviembre de 2007, el *IV Simposium Latinoamericano de Producción Animal ALPA-ECUADOR*, celebrado en la Universidad Técnica Estatal de Quevedo, en noviembre de 2014, y el *III Congreso Internacional de Ciencia Tecnología, Innovación y Emprendimiento*, que tuvo lugar en la Universidad de Bolívar, celebrado en noviembre de 2015, entre otros.

Finalmente, cabe destacar la necesidad de realizar actuaciones concertadas y consensuadas entre todos los actores con responsabilidad en el desarrollo ganadero ecuatoriano: Ministerio de Agricultura, Ganadería, Acuacultura y Pesca – Organizaciones de Productores – Universidad y Centros de Investigación, de manera que la investigación realizada en el Ganado Criollo de Manabí sea exportada al resto de recursos genéticos bovinos criollos de Ecuador como principal especie ganadera, así como también al resto de especies de interés agroalimentario que cuenta con menor grado aún de desarrollo ganadero, especialmente en el caso de las poblaciones criollas.

6.- CONCLUSIONES

Primera. El Ganado Criollo de Manabí se encuadra dentro de la eumetría de la especie, de perfil cefálico recto, de tipo dolicocefalo, con tendencia a proporciones corporales sublongilíneas y de esqueleto fino, lo que confirma su predisposición hacia la producción lechera, por cuanto podría adscribirse morfoestructuralmente al conjunto del Bovino Criollo Tropical de Doble Propósito.

Segunda. Desde el punto de vista faneróptico, predominan los animales de cuernos de tipo proceros, con color base de la capa en rojo; con pigmentación en mucosas y pezuñas; de pelo corto, con presencia de papada mayoritariamente de tipo discontinuo y con ausencia de pliegue umbilical y giba.

Tercera. Se confirma la existencia de un marcado dimorfismo sexual en la población predominando los valores de alzas, anchuras y perímetros en los machos frente a las hembras, así como en la inexistencia de diferencias significativas para los principales índices zoométricos de tipo etnológico.

Cuarta. Atendiendo a los valores del número promedio de alelos, heterocigosidad observada, heterocigosidad esperada, contenido de información polimórfica y estadísticos F de Wright, esta población presenta una elevada diversidad genética intraracial, de grado superior al de otras razas criollas iberoamericanas, autóctonas españolas y europeas.

Quinta. Los marcadores microsatélites han evidenciado que la población se encuentra en equilibrio de Hardy Weimberg, por tanto no asistimos a ninguna situación de disminución drástica de diversidad (cuello de botella), ni a efectos significativos de la selección o de cruzamientos recientes.

Sexta. El panel de microsatélites empleado en la caracterización genética del Ganado Criollo de Manabí resulta idóneo como herramienta de apoyo en pruebas de exclusión de paternidad/maternidad así como en la correcta adscripción de individuos a la población dentro de un eventual programa de cría oficial de la raza.

Séptima. Los análisis de diversidad genética inter-racial determinan que el Ganado Criollo de Manabí, en primera instancia, se posiciona más cerca de las razas criollas y europeas que del ganado cebuino y, posteriormente, más próximo a las razas criollas que a las europeas.

Octava. El análisis de estructura genética determina la inclusión del Ganado Criollo de Manabí en el cluster de las razas criollas, si bien se aprecia influencia de razas vecinas, lo que determina el alto grado de variabilidad genética hallado.

Novena. De la conjunción de resultados obtenidos en los ámbitos zoométrico, faneróptico, morfológico y genético se confirma la identidad de la población de Ganado Criollo de Manabí como RAZA.

7.- RESUMEN

Se ha estudiado la población de ganado bovino criollo existente en la provincia de Manabí (Ecuador), inicialmente, mediante el análisis de 15 variables e índices zoométricos y 25 variables morfológicas. La muestra fue de 773 animales (753 hembras y 20 machos) procedentes de 121 explotaciones distribuidas por los 22 cantones de la provincia de Manabí con el fin de obtener la caracterización racial de dicha población. Para ello, se calcularon los estadísticos descriptivos de las variables estudiadas, así como se realizó un análisis de varianza considerando el sexo como único factor de variación. Igualmente, se estimaron los coeficientes de correlación Pearson entre todos los rasgos morfométricos y el PV. Los valores promedio de las variables zoométricas fueron $21,83 \pm 3,28$ (ACF); $48,43 \pm 5,96$ (LCF); $28,96 \pm 4,09$ (LR); $20,04 \pm 2,55$ (LCR); $131,97 \pm 6,69$ (ACR); $54,08 \pm 19,17$ (DBC); $55,97 \pm 9,15$ (DEE); $74,40 \pm 6,02$ (DDE); $174,95 \pm 15,34$ (PT); $17,78 \pm 1,27$ (PC); $167,15 \pm 20,29$ (LOI); $135,14 \pm 7,63$ (AEG); $43,90 \pm 7,60$ (AG); $44,89 \pm 5,09$ (All);

455,97 ± 103,00 (PV), con diferencias estadísticas significativas entre machos y hembras ($P < 0,01$) para la mayoría de variables excepto en DBC y DDE. De acuerdo con los resultados obtenidos, la población de ganado bovino de Manabí está integrada mayoritariamente por animales de perfil frontonasal rectilíneo, eumétricos y generalmente de capa roja en sus distintos matices; con pelo corto y liso y mucosas y pezuñas pigmentadas, siempre con presencia de cuernos predominando aquellos con nacimiento delante de la línea de la nuca, orejas medianas en posición horizontal, pliegues de la papada continua o discontinua, y con ausencia de giba y de pliegue umbilical. En conjunto, los animales estudiados arrojan un moderado grado de homogeneidad y armonía, destacando la existencia de un marcado dimorfismo sexual, donde los machos adquieren más desarrollo corporal que las hembras. Asimismo, esta población resulta de mayor tamaño corporal que otras razas criollas iberoamericanas próximas, probablemente como mecanismo adaptativo al medio ambiente donde tradicionalmente se explotan.

Para la caracterización genética mediante marcadores microsatélites, se tomó una muestra de pelo en 31 animales elegidos al azar. Se analizaron los 28 microsatélites, recomendados por el comité de expertos de la FAO/ISAG (Food and Agriculture Organization of the United Nations/ International Society of Animal Genetics) para el estudio de la diversidad genética en la especie bovina. Los fragmentos obtenidos mediante la PCR se han sometido a una electroforesis en gel de poliacrilamida en un secuenciador automático capilar ABI 3130XL. El genotipado se ha analizado con los programas Genescan Analysis® v 3.1.2 y Genotyper® 2.5. Asimismo, en un análisis de diferenciación, estructura y distancia genética se han utilizado además otras 33 poblaciones bovinas de la base de datos del Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de Animal Breeding Consulting S.L. y del Consorcio BioBovis (<http://biobovis.jimdo.com>).

Se calculó el número medio de alelos por locus (MNA), las frecuencias alélicas, las heterocigosis esperada (H_e) y observada (H_o) y el contenido de información

polimórfica (PIC) con el programa MICROSATELLITE TOOLKIT software para Excel. Los valores de FIS (coeficiente de consanguinidad) se han calculado con el programa informático GENETIX v. 4.05 y se ha realizado una prueba de equilibrio Hardy-Weinberg (HW) usando el programa GENEPOP v. 3.1c. El coeficiente de consanguinidad *FIT*, el coeficiente de diferenciación genética *FST* y *FIS* (coeficiente de endogamia de cada individuo en relación a la subpoblación a la que pertenece), calculado mediante el programa GENETIX; un Análisis Factorial de Correspondencia con el programa GENETIX; la distancia genética DA con el programa informático POPULATIONS y los valores de distancia obtenidos se ha realizado un dendrograma Neighbor - Joining mediante el programa TREEVIEW.

Los 28 marcadores han sido polimórficos y se han observado entre un mínimo de 4 alelos para el marcador ILSTS011 y un máximo de 15 alelos en el marcador TGLA122, por lo tanto se observa en general una alta diversidad alélica. El número medio de alelos es elevado (8,18), aunque el número efectivo de alelos (4,48) es sensiblemente inferior. La heterocigosidad esperada promedio ($H_e=0,765$) y heterocigosidad observada promedio ($H_o=0,728$) fueron de 0,765 y 0,728, respectivamente, en esta población. El promedio de alelos y los valores de heterocigosidad indican que los bovinos criollos de la provincia de Manabí de Ecuador muestran una diversidad genética alta. El valor de *FIS* con 1000 remuestreos es de 0,049 (-0,00467-0,06509), aunque no es significativo, lo que indica que la población no muestra una desviación significativa del equilibrio Hardy-Weinberg, por cuanto, no existe ninguna situación de disminución drástica de diversidad (cuello de botella), ni efectos significativos de la selección o de cruzamientos recientes. El panel de microsatélites empleado en la caracterización genética del Ganado Criollo de Manabí resulta idóneo como herramienta de apoyo en pruebas de exclusión de paternidad/maternidad así como en la correcta adscripción de individuos a la población dentro de un eventual programa de cría oficial en esta raza.

Los análisis de diversidad genética inter-racial determinan la existencia de diferenciación genética entre las 34 poblaciones bovinas incluidas en el estudio es elevada, con los siguientes valores de estadísticos F: $FIS=0,039$ (0,027-0,053), $FIT=0,147$ (0,135-0,159) y $FST=0,112$ (0,09-0,127). Además las distancias genéticas DA en un dendrograma Neigbor-Joining, indican que el Ganado Criollo de Manabí, en primera instancia, se posiciona más cerca de las razas criollas y europeas que del ganado cebuino y, posteriormente, más próximo a las razas criollas que a las europeas. Finalmente, el análisis de estructura genética determina la inclusión del Ganado Criollo de Manabí en el cluster de las razas criollas, si bien se aprecia influencia de razas vecinas, lo que determina el alto grado de variabilidad genética hallado.

Finalmente, los resultados obtenidos en los ámbitos zoométrico, faneróptico y morfológico indican que esta población mantiene importantes semejanzas con el ganado bovino de origen ibérico, encuadrándose en el conjunto del bovino criollo tropical de doble propósito, si bien desde el punto de vista genético se confirma la identidad de la población de Ganado Criollo de Manabí como raza.

8.- SUMMARY

The population of Creole cattle in Manabí's province (Ecuador) was studied through the analysis of 15 zoometric variables, 15 zoometric indexes and 25 morphological variables. The sample was composed by 773 animals (753 females and 20 males) from 121 farmer distributed in 22 "cantons" (regions) of Manabí's province in order to obtain the racial characterization of this cattle population. Descriptive statistics of the studied variables were calculated, besides, an analysis of variance was realized considering the sex as the only one factor of variation. By the same way the coefficients of correlation Pearson among all the morphological variables and the body weight were estimated. The average values of zoometric variables were $21,83 \pm 3,28$ (ACF); $48,43 \pm 5,96$ (LCF); $28,96 \pm 4,09$ (LR); $20,04 \pm 2,55$ (LCR); $131,97 \pm 6,69$ (ACR); $54,08 \pm 19,17$ (DBC); $55,97 \pm 9,15$ (DEE); $74,40 \pm 6,02$ (DDE); $174,95 \pm 15,34$ (PT); $17,78 \pm 1,27$ (PC); $167,15 \pm 20,29$ (LOI); $135,14 \pm 7,63$ (AEG); $43,90 \pm 7,60$ (AG); $44,89 \pm 5,09$ (All); $455,97 \pm 103,00$ (PV), with significative differences

between males and females ($P < 0.05$), for most variables except in DBC y DDE. In agreement with the obtained results, the most part of Manabí's cattle population is composed of animals of a straight profile, eumetric body and different variants of red colour coat; also, short and smooth hair, mucous and pigmented hoofs; always, with the presence of horns predominating the type "proceros" (those with birth front the line of the neck); medium-sized ears horizontally, dewlap is constant or discontinuous absence of hump and umbilical fold. As a whole, the studied animals had from moderated degree of homogeneity and harmony; highlights, the existence of an important sexual dimorphism, where males get more corporal development than females. Likewise, this population have a major corporal size than other next Iberoamerican creole cattle breeds, probably due to an adaptive mechanism to the environment where these cattle are traditionally produced.

A random sample of hair from 31 animals was taken for genetic characterization using microsatellite markers. A set of 28 microsatellites markers, as recommended by the FAO / ISAG (Food and Agriculture Organization of the United Nations / International Society of Animal Genetics) committee of experts for the study of genetic diversity in the bovine species, were analyzed. The fragments obtained by PCR were subjected to a polyacrylamide gel electrophoresis in an ABI 3130XL automatic capillary sequencer. Genotyping has been analyzed with the Genescan Analysis® v 3.1.2 and Genotyper® 2.5 programs. In addition, 33 other bovine populations from the Animal Breeding Consulting SL Molecular Genetics Laboratory database and the BioBovis Consortium (<http://biobovis.jimdo.com>) have also been used in an analysis of differentiation, structure and distance genetics.

We calculated the mean of number of alleles/locus (MNA), allele frequencies, expected heterozygosity (H_e), observed heterozygosity (H_o) and content of polymorphic information (PIC) with MICROSATELLITE TOOLKIT software. The FIS (coefficient of inbreeding) values were calculated using the GENETIX v. 4.05 and a Hardy-Weinberg (HW) equilibrium test was performed using the

GENEPOP v. 3.1c. The FIT (coefficient of inbreeding), FST (coefficient of genetic differentiation) and FIS (fixation index within population) were calculated through the GENETIX program; A Factorial Analysis of Correspondence with the GENETIX program; The D_A genetic distances with the POPULATIONS software and the distance values obtained, a Neighbor - Joining dendrogram was performed using the TREEVIEW program.

The 28 markers have been polymorphic and have been observed between a minimum of 4 alleles for ILSTS011 marker and a maximum of 15 alleles in TGLA122 marker, therefore a high allelic diversity is generally observed. The mean number of alleles is high (8.18), although the effective number of alleles (4.48) is significantly lower.

The expected mean heterozygosity (H_e) and average observed heterozygosity (H_o) were 0.765 and 0.728, respectively, in this population. The average of alleles and the heterozygosity values indicate that the Creole cattle of the province of Manabí of Ecuador show a high genetic diversity. The FIS value with 1000 resamples is 0.049 (-0.00467 - 0.06509), although it is not significant, indicating that the population does not show a significant deviation from the Hardy-Weinberg equilibrium, since there is no situation of Decrease of drastic generic diversity (bottleneck), or significant effects of selection or recent crossbreeding. The panel of microsatellites used in the genetic characterization of Manabí creole cattle breed is ideal as a support tool in paternity / maternity exclusion tests as well as in the correct ascription of individuals to the population within a possible official breeding program in this breed.

Inter-racial genetic diversity analyzes determined the existence of genetic differentiation among the 34 included bovine populations in the study, with the following F statistic values: FIS = 0.039 (0.027-0.053), FIT = 0.147 (0.135-0.159) And FST = 0.112 (0.09-0.177). In addition, the D_A genetic distances in a Neighbor-Joining dendrogram indicate that the Manabí creole cattle breed, in the first instance, is positioned closer to the creole and European breeds than of the Cebuian cattle and, later, closer to the creole breeds than to the European

ones. Finally, the analysis of genetic structure determines the inclusion of Manabí creole cattle breed in the cluster of the creole breeds, although the influence of neighboring breeds is appreciated, which determines the high degree of genetic variability found.

Finally, the results obtained in the zoomometric, phaneroptic and morphological areas indicate that this population maintains important similarities with bovine cattle of Iberian origin, being included in the tropical double bovine creole cattle, although from the genetic point of view it is confirmed the identity of the population of Manabi creole cattle as breed.

9.- REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abreu, U.G.P.; S.A. Santos; J.R.B. Sereno; J.A. Comastri-Filho; M.S. Ravanelli. 2005. Caracterización morfométrica de los bovinos pantaneiros del núcleo de conservación in situ de Nhumirim. Arch. Zootec. 54: 211-216.

Ajmone-Marsan, P., Fernando Garcia, J., Lenstra, J.A, and The globaldiv consortium. 2010. On the Origin of Cattle: How Aurochs Became Cattle and Colonized the World. Evolutionary Anthropology 19:148–157

Alderson, L. 1974. Genetic conservation and breed improvement. The Ark., 1: 98.

Alfonso, R.E.; H.J. Herrera; F.C. Lemus; C.M.E. Ortega; R.C. Cortez; P.J. Pérez. 2011. Morphometric characterization of American Brown Swiss cows in a tropical region of Chiapas Mexico. J. Anim. Vet. Adv. 10: 454-459.

Alvarado, M.J. y Rodas, C.A. 2016. Caracterización morfométrica e índices zoométricos de los grupos raciales bovinos existentes en el cantón Cuenca. Tesis de Grado. Universidad de Cuenca. Ecuador. 164p.

Alvear, F.F. 2008. Valoración biotipología y caracterización zoométrica del grupo genético autóctono bovino Pizán. Tesis de Grado. Escuela Superior Politécnica de Chimborazo. Ecuador. 75 p.

Amores, M.J. 2015. Caracterización fenotípica, productiva y reproductiva de una línea de bovinos enanos "Patua" en una finca especializada en su cría en la provincia de Santo Domingo de los Tsachilas. 2015. Tesis de Grado. Universidad de Las Américas. Ecuador. 191 p.

Aparicio Macarro, 1987. Premio de investigación Sánchez Romero Carvajal-Jabugo, S.A. Huelva.

Aparicio Sánchez, G. 1956. Exterior de los grandes animales domésticos. Morfología externa e Identificación individual. Imp. Moderna. Córdoba.

Apolo, G.M.; y L.E. Chalco. 2012. Caracterización fenotípica y genotípica de las poblaciones de bovinos criollos en el cantón Gonzanamá de la provincia de Loja. Universidad Nacional de Loja. Ecuador. Tesis de grado. 121 pp. 2012.

Armstrong, E., A. Postiglioni, A. Martinez, G. Rincon y J. L. Vega-Pla. 2006. Microsatellite analysis of a sample of Uruguayan Creole bulls (*Bos taurus*). Genetics and Molecular Biology 29: 267-272.

Armstrong, E.; A. Iriarte; A.M. Martínez; M. Feijoo; J.L. Vega-Pla; J.V. Delgado and A. Postiglioni. 2013. Genetic diversity analysis of the Uruguayan Creole cattle breed using microsatellites and mtDNA markers. Genetics and Molecular Research 12 (2): 1119-1131 (2013)

Avilés, D. 2012. Estudio de la influencia de los bovinos andaluces en la formación de las razas bovinas criollas de Latinoamérica. Trabajo Fin de Master. Universidad de Córdoba. Disponible en www.uco.es/zootecniaygestion/img/pictorex/16_12_21_tfm_diana_final.pdf.

Barker, J.S., D. Bradley, R. Fries, W. Hill, M. Nei and R.K. Wayne. 1993. An integrated global programme to establish the genetic relationship among the breeds of each domestic animal species. Report of a working group for the Animal Production and Health Division. FAO. Roma. 32 pp.

Barsky, O. y Cosse, G. 1981. Tecnología y cambio social. Las haciendas lecheras en Ecuador. Ed. Flacso, Quito. Ecuador.

Baumung, R., H. Simianer y I. Hoffmann. 2004. Genetic diversity studies in farm animals - a survey. Journal of Animal Breeding and Genetics 121: 361-373.

Bavera, G. 2004. Clasificación de los pelajes. El pelaje del bovino y su importancia en la producción. Ed. Bavera, Rio Cuarto, pp 27-39.

Beja-Pereira, A.; Alexandrino, P.; Bessa, I.; Carretero, Y.; Dunner, S.; Ferrand, N., Fornada, J.; Laloe, D.; Moazami-Guodarzi, K.; Sánchez, A. y Cañón, J. 2003. Genetic characterization of South Western European bovine breeds: an historical and biogeographical reassessment with a set of 16 microsatellites. Journal of Heredity, 94: 243-250.

Belkhir, K., P. Borsa, L. Chikhi, N. Raufaste y F. Bonhomme. 2003. Genetix: 4.05 Logiciel sous Windows™ pour la génétique des populations. In: U. d. Montpellier (ed.). Laboratoire Genoma Populations, Interactions, Adaptations, Montpellier, France.

- Benavides, O.P. 2015. Estudio morfoestructural de una población de bovinos naturalizados en la provincia de Esmeraldas, Ecuador. Tesis de Grado. Universidad Técnica Estatal de Quevedo. Ecuador. 73 p.
- Bench, A. and Akesson, M. 2005. Ten years of AFLP in ecology and evolution: why so few animals? *Mol Ecol* 14: 2899-2914
- Beteta, M. 2014. La importancia de la ganadería en las expediciones y conquistas. La ganadería española en el descubrimiento de América. MAGRAMA y FEAGAS. Madrid. España. 126 pp.
- Bishop, M. D., G. A. Hawkins y C. L. Keefer. 1995. Use of DNA markers in animal selection. *Theriogenology* 43: 61-70.
- Bouzat, J.; G. Giovambattista; C. Golijow; M. Lojo; y M. Dulout. 1998. Genética de la conservación de razas autóctonas: El ganado criollo argentino. *Interciencia*. 23(3): 151-157.
- Brenneman, R. A., Chase, C. C., Olson, T. A., Riley, D. G. and Coleman, S. W. 2007. Genetic diversity among Angus, American Brahman, Senepol and Romosinuano cattle breeds. *Animal Genetics* 38(1):50-53.
- Bretting, P.K and M.P. Widrechner. 1995. Genetic Markers and Horticultural Germplasm Management. *Hortscience*. Vol 30(7): 1349-1356
- Buchanan F.C., Adams L.J., Littlejohn R.P., Maddox J.F., Crawford A.M. 1994. Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellites, *Genomics* 22:397-403.
- Cañón, J., P. Alexandrino, I. Bessa, C. Carleos, Y. Carretero, S. Dunner, N. Ferran, D. Garcia, J. Jordana, D. Laloe, A. Pereira, A. Sanchez y K. Moazami-Goudarzi. 2001. Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genetics Selection Evolution* 33: 311-332.
- Carolino, N. 2010. Caracterização fenotípica de raças bovinas autóctones portuguesas. *Proceeding XI Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos*. Joao Pessoa-Paraíba, 17-19 noviembre. Brasil. Pp 298-302.
- Cavalli-Sforza, 1995. *The Great Human Diasporas: The History of Diversity and Evolution*. Ed. Addison-Wesley
- Cavalli-Sforza, L. L. y M. W. Feldman. 2003. The application of molecular genetic approaches to the study of human evolution. *Nature Genetics* 33: 266-275.
- Cavalli-Sforza, L. L. y W. F. Edwards. 1967. Phylogenetic analysis: Models and estimation procedures. *American Journal of Human Genetics* 19: 233-257.
- Centellas, P.D.; R.J.L. Vaca; A.J.N. Joaquin; C.R. Peña; R.J.A., Pereira. 2008. Caracterización morfométrica del bovino de Saavedra. *Proceeding IX Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos*. Buenos Aires, 10-12 diciembre. Argentina. Pp 145-152.

Cevallos, O.; K. Estupiñán; L. Rizzo; D. Merizalde; A. González; J.V. Delgado; C. Barba. 2015. Caracterización morfoestructural y faneróptica del bovino doble propósito de la provincia de Santo Domingo de los Tsáchilas. Proceeding III Congreso Internacional de Ciencia Tecnología, Innovación y Emprendimiento. Bolívar. 10-12 noviembre. Ecuador. Pp 111-116.

Chikhi, L., B. Goossens, A. Treanor y M. W. Bruford. 2004. Population genetic structure of and inbreeding in an insular cattle breed, the Jersey, and its implications for genetic resource management. *Heredity* 92: 396-401.

Contreras, G.; Z. Chirinos; S. Zambrano; E. Molero. A. Paéz. 2011. Morphological characterization and zoometric indexes of Criollo Limonero Cows of Venezuela. *Rev. Fac. Agron. LUZ.* 28: 91-103.

Cornuet, J. M., S. Piry, G. Luikart, A. Estoup y M. Solignac. 1999. New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. *Genetics* 153: 1989-2000.

Cortes, O. 2008. Análisis de la variabilidad genética en la raza bovina de lidia utilizando información molecular. Universidad Complutense de Madrid. Tesis Doctoral.

DAD-IS. Domestic Animal Diversity Information System. 2017. En línea: <http://www.fao.org/dad-is/>. 18/01/2017

Dalton, D.C. 1980. Introducción a la genética animal practica. Ed. Acribia. Zaragoza, España. 168 p.

Dalvit, C.; M. De Marchi; R. Dal Zotto; E. Zanetti; T. Meuwissen; M. Cassandro. 2008. Genetic characterization of the Burlina cattle breed using microsatellites markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics.* Vol. 125(2): 137-144.

De Alba, J. 1987. Criollo cattle of Latin American. In: Hogdes, J. (Ed). Proceeding of the 2nd Meeting of the FAO/UCEP. Warsaw, 13-18 junio. Poland. Pp 17-39. 1987

De Alba, J. 2011. Los Criollos Lecheros Tropicales. In: El libro de los Bovinos Criollos de América, J. de Alba Martínez. Biblioteca Básica de Agricultura (Colegio de Postgraduados). Ediciones Papiro Omega S.A. de C.V. México, D.F. pp. 92-98.

Delgado, J.V.; A. M. Martínez; A. Acosta; L.A. Álvarez; E. Armstrong; M.E. Camacho; J. Cañón; O. Cortés; S. Dunner; V. Landi; J.R. Marques; I. MartínBurriel; O.R. Martínez; R.D. Martínez; L. Melucci; J.E. Muñoz; M.C.T. Penedo; A. Postiglioni; J. Quiroz; C. Rodellar; P. Sponenberg; O. Uffo; R. Ulloa-Arvizu; J.L. Vega-Pla; A. Villalobos; D. Zambrano; P. Zaragoza; L. T. Gama; and C. Ginja. 2011. Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers. *Animal Genetics*, 43, 2–10.

Delgado, J.V.; C. Barba; M.E. Camacho; F.P.S. Sereno y A. Martínez. 2001. Caracterización genética de los animales domésticos en España. *Agri-FAO*, 29: 7-18

- Diamond, J. 2002. Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature* 418, 700-707
- Diamond, J. and P. Bellwood. 2003. Farmers and their languages: the first expansions. *Science* 300, 597-603
- Díez-Tascón, C., Littlejohn, R. P., Almeida, P. A. R. & Crawford, A. M. 2000. Genetic variation within the Merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. *Animal Genetics*. 31, 243-251.
- Dobney, K. and Larson, G. 2006. Genetics and animal domestication: new windows on an elusive process. *Journal of Zoology*, 269: 261–271.
- Dowdall, R.C. 1987. Criando Criollos. Hemisferio Sur. Buenos Aires.
- Edwards, E.H. 1992. El gran libro del caballo. Ed. El País/Aguilar, 9.
- Efron, B. 1982. The Jackknife, the Bootstrap and other Resampling Plans. Regional Conference Series in Applied Mathematics, Philadelphia.
- Epstein, H. and Mason, I.L. 1984. Cattle. In: Mason IL (eds) Evolution of Domesticated Animals. Longman: London, UK. pp 6–27.
- Escobar, C.; Villalobos, A. y Nuñez, J. 2014. Medidas zoométricas del ganado bovino criollo de Panamá. *Invest. pens. crit.* Vol. 2, No. 5: 26-33
- Espinoza, J.L.; Guevara, J.A. y Palacios, .A. 2009. Caracterización morfométrica y faneróptica del bovino criollo Chinampo de México. *Arch. Zootec.* 58: 277-279.
- Excoffier, L. 2007. Arlequín ver 3.11 Computational and molecular population genetic lab. CMPL. University of Berne <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3/>
- Falush, D., M. Stephens y J. K. Pritchard. 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164: 1567-1587.
- FAO. 2007. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). Plan de acción mundial sobre los recursos zoogenéticos y la Declaración de Interlaken. Comisión de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura. Roma, Italia. Pp 1-4.
- FAO. 2012. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Directrices FAO: Producción y sanidad animal. Roma, Italia. Nº 7, Pp 3-7.
- FAO. 2013. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). *In vivo* conservation of animal genetic resources. FAO Animal Production and health guidelines. Rome, Italy. Nº 14, Pp 157-188.
- FAO. 2015. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by B.D. Scherf & D. Pilling. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments. Rome, Italy. Pp 25-42.

Felsenstein, J. 1978. Cases in which parsimony or compatibility methods will be positively misleading. *Systematic Zoology* 27: 401-410.

Felsenstein, J. 2004. *Inferring phylogenies*. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, Massachusetts.

Fernández, G.; M. Rodríguez; C. Silveira; C. Barba. Estudio étnico de los bovinos criollos del Uruguay: II. Análisis de las faneras. *Arch. Zootec.* 50: 119-124. 2001.

Freeman, A. R., D. G. Bradley, S. Nagda, J. P. Gibson y O. Hanotte. 2006. Combination of multiple microsatellite data sets to investigate genetic diversity and admixture of domestic cattle. *Animal Genetics* 37: 1-9.

Fuentes, M. G., M. M. A. Carmona, V. E. Pérez y Z. Chirinos. 2011. Caracterización del dimorfismo sexual en ganado criollo de Oaxaca, mediante medidas corporales. *AICA 1*: 94-96.

Goldstein DB, Pollock DD (1997) Launching microsatellites: a review of mutation processes and methods of phylogenetic inference. *J Hered* 88:335–342

González Pizarro, J. de D. 1903. *Elementos de Zootecnia General*. I. Tomo. Tip. Herederos Angel González. León.

González, A. 2007. Caracterización de las razas bovinas Berrendas en el área de Despeñaperros como base para su conservación. Universidad de Córdoba. España. Tesis Doctoral. 503 pp.

Goudet, J. 2002. FSTAT: A program to estimate a test gene diversities and fixation indexes (Version 2.9.3.2.).

Gross, D. S., and W. T. Garrard. 1986. The ubiquitous potential Z-forming sequence of eucaryotes, (dT-dG)_n * (dCdA)_n, is not detectable in the genomes of eubacteria. *Mol. Cell. Biol.* 6:3010-3013

Guamani, G.; E. Montenegro; y M. Almeida. Biotipo bovino Jaspeado Manabita. *Vademecun veterinario*. 2015. En Línea: http://www.edifarm.com.ec/edifarm_quickvet/pdfs/articulos_tecnicos/BIOTIPO%20BOVINO%20CRIOLLO.pdf. 28/04/2016.

Guo, S. W. y E. A. Thompson. 1992. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics* 48: 361-372.

Hanotte, O., D. G. Bradley, J. W. Ochieng, Y. Verjee, E. W. Hill y J. E. Rege. 2002. African pastoralism: genetic imprints of origins and migrations. *Science* 296: 336-339.

Hayes, B. J., P. M. Visscher, H. C. McPartlan y M. E. Goddard. 2003. Novel multilocus measure of linkage disequilibrium to estimate past effective population size. *Genome Research* 13: 635-643.

Hernández, Z.J.S. 2000. Caracterización etnológica de las cabras criollas del sur de Puebla (México). Tesis Doctoral. Universidad de Córdoba. Córdoba, España, 260 p

Herrera, M. 2003. Criterios etnozootécnicos para la definición de poblaciones. V Congreso de SERGA y III Congreso de SPREGA Madrid Libro de Actas 41-48.

Herrera, M. 2007. Metodología de caracterización zooetnológica. En: Rodero, E.; M. Valera. (Eds). La ganadería andaluza en el siglo XXI. Patrimonio ganadero andaluza. Vol I: Pp 435-448.

Hevia, M., y Quiles, A. 1993. Determinación del dimorfismo sexual en el Pura Sangre. Archivos de Zootecnia, 42, 451-456.

Inchausti, D. y Tagle, E. 1967. Bovinotecnia. Exterior y razas. Editorial El Ateneo. Buenos Aires, Argentina. 556p.

INEC - INSTITUTO NACIONAL DE ESTADÍSTICA Y CENSOS. 2016. Encuesta de Superficie y Producción Agropecuaria 2016. Ecuador. En línea: <http://www.ecuadorencifras.gob.ec/estadisticas-agropecuarias-2/>. 19/04/2016.

INIAP, 2008. Estado de los Recursos Fitogenéticos para la Agricultura y la Alimentación en Ecuador. Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias (INIAP) Quito-Ecuador.

Jarne, P., and P. Lagoda. 1996. Microsatellites, from molecules to populations and back. Trends Ecol. Evol. 11:424– 429.

Jáuregui, J.R.; C.A. Gutiérrez; C.L. Córdón; L.M. Osorio; CH.L. Vásquez. 2014. Determination morphostructural creole cattle Barroso Salmeco in Guatemala. AICA 4: 6-8.

Jáuregui-Jiménez, R.; Melgal-Dávila, R. 2009. El bovino criollo Barroso o Salmeco, compilación de la primera caracterización fenotípica y zoométrica en Guatemala. Proceeding X Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zootenéticos. Palmira Valle, 11-13 noviembre. Colombia. Pp 221-225.

Jinguo Hu and Brady A. Vick. 2003. Target Region Amplification Polymorphism: A Novel Marker Technique for Plant Genotyping. Plant Molecular Biology Reporter 21: 289–294.

Jordana, J, A. Ferrando, J. Marmi, R. Avellanet, R. Arangueren, J.A. Méndez, F. Goyache. 2010. Molecular, genealogical and morphometric characterisation of the Pallaresa, a Pyrenean relic cattle breed: Insights for conservation. Livestock Science, 132: 65-72.

Jordana, J., P. Alexandrino, A. Beja-Pereira, I. Bessa, J. Cañón, Y. Carretero, S. Dunner, D. Laloe, K. Moazami-Goudarzi, A. Sanchez y N. Ferrand. 2003. Genetic structure of eighteen local south European beef cattle breeds by comparative F-statistics analysis. Journal of Animal Breeding and Genetics 120: 73-87.

Kimpton CP, Gill P, Walton A, Urquhart A, Millican ES, Adams M. 1993. Automated DNA profiling employing multiplex amplification of short tandem repeat loci. PCR Methods Appl. 3(1):13-22.

- Kumar, P., A. R. Freeman, R. T. Loftus, C. Gaillard, D. Q. Fuller y D. G. Bradley. 2003. Admixture analysis of South Asian cattle. *Heredity* 91: 43-50.
- Laguna, E. 1991. Los vacunos españoles, las razas criollas, y el ganado de lidia en Hispanoamérica. El ganado español, un descubrimiento para América. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. Madrid. España. 237 pp.
- Langella, O. 1999. Populations 1.2.28 CNRS UPR9034 <http://www.cnrs-gif.fr/pge/bioinfo/populations/index.php>.
- Lerner, I.M. y H.P. Donald. 1969. La nueva Zootecnia. Ed. Academia. León.
- Li, M. H., K. Sternbauer, P. T. Haahr y J. Kantanen. 2005. Genetic components in contemporary Faroe Islands Cattle as revealed by microsatellite analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 122: 309-317.
- Lira, J. 2010. Revisión sobre la genética del origen del ganado vacuno y las aportaciones del ADN antiguo. *MUNIBE (Antropología-Arkeología)* 61: 153-170
- MacHugh, D. E., M. D. Shriver, R. T. Loftus, P. Cunningham y D. G. Bradley. 1997. Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of taurine and zebu cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). *Genetics* 146: 1071-1086.
- Machugh, D. E., R. T. Loftus, D. G. Bradley, P. M. Sharp y P. Cunningham. 1994. Microsatellite DNA variation within and among European cattle breeds. *Proceedings. Biological sciences* 256: 25-31.
- MacHugh, D. E., R. T. Loftus, P. Cunningham y D. G. Bradley. 1998. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers. *Animal Genetics* 29: 333-340.
- MADR. 2003. Situación de los recursos zoogenéticos en Colombia. Primer Informe. Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural. Bogotá, Colombia.
- MARM. 2009. Real Decreto 2129/2008, de 26 de diciembre, por el que se establece el Programa nacional de conservación, mejora y fomento de las razas ganaderas. Ministerio de Medio Ambiente, y Medio Rural y Marino. Boletín Oficial del Estado, num. 23 de 27.01.2009. pp. 9211-9242.
- Martínez D. Fernández, E. Brócoli, A. Delgado, J. 2005. Variabilidad genética del ganado bovino criollo argentino de origen patagónico. España, *Arch Zootec* 54: 415-421.
- Martínez, A. M., Delgado, J. V., Rodero, A. & Vega-Pla, J. L. 2000. Genetic structure of the Iberian pig breed using microsatellites. *Animal Genetics*. 31, 295-301.
- Martínez, A. M., J. Calderón, E. Camacho, C. Rico, J. L. Vega-Pla y J. V. Delgado. 2005a. Caracterización genética de la raza bovina mostrenca con microsatélites. *Archivos de Zootecnia* 54: 357-361.

- Martínez, M; Vargas, B; Cordero, J; Chacón, I y León, B. 2015. Diversidad genética entre subpoblaciones raciales bovinas de Costa Rica. *Agronomía Costarricense* 39(2): 33-45. ISSN: 0377-9424.
- Martínez, R.; E. Fernández; N. Abbiati; A Broccoli. 2007. Caracterización zoométrica de bovinos criollos: patagónicos vs. noroeste argentino. *Rev. MVZ Cordoba*. 12 (2): 1042-1049.
- Martínez, R; García, D; Gallego, L, Onofre, G; Pérez, J; and Cañón, J. 2008. Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. *Journal of Animal Science* 86: 545–552.
- Martínez-López, O.R.; V. Lamas-Sosa; W.E. Pereira; A.R. Macchi-Silveira; A. Zayas; O. Niedhammer; G. Serrati. 2009. Estudio descriptivo de variables morfométricas de bovinos Pampa Chaqueño de Paraguay. *Proceeding X Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos*. Palmira Valle, 11-13 noviembre. Colombia. Pp 226-230.
- Mateus, J. C., M. C. Penedo, V. C. Alves, M. Ramos y T. Rangel-Figueiredo. 2004. Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. *Animal Genetics* 35: 106-113.
- Mayr, E. 1949. Speciation and systematics. En: G.L Jepsen, G. G Simpson, and E. Mayr, eds., *Genetics, paleontology, and evolution*, Princeton, Princeton University Press.
- Mazza, M.C.M.; Mazza, C.A.; Sereno, J.R.B.; Santos, S.A.L. y Mariante, A.S. 1992. Phenotypical characterization of Pantaneiro cattle in Brazil. *Arch. Zootec*. Vol. 41 (154): 477-484.
- Méndez, M.; J. Serrano; R. Ávila; M. Rosas; N. Méndez. 2002. Morfometric characterisation of Mixteco creole cattle. *Arch. Zootec*. 51: 217-221.
- Moazami-Goudarzi, K., D. Laloe, J. P. Furet y F. Grosclaude. 1997. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Animal Genetics* 28: 338-345.
- Moazami-Goudarzi, K., D. Vaiman, D. Mercier, C. Grohs, J. P. Furet, H. Leveziel y P. Martin. 1994. Analysis of genetic diversity in French cattle breeds by the use of microsatellites - preliminary-results. *Genetics Selection Evolution* 26: S155-S165.
- Molina, A. 2001. Consideraciones genéticas al concepto de raza. Caracterización genética basada en marcadores microsatélites. Ponencia. I Encuentro de Docentes e Investigadores zooetnólogos españoles. Córdoba. 12 pp.
- Mommens, G., L. J. Peelman, A. Van Zeveren, G. D'leteren y N. Wissocq. 1999. Microsatellite variation between an African and five European taurine breeds results in a geographical phylogenetic tree with a bison outgroup. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 116: 325-330.

- Mommens, G.; A. Van Zeveren; L. Peelman. 1998. Effectiveness of bovine microsatellites in resolving paternity cases in American bison, *Bison bison* L. *Animal Genetics* 29: 12-18.
- Naves, M., D. Laloe, K. Goudarzi y A. Debus. 2005. Relaciones genéticas entre el bovino Criollo de Guadalupe y otras razas por marcadores bioquímicos. *Archivos de Zootecnia* 54: 385-394.
- Nei, M. 1973. Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 70:3321-3323.
- Nei, M. 1977. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Annales of Human Genetics* 41: 225-233.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.
- Nei, M. y S. Kumar. 2000. *Molecular evolution and phylogenetics*. Oxford University Press, Inc., New York, U.S.A.
- Nijman, I. J., M. Otsen, E. L. Verkaar, C. de Ruijter, E. Hanekamp, J. W. Ochieng, S. Shamshad, J. E. Rege, O. Hanotte, M. W. Barwegen, T. Sulawati y J. A. Lenstra. 2003. Hybridization of banteng (*Bos javanicus*) and zebu (*Bos indicus*) revealed by mitochondrial DNA, satellite DNA, AFLP and microsatellites. *Heredity* 90: 10-16.
- Nordheim, A., and A. Rich. 1983. The sequence (dC-dA). * (dG-dT). forms left-handed Z-DNA in negatively supercoiled plasmids. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 80:1821-1825.
- Oosting, S.; H. Udo; T. Viets. 2014. Development of livestock production in the tropic: farm and farmer's perspectives. *Animal*. 8: 1238-1248.
- Orozco, F. 1995. Conceptos básicos donde se aplica la mejora en Zootecnia. En: *Zootecnia: Bases de Producción Animal*. Tomo IV. 15-36. Ed. L. Buxadé. Mundi-Prensa.
- Ossa, G.; Y. Abuabara; J.E. Pérez-García; G. Martínez. 2011. El ganado criollo colombiano Costeño con Cuernos, CCC. *Anim. Gen. Res.* 48: 101-107.
- Paetkau, D., S. Slade, M. Burden y A. Estoup. 2004. Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology* 13: 55-65.
- Paetkau, D., W. Calvert, I. Stirling y C. Strobeck. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* 4: 347-354.
- Parés, P.M. 2009. Zoometría. En: Sañudo, C. (Ed). *Valoración morfológica de los animales domésticos*. Ministerio de Medio Ambiente, Medio Rural y Marino. Madrid. Pp 167-198. 2009.
- Parés, P.M. Medidas e índices cefálicos en la raza bovina "Bruna dels Pirineus". 2006. *REDVET* VII. En línea: <http://www.veterinaria.org/revistas/redvet/n090906.html>. 2006. 25/04/2016.

- Parés, P.M.; J. Jordana. 2008. Zoometric measurements of cephalic conformation in adult bovine males and females (*Bos taurus*). *Veterinarija ir Zootechnika* T. 43: 65-73.
- Pariset, L., M. C. Savarese, I. Capuccio y A. Valentini. 2003. Use of microsatellites for genetic variation and inbreeding analysis in Sarda sheep flocks of central Italy. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 120: 425-432.
- Park, S. D. E. 2001. Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection. Tesis doctoral, University of Dublin, Dublin.
- Pilling, D. 2010. Threats to animal genetic resources for food and agriculture – approaches to recording, description, classification and analysis. *Anim. Genet. Resour.* 47: 11–22.
- Ponzoni, R. 1997. Genetic resources and conservation. The genetics of sheep. Ed. Pipes and Ruwinsky. 437-469.
- Primo, AT. El ganado bovino ibérico en las américas: 500 años después. 1992. *Arch. Zootec.* 41 (154): 421-432.
- Pritchard, J. K., M. Stephens y P. Donnelly. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* 155: 945-959.
- Quiroz, J. 2008. Caracterización genética de los bovinos criollos mexicanos y su relación con otras poblaciones bovinas. Tesis Doctoral. Universidad de Córdoba.
- Quispe, J.E. 2016. El bovino criollo del altiplano peruano: Origen, producción y perspectivas. *Rev. Investig. Altoandin.* 2016; Vol 18 N° 3: 257 - 270
- Rabasa, A.E.; F.D. Holgado; M.A. POLI. Argentinian creole cattle: different issues in their characterization. *Agrociencia.* IX (2-3): 473–477. 2005.
- Rabasa, C., A. Sal Paz, F. Sal Paz, F. Bergmann and S.L. Rabasa. 1976. Genética de pelajes en bovinos Criollos. *Mendeliana*, 1: 81-90.
- Ramey, R. R., G. Luikart y F. J. Singer. 2000. Genetic Bottlenecks resulting from restoration efforts: the case of Bighorn Sheep in Badlands National Park. *Restoration Ecology* 8: 85-90.
- Rannala, B. y J. L. Mountain. 1997. Detecting immigration by using multilocus genotypes. In: *Proceedings of National Academy of Sciences of USA, USA.* pp 9197-9221
- Raymond, M. y F. Rousset. 1995. GENEPOP (version 1.2): A population genetics software for exact test and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86: 248-249.
- REGISTRO OFICIAL, NUM. 748. Resolución 059. Expídesse la Normativa técnica aplicable para el Registro Oficial de Asociaciones de Criadores y Registros Zootécnicos de Razas Bovinas Puras y/o Sintéticas. En línea 13/01/2017: <http://www.derechoecuador.com/productos/producto/catalogo/registros-oficiales/2016/mayo/code/RegistroOficialNo748-Jueves05Mayode2016/registro-oficial-no-748---jueves-05-de-mayo-de-2016#No059>.

Rincon, G., M. D'Angelo, R. Gagliardi, L. Kelly, S. Llambi y A. Postiglioni. 2000. Genomic polymorphism in Uruguayan Creole cattle using RAPD and microsatellite markers. *Research in Veterinary Science* 69: 171-174.

Ritz, L. R., M. L. Glowatzki-Mullis, D. E. MacHugh y C. Gaillard. 2000. Phylogenetic analysis of the tribe Bovini using microsatellites. *Animal Genetics* 31: 178-185.

Rodero, A.; J.V. Delgado; E. Rodero. 1992. El ganado andaluz primitivo y sus implicaciones en el descubrimiento de América. *Arch. Zootec.* 41 (154): 383-400.

Rodero, E. y Herrera, M. 2000. El concepto de raza. Un enfoque epistemológico. *Arch. Zootec.* 49:5-16.

Rodríguez, M.; G. Fernández; C. Silveira. 2004. Caracterización morfológica de los Bovinos Criollos uruguayos del Parque de San Miguel. *Veterinaria.* 39 (155-156): 39-42.

Rodriguez, M.; G. Fernandez; C. Silveira; J.V. Delgado. 2001. Estudio étnico de los bovinos criollos del Uruguay: I. Análisis biométrico. *Arch. Zoot.* 50: 113-118.

Rubio-Tabarez, E.; E. Pérez-Eguia. 2015. El bovino criollo de la Sierra Tarahumara. *AICA* 6: 485-494.

Ruiz-Sánchez, A.H. 2012. Recursos genéticos para la agricultura y la alimentación. Centro de Biotecnología. Universidad de Loja. Vol 1.(1): 4-13

Saitou y col. en 1987. Citado por Martínez, Rubén. 2008. Caracterización Genética y Morfológica Del Bovino Criollo Argentino De Origen Patagónico. Universidad Politécnica De Valencia. Departamento De Ciencia Animal. Disponible en <http://riunet.upv.es/bitstream/handle/10251/3303/tesisUPV2895.pdf>.

Sal Paz, A., F. Sal Paz, F. Bergmann and S.I. Rabasa. 1976. Asociación de la fertilidad femenina con genes mendelianos mayores en bovinos criollos. *Mendeliana* 1: 91-96

Salamanca, A. and R. Crosby. 2013. Phenotypic study of bovine creole biotype Casanare Araucano. *Zoometric analysis. Zoot. Trop.* 31(3): 201-208. 2013.

San Cristobal, M., C. Chevalet, C. S. Haley, R. Joosten, A. P. Rattink, B. Harlizius, M. A. M. Groenen, Y. Amigues, M. Y. Boscher, G. Russell, A. Law, R. Davoli, V. Russo, C. Desautels, L. Alderson, E. Fimland, M. Bagga, J. V. Delgado, J. L. Vega-Pla, A. M. Martinez, M. Ramos, P. Glodek, J. N. Meyer, G. C. Gandini, D. Matassino, G. S. Plastow, K. W. Siggins, G. Laval, A. L. Archibald, D. Milan, K. Hammond y R. Cardellino. 2006. Genetic diversity within and between European pig breeds using microsatellite markers. *Animal Genetics* 37: 189-198.

Sanchez, L; P. Iglesias. 2009. Valoración morfológica en bovino de aptitud cárnica y razas rústicas. En: Sañudo, C. (Ed). Valoración morfológica de los animales domésticos. Ministerio de Medio Ambiente, Medio Rural y Marino. Madrid. Pp 271-308.

Sastre, H. J., E. Rodero, A. Rodero, P. J. Azor, N. G. Sepúlveda, M. Herrera y A. Molina. 2003. Caracterización genética de la raza bovina colombiana criolla Casanare

mediante análisis de microsatélites. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias* 16 (supl.): 49.

Sastre, H.J.; E. Rodero; A. Rodero; M. Herrera; F. Peña. 2010. Caracterización etnológica y propuesta del estándar para la raza bovina colombiana Criolla Casanare. *Anim. Genet Resour.* 46: 73–79.

Scherf, B.D. 2000. *World Watch List for domestic animal diversity*. 3rd edition. FAO UNEP. Roma. 732 pp.

She, J. X., M. Autem, G. Kotoulas, N. Pasteur y F. Bonhomme. 1987. Multivariate analysis of genetic exchanges between *Solea aegyptiaca* and *Solea senegalensis* (Teleosts, Soleidae). *Biological Journal of the Linnean Society* 32: 357-371.

SICA. 2001. Servicio de información y censo agropecuario. Sistema de información Nacional de agricultura, ganadería, acuicultura y pesca del Ecuador. Ministerio de Agricultura y ganadería del Ecuador.

Sierra, I. 2001. El concepto de raza: evolución y realidad. *Arch. Zootec.* 50: 547-564. 2001.

Spencer, C. C., J. E. Neigel y P. L. Leberg. 2000. Experimental evaluation of the usefulness of microsatellite DNA for detecting demographic bottlenecks. *Molecular Ecology* 9: 1517-1528.

SPPS. 2010. *Statistical Package for the Social Sciences*. Versión 19. IBM. Inc., Chicago. USA. 2010.

Takahashi, K. y M. Nei. 2000. Efficiencies of fast algorithms of phylogenetic inference under the criteria of maximum parsimony, minimum evolution, and maximum likelihood when a large number of sequences are used. *Molecular Biology and Evolution* 17: 1251-1258.

Tateno, Y., N. Takezaki y M. Nei. 1994. Relative efficiencies of the maximumlikelihood, neighbor-joining, and maximum-parsimony methods when substitution rate varies with site. *Molecular Biology and Evolution* 11: 261-277.

Torrent M. M. 1982. Identificación Animal. En: "Zootecnia básica aplicada". Editorial Biblioteca Técnica AEDOS. 1ra Edición. Capítulo 28 pág. 415-426.

Torres, Y.; A. Garcia-Martínez; J. Rivas; J. Perea; E. Angon; C. De Pablos-Heredero. 2015. Caracterización socioeconómica y productiva de las granjas de doble propósito orientadas a la producción de leche en una región tropical de Ecuador. Caso de la provincia de Manabí. *Rev. Científ. FCV-LUZ.* XXV (4): 330-337. 2015

Trovo, J.B.F. and A.T. Primo. 1984. Medidas morfológicas en bovinos Caracú. In: *Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, 21, Anais. Belo Horizonte, Minas Gerais, Sociedade Brasileira de Zootecnia.

Troy, C.S, MacHugh, D. E, Bailey, J.F, Magee, D.A, Loftus, R.T, Cunningham, P, Chamberlain, A.T, Sykes, B.C, Bradley, D.G. 2001. Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature* 410: 1088-1091

Tsuji, S., K. Itoh, S. Sasazaki, H. Mannen, K. Oyama, M. Shojo y F. Mukai. 2004. An association study using AFLP markers and application to a beef cattle breeding population. *Animal Genetics* 35: 40-43.

Vargas J.C.; J.V. Delgado; M.M. Gómez; M. Viamonte; A. Ramírez; J. Benítez. 2015. Raza bovina autóctona Macabea, recurso genético para el mejoramiento y adaptación a los ecosistemas amazónicos ecuatorianos. *AICA* 6: 184-191.

Vargas, J.; Landi, V.; Martínez, A.; Gómez, M.; Camacho, M.E.; Álvarez L.A.; Aguirre, L. y Delgado, J.V. 2016. Molecular Study of the Amazonian Macabea Cattle History. *PLoS ONE* 11(10): e0165398. doi:10.1371/journal.pone.0165398

Vargas, M. 2013. El Bovino Criollo Yacumeño. IICA; UAGRM. La Paz, Bolivia.

Vignal A, Milan D, San Cristobal M, Eggen A. 2002. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics Selection Evolution*, 34, 275–305.

Vijil, E.; A. Picot; M. Hernández; F. Pastor; F. Quintín.; E. Sevilla; F. Abril; A. Sanz. 2009. The Serrana de Teruel cattle breed: phaneroptical, morphological and morphostructural characterization. *Arch. Zootec.* 58 (Supl. 1): 517-520. 2009.

Vilaboa Arroniz, J., Quirós Madrigal, O.J., Díaz Rivera, P. y Zetina Córdoba, P. 2012. Situación del bovino criollo lechero tropical (CLT) en México, Nicaragua y Costa Rica. *Arch. Zootec.* 61: 31-39.

Villalobos, A.; A. Martínez, J-L. Vega-Pla; V. Landi; J. Quiroz; J.R. Marques; J.V. Delgado. 2015. Genetic relationships among five zebu breeds naturalized in America accessed with molecular markers. *Ital J Anim Sci* Vol.14:158-162.

Villalobos, A.; A. Martínez; J.L. Vega-Pla; V. Landi; J. Quiroz; R. Martínez; R. P. Sponenberg; E. Armstrong; D. Zambrano; J. Ribamar y J.V. Delgado. 2012. Relationships between Panamanians and some creole cattle landraces in Latin America. *Pesq. Agrop. Bras.* 47: 11. 2012

Villalobos, A.I. 2010. Caracterización genética de las poblaciones bovinas Guaymí y Guabalá y su relación con otras poblaciones bovinas mediante microsatélites. Tesis Doctoral. Universidad de Córdoba.

Villalobos, A; Martínez, A; Vega-Pla, L y Delgado, J. 2009. Caracterización genética de la población bovina Guabalá mediante microsatélites. *Arch. Zootec.* 58 (Supl.1):485-488.

Weir, B.; Cockerham, C. 1984 Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, vol. 38, no. 6, p. 1358-1370.

Wilson, G. A. y B. Rannala. 2003. Bayesian inference of recent migration rates using multilocus genotypes. *Genetics* 163: 1177-1191.

Wright, S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 19: 395-420.

Wright, S., 1969, The Theory of gene frecuencies, In: Evolution and genetics of populations. pp. 291-293.

Yeh F.C., Boyle T.J.B. 1997. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. Belg J Bot. 29:157.

Zamorano, M. J., J. Ruitter, A. Rodero y J. L. Vega-Pla. 1998. Análisis genético de marcadores microsatélites en dos poblaciones de la raza bovina Berrenda en Negro. Archivos de Zootecnia 47: 195-200.

Zayas, A., Núñez, L., Castro, L., Ramírez, L., Duré, R.D., León, D.; Oka Obara, A., Pereira W.E.. y Martínez, O.R. 2012. Categorización morfométrica de las orejas de bovinos Pampa chaqueño de Paraguay. AICA. 119-122.

Zeder, M.A.; D. Bradley; Emshwiller, E. Smith, B.D. 2006. Documenting domestication. New genetic and archaeological paradigms. University of California Press



10.- ANEXOS

10.1.- ANEXO I.- Ficha para las características fanerópticas y morfológicas de la raza



TOMA DE DATOS MORFOESTRUCTURALES Y FANEROPTICOS

Propietario: _____ Predio: _____
 Ubicación: _____ Cantón: _____ Parroquia: _____
 Fecha de toma de Datos: _____ Especie: _____
 Responsable: _____

Variables cuantitativas	Medidas(cm)	Edad	SEXO		Especie	Raza	OBSERVACIONES
			H	M	Bovino		
ALZADAS							
Alzada a la cruz (ACz)							
Alzada de la grupa (AG).							
Alzada a la pelvis (AP)							
Alzada al nacimiento de cola							
Alzada al hueco sub-esternal							
DIÁMETROS							
Diámetro longitudinal:							
Diámetro dorso-esternal							
Diámetro bicostal							
Distancia entre encuentros o anchura del pecho							
Anchura de la grupa o anchura inter.-iliaca:							
Anchura posterior de la grupa							
MEDIDAS DE LA CABEZA Y OREJA							
Anchura de la cabeza							
Longitud de la cabeza							
Largo de la oreja							
Ancho de la oreja							
MEDIDA DEL CUELLO							
Longitud de la cervical (LSC)							
LONGITUD DEL CUELLO (LIC)							
Anchura del cuello con la cabeza (AAC)							
Anchura del cuello en su parte posterior (APC)							
Perímetro de la rodilla							
Perímetro del corvejón							
Perímetro de la caña							
Variable cualitativas	Color	Edad	H	M	Especie	Raza	Observaciones
FANERÓPTICAS							
Color de capa							
Forma del pelaje							
Coloración de la mucosa							
Pigmentación de pezuña							
Sección de los cuerno	Cir. E. Oval						
Pos. De los cuernos	Pro. Ort..ospito						
Des. De los cuernos	Gr, Pq, Md						



TOMA DE DATOS MORFOESTRUCTURALES Y FANEROPTICOS

Propietario: _____ Predio: _____
 Ubicación: _____ Cantón: _____ Parroquia: _____
 Fecha de Datos: _____ Especie: _____
 Responsable: _____

Variables	Datos	Variables	Datos	Variables	Datos
FORMA DE LOS CUERNOS (FCU)		NACIMIENTO COLA (NC)		PEZ SUP IZQDO (PSI)	
Espiral		Alto		Cero	
Gancho alto		En línea		Uno	
Gancho medio		Entre isquiones		Dos	
Gancho bajo		FORMA DE LA NALGA (N)		PEZ SUPE DEO (PSD)	
En semiluna		Cóncavas		Cero	
En copa		Recta		Uno	
Gancho alto invertido		Suavemente conxa		Dos	
En corona		Convexa		VIENTRE (V)	
En forma lira		FINURA COLA (FC)		Muy recogido	
TAMAÑO DE LAS OREJAS (TOR)		Fina		Algo recogido	
Pequeñas		mediana		Ventrudo	
Medianas		gruesa		PAPADA (P)	
Largas		BORLA (BL)		Ausente	
DIRECCIÓN DE LAS OREJAS (DOR)		Pequeña		Discontinua	
Horizontales		Mediana		Continua	
Caídas		Grande		PLIEGUE UMBAL (PU)	
Inclinadas		APLOMOS (APL)		Ausente	
ORBITAS (O)		Buenos		Presente	
Nada marcadas		Defectos en un par		MORRILLO O GIBA (M)	
Poco marcada		Defectos ambos		Ausencia	
Marcadas		INSERCIÓN LA UBRE (IU)		Presencia	
PERFIL CEFÁLICO (PERC)		Mala pendulosa		LONGID DE PELO (LP)	
Cóncavo		Normal y firme		Corto	
Recto		Avanzada en mes		Medio	
Subconvexo		SIMETRÍA FOR. UBRES (SFU)		Largo	
Convexo		Asimétrica		FINURA DEL PELO (FP)	
LONGITUD CUELLO (LCU)		Simétrica		Fino	
Corto		TAMAÑO DE UBRE (TU)		Medio	
Mediano		Pequeña		Grueso	
Largo		Mediana		NUMERO DE COL(NCS)	
LÍNEA DORSOLUMBAR (LD)		Grande		Un solo color	
Recta		TAM DE LOS PEZONES (TP)		Dos colores	
Poco ensillada		Pequeños		Mas dos colores	
Muy ensillada		Medianos			
INCLINACIÓN GRUPA (IG)		Largos			
Horizontal		UNIFOR EN LOS PEZS (UP)			
Algo inclinada		Desigual tamaño			
Muy inclinada		Igual tamaño			