



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA (ESPAÑA)

PROGRAMA DE DOCTORADO
EN RECURSOS
NATURALES Y GESTIÓN
SOSTENIBLE



TESIS DOCTORAL

**CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA, PRODUCTIVA
Y GENÉTICA DE LA GALLINA CRIOLLA DEL ECUADOR**

Departamento de Genética

Paula Alexandra Toalombo Vargas

Córdoba, 2019

TITULO: *CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA, PRODUCTIVA Y GENÉTICA
DE LA GALLINA CRIOLLA DEL ECUADOR*

AUTOR: *Paula Alexandra Toalombo Vargas*

© Edita: UCOPress. 2020
Campus de Rabanales
Ctra. Nacional IV, Km. 396 A
14071 Córdoba

<https://www.uco.es/ucopress/index.php/es/>
ucopress@uco.es



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA (ESPAÑA)

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

***CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA, PRODUCTIVA Y
GENÉTICA DE LA GALLINA CRIOLLA DEL ECUADOR***

**“Morphological, productive and genetic characterization of the creole chicken of
Ecuador”**

MEMORIA PARA OPTAR AL GRADO DE DOCTOR POR LA UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA
PRESENTADA POR:

Paula Alexandra Toalombo Vargas

Bajo la dirección de:

Vincenzo Landi

José Manuel León Jurado

Córdoba 22 de Noviembre de 2019



TÍTULO DE LA TESIS: Caracterización morfológica, productiva y genética de la gallina criolla del Ecuador.

DOCTORANDO/A: Paula Alexandra Toalombo Vargas

INFORME RAZONADO DE LOS DIRECTORES DE LA TESIS

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

La doctoranda D^a. Paula Alexandra Toalombo Vargas comenzó a desarrollar su labor de investigación sobre el trabajo de tesis que presenta en el año 2014. La tesis se desarrolló dentro del Programa de Doctorado en Recursos Naturales y Gestión Sostenible de la Universidad de Córdoba. Dicha tesis se ha llevado a cabo sobre cuatro aspectos fundamentales que dieron lugar a cuatro artículos científicos, tres publicados, uno enviado y uno en preparación; además numerosas aportaciones a congresos nacionales e internaciones en forma de comunicaciones orales y presentación de pósters.

En este tiempo, la doctoranda ha demostrado su inquietud por la investigación lo que ha permitido difundir sus resultados, que han servido como aporte académico y científico para el desarrollo agropecuario del Ecuador, y de manera primordial a la Conservación de los Recursos genéticos Aviaries, el presente estudio sin duda, será el inicio para establecer núcleos genéticos y establecer programas de mejora genética, con enfoque a la seguridad, soberanía e inocuidad alimentaria.

Por ello, informamos que la tesis doctoral titulada “CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA, PRODUCTIVA Y GENÉTICA DE LA GALLINA CRIOLLA DEL ECUADOR”, de la que es autora D^a. PAULA ALEXANDRA TOALOMBO VARGAS, Ingeniera Zootecnista y Máster en Medicina, Sanidad y Mejora Animal, ha sido realizada bajo nuestra dirección y asesoramiento en el Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba. Por todo ello, se autoriza la presentación de la tesis doctoral, ante el tribunal correspondiente con el fin de obtener el Grado de Doctor por la Universidad de Córdoba.

Córdoba, 22 de Noviembre de 2019

Firma de los directores

A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'V. Landi'.

Fdo.: Vincenzo Landi

A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'J. M. León Jurado'.

Fdo.: José Manuel León Jurado



Tesis Doctoral

Departamento de Genética

PROGRAMA DE DOCTORADO EN RECURSOS NATURALES Y GESTIÓN
SOSTENIBLE

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA, PRODUCTIVA Y GENÉTICA DE LA GALLINA CRIOLLA DEL ECUADOR

**“Morphological, productive and genetic characterization of the creole chicken of
Ecuador”**

MEMORIA PARA OPTAR AL GRADO DE DOCTOR POR LA UNIVERSIDAD DE
CÓRDOBA

PRESENTADA POR:

Paula Alexandra Toalombo Vargas

V^oB^o DIRECTORES

Vincenzo Landi

José Manuel León Jurado

Córdoba, 22 de Noviembre de 2019

TESIS DOCTORAL COMO COMPENDIO DE PUBLICACIONES

1. Publicaciones en revistas científicas.

- **Toalombo, P.A.**; Camacho, C.A.; Buenaño, R.; Jiménez, S.; Navas-González, F.J.; Landi, V. y Delgado, J.V. Efecto socioeconómico sobre las características fanerópticas de gallinas autóctonas de Ecuador. Revista *Archivos de Zootecnia*. 68 (263): 410-415. 2019.

- **Toalombo, P.A.**; Navas-González, F.J.; Andrade-Yucailla, V.C.; Trujillo, J.V.; Martínez, J. y Delgado, J.V. Caracterización productiva y organoléptica de huevos de gallinas de campo de la región sierra del Ecuador. Revista *Archivos de Zootecnia*. 68 (263): 406-409. 2019.

- **Paula Alexandra Toalombo Vargas**, José Manuel León, Luis Rafael Fiallos Ortega, Amparo Martínez, Alex Arturo Villafuerte Gavilanez, César Antonio Camacho León, Juan Vicente Delgado y Vincenzo Landi. Deciphering the patterns of genetic admixture and diversity in Ecuadorian creole chicken. *Animals* 2019, 9, 670; doi:10.3390/ani9090670.

2. Artículos científicos derivados de la tesis doctoral que están en revisión:

- **Paula Alexandra Toalombo Vargas**, Francisco Javier Navas González, Vincenzo Landi, José Manuel León Jurado and Juan Vicente Delgado Bermejo. Sexual dimorphism and breed characterization of Creole hens through biometric canonical discriminant analysis across Ecuadorian agroecological áreas. Enviado y en revisión.

3. Trabajos a congresos:

- **Toalombo-Vargas P.**, Delgado J.V., Landi V., León J., Camacho E 1. Caracterización morfológica y faneróptica de la gallina de campo de la región sierra del Ecuador. VII Congreso Científico de Investigadores en formación. Universidad de Córdoba. Córdoba (España) del 05 al 07 de febrero de 2019

- **Toalombo, P.**, V. Landi, A.M. Martínez, M.M. Gómez, C.A. Camacho, M.E. Camacho y J.V. Delgado. First preliminary overview of genetics diversity and conservation status of Ecuadorian creole chicken. International Society for Animal Genetics Conference ISAG 2019 del 07 al 12 de Febrero de 2019.

- **Toalombo, P.**, V. Landi, A.M. Martínez, M.M. Gómez, M. Macrì, C.A. Camacho, L.R. Fiallos, M.E. Camacho y J.V. Delgado. First preliminary overview of geographical representation to the genetics diversity and conservation status of Ecuadorian creole chicken. European Symposium on Poultry Genetics 2019.

- **P. Toalombo**, V. Landi, A. Martínez, M. Gómez, F. Almeida, L. Fiallos, J. Trujillo, C. Camacho E. Camacho, J. Delgado. Resultados preliminares de morfología de aves de campo

del Ecuador XX Simposio Iberoamericano de Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos Corumbá – Brasil.

- **Paula Toalombo Vargas**, Vincenzo Landi, Amparo Martínez, Mayra Gómez, Fabián Almeida López, Luis Fiallos Ortega, Vicente Trujillo Villacís, César Camacho León, Esperanza Camacho, Juan Vicente Delgado. Comportamiento productivo y caracterización de huevos de gallinas criollas de la región sierra del Ecuador. XX Simposio Iberoamericano de Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos Corumbá – Brasil.

ÍNDICE DE CALIDAD

ARTÍCULO 1º

- Título: Efecto socioeconómico sobre las características fanerópticas de gallinas autóctonas de Ecuador
- Autores (p.o. de firma): P.A. Toalombo, C.A. Camacho, R. Buenaño, S. Jiménez, F.J. Navas-González, V. Landi, J.V. Delgado
- Revista (año vol.,pág.): Archivos de. Zootecnia. 68 (263): 416-421. 2019.
- Base de Datos Internacional o Nacional (caso de CC.JJ., CC.SS. Y Humanidades) en las que está indexada: JSR 2018
- Área temática en la Base de Datos de referencia: Animal Science and Zoology
- Índice de impacto de la revista en el año de publicación del Artículo: 0,44
- Lugar que ocupa/Nº de revistas del Área temática: Q3

ARTÍCULO 2º

- Título: Caracterización productiva y organoléptica de huevos de gallinas de campo de la región sierra del Ecuador
- Autores (p.o. de firma): Toalombo, P.; Navas-González, F.J.; Andrade-Yucailla, V.C.; Trujillo, J.V.; Martínez, J. y Delgado, J.V.
- Revista (año vol.,pág.): Archivos de. Zootecnia. 68 (263): 412-415. 2019.
- Base de Datos Internacional o Nacional (caso de CC.JJ., CC.SS. Y Humanidades) en las que está indexada: JSR 2018
- Área temática en la Base de Datos de referencia: Animal Science and Zoology
- Índice de impacto de la revista en el año de publicación del Artículo: 0,44
- Lugar que ocupa/Nº de revistas del Área temática: Q3

ARTÍCULO 3º

- Título: Deciphering the patterns of genetic admixture and diversity in the Ecuadorian creole chicken

- Autores (p.o. de firma): Paula Alexandra Toalombo Vargas, José Manuel León, Luis Rafael Fiallos Ortega, Amparo Martinez, Alex Arturo Villafuerte Gavilanes, Juan Vicente Delgado and Vincenzo Landi

- Revista (Animals 2019, 9, 670; doi:10.3390/ani9090670): Animals

- Base de Datos Internacional o Nacional (caso de CC.JJ., CC.SS. Y Humanidades) en las que está indexada: SCIE, Web of Science, 2018

- Área temática en la Base de Datos de referencia: Veterinary sciences

- Índice de impacto de la revista en el año de publicación del Artículo: 1.832

- Lugar que ocupa/Nº de revistas del Área temática: 29/141 (Q1)

ARTÍCULO 4º

- Título: Sexual dimorphism and breed characterization of Creole hens through biometric canonical discriminant analysis across Ecuadorian agroecological áreas.

- Autores (p.o. de firma): Paula Alexandra Toalombo Vargas, Francisco Javier Navas González, Vincenzo Landi, José Manuel León Jurado and Juan Vicente Delgado Bermejo.

- Revista (Animals): en revisión.

- Base de Datos Internacional o Nacional (caso de CC.JJ., CC.SS. Y Humanidades) en las que está indexada: SCIE, Web of Science, 2018

- Área temática en la Base de Datos de referencia: Veterinary sciences

- Índice de impacto de la revista en el año de publicación del Artículo: 1.832

- Lugar que ocupa/Nº de revistas del Área temática: 29/141 (Q1)

DEDICATORIA

DEDICATORIA

Sin duda, el Plan de Dios es Perfecto. Y en éste proceso yo fui el barro y Tú Oh Dios, Él Alfarero.

A mi Madrecita María Esther Trujillo; que, aunque ausente de este mundo, va para ella este triunfo. (como hubiera querido sentir tu abrazo al final del logro de éste reto, mas vivo la esperanza que algún día me mimarás junto a Nuestro Padre Celestial).

A mi Mami Paulita Graciela. No tengo palabras para agradecer a Dios por darme tan noble Madre, y convertirla en mi ángel aquí en la tierra; gracias mamita por estar conmigo en cada momento; por tus oraciones y por transmitirme fuerzas en circunstancias que sentía desfallecer en el camino. Eres el Pilar firme de la familia. Mujer virtuosa y ejemplo a seguir. Todo lo que soy te lo debo a ti.

A mi papi Víctor, gracias por sus oraciones, por ayudarme a luchar de rodillas, por enseñarme a perseverar ante los obstáculos para lograr mis metas sin desmayar y sobre todo, a ser un ser humano al servicio de Dios y de la sociedad.

A mi niño Miguelito (mi hermano), Dios escuchó mis oraciones y aquí estamos para apoyarnos siempre, gracias por ser parte de mi tesis, ya que sin que te gusten las gallinas te tocó coger unas cuántas para las muestras, por tan sólo llamar y estás presto a ayudarme, no me imagino mi vida sin ti, gracias por hablarme fuerte cuando lo necesité. Te quiero mucho.

A mi esposo Diego, mi compañero de viaje y amigo, reconozco con gratitud su ayuda en el muestreo, más aún, por ser parte de mis noches de desvelo, Dios cada día nos ha ayudado a sobrellevar las pruebas que nos ha tocado vivir y seguir siendo un hogar y familia firme.

A mi hijo, Aarón Isaí, siempre serás mi bebé, eres mi mundo y me llevo en el corazón los hermosos días inolvidables que pasamos en la aventura tipo Madagascar, te adoro, gracias por ser ese niño curioso e inquieto, que me motivó para seguir el camino hasta el final.

A mami Miriam, gracias por cuidar de mi niño y por sus oraciones.

Mi Huguito (+), gracias por sus bendiciones y sus abrazos que me cobijaron y me dieron ánimo hasta el final.

Todo lo trabajado y logrado es por ustedes y para ustedes.

AGRADECIMIENTOS

AGRADECIMIENTOS

El Amor incomparable de Dios, siempre fue manifiesto en mi vida, tanto así que su generosidad fluyo partir del 2014, tiempo en el cual, cada ladrillo fue colocado en su lugar, en la construcción de mis anhelos; todo tan perfecto, que su Plan se cumplió. Ha puesto en mi camino personas e Instituciones muy valiosas, que han coadyuvado mi avanzar como profesional, y culminar con éxito mi meta planteada; por lo que de manera profunda quiero agradecer:

A, mi querida Escuela Superior Politécnica de Chimborazo (ESPOCH), Facultad de Ciencias Pecuarias (FCP) y a la Gloriosa Carrera de Zootecnia por brindarme la oportunidad de formarme; sin duda retribuiré al 100 por 1000 todo lo aprendido.

Al Doctor Byron Vaca Barahona – Rector de la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo.

Al Doctor Luis Fiallos Ortega - Vicerrector de Investigación y Posgrado de la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo y por su intermedio al Instituto de Investigaciones.

A, la Universidad de Córdoba – España (UCO).

La red “Conservación de la Biodiversidad de los Animales Domésticos locales” (CONBIAND).

Departamento de Genética - UCO

Grupo de Investigación AGR-218

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

- Doctor Juan Vicente Delgado, gracias por brindarme la oportunidad de realizar mi tesis con uno de los mejores equipos de investigación, por ser un excelente tutor, admiro tu manera de solucionar los inconvenientes, gracias por ser además de un excelente catedrático, una persona maravillosa, íntegro en todo lo que emprendes; un ejemplo de crecimiento profesional y familiar diario. Mil gracias como te digo siempre, por ayudarme y apoyarme de manera incondicional. En tres palabras “modelo de líder”. -

Agradecimientos

A mi Director, Doctor Vincenzo Landi por toda la ayuda académica - científica en la ejecución del trabajo de investigación, gracias por la paciencia a mi tanta persistencia y por la motivación continua que me brindabas.

A mi Co director Doctor, Juan Manuel León, por su colaboración en la ejecución de la presente tesis.

A la Doctora Amparo Martínez, Directora del Laboratorio Animal Breeding Consulting, por la colaboración en el desarrollo del presente trabajo.

A la Doctora Mayra Gómez, por su contribución y ayuda brindada en la investigación.

A la Doctora Esperanza Camacho, la Jefa del Jefe, ejemplo de Mujer investigadora, admiro mucho todos los roles que desarrollas, cada uno con mucho éxito y excelentes resultados; gracias por abrirme las puertas de tu hogar, por todo el cariño y tu sonrisa que motiva e inunda de alegría al que te mira, tienes un gran corazón que se refleja en todo lo haces.

A mi familia en Madrid, Bertita gracias por ser como una madre, por estar pendiente siempre de mi bienestar. Mis primos Juanita, Mayrita, Silvia, Juan Lu, Reni; Dios les concederá grandes bendiciones por todo lo que han hecho por mí, no se imaginan lo mucho que me han llenado y reiniciado cada vez que pude ir a Madrid, gracias por el calor de hogar. -Silvi, prima, tú fuiste una de mis inspiraciones para no desmayar ni votar la toalla; gracias porque sin escatimar tiempo ibas siempre por mí. -

A mi familia en Granada, gracias Tío Marcelo y Glorita por todo su afecto y cariño, por la ayuda que me han brindado, por estar conmigo cada día en pensamiento, por darme fuerza y ánimo, cada instante; estoy muy agradecida con Dios por brindarme, en ustedes, muy hermosos y cálidos momentos.

A toda mi familia en Ecuador, gracias por acompañarme a la distancia, por todo su cariño con sus mensajes de ánimo. En especial a mi Tío Pepe, Gladys, Nelly y Norma gracias por su ternura y por estar todos los días conmigo con sus palabras de fortaleza y bendiciones.

Bachita, gracias infinitas por ayudarme en todos los procesos académicos y administrativos que se llevaron a cabo para que pueda llegar hasta aquí, por su paciencia e inteligencia para resolver los problemas que se presentaban, toda mi gratitud. Dios le bendiga.

A mis profesores de la Facultad de Ciencias Pecuarias, Dr. César Camacho, Dr. Nelson Duchi, Ing. Vicente Trujillo e Ing. Manuelito Zurita; gracias por toda su colaboración, motivación y apoyo de manera desinteresada.

Mi querido Antonio Morales de la Nuez (Toñito), gracias porque de verdad la tesis no se hubiera podido realizar sin tu ayuda. De todo corazón gracias por ser parte de éste sueño; cuando parecía que todo estaba perdido me ayudaste.

A, Amado Canales, tienes un carisma espectacular, dejas huella de la buena por donde caminas, gracias por tu amabilidad, podría citar los mejores adjetivos, pero me faltaría hoja, te agradezco de todo corazón, pues, desde el primer día me brindaste toda tu colaboración, sólo Dios te podrá pagar todo tu apoyo. Gracias por hacer llevadero los días de tesis y por tus palabras de aliento y de alegría cada día. Eres único.

Al Doctor Javier Navas, el dicho “no tengo palabras para agradecerte” de verdad se queda corto; he aprendido mucho de ti, eres increíble; he tenido la oportunidad de conocer a un excelente profesional, investigador, científico con un gran futuro por delante; pero sobre todo eres un magnifico ser humano. Por favor nunca cambies, que uno siempre cosecha lo que siembra y que Dios te bendiga infinitamente por toda tu ayuda.

Martina, gracias por tu amistad, por ser parte de mi mundo y mi familia aquí en la Universidad y en Córdoba, lo pasamos maravilloso, nos faltó tiempo; tu país Italia, inolvidable.

Gaby mí querida Gaby, gracias por tu hombro cuando lo necesité, lo llevo siempre presente, gracias por los momentos compartidos en las horas de comida, y por estar siempre pendiente de mí.

Ander y Antonio, gracias por la compañía en el aula de becarios y por la amistad que me brindaron; todo lo mejor para Ustedes porque se lo merecen, estoy muy orgullosa de ser parte

de un grupo que se destaca por sus investigaciones, por el cariño y responsabilidad con que llevan cada tarea; por ser muy solidarios y colaboradores.

A Sayda, mi querida amiga, tantos recuerdos hermosos de mi estancia acá en Córdoba, fuiste mi familia aquí, los días se pasaron volando entre tus investigaciones y las mías, entre que íbamos y veníamos del aulario a tu Departamento de Sanidad, las salidas a las tiendas para desestresarnos, el gimnasio y las cenas, etc; hermosos momentos que los llevo en mi corazón.

Mi Simo del alma, siempre tan dulce y tierna, después de días complicados con demasiado estrés, llegaba al piso y ahí estabas tú, lista para darme un abrazo y besito para animarme y decirme que no me preocupe que todo iba a salir bien. Tuve tanta suerte en que seas mi compañera de piso, que más que eso eras mi familia en Córdoba.

Mis queridos Juan Ca, Inés y Teresa “Grupo Body pan y vino”, gracias por su cariño. Por ser tan buenas personas, entre Ciencia y alegría lo pasamos muy bien; gracias por regalarme tan gratos momentos.

Mis amigos de toda la vida, que han estado conmigo en las buenas y malas, con quienes hemos vivido hermosas historias, gracias por ser parte de éste capítulo de mi vida, Rafa, Amanda, Chavi, tengo la dicha de conservar su amistad, son un tesoro; gracias por escucharme y hacerme sentir acompañada a pesar de la distancia. Los quiero tanto.

Mi Cris gracias por tu ayuda, compañía, amistad, trabajo y todo lo que vendrá, eres una excelente profesional.

Mi Córdoba querida, la llevo en mi corazón, a pesar de su verano intenso, con sus más de 45°C, hizo que mi ADN esté a un 50% de desnaturalizarse. Pero siempre encantadora y mágica que se convirtió en mi segundo hogar.

A mi Madre, Padre, Hermano, Esposo y a mi Hijo, gracias por su paciencia y por ser partícipe en todo el proceso desde el inicio hasta el final.

Y a todos quienes aportaron de una u otra manera para finalizar el presente trabajo de investigación, gracias y que Dios les bendiga.

ÍNDICE

1.- INTRODUCCIÓN	2
2.- OBJETIVOS	8
Objetivo general	8
Objetivo específicos	8
3.- REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA	12
3.1.- LA GALLINA DOMESTICA (Gallus Gallus).....	12
3.2.- ORIGEN DE LA GALLINA CRIOLLA DOMÉSTICA.....	13
3.3.- LLEGADA DE LA GALLINA AL CONTINENTE AMERICANO.....	15
3.4.- CLASIFICACIÓN TAXONÓMICA DE LAS GALLINAS	18
3.5.- CLASIFICACIÓN DE LAS GALLINAS	19
3.6.- RAZAS PRODUCTORAS DE HUEVOS (RAZAS LIGERAS).....	19
3.6.1.- Características deseables de aves productoras de huevos	19
3.7.- RAZAS PRODUCTORAS DE CARNE	20
3.7.1.- Características deseables para aves productoras de carne.....	20
3.8.- RAZAS DE DOBLE PROPÓSITO	20
3.9.- RAZAS TIPO CRIOLLO O DE CAMPO	20
3.10.- RAZAS MEJORADAS.....	21
3.10.1.- Características externas de la gallina criolla	21
3.10.2.- Principales razas de gallinas criollas	23
3.11.- RAZAS EXISTENTES	23
3.12.- CLASIFICACIÓN RACIAL	28
3.13.- SISTEMA DE PRODUCCIÓN DE LA GALLINA CRIOLLA.....	28
3.14.- LA GALLINA ESPAÑOLA.....	30
3.14.1.- Combatiente Español.....	30
3.14.2.- Gallina Raza Andaluza Azul.....	31
3.14.3.- Gallina Raza Andaluza Sureña (morucha).....	32
3.14.4.- Gallina Ibicenca.....	33
3.15.- DESCRIPCIÓN DEL SECTOR AVÍCOLA EN EL ECUADOR.....	33
3.15.1.- Historia y desarrollo del Sector Avícola en el Ecuador.	33
3.15.2.- La sociedad, la avicultura y el estado.....	34
3.15.3.- Producción avícola en Ecuador	35
3.16.- ANÁLISIS CANÓNICO DISCRIMINANTE (ACD).....	36
3.17.- RECURSOS GENÉTICOS	37
3.17.1.- La conservación de recursos zoogenéticos.....	38
3.17.2.- La diversidad de animales domésticos (DAD).....	39

3.17.3.- La importancia de los recursos zoogenéticos criollos	41
3.18.- GENÉTICA DE LA CONSERVACIÓN	42
3.18.1.- Diversidad genética	42
3.19.- TECNICAS DE LABORATORIO APLICADAS A GENÉTICA MOLECULAR (PCR)	43
3.20.- POLIMORFISMO	45
3.21.- MINISATÉLITES, ADN REPETITIVO.....	45
3.22.- MARCADORES MOLECULARES	47
3.23.- IMPORTANCIA DE LOS MARCADORES MOLECULARES	49
3.24.- MICROSATÉLITES	50
3.24.1.- Aplicaciones de los microsatélites.....	52
3.24.2.- Como técnica molecular	54
3.24.3.- Rango de escalas.....	55
3.24.4.- Aplicación de los microsatelites en aves para la conservación	55
3.25.- ADN MITOCONDRIAL.....	57
3.25.1.- ADN Mitocondrial de las aves	58
3.26.- CARACTERIZACIÓN GENÉTICA.....	61
3.26.1.- Heterocigosis	62
3.26.2.- Desviación Equilibrio Hardy –Weinberg (HWE).....	63
3.26.3.- Número de alelos totales (Na)	65
3.26.4.- Número medio de alelos por locus (NMA)	65
3.26.5.- Número efectivo de alelos (Ne).....	65
3.26.6.- Frecuencias Alélicas	66
3.26.7.- Contenido de Información Polimórfica (PIC)	66
3.26.8.- Riqueza alélica (RA).....	67
3.26.9.- Porcentaje de loci polimórficos	67
3.27.- ESTRUCTURA Y DISTANCIAS GENÉTICAS ENTRE POBLACIONES.....	67
3.27.1.- FIS (f).....	68
3.27.2.- FIT (F)	68
3.27.3.- FST	69
3.28.- Análisis de Varianza Molecular (AMOVA).....	72
3.29.- Distancias genéticas.....	73
3.31.- ANÁLISIS FACTORIAL DE CORRESPONDENCIA (AFC)	77
3.32.- ESTRUCTURA GENÉTICA	78
3.32.1.- Métodos basados en probabilidades	78
3.32.2.- Métodos basados en distancias genéticas	78
3.33.- MÉTODOS BASADOS EN DISTANCIAS	80

3.33.1.- Tamaño efectivo de la población (NE)	81
3.34.- DISTANCIA GENÉTICA	82
3.34.1.- Análisis Molecular de la Varianza (AMOVA)	82
4.- MATERIALES Y MÉTODOS	85
4.1.- Población y recopilación de información.....	85
4.2.- Muestra.....	87
4.3.- Áreas de muestreo y ambientes	87
4.3.1.- Bolívar.....	87
4.3.2.- Chimborazo	90
4.3.3.- Guayas.....	95
4.3.4.- Tungurahua	98
4.3.5.- Cotopaxi	101
4.3.6.- Morona Santiago	105
4.4.- Muestreo para las variables de caracterización genética.....	106
4.5.- Código de ética.....	107
4.6.- Metodología	108
4.6.1.- Metodología para la obtención de variables morfológicas y fanerópticas	108
1. Introduction	119
2.1 Sampling and DNA extraction.....	120
2.2 Molecular marker analysis.....	121
2.2.1 Mitochondrial DNA D-loop analysis	121
2.2.2 Microsatellites markers	122
2.2.3 Mitochondrial DNA D-loop.....	122
2.2.4 Microsatellites Markers.....	123
3 . Results	124
3.1 Mitochondrial DNA phylogeny	124
3.2 Microsatellites Marker.....	126
3.2.1 Marker polymorphism and diversity.....	126
3.2.2 Population structure and diversity.....	128
4 . Discussion.....	131
5 . Conclusions	137
References	145
.....	152
CAPÍTULO 2	152
1. Introduction	155
2. Materials and Methods	158
2.1. Sample size and distribution.....	158

2.2. Study site characterization and Sample animals management.....	158
2.3. Biometric data collection	160
2.4. Statistical analysis	161
2.4.1. Canonical correlation dimension determination	162
2.4.2. Canonical discriminant analysis efficiency.....	162
2.4.3. Canonical discriminant analysis model reliability	163
2.4.3. Canonical coefficients and loading interpretation and spatial representation.....	164
2.4.4. Discriminant function cross-validation	166
3. Results.....	167
4. Discussion	179
5. Conclusions.....	184
References	185
CAPÍTULO 3.....	191
RESUMEN.....	208
Summary	208
Introducción/Introduction	209
Material y Métodos	210
CONCLUSIONES	218
RESUMEN	224
SUMMARY.....	230
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	236
ANEXOS.....	263

INDICE DE TABLAS

Tabla 1. Resumen de Marcadores Moleculares	48
Tabla 2. Rango de escalas de utilidad de los microsátélites	55
Tabla 3. La estructura de la población jerárquica en el AMOVA	73
Tabla 4. Relación de las provincias del Ecuador que intervinieron en el presente estudio	85
Tabla 5. Relación de las localidades del Ecuador que intervinieron en el presente estudio	85
Tabla 6. Localidades donde se ha recogido la muestra, coordenadas geográficas, descripción del clima	108
Tabla 7. Medidas corporales consideradas para la caracterización de la gallina de campo del Ecuador	109

INDICE DE FIGURAS

Figura 1. Gallo y Gallina <i>Gallus gallus domesticus</i>	15
Figura 2. Viaje de Colón a América	16
Figura 3. Banquete egipcio	17
Figura 4. ¿Dónde está la Polinesia francesa?	18
Figura 5. Partes de la gallina	23
Figura 6. Clasificación racial de las gallinas criollas	28
Figura 7. Gallo Combatiente Español	30
Figura 8. Gallina Andaluza Azul	31
Figura 9. Gallo Andaluza Sureña	32
Figura 10. Gallina Ibicenca	33
Figura 11. a,b. Microsatélites, ejemplo de un di-nucleótido A-C(n) y ADN m	52
Figura 12. Áreas geográficas que fueron incluidos en el muestreo y población referencia	86
Figura 13. Imagen del Cantón Echeandía	88
Figura 14. Imagen de la Parroquia San Pablo de Atenas	89
Figura 15. Imagen del cantón San José de Chimbo	89
Figura 16. Imagen de la Provincia de Chimborazo	90
Figura 17. Imagen de la parroquia Columbe	91
Figura 18. Imagen del Cantón Penipe	92
Figura 19. Imagen del Cantón Licto	93
Figura 20. Imagen del Cantón Chambo	94
Figura 21. Imagen del Cantón Guano	95
Figura 22. Imagen del Cantón Bucay	96
Figura 23. Imagen del Cantón Cumandá	97
Figura 24. Imagen del Cantón Pallatanga	97
Figura 25. Imagen del Cantón Pelileo	98
Figura 26. Imagen del Cantón Tisaleo	99
Figura 27. Imagen del Cantón Ambato	100
Figura 28. Imagen del Cantón Baños	100
Figura 29. Imagen del Cantón Cotopaxi	101
Figura 30. Imagen del Cantón Pujilí	102
Figura 31. Imagen de la Parroquia Poaló	102
Figura 32. Imagen de la Parroquia Belisaario	103
Figura 33. Imagen del Cantón Salcedo	104
Figura 34. Imagen del Cantón Saquisilí	104
Figura 35. Imagen de la provincia Morona Santiago	106
Figura 36. Recolección muestra de sangre	107
Figura 37. Colocación de la muestra de sangre en las tarjetas FTA	107
Figura 38. Longitud de cabeza	110
Figura 39. Longitud de cresta	110
Figura 40. Longitud de pico	111
Figura 41. Longitud de cuello	111
Figura 42. Longitud dorsal	111
Figura 43. Longitud ventral	112
Figura 44. Longitud perímetro torácico	112
Figura 45. Longitud de ala proximal (húmero)	112
Figura 46. Longitud de ala media (radio cúbito)	113
Figura 47. Longitud de ala distal (falanges)	113
Figura 48. Longitud de muslo (fémur)	113

INTRODUCCIÓN

1.- INTRODUCCIÓN

Las especies animales han evolucionado, conforme a las necesidades de los humanos en las diferentes etapas de la historia, para salvaguardar desde sus inicios la seguridad alimentaria. Los primeros productores vieron la necesidad de asentarse; es decir de errantes pasaron a ser sedentarios a sitios específicos, ya que por la dificultad que se presentaba para encontrar animales de consumo, empezaron a observar y a seleccionar animales que podían ser domesticados, los mismos que se adaptaban conforme el sitio geográfico ubicado (Diamond, 2000), lo que se conoce como procesos de divergencia (Badubi, Rakereng, & Marumo, 2006) (Bastos-Silveira, Santos, Monarca, Mathias Mda, & Heckel, 2012)

La llegada de la aves a América del Sur de la Polinesia, todavía se encuentra en controversia por las diferentes hipótesis que se manejan, sustentada por (Storey et al., 2007), la evidencia apunta que de acuerdo al lugar geográfico, en el cual se encuentra Chile y la Polinesia, existió algún tipo de comercialización agropecuaria, la misma que es cuestionada por (Gongora et al., 2008); debido al color de la cáscara azul del huevo de gallina araucana, que es propio de razas de China más no de Europa. Por lo que (Dancause, Vilar, Steffy, & Lum, 2011), indica que el sudeste de Asia probablemente sirvió como la base de la mayoría de las aves domesticadas, difundiendo su material genético al Pacífico (Y. W. Miao et al., 2013).

En Ecuador existen 3 regiones agroecológicas (Costa, Sierra y Oriente), con 5 pisos climáticos: el cálido (0-1000msm a 25°C), templado (1000 – 2000msm a 16-23°C), frío (2000 a 3000msm a 12°C), páramo (3000 -4000msm cerca de 0°C) y glacial (4000msm <0°C); que dan origen a una gran diversidad genética de aves domésticas de campo. El antecesor común de estas aves es el ave de la selva roja (*Gallus gallus*) (Mollah, Islam, Islam, Ali, & Alam, 2009). A estos procesos, se suma la selección natural, que ha dado como resultado una alta heterogeneidad y variabilidad de las características morfológicas de las aves, con un alto potencial de adaptación a las diferentes condiciones ambientales (Tixier-Boichard, Bordas and Rognon 2009, Alemu and Tadelle 1997, Katule and Mgheni 1990, Moazami-Goudarzi and Martin 1994, Zaky and Amin 2007). Del mismo modo, esta variabilidad se ha visto condicionada por los procesos de migración, ya sea natural o creados por el hombre (Andina, 2009), los cuales han llevado consigo material genético avícola por la comodidad de transportarlo, lo que favoreció la distribución generalizada de las aves a nivel mundial en diferentes categorías de agroecología (Alemu & Tadelle, 1997).

Algunas especies han experimentado un flujo genético sustancial y una mezcla genética después de la domesticación. De hecho, la hibridación en gallinas se ha observado en Yunnan, China (H., 2009) y también en el norte de Vietnam (C. Berthouly-Salazar et al., 2010). Estos factores han provocado divergencia genética que han contribuido a la producción avícola bajo un sistema de traspatio mediante gestión familiar (Alemu & Tadelle, 1997), ya que son criados a campo abierto con bajo capital de inversión.

Las aves de corral, como otros animales domésticos, desempeñan funciones importantes para la subsistencia de la sociedad humana ya que aportan con el 80% de la producción de huevos y carne (Besbes, 2009), siendo importante señalar que son la base económica y cultural del sector campesino (D. Tadelle, Alemu, & Peters, 2000; Zaragoza et al., 2013). El incremento de la avicultura intensiva sobre la avicultura de traspatio, ha causado preocupación referente a la conservación de Recursos Zoogenéticos y de manera directa sobre la soberanía alimentaria; por lo que su situación debido a la falta de caracterización cuantitativa y cualitativa sigue siendo delicada; así como también el seguimiento que se debe llevar a cabo a lo largo del tiempo, para verificar si las características morfológicas han variado en las diferentes regiones de Ecuador y fijarlos en los sistemas de producción del país. Al igual que de manera mundial, en Sudamérica también existe una tendencia preponderante sobre la explotación de estirpes comerciales altamente productivas, las cuales se especializan en la producción de carne y huevos. Esta situación amenaza de manera severa la extinción de las razas locales tradicionales (Moula, Philippe, Moussiaux, Leroy, & Michaux, 2014), las cuales han sido la base para establecer las líneas comerciales, y con ello la pérdida de características de resistencia y adaptación al medio rural (Alemu & Tadelle, 1997; FAO, 2006; Zaragoza et al., 2013). La (FAO, 2006) indica que alrededor del 40% de las razas aviares no se encuentran inventariadas (Besbes, 2009).

Según, (FAO, 2015), la producción mundial de huevos en el año 1983 fue de 29,3 millones de toneladas, considerándose un logro para la década de los 80, sin embargo, hasta la actualidad esta producción ha superado en 44,5 millones de toneladas destacándose los países de América Central y Este de Asia como los mayores productores de dicho alimento, de la misma manera señala que el huevo tiene un alto valor nutritivo al aportar proteína, energía, vitaminas y minerales, siendo uno de los alimentos de origen animal completos; y por poseer dichas características nutritivas y al ser de bajo costo, éste alimento ha sido difundido en una multitud de civilizaciones y culturas. Así también (FAO, 2015), indica que entre los años 2000 a 2016 la producción mundial de huevos se ha incrementado en un 42%, a una tasa promedio anual de 2,2%, en 2016 alcanzó 1.360 billones de unidades de huevos, un 1,3% más que en 2015, que

corresponde a la especie (*Gallus domesticus*) y de manera alternativa se consumen en menor cantidad, huevos de otras especies como: codornices, pavo, patos y gansos. Los huevos camperos son criados a campo abierto de manera libre, con restos de alimentos orgánicos/ecológicos, a partir de granos, pastos de la zona y demás recursos que se producen en una parcela, que se encuentran a disposición del lugar (Rodríguez García, 2007); además el sistema de producción implementado brinda un estado de bienestar animal, que influye de manera positiva en los procesos metabólicos y por ende en la producción. Sin embargo, este tipo de explotación siendo tradicional con un manejo técnico mínimo y sin los adecuados planes de desparasitación, se ven reflejados en una baja producción y muerte de los animales, limitando su productividad (Luka & Ndams, 2007).

En la presente investigación se realizó la caracterización morfológica, genética y productiva de las gallinas criollas del Ecuador, para proporcionar información de las posibles subpoblaciones, por lo que se planteó estudiar la diversidad genética, la estructura genética y la relación existente entre ellas; y de estas con otras razas de la misma especie, tomando en consideración los diferentes sistemas agroecológicos en los que se producen, (Cabarles, Lambio, Vega, Capitan, & Mendioro, 2012; Dana et al., 2011; Kingori, Wachira, & Tuitoek, 2010) utilizando caracteres morfométricos y fanerópticos primarios, así como un análisis canónico discriminante (Yakubu, 2011). Para conocer la gran variabilidad fenotípica con visión a facilitar su desarrollo racional, utilización y estrategias de conservación, de tal manera que se evalúe la situación de los recursos locales que no se encuentran identificados y que pueden ser económicamente rentables.

OBJETIVOS

2.- OBJETIVOS

Objetivo general

El objetivo fundamental de la presente tesis doctoral ha sido realizar una caracterización morfológica, productiva, genética de la Gallina Criolla del Ecuador con vistas a su definición, descripción, y puesta en valor:

Objetivo específicos

- Caracterizar morfológicamente la población de gallinas criollas y su diversidad interna a través de medidas zoométricas cuantitativas y atributos cualitativos con capacidad discriminante en la especie.
- Conocer las características productivas relativas a la producción de carne y huevos.
- Estudiar la variabilidad genética y la estructura poblacional de gallinas criollas existente en la Provincia de Chimborazo - Ecuador y establecer las posibles relaciones genéticas con las principales razas comerciales y locales utilizando marcadores Microsatélites.

REVISIÓN DE LITERATURA

3.- REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

3.1.- LA GALLINA DOMESTICA (*Gallus Gallus*)

Las gallinas domésticas pertenecen al orden de las gallinaceas, aves terrestres cuyas características principales son: cuerpo pesado con relación a la talla, pico fuerte, corto y ligeramente curvado, alas robustas, pero incapaces para realizar vuelos altos y largos, patas cortas y poderosas, generalmente terminadas en cuatro dedos, tres delanteros y uno trasero, armados con uñas aptas para escarbar, además de un espolón más o menos visible (Escamila, 1958).

Las aves criollas, son aquellas propias del lugar donde han desarrollado características para su supervivencia (Huipe, Páramo, Camacho, & Meza, 2002). Este término define a todas aquellas aves explotadas con escasas prácticas de manejo, de fenotipo variado y rústico, ya que proviene de un proceso espontáneo de la mezcla entre aves europeas, americanas modernas y asiáticas (Andrade-Yucailla et al., 2017). La gallina (*Gallus gallus domesticus*) es una especie distribuida a nivel mundial (Montes, de la Ossa, & Hernández, 2019). Además, evidencias arqueológicas encontradas en el valle del Indo (Pakistán) y en la provincia china de Hebei, sugieren que esta especie fue domesticada a partir del gallo rojo selvático alrededor del año 7400-8000 años (Giovambattista et al., 2010), expandiéndose hacia Europa occidental, posiblemente, a través de Rusia (Montes et al., 2019).

La domesticación puede haber ocurrido separadamente en India por los 2000 a.C., o haber sido introducida a través del sur de Asia (Larson & Fuller, 2014; Y. W. Miao et al., 2013; Palacios, Álvarez, & Muñoz, 2016; Xiang et al., 2014), también se conoce que el uso de evidencia antigua para conocer la domesticación de las gallinas de China, Asia y Europa reveló que fueron domesticadas por primera vez, a partir de la red Jungle fowl especie *Gallus gallus gallus* en el sudeste de Asia y fueron establecidos en China hace 6000 a.C, más tarde fueron introducidos a Japón, a través de Corea durante los años 300 a.C - 300 d.C (West & Zhou, 1988).

Se han llevado a cabo investigaciones, las cuales se han centrado en la reconstrucción de la historia matrilineal, a través, del análisis de un fragmento de ADNmt, provenientes de fósiles prehistóricos, así como también de gallinas domésticas y silvestres, así lo reportan (Dancause et al., 2011; Gongora et al., 2008; Y. W. Miao et al., 2013; Storey et al., 2007) entre otros. Los resultados de estas investigaciones han generado más de 425 haplotipos que definen alrededor

de diez haplogrupos (A-K). Las secuencias generadas a partir de estas investigaciones están disponibles en la base de datos del GenBank.

En el continente Americano en especial en América del Sur, la gallina criolla es una de las especies animales más usadas en la avicultura no especializada; socialmente importante puesto que contribuye a la seguridad alimentaria, arraigada a la cultura de los avicultores rurales, favorece a la economía del núcleo familiar (Andrade-Yucailla V. & Toalombo-Vargas P., 2018; Revelo Cuaspud, 2015). Las principales ventajas de estas aves en comparación con líneas comerciales radican en rusticidad, resistencia a enfermedades, características organolépticas diferentes apetecibles, entre otras (Revelo Cuaspud, 2015). Se han adelantado algunos estudios descriptivos acerca de los sistemas de producción de avicultura (Revelo Cuaspud, 2015). Así como algunos estudios de la morfología (Andrade-Yucailla V. & Toalombo-Vargas P., 2018; Rúaless, 2009).

3.2.- ORIGEN DE LA GALLINA CRIOLLA DOMÉSTICA

El principio prehistórico de la gallina se dio hace 120 millones de años cuando surgieron los dinosaurios. El *Sinosauriapteryx* fue el primer eslabón dentro de esta evolución de los dinosaurios hasta que apareció el *Archeopteryx*, al que se le considera la transición final de los reptiles a aves el cual ya contaba con plumas y hacia vuelos rudimentarios, esta evolución tardó 70 millones de años (Navarro, 1988; Radman, Matic, & Taddei, 1996). La evolución de las aves ha sido inmensa desde que las primeras desarrollaron la capacidad de volar, siendo estas los segundos vertebrados más numerosos del planeta después de los peces y han desarrollado la capacidad de sobrevivir en casi todos los hábitats de la tierra (Vaca, 2003).

Aunque existen diferentes opiniones en cuanto a los ancestros más cercanos de las gallinas domesticas que conocemos en nuestros días, la más aceptable es que provienen de cuatro estirpes salvajes de origen asiático, estas son:

Ave gris de la jungla (*Gallus sanneratti*)

Ave selvática de Ceilán (*Gallus lafayeti*)

Ave selvática de Java (*Gallus varius*)

Ave dorada de la jungla (*Gallus banquiva*)

(Vaca, 2003).

Evidencias arqueológicas indicaron que los pueblos de Harappan ya criaban gallinas entre los años 2500 – 2100 a.C. en los valles hindúes, con lo cual estos pueblos fueron considerados por largos años como los primeros domesticadores de gallinas en el mundo, hasta que nuevos descubrimientos en China y en otras partes del Mundo mostraron que tal creencia no era correcta, sin embargo, se considera que los valles hindúes son los que más contribuyeron a la difusión de las gallinas en diferentes partes del mundo (Roy D. Crawford, 1990).

Por lo que existen dos hipótesis del proceso de formación de la gallina doméstica; la primera es la teoría monofilética las gallinas domésticas tienen su origen a partir solamente del *Gallus gallus*, esta teoría se basa en las observaciones de Darwin de que las gallinas domésticas se apareaban libremente solo con el *G. gallus* y raramente con otras especies salvajes; que la progenie de *G. gallus* con las aves domésticas era fértil mientras que la progenie del *G. gallus* con otras especies salvajes no lo era; y que el canto o voz de *G. sonneratii* y de sus híbridos era diferente del canto de las aves domésticas. Además, los cruces entre algunas razas modernas de gallinas producen progenie semejante al *G. gallus*, (Oluyemi & Roberts, 1979). Actualmente se ha establecido que tales deducciones se basaron en informaciones inadecuadas y que consecuentemente son incorrectas, mientras que la segunda teoría sostiene un origen múltiple a partir de varias subespecies de *Gallus gallus* que podrían ser considerados como posibles progenitores (Giovambattista et al., 2010; Y. W. Miao et al., 2013), de acuerdo con la teoría polifilética se atribuye el origen de las gallinas domésticas a más de una especie salvaje, incluyendo el *Gallus gallus* o *Gallus bankiva*, siendo los demás el *Gallus lafayetti*, el *Gallus sonneratii* y el *Gallus varius* o *Gallus furcatus*.

El origen de la gallina doméstica (*Gallus gallus domesticus*) deriva del *Gallus bankiva*, del sudeste de Asia, donde se han ido desarrollando las razas y estirpes existentes en la actualidad (Ca, Aja, & Segura, 2000; Tovar, Narváez-Solarte, & Takahashi, 2014). Los conquistadores fueron quienes ingresaron estas gallinas al continente americano hace más de 500 años, a partir del cual se ha practicado la avicultura de traspatio, de campo o avicultura doméstica (Andrade-Yucailla et al., 2017; Tovar et al., 2014). Las gallinas son la especie más importante de los animales criados en traspatio, su crianza es una de las más rápidas en relación a otros animales domésticos, por lo cual aproximadamente el 90% de las familias rurales crían gallinas, con un promedio de 8 a 20 aves por familia; cantidad que varía de acuerdo a la región, clima y recursos disponibles (Andrade-Yucailla et al., 2017; Bello & Expósito, 2003), sin embargo, las razas más importantes surgieron durante la segunda mitad del siglo XIX (White Leghom, New Hampshire y Phymouth Rock) (Correa, Salas, Franco, & Ricalde, 2007).

Los trabajos científicos indican que estas aves al cruzarse entre sí producen descendencia fértil, por lo que, al no tener restos fósiles de esas aves debido a su fácil desintegración en la tierra, es factible suponer que nuestros antepasados domesticaron a las cuatro estirpes mencionadas con anterioridad y que los cruzamientos entre estas dieron origen a un pool básico que daría origen a las gallinas domesticas actuales (Escamila, 1958; Orozco Piñan, 1991).

Las variadas discrepancias etnológicas entre estas aves salvajes de origen asiático, da explicación a la gran variedad de colores, formas y tamaños que presentan las razas actuales y que por fortuna para el hombre las ha podido distribuir en todo el mundo pudiéndolas explotar con diferente fin zootécnico dependiendo de su necesidad habilidad o capacidad para producirlas, convirtiéndose en la prueba más indiscutible de ese origen que ya se mencionó (Zaldivar, 2007).

Las aves tienen 38 pares de cromosomas, el quinto macrocromosoma es el que hace referencia al alelo sexual ZW. El haplotipo Z del macho comprende el 7% del genoma de la especie *Gallus gallus* y define el macho genético que es homogamético ZZ, mientras que el haplotipo W es un microcromosoma que comprende el 1,5% del genoma y define la hembra, que es de expresión heterogamética ZW (Macari et al., 2015). La determinación del sexo genético en las aves, según (Macari M., 2015), se rige principalmente por la dosificación de los genes expresados en el cromosoma Z (masculino) y no de la expresión única de ASW (Avian-specific gene W), presente en el cromosoma W (femenino), ya que la sobreexpresión del gen ASW no feminiza los embriones masculinos; en cambio, la sobreexpresión del gen DMRTI en el cromosoma Z en los embriones genéticamente hembras (ZW) induce al desarrollo de testículos.

3.3.- LLEGADA DE LA GALLINA AL CONTINENTE AMERICANO



Figura 1. Gallo y Gallina *Gallus gallus domesticus*
Fuente: Castellano J. 1989 citado por Rivera, 2017

La superficie de esparcimiento geográfica de la gallina de bankiva, comprende toda la India Septentrional, el Himalaya, hasta la altitud de 1200 metros sobre el nivel del mar, Birmania, Malasia, Indochina, Filipinas, Isla de Sonda, Timor; seguramente en la remota antigüedad, debió de tener una difusión mucho mayor (Rivera Meza, 2017).

La cría de gallinas tuvo su origen en la India, en donde, después de centurias de domesticación, se abrió pasó al Cercano Oriente, posiblemente a Persia y Babilonia; la gallina fue conocida posteriormente por los egipcios, quienes realizaron las primeras incubaciones artificiales, practica realizada por el hombre desde los tiempos de las antiguas civilizaciones.

De Egipto la gallina pasó a Grecia y llega a España, para extenderse por todo el Mediterráneo, según el Profesor Salvador Castelló Carrera, en noviembre de 1949 en escrito “Apuntes efemérides para la Historia de la Avicultura Española”, explico cómo llegó la gallina a España. “Quienes nos trajeron las gallinas fuesen los fenicios en su expansión y colonización mediterráneas, desde 900 años antes de la venida del Mesías, ya en tierra Hispana debían conocerse y criarse (Rivera Meza, 2017).

En la Edad Media debió generalizarse la Avicultura en toda Europa, en el siglo VII los huevos y carne, servía para pago de diezmos y primicias, derechos señoriales y censos.

Una de las hipótesis que se maneja en la Edad Moderna, fue acerca de la introducción de las gallinas en el Nuevo Mundo, llevada a cabo por Colón a las Antillas en su segundo viaje, y posterior a ello Hernán Cortes las llevó al Continente, de lo que se halló un escrito un año después de su llegada dirigido al Emperador Carlos I, el cual decía que en aquel momento ya tenía mil y quinientas gallinas y doscientos patos Cortes, Hernán, 1982. Cuando llegó Colón, no existían gallinas en el Nuevo Continente, los colonizadores trajeron las distintas razas europeas, que luego se difundieron por todo el continente.



Figura 2. Viaje de Colón a América
Fuente: Karel Vohat, 2011

(LATCHAM, 1922), sugiere que los primeros indicios de domesticación de la gallina en América del Sur, se llevó a cabo en Perú por los Incas, esto se basa en las crónicas escritas por españoles quienes se maravillaron al encontrar gallinas en el “Nuevo Mundo”, así como otras aves en las casas de los aborígenes. En un proceso que duró varios cientos de años, se fueron multiplicando y extendiendo por todo Sur América y América Central.

Luego de encontrar gallinas en América, los Europeos se tornan desconcertados al observar que las gallinas Americanas eran diferentes a las Europeas, como lo menciona Cristóbal Colón (1502) en carta enviada a los Reyes Católicos en su cuarto viaje hacia América, el único que tocó tierra firme: “... gallinas como las de Castilla, pero más grandes y de pluma como lana, vide hartas”, y además agrega: "Hánse traído a estas Islas (Santo Domingo, Haití, Cuba, etc); y a las otras comarcas y a la Nueva España (México) y a la tierra firme muchas gallinas y gallos de los nuestros de España y hánse hecho muy bien y en grande abundancia".

En 1528, en la relación de gastos de la conquista de la Culata y Golfo de Urabá, Julián Gutiérrez deja constancia de que, entre las cosas que se dieron a los caciques e indios, figuraron "ciertas gallinas y patos para que criasen".

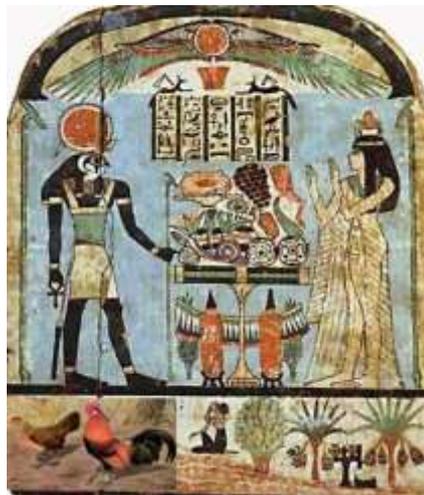


Figura 3. Banquete egipcio
Fuente: María Padín

Por lo que diferentes autores señalan que el origen de la gallina doméstica en América del Sur, tiene como punto de partida la Isla de Pascua en el Océano Pacífico, a 3.700 kilómetros de la Costa Chilena (Englert, 1948).

Según (Burland, 1967), los primeros pobladores llegaron a la Isla hace más de mil años, posiblemente emigrantes de las Islas de Polinesia, la Isla de Pascua o Rapa Nui y Tahiti, islas

ubicadas en la Polinesia en medio del océano Pacífico, consideradas las más remotas y aisladas del planeta.

Cuando desembarcó en la Isla de Pascua el Rey Hotu Motua con sus súbditos, en la Bahía de Anakena, para colonizar Te Pito o Te Henua (Ombligo o Centro de la Tierra), traían, además de las semillas y plantas, sus aves domésticas, gallos (moatoa) y gallinas (uha); de su cuidado y crianza hablan todavía los numerosos gallineros, los “ Hare Moa” o casas de gallinas, construidas de piedras, cuidadosamente dispuestas para una cámara central totalmente cubierta y con una sola puerta cuadrangular de entrada” (Englert, 1948).

Lo anterior indica que, cuando Hotu Motua introdujo la gallina en América (Isla de Pascua), la domesticación formaba parte de la vida cotidiana de su pueblo.

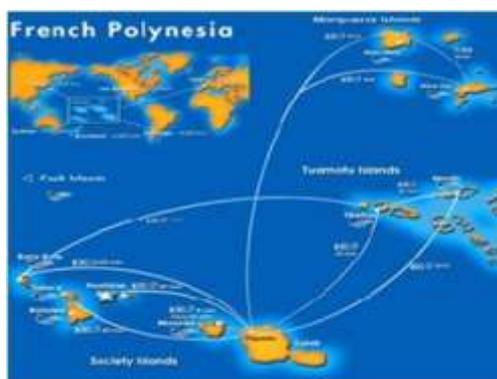


Figura 4. ¿Dónde está la Polinesia francesa?
Fuente: Mercedes Keen

3.4.- CLASIFICACIÓN TAXONÓMICA DE LAS GALLINAS

- Reino: Animal
- Sub-reino: Metazoos
- Tipo: Vertebrados
- Clase: Ovíparo
- Orden: Galliformes
- Familia: Phasianidae
- Género: Gálidos
- Especie: *Gallus Gallus*

(Castelló & Sole, 1986; Navarro, 1988).

3.5.- CLASIFICACIÓN DE LAS GALLINAS

Dentro del amplio mundo de las aves se han logrado distinguir variedades que son:

- Comerciales productoras de huevos (razas ligeras).
- Comerciales productoras de carne (razas pesadas).
- Productoras de huevo y carne (doble propósito o razas semipesadas).
- Variedades criollas o locales.
- Variedades mejoradas (Bencomo, 2016).

3.6.- RAZAS PRODUCTORAS DE HUEVOS (RAZAS LIGERAS)

Son el resultado de una meticulosa selección genética, haciendo que el alimento consumido se dirija específicamente a la producción de huevos. Son razas muy delicadas adaptadas a explotación en granjas y por su alta productividad requieren una alimentación balanceada y un estricto control sanitario para que tengan el rendimiento adecuado y no enfermen. Por su especialización no son aptas para producir pollitos, dado que es raro que encluequen y no son buenas madres. La raza más conocida es la Leghorn y otras razas híbridas (Lohmann, Hy Line, De Kalb, Shaver). Son aves pequeñas pero que sin embargo producen huevos grandes y tienen una alta conversión alimento-postura (Bencomo, 2016).

3.6.1.- Características deseables de aves productoras de huevos

El trabajo de los genetistas en estas líneas es la modificar los genes, eliminando el instinto de “clueques” y que bajo condiciones apropiadas de luz y alimento pongan huevos todo el año (Barroeta, 2009).

Las características de estas aves son:

- Capacidad de producir huevos en cantidades abundantes y persistentes.
- Rápido desarrollo de la madurez sexual y estructura corporal adecuada para la postura.
- Eficiente conversión (capacidad para convertir los alimentos en huevos).
- Buen tamaño del huevo con cáscara firme y buena calidad interna.
- Alta viabilidad.
- Resistencia a enfermedades.

- Color adecuado de la cáscara (Fonseca & Fonseca, 2011).

3.7.- RAZAS PRODUCTORAS DE CARNE

Son razas especializadas en la producción de pollos de engorde. Requieren los mismos cuidados y exigencias de alimentación que las aves productoras de huevos. Este tipo de ave es muy propensa a las enfermedades además que son muy exigentes en cuanto a las condiciones ambientales y de manejo tales como: temperatura adecuada (según la edad), la humedad del galpón entre el 40-60%, buena ventilación, espacio suficiente para que las aves puedan moverse, retiro regular de las camas, limpieza y desinfección de los pisos e iluminación nocturna (Jerez Salas, Herrera Haro, & Vásquez Dávila, 1994).

3.7.1.- Características deseables para aves productoras de carne

Las características de las aves productoras de carne son:

- Gran capacidad de incrementar su peso.
- Rápido desarrollo físico para soportar altos pesos a edad temprana.
- Eficiente conversión, es decir capacidad de convertirlos alimentos en carne. Buena calidad de la carne y rápido emplume.
- Alta viabilidad.
- Resistencia a las enfermedades.
- Color adecuado de la piel (Bencomo, 2016).

3.8.- RAZAS DE DOBLE PROPÓSITO

Estas gallinas son producto de un cruzamiento genético entre las gallinas nativas y algunas de las antes ya descritas; de las cuales su caracterización fenotípica no es posible precisar por la presencia de la variación genética y su alta consanguinidad. Las características productivas de estas aves son bajas, pero revelan depósitos de grasa y carne cuando alcanzan la edad adulta, producen tanto huevos como carne de manera abundante. Son aves tranquilas, se adaptan bien a los distintos climas y tienen una mayor resistencia a las enfermedades (Molina, 2013).

3.9.- RAZAS TIPO CRIOLLO O DE CAMPO

Estas aves vienen de un largo proceso de selección natural y han desarrollado una gran resistencia a condiciones ambientales desfavorables. Pueden desarrollarse bien dentro de un rango muy amplio de temperatura y humedad. Comen desechos de la huerta y el hogar como

así también insectos que encuentran directamente en la tierra. Son aptas para la cría doméstica, pero su producción de carne y huevos es modesta (Bencomo, 2016).

3.10.- RAZAS MEJORADAS

Son resultado de los cruces que se establecen entre razas criollas y razas puras para mejorar su producción de huevo, de carne o de ambos a la vez obteniendo animales que combinan lo mejor de las distintas razas. En los países occidentales la tendencia actual es la especialización de la producción en granjas avícolas. Algunos productores se encargan del incubado de huevos, otros de la producción de huevos para el consumo y otros de la cría de pollos para el mercado de la carne (Bencomo, 2016).

3.10.1.- Características externas de la gallina criolla

El orden de las gallináceas, género gallus son aves terrestres que comprende varias familias y una de ellas es la phasianidae, a la cual pertenece la gallina, se caracteriza por la posición centrípeta de la cola, determinado por la presencia de 5 carnosidades en la cabeza del ave adulta: una cresta en la parte media superior, dos orejillas, una a cada lado de la cabeza y colocadas inmediatamente debajo de la oreja, y dos barbillas que penden de la garganta (A. Francesch, Villalba, & Cartaña, 2011; Haynes, 1990). Además poseen cuerpo pesado con relación a la talla, pico fuerte, corto y ligeramente curvado, alas robustas, pero incapaces para realizar vuelos altos y largos, patas cortas y poderosas, por lo general termina en cuatro dedos, tres delanteros y uno trasero, armados con uñas capacitadas para escarbar, además un espolón más o menos visible (Castelló & Sole, 1986; Escamila, 1958). Figura 5.

Las características externas de las gallinas son:

- a) Pico. Formación que reemplaza a la boca en los mamíferos y en donde se divisan orificios nasales. Sus bordes deben converger y el color en aves es amarillo oscuro.
- b) Cabeza. Redonda, pequeña y cubierta de plumas finas.
- c) Cresta y barbillas. Son sencillas y se desarrollan cuando la gallina o el gallo llegan a la madurez sexual. Deben ser bien desarrolladas, de color rojo intenso, suave y caliente al tacto.
- d) Ojos. Redondos prominentes, brillantes y vivaces.
- e) Cuello. Largo y flexible.

- f) Espalda. Región donde se implantan las alas, deberá tener la adecuada inclinación según la raza de la que se trate.
- g) Alas. Son los miembros anteriores o brazos que en esta especie están adaptadas para el vuelo presentan buena movilidad, presencia y disposición adecuada de las plumas remeras.
- h) Plumas. Sirven para proteger a la piel, regular la temperatura del cuerpo cuando el ambiente es muy frío y hacen posible el vuelo en casos de emergencia, deberá observarse limpio y brillante. La muda se produce una o dos veces al año. Plumas timoneras de la cola mantiene el equilibrio al volar.
- i) Glándula. Produce un aceite que la gallina unta con el pico a lo largo de las plumas, la utilizan para limpiarse y además la hace la pluma más impermeable al agua.
- j) Pogostillo ó Tistfl. Lugar donde se insertan las plumas timoneras.
- k) Región de la cloaca. Si está poniendo la cloaca deberá verse húmeda y ovalada. Las plumas de los alrededores deben mantenerse limpias.
- l) Rabadilla. Redonda y con un poco de carne.
- m) Abdomen. Amplio, con la piel caliente y suave. En el abdomen y la rabadilla se alojan las vísceras abdominales.
- n) Muslo. En animales de engorde amplio y carnudo.
- o) Pierna. La pierna y el muslo forman un conjunto carnosos.
- p) Tarso. Recto, fuerte y cubierto por escamas bien formadas. En las razas de piel blancas es amarillo intenso antes de comenzar la postura y a medida que pasa la edad y la postura se va decolorando.
- q) Patas. Bien implantadas y amarillentas en animales jóvenes.
- r) Pechuga. Redonda, grande y con gran cantidad de carne.
- s) Costillas. Deben ser bien curvas y flexibles.
- t) Bucho. Debidamente implantado sin abultamientos excesivos (Bencomo, 2016).

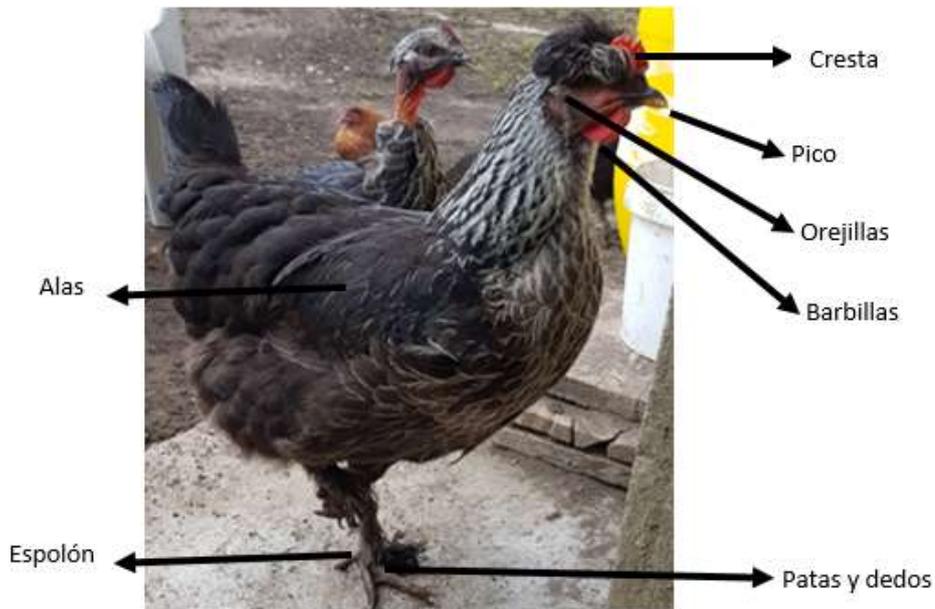


Figura 5. Partes de la gallina
Fuente: Toalombo, P., 2019

3.10.2.- Principales razas de gallinas criollas

En cierta forma las razas se originaron por la consanguinidad, eliminando los caracteres indeseables, y la selección de características raciales permitió que sean relativamente homocigotas (Duran Leon & Perucho Garces, 2014).

3.11.- RAZAS EXISTENTES

Las diferentes razas de gallinas criollas existentes son:

Gallus domesticus L. subespecie inauris

Nombres locales: Santandereana, Ecuatoriana, Chilena, De aretes, Araucana, Gallina de los huevos de pascua, Collonca de aretes.

Centro de origen: América del sur.

Características de la raza: Abundante plumaje alrededor de la cara y el oído (simulando aretes), carencia de glándula uropigiana y vértebras coccígeas. Las hembras adultas ponen huevos cuya cáscara es de color azul. La coloración del plumaje es variado.

Características productivas: Peso máximo para los machos de 3 Kg y para las hembras de 2,5 Kg y huevos con cáscara de color azul con un peso máximo de 70 g. (Valencia Llano, 2011).

Gallus domesticus L. subespecie barbatus

Nombres locales: Tufus, barbada, tufa.

Centro de origen: Asia.

Características de la raza: Tiene una variación en la longitud de las plumas, consiste en una prolongación de las plumas de los lados del rostro y debajo del pico inferior, por lo que presentan abundante plumaje a ambos lados de la región auricular y alrededor de la cara, simula una barba compacta, con patillas a los lados. El color del plumaje es variado, los huevos son de color marrón.

Características productivas: Peso promedio máximo para los machos de 2,5 Kg y 2,0 Kg para las hembra, los huevos con un peso máximo de 55 g., (Valencia Llano, 2011).

Gallus domesticus L. subespecie ecaudatus

Nombres locales: Tapuncha, tapa, récula, francolina.

Centro de origen: Asia.

Características de la raza: La falta de rabadilla es una variación en el esqueleto axial, si es hereditaria, las aves carecen de las 14 o 16 plumas rectrices caudales, de la glándula uropigiana, de los músculos relacionados, de las 5 vértebras caudales libres (coccígeas) y del pigostilo; en otros individuos de tipo genético intermedio, las 5 vértebras caudales libres están fusionadas de modo irregular.

En los dos grupos de aves, las plumas de la silla comúnmente muy desarrolladas caen hacia atrás, dichas aves parecen más recogidas, cortas y esféricas. El color del plumaje es variado, los huevos son de color marrón.

Características productivas: Los gallos tienen un peso máximo de hasta 2,0 Kg, las gallinas de 1,5 Kg y los huevos un peso máximo de 58 g., (Valencia Llano, 2011).

Gallus domesticus L. subespecie nudicollis

Nombres locales: Carioca, cuello desnudo, cuello pelada.

Centro de origen: Asia.

Características de la raza: Tiene una variación en la distribución de las plumas, es decir que las plumas que corresponden al trayecto inferior de la cabeza no existen, salvo la parte más próxima

a la cresta; esta zona no solo carece de plumas, sino también de folículos. La parte dorsal del cuello carece de plumas, menos las que corresponden al trayecto espinal anterior. Falta el trayecto ventral, excepto dos pequeñas manchas a cada lado y encima del buche. La piel desnuda del cuello se torna rojiza al llegar a la madurez sexual, al igual que toda la piel expuesta al aire libre. El color del plumaje es variado, los huevos son de color marrón.

Características productivas: Peso máximo para los machos de 2,5 Kg, en hembras 2,0 Kg y el peso de los huevos son de 70 g., (Valencia Llano, 2011).

Gallus domesticus L. subespecie crispus

Nombres locales: Chusca, Crespa, Chiroza, Churrumba, Chirapa, Rizada, Trintre.

Centro de origen: Asia.

Características de la raza: El plumaje rizado es una variación en la estructura de las plumas, el cual la diferencia de los demás tipos: las plumas exteriores, cabeza, cuello, tronco y alas están curvadas hacia adelante, especialmente la punta y retorcidas o enrolladas en una o varias veces, haciéndose visible la cara inferior del plumaje, pareciendo crespo y esponjoso. El color del plumaje es variado, los huevos son de color marrón.

Características productivas: Los huevos tienen un peso promedio máximo de 70 g, los machos y las hembras presentan un peso máximo de 2,5 y 2,0 Kg respectivamente, (Valencia Llano, 2011)

Gallus domesticus L. subespecie lanatus

Nombres locales: De pelo, lanígera, lanudas, lanosa, sedosa.

Centro de origen: Asia.

Características de la raza: Tiene una variación en la estructura de las plumas; las plumas de contorno tienen cañones delicados y barbas largas, las barbillas están prolongadas, muy visibles, carecen de ganchillos. La pluma carece de ganchillos, por lo que se pierde la unidad de la pluma. Su principal característica morfológica radica en su plumaje con cañón muy débil y blando, las fibras de vexillum son como pelo, seda o lana, las patas presentan cinco dedos ligeramente cubiertos de plumas y mechón de plumas en la cabeza. El color del plumaje es variado, los huevos son de color blanco.

Características productivas: Peso máximo para los machos de 1,7 Kg, para hembras de 1,4 Kg y los huevos de color blanco con un peso máximo de 40 g., (Valencia Llano, 2011).

Gallus domesticus L. subespecie giganteus

Nombres locales: Zamarrona, calzada.

Centro de origen: Asia

Características de la raza: Plumaz en las patas y dedos. En general las plumas son más abundantes a lo largo del borde externo del tarso-metatarso y en el dedo más exterior, el color del plumaje es variado, los huevos son de color marrón.

Características productivas: Los machos tienen un peso corporal máximo de hasta 3,0 Kg; en las hembras de 2,5 Kg y el peso de los huevos máximo 60 g., (Valencia Llano, 2011).

Gallus domesticus L. subespecie cristatus

Nombres locales: Copetonas, Copetudas, Moñudas.

Centro de origen: Asia y Europa, con presencia en América del Sur.

Características de la raza: Tiene una variación en la longitud de las plumas; esto se debe a que algunas plumas de la cabeza son extraordinariamente largas, más o menos erectas, en vez de permanecer pegadas en la cabeza. En cuanto a su extensión, el penacho puede variar desde una estructura parecida a una prominencia nodular, con plumas que caen sobre los ojos y el rostro tapándolo, hasta la presencia de un corto número de plumas que apenas puede distinguirse del estado normal. El color del plumaje es variado, los huevos son de color marrón.

Características productivas: Peso máximo para los machos de 2,0 Kg; para las hembras 1,5 Kg y el peso de los huevos son 55 g., (Valencia Llano, 2011).

Gallus domesticus L. subespecie pugnax

Nombres locales: Gallina Fina o de pelea

Centro de origen: Asia (India).

Características de la raza: El color del plumaje es variado, los huevos son de color blanco.

Descripción general. Son las gallinas más similares al *Gallus bankiva*. Los machos se especializaron para la riña de gallos, las hembras son excelentes incubadoras y presentan la

mejor habilidad materna. Son utilizadas principalmente como reproductoras, y los machos algunos casos para cruzarlo con otros tipos de gallinas criollas para producir aves mestizas, a las cuales, los campesinos les atribuyen elevada postura, (Valencia Llano, 2011).

Gallus domesticus L. subespecie morio

Centro de origen. India (Darwin); África (Mozambique) (Bufón).

Características de la raza. Dichas aves presentan fibromelanosis que significa pigmentación melánica del tejido conjuntivo. Se considera una variación en la coloración de las aves. Este tipo de aves presentaban cantidades diversas de melanina en la dermis de la piel, en las vainas de los músculos y de los nervios, en los tendones, mesenterios, paredes de los vasos sanguíneos, en la dura y piamadre del cerebro. Los pulmones contienen pequeñas manchas de negro, pero la tráquea y los sacos aéreos están fuertemente pigmentados, no se encuentra melanina en los huesos o cartílagos, pero estaban fuertemente pigmentadas las membranas perióstica y pericondral. Otra característica es su plumaje negro. A simple vista se observa pigmentación en la cresta, la cara, las orejillas.

Características productivas. Las hembras tienen un peso máximo de 1,5 Kg y los huevos de 45 g, (Valencia Llano, 2011).

Gallus domesticus L. subespecie dorkingensis

Centro de origen. Asia, Inglaterra, Alemania.

Características de la raza. Tiene una variación en el esqueleto apendicular, el cuerpo es de tamaño normal y los huesos largos de las extremidades posteriores están acortados. La tibia aparece más afectada que los demás huesos, el peroné es más grueso en la Creeper.

Características productivas. El peso máximo de los machos y las hembras es de 2,5 y 2,0 Kg respectivamente, el peso de sus huevos es de 60 g, (Valencia Llano, 2011).

Gallus domesticus L. subespecie nanas

Nombres locales: Cubana normal, kika normal, kike normal.

Centro de origen: Asia y Europa (Alemania). Con presencia en América del Sur, sin reportes precolombinos.

Características de la raza: El tamaño de su cuerpo es pequeño. El color del plumaje es variado, los huevos son de color blanco y azules en diferentes tonalidades.

Características productivas: Machos con un peso máximo de 1000 g y las hembras de 750 g y el peso de los huevos 40 g, (Valencia Llano, 2011).

3.12.- CLASIFICACIÓN RACIAL

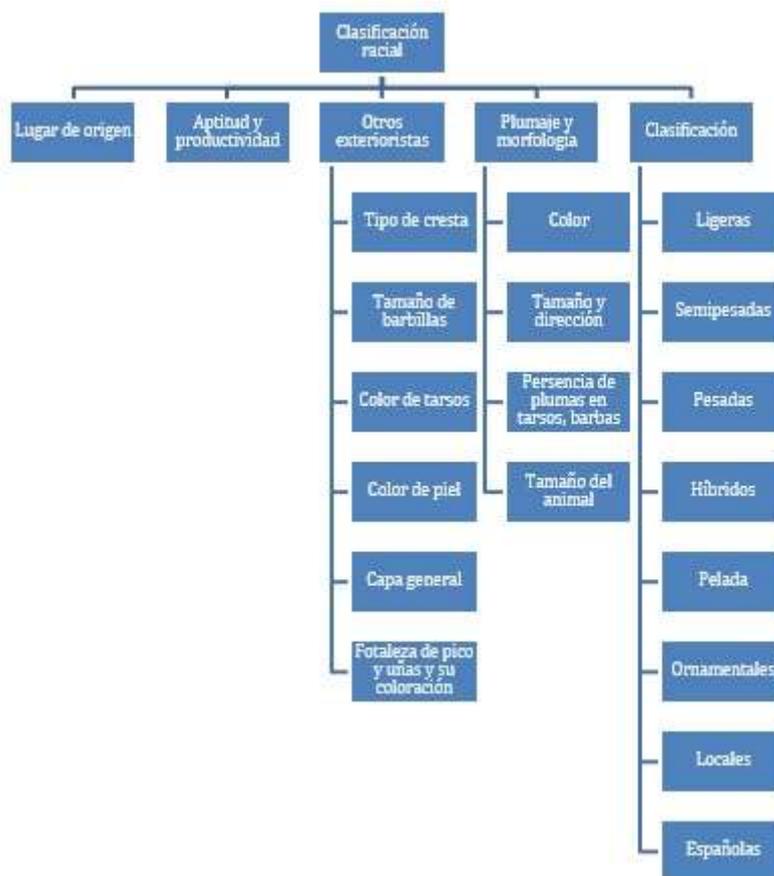


Figura 6. Clasificación racial de las gallinas criollas
Fuente: Sañudo, C. (2011).

3.13.- SISTEMA DE PRODUCCIÓN DE LA GALLINA CRIOLLA

Las aves de traspatio no demandan grandes costos de inversión y manutención para su crianza, por lo que los productores aprovechan al máximo la relación suelo-planta-agua-animal para mantenerlas; obteniendo de las aves una fuente de proteína (carne y huevos) para los consumidores y un ingreso monetario adicional para quien lo produce (FAO, 2003). Estas aves son las que comúnmente se explotan en el campo, ya que presentan características muy favorables, para la crianza a nivel familiar, por ser resistentes a las condiciones locales de humedad y temperatura, pues han experimentado un proceso de selección natural a través de

muchos años; para alimentarlas se utilizan desechos de cocina y otros alimentos alternativos; son más resistentes a las enfermedades que cualquier otro tipo de gallinas (Andrade-Yucailla S., 2019).

Sin embargo, generalmente son pequeñas y no producen abundante carne, crecen lentamente y las hembras no ponen considerables números de huevos. Una manera de mejorar estas características desfavorables es a través de la aplicación de planes de mejora, las que paulatinamente podría ir repoblando el gallinero de cada familia, para hacer más eficiente y productiva la explotación de traspatio (Cisneros, 2002), la escasa información no permite conocer las tendencias poblacionales y usos de este tipo de recursos, y como consecuencia se encuentran en peligro de extinción, a pesar de representar un banco de genes, por lo que es importante llevar a cabo acciones para su caracterización y conservación (Zaragoza et al., 2013) (Roy D. Crawford, 1990; R. D. Crawford & Christman, 1992; Romanov, Wezyk, Cywa-Benko, & Sakhatsky, 1996), ya que debido a la implementación de modernos sistemas de producción, la demanda cambiante de los mercados, la poca o nula aplicación de tecnología y control sanitario, pero principalmente la introducción de razas o líneas mejoradas (Medrano, 2000), trae como consecuencia la erosión genética, que conduce a la pérdida de variabilidad genética y la dilución de características específicas.

Las aves constituyen un recurso natural renovable básico; se la considerada como una fuente de proteína de alto valor biológico, al mismo tiempo ostenta gran importancia en el aspecto cultural y economía de los pueblos. Su utilización es parte integral de las actividades que llevan a cabo las comunidades campesinas e indígenas (Tejada, Chao, Gómez, Lilian Painter, & Wallace, 2006).

La crianza de gallinas criollas generalmente es propia del sector rural; teniendo como base una alimentación y obteniendo un producto (huevo), el cual presenta un color característico en la yema, además de poseer un sabor diferente a los existentes en el mercado, razón por la que se cotiza a un precio superior y el consumidor prefiere el denominado “huevo de gallo o gallina de rancho” (Juárez-Caratachea, Gutiérrez-Vázquez, Segura-Correa, & Santos-Ricalde, 2010).

3.14.- LA GALLINA ESPAÑOLA

3.14.1.- Combatiente Español



Figura 7. Gallo Combatiente Español

Fuente: Departamento de Genética - UCO – España, 2017

Su cabeza es pequeña en forma de águila. Cara llena, lisa y de textura fina. Pico ligeramente curvo, corto y fuerte. Tipo ligeramente más ancho en los hombros que en la cola. Ojos grandes vivos y desafiantes. Cresta simple o de rosa, pero siempre pequeña. Barbillas y orejillas pequeñas. Cuello muy largo fuerte y bien curvado, con abundante esclavina cubriendo los hombros. Alas muy largas y fuertes, cubriendo los muslos y cruzándose por detrás bajo la cola. Dorso corto y plano. Pecho ancho y prominente con músculo grandes. Cola larga, ahorquillada y poco erguida. Muslos fuertes, musculosos y separados. Tarsos fuertes y de mediana longitud, con espolón muy desarrollado y colocado bastante bajo. Dedos cortos, fuertes y bien separados, siendo el posterior casi plano. La cresta, cara, barbillas y orejillas son de color rojo. El pico es córneo y claro y las patas y dedos de color amarillo, verde o azul pizarra. Existe una gran heterogeneidad en cuanto al color del plumaje. Con un peso de 1,5 a 2 Kg. Se citan tres variedades, Combatiente Español, Combatiente Jerezano y Combatiente Canario. Figura 7, (Vega-Pla, Angulo, Cabello, León, & Nogales, 2014).

Semejante al gallo teniendo en cuenta las diferencias debidas al sexo. Ausente de esclavina, caireles y hoces. La cola suele ser más erguida.

Con un peso de 1 a 1,5 Kg.

Se encuentra repartido por la mayor parte del Estado Español. La variedad Jerezana se localiza fundamentalmente en Jerez de la Frontera y la Canaria en las Islas Canarias y Baleares. Sin embargo, es conveniente destacar que la mayoría de los ejemplares de la raza se encuentran localizados en las provincias de Cádiz y Sevilla.

La raza se utiliza como animal de pelea, siendo actualmente muy conocidos por su bravura, nobleza y coraje, a la vez que por tratarse de gallos finos y elegantes.

A la hora de ser cruzados, el macho no suele elegirse en base al parentesco, sino que éste es elegido de entre los mejores clasificados, por lo que la consanguinidad en la raza no es elevada. Se lleva a cabo una cría individualizada sobre la raza, lo que permite conocer tanto el padre como la madre de cada animal nacido. Para ello, las hembras son ubicadas en gallineros independientes al que sólo tiene acceso un único macho (M.A.P.A., 2017).

3.14.2.- Gallina Raza Andaluza Azul



Figura 8. Gallina Andaluza Azul

Fuente: Diputación de Córdoba – España, 2019

La gallina Azul, siendo la más característica de nuestra región, ha sido ignorada por algunos profesores y avicultores en el pasado reciente, afirmando la no existencia de esta raza tan característica de Andalucía, y afirmando que fueron los Ingleses los que las seleccionaron a partir de razas negras españolas. Siendo cierto que esta gallina fue muy alabada por extranjeros dada su belleza, buena puesta y por ser poco propensa a la cloquez, su origen se encuentra en las ancestrales gallinas andaluzas Figura 8.

Es un ave de tipo mediterráneo de talla mediana, figura alta, de tronco delgado, cilíndrico y algo inclinado. Su cresta es sencilla y tiene orejillas blancas. Llama la atención el ribete negro en cada una de sus plumas.

Productividad: Ha llegado a alcanzar de 150 a 200 huevos anuales, con un peso de 62 a 65 g y cáscara de color blanco.

Peso: Gallo de 2,9 a 3,5 kg. – Gallina de 2,2 a 2,8 kg, (Isabel, 2019).

3.14.3.- Gallina Raza Andaluza Sureña (morucha)



Figura 9. Gallo Andaluza Sureña
Fuente: Diputación de Córdoba – España, 2019

Estas gallinas son típicas de la zona de Cádiz, Sevilla y Málaga. A finales del siglo XX, un grupo de aficionados andaluces encabezado por Francisco Román y siguiendo los consejos del doctor Fernando Orozco, trabajaron en la selección y estandarización del tipo de gallina andaluza, que se había criado desde antaño en los cortijos del sur de Andalucía Figura 9.

Eran gallinas de plumaje muy vistoso y gran diversidad de colores. Después de la selección y fijación de los distintos colores se consideró que aquel conjunto de gallinas había llegado a la denominación de Andaluza Sureña. Actualmente está en proceso de reconocimiento oficial.

Se trata de una gallina de porte mediterráneo, aunque su tamaño y peso son ligeramente superiores a los de la mayoría de estas razas. Ave bien proporcionada y rústica.

Productividad: Carne de excelente sabor. Puesta anual de 150 a 200 huevos de color blanco y 65 g o más.

Peso: Gallo de 3,5 a 3,8 kg. – Gallina de 2,5 a 2,7 kg, (Isabel, 2019).

3.14.4.- Gallina Ibicenca



Figura 10. Gallina Ibicenca

Fuente: Ministerio de Agricultura Pesca y Alimentación – España, 2017

Cabeza de tamaño mediano y estrecho. Cara lisa de color rojo y con alguna filopluma. Presenta entre 6 y 7 dientes bien definidos y no muy profundos, con el lóbulo que sigue la línea de la nuca. Barbillas moderadamente grandes, de color rojo y ovalado. Pico mediano, grueso, curvado y de color cuerno. Cuello largo, arqueado a la altura de la nuca, con esclavina abundante hasta los hombros sin cubrirlos. Tronco ancho, mediano y ligeramente inclinado hacia atrás. Pecho ancho y bien desarrollado Figura 10.

Color del huevo: Blanco cremoso-grisáceo pálido.

Peso machos (Kg.): 3,5

Peso hembras (Kg.): 2,5

Tipo de cresta: Sencilla

Color del tarso y las patas: Blanco

Cresta de mediana a moderadamente grande, derecha, simple y de color rojo. Cola de tamaño mediano sin superar la altura de la nuca, entre 45 y 90 ° de inclinación sobre la horizontal y bien poblada. Las características morfológicas de la gallina son iguales que en el gallo, salvo las diferencias debidas al sexo, (M.A.P.A., 2017).

3.15.- DESCRIPCIÓN DEL SECTOR AVÍCOLA EN EL ECUADOR

3.15.1.- Historia y desarrollo del Sector Avícola en el Ecuador.

La avicultura con un carácter empresarial se inició en Ecuador en el año 1957 con el establecimiento de la planta de incubación artificial llamada Avícola Helvética. En 1958, empezó la producción de huevos comerciales y la venta de pollitas importadas en la finca “La

estancia” ubicada en Puenbo, localidad cercana a la ciudad de Quito, finca de propiedad de la familia Baker, una de las pioneras en esta actividad. Pero es a partir de 1970 que esta actividad cobra mayor importancia con la creación de nuevas y mayores empresas ubicadas principalmente en las provincias de Pichincha, Guayas y Manabí.

El impulso relacionado al aumento de la demanda generado a partir del “boom petrolero”, un producto de consumo selectivo, pasó a ser parte (años 70- 80) de la dieta cotidiana de familias de clase media y alta (Romero-López, Negrete-Yankelevich, De la Rosa, & Geissert, 2012)

Es importante destacar que la crianza de gallinas de campo, permite obtener productos alimenticios nutritivos e inocuos, en pequeñas áreas de terreno, a corto plazo y sobre todo con mano de obra de productores que promueven la economía solidaria, usando recursos disponibles de la zona. La avicultura de traspatio, representa una forma valiosa para conservar genes derivados de distintas razas adaptadas a través del tiempo a diferentes zonas. Entonces, resulta necesario proponer mejoras de los sistemas tradicionales, para cumplir con lo planteado por la FAO, es decir contar con productos soberanos e inocuos que aseguren la alimentación humana (Toalombo et al., 2017).

3.15.2.- La sociedad, la avicultura y el estado

Comenzando por la pirámide alimenticia, la carne blanca es parte del consumo diario de la sociedad, es así que en las últimas décadas la tendencia mundial en la demanda de este producto ha aumentado; buscando alternativas más sanas para la alimentación diaria, ya que en este tipo de carne el nivel calórico y de grasa es menor (Andrade-Yucailla S., 2019). El incremento de consumo per cápita de carne de pollo y huevos a lo largo del tiempo, demuestran la contribución del sector avícola en la seguridad alimentaria, a través del aprovisionamiento de proteína animal de bajo costo, consumida independientemente de su nivel de ingresos. El consumo de carne de pollo y huevos se extiende a nivel nacional y se registran granjas avícolas en todas las provincias del país, la producción es permanente a lo largo del año. El ciclo productivo de un pollo de engorde es de 42 días (Corporación Nacional de Avicultores del Ecuador, 2006). Es importante mencionar que la Republica del Ecuador respalda a través de sus leyes la producción de alimentos: La Constitución de la Republica, publicada en el Registro Oficial 449 de 20 de octubre de 2008, en el Art. 3.5, en cuanto a los deberes del Estado manifiesta: “Planificar el desarrollo nacional, erradicar la pobreza, promover el desarrollo sustentable y la redistribución equitativa de los recursos y la riqueza, para acceder al buen vivir”.

El Art. 13 *ibídem*, señala: “Las personas y colectividades tienen derecho al acceso seguro y permanente a alimentos sanos, suficientes y nutritivos; preferentemente producidos a nivel local y en correspondencia con sus diversas identidades y tradiciones culturales. El Estado ecuatoriano promoverá la soberanía alimentaria.”

3.15.3.- Producción avícola en Ecuador

En las familias ecuatorianas el consumo de pollo ha incrementado considerablemente, el consumo de carne de pollo se refleja en aproximadamente de dos a tres veces por semana según estudios de la (Corporación Nacional de Avicultores del Ecuador, 2006), debido al bajo costo que representa la adquisición de dicha proteína de origen animal y a la versatilidad en su preparación. El consumo per cápita de pollo ha sufrido un incremento correspondiente al 400 %, pasando de 7 kg/p/año en 1990 a 35 kg/p/año en el 2018, el número de aves criadas en planteles avícolas en Ecuador don en total 151 millones de aves de las cuales en la Región Sierra se localizan 83 millones seguido por la región Costa con la presencia de 64 millones de aves y en la región Amazónica 3 millones y el resto en zonas no delimitadas del país; además se reportó el número de aves de campo criadas de forma tradicional en total son 6 millones de aves, las cuales se encuentran distribuidas en la región Sierra el 40.75%, en la Costa 49,89 %, en la Amazonia 9,33 % y en zonas no delimitadas de Ecuador un 0,03 %.

De acuerdo con los datos obtenidos de la Corporación Nacional de Avicultores del Ecuador, en el año 1990 la población avícola fue de 50 millones de aves, mientras que en el año 2018 se registró un total de 151 millones de aves.

El incremento en la producción y consumo de carne de pollo se entrelaza estrechamente al crecimiento demográfico de la población, pero su anclaje principal es la tecnificación en los procesos productivos, disminuyendo pérdidas por enfermedades aviares, contaminación y otras relacionadas; así mismo tanto el proceso de producción como de industrialización de pollo han sido certificados bajo las normas INEN y el empleo de Buenas Prácticas de Manufactura en el sector, lo que permite alcanzar a nivel nacional estándares de calidad que permitan competir en mercados internacionales. Las principales empresas del sector a nivel nacional realizan una producción a escala, registrándose grandes cantidades de aves en galpones dispuestos específicamente para esta actividad.

De las diferentes especies de aves que integran el sector avícola y son destinadas a la venta; con un 74%, sobresale la producción de gallos y gallinas, seguido del 23% en cuanto a la producción de pollitos, pollitas, pollos y pollas destinadas a la venta; se observa además en una menor

proporción representada por el 3% la producción de patos y pavos, que se destina a la venta. En base a ello, se asume que la demanda avícola nacional tiende a optar en una gran magnitud por el consumo de gallos y gallinas. La última etapa de este período, es decir, entre el año 2010 al 2013 existió una tendencia decreciente en el sector, afortunadamente para el año 2018 las estadísticas indican una leve recuperación en las cifras avícolas en especial la producción de gallos y gallinas. (Ver Gráfico 5).

Referente a la evolución de la producción de huevos destinados a la venta, autoconsumo y otros usos a nivel nacional en el período 2005 al 2018; como dato relevante tenemos que para el año 2010 se obtuvo el mayor registro de producción de huevos, esto es 54'562.406 unidades, aportando así a una tasa de crecimiento del 19,1 % con relación al 2009; a pesar de ello, en el 2011 la tasa de crecimiento de la producción cae drásticamente en -11,8 % ,es decir 48'150.090 unidades con un leve ascenso en el 2012; sin embargo recae en el 2013 para ubicarse en -10,5% con 42'468.055 unidades producidas. En consecuencia -1% corresponde a la tasa promedio de producción de huevos durante el período de análisis.

En la actualidad la producción avícola en el Ecuador es una de las actividades productivas más significativas de la economía ecuatoriana, dicha actividad principalmente se fundamenta en dos segmentos productivos, que son: la producción de carne de pollo y la de huevo comercial; entre estas dos actividades pecuarias, sobresale muy por encima la crianza de pollos para el consumo de carne, considerando que se trata de una de las proteínas más utilizadas dentro de la alimentación en nuestro país. Esta actividad se ha convertido es una fuente de trabajo muy rentable para las personas que se dedican a esta actividad.

3.16.- ANÁLISIS CANÓNICO DISCRIMINANTE (ACD)

El Análisis canónico discriminante (ACD), es una técnica estadística multivariada que estima funciones lineales a partir de las variables continuas (Colorado, 2013), separa grupos de individuos, al maximizar la varianza entre los grupos y minimiza la varianza dentro de los grupos (J. G. Cruz-Castillo et al., 1994) .Al plantear diseños experimentales multivariados, el análisis canónico discriminante facilita la comprensión de las relaciones entre las variables evaluadas dentro de esos grupos (A. A. Afifi & V. Clark, 1996); que son matemáticamente equivalentes a un análisis de varianza multivariado de una vía (Medina, Orellana, Pino, & Diaz, 2014; Villardón, Amaro, Villardón, & Ramírez).

El origen de la técnica tuvo lugar con Fisher (1936), o Mahalanobis (1936), también conocido como: Análisis de Coordenadas Discriminantes (Seber, 1984), Análisis de Variables Canónicas

(Gittins, 2012; Gower, 1989; Krzanowski, 1988); Análisis Factorial Discriminante (Lebart, 1995) y Análisis Canónico de Poblaciones (C.M. Cuadras, 1996; A. P. d. Silva, Imhoff, Giarola, & Tormena, 2001).

Los objetivos a cumplir son: 1) localizar los ejes de discriminación más grandes entre los grupos identificados, es decir, encontrar combinaciones lineales de las variables de partida con máximo poder discriminante entre los grupos; 2) comprobar si las medias de esos grupos a lo largo de esos ejes son significativamente desiguales, es decir, encontrar una organización de los grupos de individuos cada uno representado por el vector de las medias en todas las variables, y 3) estudiar la dimensionalidad de los datos. Cuando se trabaja con más de dos grupos, la misma se conoce como Análisis de Variables Canónicas (AVC) o Análisis Discriminante Canónico (Medina et al., 2014).

3.17.- RECURSOS GENÉTICOS

La FAO indica que la diversidad animal doméstica es un componente importante de la biodiversidad global. Cuarenta especies de animales domésticos y aves de corral contribuyen para compensar las necesidades de alimentos a nivel mundial, ya que proveen carne, fibra, leche, huevos, pieles y estiércol. De los cuales, más de 8000 razas y cepas (FAO, 2011) constituyen los recursos genéticos animales (AnGR) de importancia para la alimentación y la agricultura. El monitoreo de los recursos genéticos de las aves de corral no siempre es una prioridad para ciertos países.

La extinción de diferentes especies tanto exóticas como domésticas, causa pérdida de biodiversidad, siendo necesario tomar en cuenta medidas para evitarla, según la Organización para la Alimentación y la Agricultura de las Naciones Unidas (FAO), define a la biodiversidad como la variación de la vida en todas sus formas, niveles y combinaciones, incluyendo la diversidad genética, la diversidad en las especies y la diversidad en los ecosistemas.

La alimentación de la humanidad se fundamenta en aproximadamente unas 30 especies vegetales y unas 14 especies animales (aves y mamíferos), se calcula que el 30% de las razas de mamíferos y aves domésticas se encuentran amenazadas (FAO, 2000). Los datos que se obtienen de los diferentes estudios, son importantes para el manejo y conservación de los recursos genéticos animales, con el fin de precautelar la seguridad y soberanía alimentaria. Siendo importante efectuar planes de conservación de diversidad genética y llevar a cabo una gestión sostenible de los recursos genéticos animales (AnGR).

3.17.1.- La conservación de recursos zoogenéticos

En América Latina y el Caribe (ALC), aproximadamente el 20 % de las razas existentes clasificadas se consideran en peligro. El porcentaje total de razas de aves en peligro de extinción ha pasado drásticamente del 5 por ciento en 1995 al 45 % en 1999. "Estas cifras son alarmantes y hay que llevar a cabo muchos esfuerzos para impulsar la defensa de los recursos genéticos en peligro. Tenemos que entender mejor esta situación aparentemente muy grave" (FAO, 2000).

La intranquilidad por la conservación de la variabilidad genética comenzó con los animales silvestres, tratándose primero la conservación de las especies y posteriormente el mantenimiento de la diversidad genética dentro de cada especie. Esta preocupación dio lugar al desarrollo de zoológicos, de áreas naturales protegidas, y a la aplicación de medidas conservacionistas como las vedas, las reservas, las especies protegidas, etc. La conservación del mundo salvaje se entiende como la salvaguarda de un patrimonio, se conoció que hasta mediados del siglo pasado no se socializó o extendió este proceso al mundo doméstico, ya que no se consideró de importancia la conciencia del peligro que se colaba sobre la variabilidad genética de las especies domésticas, a nivel de raza y dentro de cada raza (M. A. S. Revidatti, 2009).

El abandono de medidas de protección ha producido en el mundo salvaje la extinción de las muchas especies, y en el doméstico un proceso progresivo de homogeneización de las mismas, con la pérdida de multitud de razas que pudieron tener una aptitud genética especial para algunos propósitos que por diversos motivos pasan a carecer de importancia por lo mismo que estos conceptos son reconocidos por varios autores como se puede mencionarse a (Camacho-Escobar, Lira-Torres, Ramírez-Cancino, López-Pozos, & Arcos-García, 2006) quien afirma que la conservación de los recursos genéticos de los animales de granja, se refiere a todas las actividades humanas, con inclusión de las estrategias, los planes, las políticas y las medidas que se adoptan para garantizar el mantenimiento de la diversidad de dichos recursos, a fin de contribuir a la producción y a la productividad alimentaria y agrícola ahora y en el futuro, alegando además que el último objetivo de la conservación es el bienestar de las personas a lo largo del tiempo y por ello el valor que se les asigna no debe limitarse exclusivamente a su peso económico del mercado, ni a su singularidad genética, sino que se debe incluir el valor social y cultural.

De esta forma los recursos genéticos animales (RGA) forman parte de la biodiversidad en general, cuyos antecedentes y preocupación por conservar se remontan según (Simon, 1984), a los esfuerzos de Vavilov en 1928 por fundar un banco de germoplasma vegetal en Leningrado,

después de la I Guerra Mundial y está presente en la conciencia científica desde finales de la década del 50, a partir de la década del 60 se sucedieron esfuerzos por comprender la situación de los RGA, en especial en Europa y Asia. La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) organiza grupos de estudios y discusiones sobre el tema en Roma, Copenhague & Nouzilly entre 1966 y 1973. Ese año fue creado el “Rare Breeds Survival Trust” (RBST) para conservar el ganado autóctono británico el cual asegura que desde entonces, ninguna raza de animal de granja británico se ha extinguido (<http://www.rbst.org.uk/>), en la década de los 80, el interés suscitado en torno a la conservación de las especies de animales domésticos, incluyendo los recursos genéticos y ecosistemas, se pone de manifiesto cuando FAO organiza una Consulta Técnica sobre Recursos Genéticos Animales, Conservación y Manejo, en Roma, cuyo documento final sienta las bases y recomendaciones para el trabajo sobre los recursos genéticos en cada país, dando lugar al “Boletín de Información sobre Recursos Genéticos Animales”, iniciado en 1983, siendo el fruto de esta cooperación la creación del Banco de Datos de Recursos Genéticos Animales.

En 1985 la FAO es indicada como responsable de la Estrategia Mundial para el Manejo de los RGA. En junio de 1992 en Río de Janeiro, Brasil, se lleva a cabo la “II Cumbre de las Naciones Unidas (ONU) acerca del ambiente”, donde se reconoce la importancia de los RGA en la Agenda 21 y la Convención para la Diversidad Biológica (CDB), con la finalidad de conservar la biodiversidad; el uso sostenible de sus componentes; la distribución justa de los beneficios para el uso de RGA; y la transferencia de tecnologías apropiadas para el desarrollo y conservación de los RGA. Ese año, con la finalidad de monitorear el manejo global de los RGA la FAO implementa el Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (DAD-IS Domestic Animal Diversity Information System) que colecta y organiza la información de especies, razas y actividades de conservación (M. A. S. Revidatti, 2009).

3.17.2.- La diversidad de animales domésticos (DAD)

La diversidad de los animales domésticos (DAD), contribuye de forma esencial a la biodiversidad en general y a la producción alimenticia en particular, suministrando directa o indirectamente del 30 al 40 % del valor total mundial de la producción agrícola y de alimentos (FAO, 1998), definiendo a la DAD como las diferencias entre individuos que son heredables y por lo tanto permanentes y pueden encontrarse entre clases taxonómicas, familias, especies, razas, poblaciones y entre individuos (Loftus, MacHugh, Bradley, Sharp, & Cunningham, 1994), coincidiendo también con lo acordado en la Convención sobre Biodiversidad (CBD),

que fue firmada por la mayoría de los países del mundo en Río de Janeiro en 1992, biodiversidad es el conjunto de ecosistemas, especies y variedades genéticas existentes en un país y, si bien cada país posee la soberanía y la responsabilidad sobre sus propios recursos genéticos, estos deben ser considerados como un bien de la humanidad.

Según la citada convención, las principales causas de la pérdida de biodiversidad son la aceleración del crecimiento de la población humana, el incremento del consumo de los recursos naturales y su explotación no planificada, naciendo la preocupación de obtener un mejor conocimiento sobre los recursos zoogenéticos, y más aún sobre las poblaciones autóctonas de animales domésticos de cada región, ya que su adaptabilidad y prolificidad potencia los nuevos retos de las ganaderías ecológicas y sostenibles.

Cabe indicar que en ALC las poblaciones de las razas Criollas han evolucionado en diferentes zonas agroecológicas en sistemas de producción con manejo tradicional, y debido a la percepción de que son poco productivas, están siendo paulatinamente sustituidas por genotipos exóticos, esta percepción posiblemente es errónea en condiciones sanitarias y de alimentación limitadas, así como en condiciones climáticas extremas, desafortunadamente, con frecuencia los estudios que comparan a las razas Criollas con exóticas sólo consideran pocas variables productivas, y no las del ciclo productivo completo de los animales como son: supervivencia, tasa reproductiva, longevidad, y más específicamente costos de mantenimiento en condiciones de producción adversas (Núñez-Domínguez, Ramírez-Valverde, Saavedra-Jiménez, & García-Muñiz, 2016), considerando que la adaptación de los recursos zoogenéticos a determinadas condiciones agroclimáticas, de manejo y de mercado, es la base para el desarrollo de sistemas de producción sostenibles; particularmente importantes en ambientes adversos con grandes variaciones ambientales a través del año, como lo son la gran mayoría de los sistemas de producción en regiones tropicales o áridas de ALC. Entre los factores que determinan la adaptación de los animales están la tolerancia al calor, la habilidad para aprovechar forrajes de baja calidad, y el potencial de sobrevivir en presencia de plagas y enfermedades (Núñez-Domínguez et al., 2016).

Las razas locales de animales domésticos están amenazadas y se extinguen a un ritmo acelerado, debido a cruzamientos con animales llamados ‘especializados’ que diluyen el material genético original y que le hacen perder sus valiosas características de rusticidad, resistencia a enfermedades, adaptabilidad y resiliencia (Perezgrovas-Garza, 2016).

Las recomendaciones de la Organización de las Naciones Unidas, a partir de la firma de la Agenda 21 en Río de Janeiro en 1992, proponen estudiar estas poblaciones localmente adaptadas y protegerlas hasta que su potencial sea evaluado de manera sistemática.

Una breve revisión de la literatura hace evidente que en las últimas dos décadas ha resurgido a nivel global la discusión sobre el tema de la conservación de los recursos genéticos, tanto animales como vegetales; esto es una consecuencia del incremento en la percepción mundial de los efectos del cambio climático, que va acompañado por una creciente desertificación, aumento en los niveles medios de los océanos y la extinción de un gran número de especies, razas y variedades. La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) ha denunciado con cierto grado de alarma la extinción de al menos una raza de animales domésticos cada mes, lo cual viene sucediendo de manera ininterrumpida a partir del año 2002, situación que se volverá todavía más problemática en el corto plazo debido a los efectos de las modificaciones ambientales y la emergencia de nuevas enfermedades; la dilución de las razas locales a causa de cruzamientos es uno de los focos rojos señalados por la FAO, que está preocupada por esta pérdida genética que impide su estudio y la evaluación de su verdadero potencial (FAO, (2007)).

3.17.3.- La importancia de los recursos zoogenéticos criollos

Las principales especies pecuarias procedentes de la península Ibérica, han evolucionado por 500 años en ambientes diversos y adversos, lo que sugiere que los animales Criollos poseen genes para adaptación en frecuencias distintas a las de razas exóticas (Dancause et al., 2011), a la vez los animales domésticos de cría son fundamentales para la alimentación y la agricultura; a ellos se debe un alto por ciento del valor económico global del sector agrícola, unos dos mil millones de personas dependen, al menos parcialmente, de animales de cría para su mantenimiento. La producción de carne, leche y huevos deberá más que duplicarse durante los próximos 20 años para hacer frente a las necesidades alimentarias de la población mundial en aumento.

La obtención animal es también de vital importancia por cuanto se refiere a los alimentos y los subproductos que este ofrece, el estiércol empleado como fertilizante y combustible, a la fuerza de tiro, o al empleo de fibras, cuero y piel para vestirse (Izquierdo, Córdova-Jiménez, Córdova-Jiménez, & Liera, 2007), indicando las estadísticas demográficas indica que en el año 2050 la población humana en el mundo alcanzará los 9600 millones, uno de los retos más angustiosos en la actualidad (GAP Report® 2013). Lo que de antea impone una mayor presión sobre los

recursos naturales, pues habrá que incrementar la producción de alimentos con la misma o menor área agrícola, atendiendo los nuevos retos que ha impuesto la sociedad como bienestar animal, inocuidad de los productos alimenticios y reducción de contaminantes. Entre los efectos esperados del cambio climático están la aparición de plagas y enfermedades, la escasez o abundancia de agua, la cantidad y calidad de los forrajes, el estrés por calor, y la reducción de la biodiversidad (Thornton, van de Steeg, Notenbaert, & Herrero, 2009); todos estos factores deberán considerarse para la conservación y uso sostenible de los recursos zoogenéticos.

Para abastecer las demandas en productos de origen animal, los sistemas de producción se han ido intensificando y cada vez utilizan un menor número de razas. En muchas especies, los recursos genéticos locales se han cruzado de manera indiscriminada con razas exóticas, provocando la reducción o extinción de razas locales adaptadas o nativas lo que fundamenta los datos del primer informe mundial sobre la situación de los recursos zoogenéticos, más de 90 % de la producción agropecuaria mundial la aportan 15 especies, se reportaron 7616 razas de animales usadas para la alimentación y la agricultura, y una cuarta parte de ellas están en peligro de extinción (FAO, 2011).

Después de cinco siglos que arribaron al continente americano las principales especies pecuarias, muchas razas Criollas han evolucionado y se han adaptado en situaciones en ocasiones muy complejas y difíciles de desarrollarse llegando a mantenerse y producir siendo en muchos casos el sustento de la nutrición de grupo poblacionales, lo que sugiere que esos animales poseen genes para adaptación en frecuencias distintas a las de razas exóticas. Lo anterior, subraya la importancia de caracterizar, conservar y utilizar de manera sostenible la diversidad genética que por tantos años ha sido base para el sostenimiento de las formas de vida en comunidades rurales.

3.18.- GENÉTICA DE LA CONSERVACIÓN

3.18.1.- Diversidad genética

Durante muchos siglos, las razas de gallinas fueron seleccionadas por sus características morfológicas y apariencia. La mayor parte de las especies de aves de corral presentan gran variedad genética como consecuencia de las constantes actividades de selección (FAO, 2011).

La diversidad genética entendida como la destreza genética para variar, la capacidad de poblaciones a evolucionar en respuesta a tanto a los cambios medio ambientales como a

cambios en los objetivos de selección. La variabilidad genética constituye la base del progreso genético (Hubert de, Florence, & Jacqueline Vu Tien, 2000), (Frankham, Briscoe, & Ballou, 2002) (Frankham, Briscoe and Ballou 2002). La diversidad genética es uno de los tres niveles de diversidad biológica reconocidos por La Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN) como merecedores de conservación, (Frankham et al., 2002).

El principal factor involucrado en la pérdida de la diversidad genética y la endogamia es el tamaño pequeño de la población de especies naturalmente reproductoras. El muestreo de gametos que se produce en la reproducción de poblaciones finitas da como resultado la pérdida de alelos y un potencial evolutivo reducido. Las especies con poblaciones grandes tienen, en promedio, niveles más altos de diversidad genética; por ende las que se encuentran en peligro de extinción presentan tamaños de población pequeños, (Frankham et al., 2002).

La genética de la conservación, es una disciplina que se enfoca a la preservación de la diversidad genética sujeto a fragmentación, reducción en tamaño censal y todos los factores que le puedan afectar (Hedrick, 1999). Además se considera como una ciencia aplicada que utiliza herramientas moleculares para ayudar a resolver problemas en la conservación y el manejo de especies, siendo una especialidad interdisciplinaria en la que los científicos aplican el estudio de la genética junto con el trabajo de campo ecológico tradicional y otras técnicas para explorar la variación molecular, los límites de la población y las relaciones evolutivas con el objetivo proteger la biodiversidad e identificar poblaciones únicas.

Los principales métodos empleados para estudiar la genética de poblaciones han sido históricamente los microsatélites nucleares y el ADN mitocondrial (mt), que son marcadores que se han utilizado para evaluar la diversidad genética, sistemas de apareamiento, parentesco, parentesco y poblaciones genéticamente distintas para informar las decisiones de manejo. La secuenciación de ADN y ARN de próxima generación, el ADN ambiental (eDNA) y la epigenética, están empezando a aplicarse a la evolución, fisiología y ecología.

3.19.- TECNICAS DE LABORATORIO APLICADAS A GENÉTICA MOLECULAR (PCR)

En 1970 con el descubrimiento de las enzimas de restricción, endonucleasas y ligasas (Hoy, 2013), así como también la clonación de genes en plásmidos y fagos, y las técnicas de hibridación en filtro para ADN y ARN, conocidas como Southern y Northern blot, respectivamente; así como las invenciones de las técnicas de secuenciación química y

enzimática para el ADN (Kainz, 2000). En 1983 Kari Mullis desarrolló una técnica, llamada Reacción en Cadena Polimerasa (PCR) 2, que es reacción enzimática *in vitro* (Mullis, 1990), procedimiento utilizado para amplificar exponencialmente fragmentos específicos de ADN mediante el uso de una ADN polimerasa térmicamente estable (p. Ej., Ta q), mediante un conjunto único de cebadores oligonucleótidos que flanquean el fragmento de interés, durante varios ciclos repetidos (Herschhorn & Hizi, 2010), de desnaturalización y recaptación, que se realiza en un Termociclador automatizado (Frankham et al., 2002; Y. C. Li et al., 2000).

La reacción aprovecha la actividad de la enzima ADN polimerasa que tiene la capacidad de sintetizar naturalmente el ADN en las células. En la reacción, si usamos como sustrato ADN genómico, entonces típicamente hablamos de una PCR, pero si usamos ADN complementario (ADNc) proveniente del ARNm (ácido ribonucleico mensajero) se le conoce como RT-PCR (Reverse Transcription-PCR, por sus siglas en inglés).

Esta conversión se logra mediante una reacción conocida como transcripción reversa y controlada por la enzima transcriptasa reversa, capaz de convertir el ARNm en una molécula de ADNc (Herschhorn & Hizi, 2010). Este proceso en el cual se obtienen millones de copias de secuencias de ADN, no demora más que un par de horas 3, cuya característica es ser sensible y específica con tan sólo una molécula, como sustrato para la reacción al ADN, se puede utilizar productos biológicos como tejidos impregnados en parafina, semen recuperado, lavados bronquiales, exudados de mucosas, raíces de cabellos o cejas, sangre, extendidos citológicos, etc.; muchas veces basta una simple ebullición de la muestra para lizar, liberar y de paso desnaturalizar el ADN, dejándolo listo para la reacción 2. La técnica tiene tres etapas principales: desnaturalización, hibridación y extensión (Gorelenkov, Antipov, Lejnine, Daraselia, & Yuryev, 2001).

Con el descubrimiento de la técnica de laboratorio Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), en los años 80 que amplifica tramos especificados de ADN a concentraciones utilizables (Jarne & Lagoda, 1996), se han realizado varias investigaciones relacionadas a variación de la secuencia del ADN utilizadas tanto en humanos como en animales. En los últimos 10 años se han desarrollado y mejorado varios marcadores moleculares como SNP's (Morin, Luikart, Wayne, & the, 2004), microsátélites (Jarne & Lagoda, 1996), diseñados para investigar temas sobre caracterización y diversidad genética de poblaciones como razas de animales domésticos), éste desarrollo va de la mano con la implementación de paquetes estadísticos fáciles de usar, que brindan una mayor automatización de la secuenciación y otras herramientas asociadas con análisis genético (Luikart & England, 1999; Sunnucks, 2000).

El genoma completo de las aves se secuenció en su totalidad en 2004 (Wong et al., 2004), según los análisis del genoma mitocondrial (Pisenti et al., 1999), mediante marcadores SNP (Harumi et al., 2004) se ha determinado, que tan sólo existe 11 sitios variables en la región D-loop; cinco de los cuales ocurren entre los sitios 217 y 261 (Desjardins & Morais, 1990); siendo la región óptima para la amplificación de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR).

3.20.- POLIMORFISMO

Los polimorfismos son variantes del genoma que surgen por mutaciones en algunos individuos, se transmiten a la descendencia y adquieren cierta frecuencia en la población tras múltiples generaciones (Iniesta, Guinó, & Moreno, 2005), es la materia prima para el cambio evolutivo, la cantidad y el patrón de variación genética dentro de la población y las especies han sido objeto de investigación científica.

En las poblaciones que se reproducen de manera sexual, la mayoría de las variaciones fenotípicas son continuas, es decir, los caracteres se diferencian entre sí, ya sea en la forma, color, etc. (Iniesta et al., 2005; R. S. Singh & Uyenoyama, 2004). Una de las ventajas es que el análisis de los polimorfismos genéticos, permite identificar genes que confieren susceptibilidad a presentar enfermedades (Iniesta et al. 2005).

Un polimorfismo se caracteriza porque diferentes individuos presentan distintos nucleótidos o variantes en una posición concreta del genoma, que se denomina locus. A cada posible variante se le denomina alelo (Iniesta et al., 2005).

3.21.- MINISATÉLITES, ADN REPETITIVO

Los genomas eucariotas contienen mucho más ADN del que se necesita para codificar proteínas, diferentes ARN y secuencias reguladoras. Las secuencias de ADN repetitivas no codificantes que pueden explicar grandes fracciones de los genomas componen este ADN "adicional" (Capy, 1998).

En los genomas de las eucariotas se ha descrito desde los años 70, la existencia de elementos simples repetitivos, los cuales son los loci de microsátélites, aunque se destacó el gran número y la distribución casi ubicua de tales secuencias a través de eucariotas (Hamada, Petrino, & Kakunaga, 1982). Lo que fue confirmado en 1984, donde se encontró cientos de copias de poli (dT-dG), secuencias en levadura y decenas de miles en vertebrados, quienes hibridaron

sistemáticamente diferentes secuencias simples con ADN genómico de una variedad de organismos y encontraron muchos tipos de secuencias simples agrupadas en tándem (di-, tri, or tetra-nucleotidos) (Diethard Tautz & Renz, 1984).

Además se demostró que secuencias repetitivas, aparecen en el genoma y varían dentro y entre las especies. Lo que indicó que la replicación es el principal mecanismo genómico involucrado en la transmisión de secuencias complejas de microsatélites (Diethard Tautz & Renz, 1984). En 1985, tras el descubrimiento de repeticiones en tándem hipervariables en el genoma humano, que contenían unidades de repetición más largas denominadas minisatélites, utilizado para la identificación mediante huella dactilar, condujo al uso generalizado de secuencias repetitivas para la identificación individual, pruebas de paternidad y mapeo del genoma.

El ADN repetitivo se puede clasificar en dos grupos según la estructura (Britten & Kohne, 1968), es decir según su organización primaria, consecuencia de sus modos de amplificación: tándem o intercalado (Capy, 1998). Las repeticiones en tándem son grupos de unidades de secuencia individuales que son adyacentes entre sí y se organizan como repeticiones directas (cabeza a cola) o repeticiones invertidas (cabeza a cabeza y cola a cola) (Britten & Kohne, 1968).

Se encuentra presente en todos los genomas eucariotas y generalmente se encuentra en un mayor número de copias que en los elementos transponibles. Se reconocen tres clases distintas con diferentes longitudes, propiedades y distribuciones genómicas. El micro y minisatélites que son secuencias cortas, organizadas en tándem. Los tamaños de las unidades de repetición son de 1 a 5 pares de bases para microsatélites y hasta 100 pares de bases para minisatélites. El tamaño de la matriz para ambos tipos es de 10 a 100 unidades de repetición. Las matrices de mini y microsatélites se dispersan por todo el genoma, pero los minisatélites también se localizan en regiones subteloméricas (Y. C. Li et al., 2000). La tercera clase de ADN dispuesta en tándem se denominó ADN satélite (satDNA) porque se diferenció claramente del resto del ADN genómico en los primeros experimentos de separación por gradientes de densidad. El ADN satelital es altamente repetitivo: puede estar presente en hasta varios millones de copias en un genoma y varias familias no relacionadas de satDNA pueden coexistir en el mismo organismo (Jobse et al., 1995).

Los SatDNA son el componente principal de la heterocromatina, que se encuentra específicamente en las ubicaciones pericentroméricas y subteloméricas de los cromosomas. Además, se puede encontrar heterocromatina que ocupa los loci intersticiales de los

cromosomas en posiciones específicas de los brazos cromosómicos entre las regiones subtelomérica y pericentromérica, especialmente en invertebrados y plantas.

Además, la heterocromatina también puede encontrarse en cromosomas específicos como los cromosomas sexuales los cromosomas supernumerarios o en regiones particulares de un cromosoma particular (ver más abajo). SatDNA es también un elemento generalizado de los centrómeros de nucleación. Sin embargo, además del ADN sat, la heterocromatina y los centrómeros también pueden estar ocupados por TE (Aranguren-Méndez, Román-Bravo, Isea, Villasmil, & Jordana, 2005)

Además, las repeticiones de secuencia simple (SSR, por sus siglas en inglés) (también conocidas como repeticiones en tándem individuales, STR, microsatélites) y minisatélites se encuentran comúnmente formando la heterocromatina pericentromérica y subtelomérica (Aranguren-Méndez et al., 2005).

Las repeticiones intercaladas carecen de estructura iterada, están dispersas por todo el genoma y no están adyacentes (Britten & Kohne, 1968). Generalmente se los conoce como elementos transponibles (o elementos genéticos móviles) debido a su capacidad de "saltar" a diferentes ubicaciones genómicas (transposición) (Capy, 1998). La importancia evolutiva de los elementos transponibles se basa en su capacidad para producir mutaciones al integrarse en sitios genómicos (Capy, 1998; McDonald, 1995) La integración de tales elementos puede producir cambios en el patrón de expresión de los genes huésped. El elemento transponible puede silenciar un gen al interrumpir sus secuencias de codificación o reguladoras.

Las secuencias reguladoras transportadas por el elemento transponible también pueden anular el patrón de expresión normal del gen, provocando cambios en el nivel de expresión, el tiempo y / o la especificidad del tejido (McDonald, 1995; Stavenhagen & Robins, 1988). El ADN repetitivo también se puede clasificar por el nivel de repetición: altamente repetitivo o medio repetitivo. Estas dos fracciones se distinguieron inicialmente por sus tasas de reasociación diferencial (valores C_0t) después de la fusión a alta temperatura, con secuencias altamente repetitivas, como telómeros y ADN satelital, que se vuelven a sellar más rápidamente que el ADN moderadamente repetitivo, como los retrotransposones y los genes de ADN_r (Britten & Kohne, 1968).

3.22.- MARCADORES MOLECULARES

Las técnicas genéticas moleculares proporcionan herramientas cruciales que permite a los científicos manipular ADN de los organismos vivos, para estudios de genética de poblaciones

en poblaciones naturales y de laboratorio. El análisis de proteínas, el ADN nuclear o mitocondrial y el ARN mensajero se pueden usar para responder preguntas ecológicas a nivel individual, de la población o del ecosistema. Los análisis de ADN pueden identificar biotipos, especies emparentadas, determinar la paternidad o si se produce hibridación o introgresión, y proporcionar información sobre los efectos fundadores, la estructura genética de la población, el flujo de genes, la endogamia, los cuellos de botella genéticos, la dispersión, la depredación y la intensidad de la selección. Varias técnicas de ingeniería genética dependen de la habilidad de cortar las moléculas de ADN para ser replicado para su estudio y manipulación.

Las técnicas para el monitoreo y la obtención de los resultados para cada manipulación fueron desarrollados como un recurso para poder identificar pequeñas modificaciones de bases simples de ADN. La biología molecular moderna en la actualidad se facilita con el uso de kits comerciales que son esenciales para aislar ADN y plásmidos y extraer ARN (Hoy, 2013).

Dentro de las principales aplicaciones de los marcadores moleculares de ADN, es evaluar estrategias de manejo de poblaciones, como los efectos de introducción de individuos externos en poblaciones nativas (Madsen, Shine, Olsson, & Wittzell, 1999; Westemeier et al., 1998). Si se plantea un plan de recuperación de cierta población, los análisis genéticos pueden ayudar a determinar la o las poblaciones que deberían utilizar como reservas de origen genético (Madsen et al., 1999; Westemeier et al., 1998), es decir selección de los padres adecuados para la generación de heterosis (Collard & Mackill, 2008), para mantener la diversidad genética de la población y cuáles deberían mantenerse como unidades genéticas (Collard & Mackill, 2008; Leberg, 1993; Maudet, Luikart, & Taberlet, 2002), la disminución del número de generaciones de retrocruzamiento en proyectos de introgresión de genes (Collard & Mackill, 2008). Tabla 1.

Tabla 1. Resumen de Marcadores Moleculares

Tipo de Marcador	Acrónimo	Alias	Requiere	Principal uso
Polimorfismo de base única	SNP's		ADN clonado, secuencias, etc.	Mapas de ligamiento
Polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción	RFLP		ADN clonado usualmente	Mapas de ligamiento
Secuencias repetidas cortas	SSR	Macrosatélites	ADN clonado y secuencias	Mapas de ligamiento

Tipo de Marcador	Acrónimo	Alias	Requiere	Principal uso
Secuencias de sitios marcados	STS		Secuencias de ADN	Mapas físicos
Secuencias expresadas marcadas	EST	Subset de SIS	Secuencias de ADN	Mapeos físicos y de ligamiento
Polimorfismo Amplificado Aleatoriamente	RAPD			

3.23.- IMPORTANCIA DE LOS MARCADORES MOLECULARES

Los antropólogos y arqueólogos, han estudiado la historia evolutiva y demográfica de humanos y animales que se han domesticado, hoy en día dichos estos estudios se están llevando a cabo mediante la utilización de genética molecular, para identificar antepasados silvestres; y como éstos se han difundido y adaptado a lo largo del tiempo y espacio geográfico (Salamini, Heun, Brandolini, Özkan, & Wunder, 2004).

Los estudios genéticos mediante la aplicación de marcadores moleculares que en la actualidad se realizan, han revelado los procesos complejos que han dado paso a la domesticación (Machugh, Loftus, Bradley, Sharp, & Cunningham, 1994) de todo tipo de ganado a nivel mundial. Si se compara las secuencias de ADN mitocondrial y nuclear (Microsatélites) de las razas modernas (mejoradas) con sus ancestros potenciales, salvajes y domésticos, se ha obtenido nuevos conocimientos sobre los eventos y lugares donde se originó la domesticación de animales de consumo, existiendo diversidad de territorios en donde se ocasionaron, y de sobre manera los factores que podrían cambiar el enfoque y visión de la conservación de los recursos de biodiversidad del ganado (Bruford, Bradley, & Luikart, 2003).

En la actualidad los marcadores moleculares en especial los microsatélites, se hicieron cada vez más útiles, rentables y generalizados a medida que se perfeccionaban los protocolos y la tecnología, los métodos genéticos proporcionan información confiable, de manera especial en circunstancias en las que las orientaciones más tradicionales son inadecuadas para abordar preguntas clave o para probar hipótesis. Es necesario mencionar que los datos genéticos serán más valiosos cuando sean combinados con información complementaria como comportamiento, demográfica, espacial, etc. (DeYoung & Honeycutt, 2005).

3.24.- MICROSATÉLITES

Los microsatélites de ADN, son marcadores moleculares localizados en regiones no codificantes de ADN, compuestos por secuencias de 1 a 6 nucleótidos repetidas en tándem entre 10 y 30 veces (Fries, Eggen, & Stranzinger, 1990; D. B. Goldstein & Pollock, 1997) que se producen en los genomas de la mayoría de los eucariotas (Amos, Schlotterer, & Tautz, 1993; Litt & Luty, 1989; Diethard Tautz & Renz, 1984; Weber & May, 1989), como las repeticiones de polidinucleótidos (por ejemplo, ACACAC ...), que se heredan de forma codominante.

El número de repeticiones varía entre los alelos, existen miles de loci de microsatélites en todos los genomas; (MacHugh, Shriver, Loftus, Cunningham, & Bradley, 1997); sirven como herramienta genética, útil para determinar diversidad y caracterización desde las más amplias a las más específicas del individuo, (Delehanty & et al., 1995; Longmire et al., 1993), además establecer parentesco (Amos et al., 1993; Kellogg Karen, Markert Jeffrey, Stauffer Jay, & Kocher Thomas, 1995; McDonald, 1995; C. R. Primmer, Moller, & Ellegren, 1997), estructura genética de las poblaciones (Bowcock et al., 1994; Estoup, Garnery, Solignac, & Cornuet, 1995; Gibbs, Brooke, & Davies, 1996; Paetkau & Strobeck, 1994; Taylor, Sherwin, & Wayne, 1994), y comparaciones entre especies (Roy, Girman, Taylor, & Wayne, 1994); han formado la base de la mayoría de los mapas genéticos, útiles para caracterizar la diversidad dentro de las poblaciones y razas de ganado (Machugh et al., 1994).

Dentro de las ventajas se puede citar que es técnica y analítica (C. R. Primmer, Borge, Lindell, & Saetre, 2002), además que en la actualidad se han desarrollado cientos de loci de microsatélites para muchas especies, en especial para su uso en el mapeo de rasgos genéticos de interés científico o económico en humanos, animales y plantas tanto de laboratorio y domesticados; como desventaja tenemos que no siempre cumplen el equilibrio entre la deriva, la mutación y la migración (Amos et al., 1993; Fleischer, 1996; D. Tautz, 1989), indica que los microsatélites es ADN repetitivo entremezclado representado por repeticiones cortas en tándem (di-, tri- o tetra-nucleótido) flanqueadas por secuencias únicas y distribuidas a lo largo de los genomas de los eucariotas. Estos marcadores muestran altos niveles de polimorfismo. Se cree que la variación en los loci de microsatélites es el resultado de un error de apareamiento de la cadena de deslizamiento, un proceso que agrega o elimina unidades repetidas durante la replicación del ADN, lo que resulta en una tasa de mutación muy elevada (aproximadamente 10^{-3} a 10^{-4} por generación) en comparación con otros loci neutros (Levinson & Gutman, 1987; Schlotterer & Tautz, 1992). Todavía no se tiene claro el significado funcional de las secuencias tandem, la hipótesis más aceptada es que pueden estar relacionadas con el

empaquetamiento y la condensación del ADN en los cromosomas (Vanhala, Tuiskula-Haavisto, Elo, Vilkki, & Maki-Tanila, 1998).

La variación entre los alelos de microsatélites se evalúa midiendo las diferencias en la longitud de la secuencia repetida (mediante electroforesis de fragmentos amplificados por PCR) que resultan de la adición o eliminación de unidades repetidas. La alta tasa general de mutación en los loci de microsatélites da como resultado altos niveles de polimorfismo, lo que hace que estos marcadores moleculares sean ideales para los estudios de la estructura genética de la población, la relación genética, los patrones de flujo genético, la deriva genética y el tamaño de la población. Las estimaciones de heterocigosidad en los loci de los microsatélites son 10 veces más altas que la heterocigosidad detectada por electroforesis de proteínas en especies de grandes mamíferos (Slamovits & Rossi, 2002).

Una considerable investigación teórica ha centrado en el desarrollo de modelos conceptuales apropiados para el proceso de mutación de microsatélites, que resulta en el desarrollo de varios algoritmos para estimar la divergencia genética y el flujo de genes (Bowcock et al., 1994; D. B. Goldstein, Ruiz Linares, Cavalli-Sforza, & Feldman, 1995; Shriver et al., 1995). Como resultado, los microsatélites se han convertido en el marcador genético de elección para los estudios de variación intraespecífica (D. B Goldstein, 1999).

Genescan Analysis y Genotyper son programas que se emplean para obtener la fórmula genotípica de los individuos analizados. Los diferentes alelos se nombran según la nomenclatura determinada y consensuada internacionalmente por la International Society of Animal Genetics (ISAG) (ISAG, 2012). Con el genotipado se obtiene la fórmula genética de cada uno de los animales analizados.

Los microsatélites según el tipo de repetición o tándem en las secuencias según (Oliveira et al. 2006) se clasifican en:

- Microsatélites perfectos, las secuencias repetidas no son interrumpidas por ninguna base que no pertenezca a las mismas, como por ejemplo: GAGAGAGAGAGA.
- Microsatélites imperfectos, existen bases entre las secuencias repetidas que no coincide con la misma, TATATATGTTATATATA.
- Microsatélites interrumpidos, se observa una pequeña secuencia que no se corresponde con las repeticiones, CGCGCGCGTAGCCG.
- Microsatélites compuestos, contienen dos secuencias distintivas adyacentes, CGCGCGCGTATATATATATA.

Los microsatélites tienen tres usos principales en los estudios de domesticación.

- 1) Cuantificar la variación genética dentro y entre las poblaciones o razas de ganado (Diez-Tascon, Littlejohn, Almeida, & Crawford, 2000).
- 2) Permiten conocer la mezcla genética entre poblaciones de ganado (MacHugh et al., 1997).
- 3) Los datos de microsatélites se pueden usar para asignar individuos a grupos genéticamente similares en la población, la raza o los niveles de especies (Maudet et al., 2002).



Figura 11. a,b. Microsatélites, ejemplo de un di-nucleótido A-C(n) y ADN m
Fuente: Bioline International Official Site (site up-dated regularly)

3.24.1.- Aplicaciones de los microsatélites

3.24.1.1.- Identificación individual y pruebas de paternidades

El método consiste en comparar el genotipo y/o fenotipo de la descendencia con el de sus progenitores, debido a que uno de los alelos que presenta un individuo proviene del padre y el otro de la madre. Se han reconocido internacionalmente siete sistemas de grupos sanguíneos y 16 polimorfismos bioquímicos que se utilizan de manera rutinaria a nivel mundial, como herramientas oficiales para la prueba de paternidad (ISAG, International Society of Animal Genetics). Ésta combinación proporciona un 97% de probabilidad de detectar o asignar uno de los dos progenitores incorrectos y cerca del 100% de probabilidad para un cruzamiento entre individuos de otras razas (Aranguren-Méndez et al., 2005; A. T. Bowling, 2001; Ann Trommershausen Bowling & Clark, 1985).

3.24.1.2.- Mapas genéticos y genómica comparativa

Es una herramienta de utilidad que sirve para identificar genes que son de caracteres de interés; busca asociación entre varios alelos, en cualquiera de los marcadores, separando en poblaciones

que presentan el carácter de interés, para identificar regiones del genoma donde es más probable que se encuentre el gen responsable de ese carácter (H. H. Cheng et al., 1995).

3.24.1.3.- Estudios de genética poblacional

Estima niveles de variabilidad, relaciones genéticas dentro de las poblaciones, evaluaciones de la diversidad genética y de la consanguinidad existente en poblaciones de animales domésticos en peligro de desaparecer; además que se utiliza para el estudio de filogenia (Aranguren-Méndez et al., 2005; Farid, O'Reilly, Dollard, & Kelsey Jr, 2000; Ishida et al., 1994; Saitbekova, Gaillard, Obexer-Ruff, & Dolf, 1999; Takezaki & Nei, 1996). Además estima distancias genéticas entre poblaciones o entre individuos (Bowcock et al., 1994; Ponsuksill, Wimmers, Schmoll, Horst, & Schellander, 1999) y estructura de la población.

3.24.1.4.- Mutación, alelos nulos y homoplasia en los microsatelites

Es necesario considerar factores que intervienen y disminuyen la sensibilidad de dichos marcadores, incrementando las probabilidades de error en los estudios genéticos. Siendo patrón de mutación, los alelos nulos y la homoplasia.

Mutación: Las mutaciones son variaciones del material genético, que contienen desde simples sustituciones de un solo nucleótido hasta las deleciones o inserciones de uno o más nucleótidos. Por lo general las mutaciones en animales no son observables en el fenotipo, ya que, ocurren en regiones no codificantes (mutaciones silentes). Las regiones o secuencias codificantes exponen una baja tasa de mutación que se ve reflejada en la reducida variabilidad existente dentro de especies y el alto grado de conservación que presentan estas regiones entre especies (Bowcock et al., 1994; Eisen, 1999; D. B Goldstein, 1999; Weber & May, 1989).

Alelos Nulos: Son aquellos que no pueden ser amplificados por PCR, debido a una mutación en el punto de hibridación del iniciador. Uno de los alelos no amplifica y por lo tanto el individuo es descrito como homocigoto para el otro alelo (Dawson, Gibbs, Hobson, & Yezerinac, 1997). Es difícil de detectar cuando su frecuencia en la población es baja y cuando no se dispone de información genealógica fiable. Otra manera para detectar la presencia de alelos nulos sería a partir del cálculo del déficit de heterocigotos para el equilibrio Hardy-Weinberg (Dawson et al., 1997; Nesamvuni, Mulaudzi, Ramanyimi, & Taylor, 2000).

Homoplasia: Es el hecho de que un mismo carácter, presente en dos especies, no siempre ha derivado del mismo carácter ancestral. Dos alelos son homoplásicos cuando poseen un estado idéntico, aunque no sea por descendencia (Estoup et al., 1995); así también cuando dos alelos

tienen el mismo tamaño (pb) pero no es debida a que sean idénticos. Se toma como idénticos por tener el mismo tamaño pero intrínsecamente existen claras diferencias en cuanto a su estructura, presencia de inserciones y/o deleciones, cambios de bases o variaciones en la región flanqueante (Craig R. Primmer & Ellegren, 1998; Diethard Tautz & Schlötterer, 1994).

3.24.2.- Como técnica molecular

Los microsatélites son regiones no codificantes de ADN compuestas por moléculas de 1 a 6 nucleótidos repetidas en tándem (Fries et al., 1990; D. B. Goldstein & Pollock, 1997) que se producen en todo el genoma de las eucariotas. Una característica clave de esta clase de ADN repetitivo es un nivel extraordinariamente alto de variación entre los taxones, expresado principalmente como un número de copia variable de repeticiones en tándem. Se describieron una multitud de técnicas que explotan la variabilidad de microsatélites como marcadores moleculares.

Básicamente, estos enfoques se pueden clasificar en cuatro estrategias experimentales diferentes.

Los oligonucleótidos complementarios a los microsatélites se utilizan como sondas de hibridación para la obtención de huellas dactilares RFLP multilocus.

Los oligonucleótidos complementarios de microsatélites sirven como cebadores de PCR, ya sea solos o en combinación con cebadores arbitrarios, para amplificar ciertas regiones del ADN genómico.

Los motivos de microsatélites (no) marcados radiactivamente se hibridan con fragmentos RAPD resueltos electroforéticamente, lo que resulta en patrones de bandas nuevos e inesperados en los autorradiogramas.

La variación de la longitud de los loci microsatélite individuales se analiza mediante PCR con un par de cebadores flanqueantes específicos del locus.

El desarrollo de loci de microsatélites para una nueva especie requiere que uno construya una biblioteca genómica, evalúe la biblioteca en busca de clones que tengan una o más repeticiones tándem, secuencie los clones y desarrolle cebadores de PCR que amplifiquen la repetición tándem. Cada uno de estos pasos es relativamente rutinario y uno debería poder desarrollar numerosos loci de microsatélites en unos pocos meses. Sin embargo, existen numerosos escollos potenciales para el primer usuario. Las técnicas básicas se han publicado (Ashley & Dow, 1994; Schlötterer & Pemberton, 1994; Diethard Tautz & Schlötterer, 1994).

La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) en colaboración con la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG), formuló directrices para realizar análisis de caracterización genética molecular, mediante la implementación de “medición de la diversidad animal doméstica” (MoDAD), en la que se puso a disposición paneles de marcadores microsatélite para nueve especies ganaderas comunes (FAO, 1993).

3.24.3.- Rango de escalas

Según (MacHugh et al., 1997), describe el rango de escalas que consideramos apropiadas al usar microsatélites como marcadores genéticos Tabla 2.

Tabla 2. Rango de escalas de utilidad de los microsatélites

Nivel de organización	Objeto	Problemas potenciales
Entre genes	Determinación de sexo	Necesita locus en el cromosoma sexual
Entre individuos	Mapeo de genes Parentesco	Linaje Alelos nulos, intergeneracional, mutaciones
Entre poblaciones	Relación – paridad Subdivisión de poblaciones Filogeografía	Alelos nulos, falta de genealogías Tasas de mutación variable, variable importante de la deriva Homoplasia, alta tasa de mutación, divergencia no lineal
Entre especies	Filogenia de grano fino	Homoplasia, alta tasa de mutación, divergencia no lineal
Entre los taxones mas altos	Filogenia por gen arreglo	Homoplasia, no linealidad.

3.24.4.- Aplicación de los microsateletes en aves para la conservación

La tendencia a la producción intensiva de carne y huevos de gallina, para la seguridad alimentaria, ha sido uno de los factores principales para seleccionar estipes y razas para la formación de líneas altamente productivas, y por ende introducirlas a nivel mundial, como consecuencia una reducción de la diversidad genética. La producción avícola actual, la cual incluye pollos de campo, líneas comerciales y experimentales, ha tomado un giro en cuanto a la cría en extensivo que asegure características organolépticas criollas, y bienestar animal

aplicado a una ganadería ecológica que se adapte a las zonas en las cuáles se desarrolle cada explotación.

Ésta sería una de las causas para dar la importancia adecuada a los recursos zoogenéticos de cada localidad, ya que son una fuente de variabilidad genética. En éste punto focal y como herramienta para ejecutar dicho objetivo, se plantea el uso de marcadores moleculares como microsatélites, que son los que mejor evidencias las diferencias en frecuencias alélicas entre poblaciones. Como aplicación en aves se puede citar, trabajos realizados en (Alvarez, Francesch, Eding, & Weigend, 2008); además estrategias de conservación diseñadas por la FAO; estudios de variabilidad genética y conservación por la Empresa ABC – Universidad de Córdoba, proyecto AVIANDIV. Por lo general los estudios se inician con Caracterización genética que incluye la recopilación de datos sobre el tamaño y la estructura de la población, distribución geográfica, sistemas de producción en los que se encuentra la raza, atributos faneroptícos (características físicas, niveles de rendimiento y cualquier característica que se torne importante a nivel de producción), el desarrollo histórico de la raza (cruzamiento, selección).

Mediante polimorfismos y bioquímicos y marcadores moleculares principalmente microsatélites (considerados la mejor herramienta para estudios de genética de poblaciones) 2 3 para analizar la variabilidad genética ya sea dentro o entre poblaciones y; obtener valores medios de consanguinidad, pruebas de paternidad e identificar individuos heterocigotos, además permiten cuantificar la relación entre las poblaciones y detectar introgresiones (Aranguren-Méndez et al., 2005)

Es importante diferenciar que la información genética que se obtienen es:

Razas estandarizadas

Líneas experimentales que vienen a ser comerciales

Aves criollas de cada sitio

Los marcadores moleculares contribuyen a definir la identidad de la raza, asignar individuos a su población de origen. Todos los resultados que se han obtenido proporcionan información completa de la variabilidad genómica y la estructura de la población de aves domésticas. Con la limitante que de no permite predecir el rendimiento productivo y que el monitoreo de los recursos genéticos de las aves de corral no siempre es una prioridad para ciertos países. Se

pueden proponer indicadores para la variabilidad tanto entre la población como dentro de ella (Aranguren-Méndez et al., 2005).

La FAO, tiene una tarea especial, en cuanto a la aplicación de las directrices sobre caracterización molecular, de tal manera que se ayude a los países a planificar e implementar planes de conservación de Recursos Zoogenéticos para la alimentación y la Agricultura (AnGR), los resultados expuestos brindará la información que contribuye al desarrollo de planes efectivos de uso sostenible y conservación de AnGR.

3.25.- ADN MITOCONDRIAL

Las mitocondrias son organelos intracelulares que se encuentran en el citoplasma celular. Es una molécula circular covalentemente cerrada de tamaño pequeño (16-20 kb), conformada por un total de 37 genes (13 ARN mensajeros, 2 ARN ribosomales, 22 ARN de transferencia); y una región conocida como la región control (1 Kb) o D-loop que controla la replicación y transcripción en la molécula, tiene una tasa excepcionalmente alta de sustitución y de polimorfismos en muchos taxones (Domínguez-Domínguez & Vázquez-Domínguez, 2009). El ADNmt tiene una serie de particularidades con respecto al ADN nuclear: sus genes no poseen intrones, las dos cadenas de ADN se denominan ligeras (L) y pesadas (H) siendo una rica en purinas y otra en pirimidinas, su herencia es exclusivamente vía materna, sin recombinación. El ADNm de los vertebrados es un ADN de doble cadena y bucle cerrado, que puede autorreplicarse y una herencia matrilineal (Van Bruggen E, 1966).

La utilización de genética molecular permite estimar un grado de aislamiento entre una población o grupo de poblaciones que admite un acceso más directo para el conocimiento de su legado evolutivo y la diferenciación intraespecífica heredable (Grant, Garcia-Marin, & Utter, 1999). Dentro de sus características se puede mencionar que es de evolución rápida, estructura molecular simple, alta tasa de sustitución nucleotídica, presenta herencia clonal matrilineal (herencia es exclusivamente vía materna), ausencia de recombinación, no es específico de tejidos y presenta una alta correspondencia en mamíferos y la mayoría de los otros vertebrados (Awise, 2012; Lan, Hu, Zhu, & Liu, 2017).

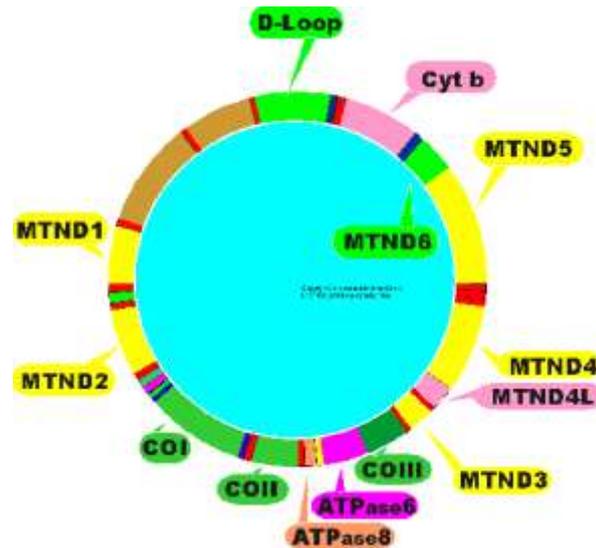


Figura 11b. ADNm ejemplo: mRNAs y proteínas mitocondriales

Fuente: <https://www.lab314.com/mitocondria/mapas/mRNAs.htm>

Por lo que es uno de los marcadores más utilizados para estudios de domesticación y relaciones filogenéticas; por sus características y funciones específicas, se conserva evolutivamente lo suficiente para permitir la identificación de la población ancestral que da origen a la población en estudio y distribución de los animales domésticos, es variable y está estructurado geográficamente, lo cual permite la localización aproximada del sitio de domesticación, evoluciona rápidamente a una tasa constante (Bruford et al., 2003). Una de las aplicaciones ha sido conocer la historia de la domesticación animal del ganado (Achilli et al., 2009; Achilli et al., 2008; Bonfiglio et al., 2010), perros (Pang et al., 2009), equinos y porcinos (Achilli et al., 2012; Wu & Kaiser, 2011). Además ha cobrado un papel preponderante en estudios de genética intraespecífica de especies con prioridades de manejo y conservación (Awise, 2012).

3.25.1.- ADN Mitocondrial de las aves

Los estudios de ADNm en aves se basan en secuencias de la región de control (parcial) (CR; D-loop: posición de nucleótidos 1–1232; NC_007235) y los genes de la proteína mitocondrial (Nishibori, Shimogiri, Hayashi, & Yasue, 2005b). La secuencia completa del genoma mitocondrial de la domesticación es de 16 kbp que contiene 13 genes proteincoding, 22 genes de tRNA, 2 genes de rRNA y 1 región de control (región D-loop) (Tzeng, Hui, Shen, & Huang, 1992). Las aves tienen una estructura especial en comparación con mamíferos y anfibios. La principal diferencia es que el codón de iniciación en las aves es GTG, mientras que el codón de

iniciación de mamífero es ATG; el sitio de inicio de la transcripción HSP es local en el 156 nt upstream de tRNA-Phe donde tiene un marco de lectura abierto (ORF) potencial que codifica un contenido de polipéptido de 26 aminoácidos (AA), mientras que el sitio de inicio de la transcripción HSP de mamíferos y anfibios es local en el 35 nt upstream de tRNAPhe; las mitocondrias de las aves presentan un promotor que puede transcribirse doblemente, (Broughton, Milam, & Roe, 2001; Chandel & Schumacker, 2000; Chang, Huang, & Lo, 1994; Xu et al., 2007).

En cada una de las razas de aves, el genoma mitocondrial presenta diferencias, de las cuales algunas de ellas recién han sido completadas sus secuencias, tal es así con (Desjardins & Morais, 1990), quien fue el primero en clonar y secuenciar el genoma mitocondrial de las aves de raza Leghorn con una longitud de 16.775 pb. (Bao, Zhao, Zhang, Li, & Wu, 2008) secuenciaron ADN mitocondrial (ADNmt) de aves Shouguang y Silky, que consisten en 16 784 pb y 16 785 pb de longitud, respectivamente, además del genoma mitocondrial de aves tibetanas que varía de 16 784 pb a 16 786 pb. (Yan et al., 2016) indicaron que la longitud total del genoma mitocondrial de aves Daweishan Mini era de 16 785 pb, (Xie et al., 2016) secuenciaron la secuencia del genoma mitocondrial de aves Cenxi con una longitud de 16 786 pb.

Por lo que podemos observar que la longitud de cada raza es diferente, lo que puede atribuirse al componente genético de cada una o la tecnología utilizada. Siendo necesario profundizar las investigaciones al secuenciar y comparar otros genomas de diversas razas de aves. LAN.

ADN mitocondrial y región D-Loop de origen de pollo doméstico de ADNmt posee una mayor tasa de evolución en comparación con el ADN genómico; fáciles de obtener, por lo que varias poblaciones locales de aves han sido evaluadas e identificadas sus orígenes geográficos (Fumihito et al., 1994; Liu et al., 2006; Y. W. Miao et al., 2013; Storey et al., 2007); de los cuales existen dos hipótesis diferentes. El primero fue el origen monofilético en el que una subespecie de aves de la selva roja (JF) (*G. g. Gallus*) fue el principal progenitor de todas las aves domésticas, cuyo evento de domesticación sería el sudeste asiático (Fumihito et al., 1994). El segundo sería el origen múltiple en el que las aves hubieran sido domesticadas desde múltiples sitios geográficos de origen en el sur y sudeste de Asia, lo que favorece los orígenes polifiléticos (Roy D. Crawford, 1990; Liu et al., 2006).

Es importante destaca que (Fumihito et al., 1994), fueron los primeros en realizar un estudio de genética molecular defendiendo un origen monofilético de las aves.

Los autores citados anteriormente establecieron secuencias de ADNmt de las regiones del bucle D para un total de 21 aves, de las cuales 12 muestras pertenecen a aves de la selva roja (*Gallus gallus*) que comprenden tres subespecies (seis *Gallus gallus gallus*, tres *Gallus gallus spadiceus* y tres *Gallus gallus bankiva*) y nueve representan diversas razas domésticas (*Gallus gallus domesticus*); el resultado indicó que las aves domésticas cuyo antepasado era la población continental de la subespecie de aves de la selva roja (*G. g. gallus* en el sudeste asiático) tienen un origen monofilético; y todas las razas domésticas pueden haberse originado de un solo evento de domesticación ocurrido en Tailandia y regiones contiguas.

En cuanto a la segunda hipótesis, (Liu et al., 2006) fueron los primeros en demostrar que varias subespecies de aves de la selva roja del sur y sudeste de Asia y sus alrededores estaban involucradas en la composición genética de aves modernas. Analizaron el segmento hipervariable de ADN mitocondrial I (HVS-I) en 834 pollos domésticos (*Gallus gallus domesticus*) en Eurasia, así como 66 aves salvajes de la selva roja (*Gallus gallus*) del sudeste asiático y China.

Los resultados sugirieron que toda la diversidad mitocondrial se encuentra dentro de nueve clados filogenéticos diferentes, que se han designado de A a I. La mayor variación genética y la similitud filogenética entre aves domésticas y aves de la selva observadas en el subcontinente asiático señalaron a ésta región como el centro de origen para los clados E, C y D; los diferentes clados pueden originarse en diferentes regiones, como Yunnan, el sur y el suroeste de China y / o áreas circundantes (es decir, Vietnam, Birmania y Tailandia), y el subcontinente indio, respectivamente, lo cual que favorecen la teoría de los orígenes múltiples en el sur y el sudeste de Asia.

Así también, (Oka et al., 2007) identificaron siete clados (llamados clados A – G) en pollos japoneses, de los cuales cuatro clados A, B, C y E son idénticos a los clados E, A, D y B de Liu, respectivamente. Se puede citar otros estudios realizados (Bhuiyan, Chen, Faruque, Bhuiyan, & Beja-Pereira, 2013; Galtier, Nabholz, Glémin, & Hurst, 2009; Y. W. Miao et al., 2013; F. C. Muchadeyi et al., 2008; Mwacharo et al., 2011; P. Silva et al., 2009; Storey et al., 2007), los cuales sugieren el origen múltiple del pollo doméstico en África Oriental (Mwacharo et al., 2011), Bangladesh (Bhuiyan et al., 2013), el borde del Océano Índico (Al-Qamashoui et al., 2014), sueco (Englund, Stromstedt, & Johansson, 2014); en Brasil, (Possamai, 2011) investigó dos linajes de gallinas caipiras, los resultados de este estudio revelaron un linaje 100% europeo que corresponde al haplogrupo E.

(Y. W. Miao et al., 2013), en estudios de genómica mitocondrial para aves domésticas, obtuvieron resultados, en los que definieron los haplogrupos como A – I y W – Z, incluidos los haplogrupos A – G, los cuales fueron definidos de manera previa con el bucle D. se observó que las distancias filogenéticas mitocondriales (D-loop y el genoma completo de Mt) revelaron algunos clados, lo que se prestó para revisar nuevamente los perfiles globales de ADNmt de las aves, facilitando de ésta manera la comprensión del establecimiento austronesio en el Pacífico.

Es importante destacar que (Thomson et al., 2014) secuenciaron el ADN de la región de control mitocondrial de 122 especímenes de pollo modernos y 22 antiguos de Polinesia e Isla del Sudeste Asiático. Sus resultados revelan que no hay evidencia de la dispersión polinesia de pollos a la América del Sur precolombina y encuentran conexiones entre aves en las islas Micronesia y Bismarck, pero no existe evidencia de que estuvieran implicados en dispersiones más al este. Además, (Xiang et al., 2014) revelaron antiguas secuencias de ADN mitocondrial de los primeros huesos arqueológicos de aves de China, que datan de 10 000 a. C., y sugirieron que el norte de China pudo haber ocurrido la domesticación más temprana de aves. Sin embargo (Peng, Shi, Yao, & Zhang, 2015; Xiang et al., 2014; Xiang, Hofreiter, & Zhao, 2015) indican que el asentamiento de las miles de islas de Micronesia, Polinesia y Melanesia Oriental que comenzaron hace unos 3500 años (Kirch, 2017) y continuaron hace tan solo 800 años (Hunt & Lipo, 2006), presentaron innumerables dificultades, incluido el transporte de animales domésticos y su mantenimiento en islas de tamaños y recursos ambientales muy variados.

Las secuencias de la región hipervariable (HVR) de ADN mitocondrial (ADNmt) de muestras de aves polinesias prehistóricas reflejan la dispersión de dos haplogrupos D y E por los pobladores del Pacífico. La distribución de estos haplogrupos de aves se ha manejado como un indicador del movimiento humano. Lo que proporciona nuevas opiniones sobre los orígenes, la historia y la adaptación de la domesticación y el movimiento humano. Por lo que se puede decir que las aves domésticas son de múltiples orígenes; el estudio de ADN mitocondrial proporciona conocimientos sobre el origen de las aves domésticas, y ayuda a comprender los fenómenos de migraciones humanas.

3.26.- CARACTERIZACIÓN GENÉTICA.

Para cuantificar la variabilidad genética, se han utilizado parámetros estadísticos como: Heterocigosis observada y esperada, frecuencias alélicas, contenido de información polimórfica, número medio de alelos y número efectivo de alelos.

3.26.1.- Heterocigosis

Representa una mejor medida de la variación genética, (Aranguren-Méndez et al., 2005). Se define como la frecuencia promedio de individuos de una población que ostentan dos alelos diferentes en un locus determinado. La heterocigocidad se estudia como Heterocigocis observada (H_o) y Heterocigocis esperada (H_e).

La H_o se obtiene por cómputo directo, dividiendo el número de individuos heterocigotos para cada locus por el total de individuos analizados. Su error estándar viene dado por la raíz cuadrada de la varianza y dependerá del número de locis estudiados y del tamaño de la muestra (Nei, 1973, 1977; Nei, Tajima, & Tatenno, 1983).

La H_e desde el punto de vista matemático, es la probabilidad que dos alelos seleccionados aleatoriamente sean diferentes en una población en equilibrio (Crow & Kimura, 1970). Es calificada como una medida más apropiada de la variación genética y conocida como índice de diversidad genética de Nei (Nei, 1977, 1987). Consiste en la probabilidad de que dos alelos seleccionados aleatoriamente sean diferentes en una población en equilibrio. Es conocida como índice de diversidad genética de Nei (Nei, 1977; Nei et al., 1983). La H_e es un buen estimador de la variabilidad, dado que se aplica a cualquier especie, independientemente de su estructura reproductiva o genética, por tanto se puede realizar comparaciones entre ellas (Zapata, 1987).

La H_e se calcula (Nei 1973):

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

$$H_e = 1 - \sum_{i=0}^n x_i^2$$

x_i : frecuencia del alelo i

k : número de alelos

Este estadístico es equivalente a la heterocigosis observada sólo en el caso de poblaciones en completo equilibrio.

La heterocigosis esperada corregida o no sesgada se calcula para cada combinación locus/población mediante la siguiente ecuación (Nei, 1973).

$$He = \frac{2n (1 - \sum_{i=0}^n x_i^2)}{(2n - 1)}$$

Nei y col. demostraron que el error estándar de la diversidad genética es menor cuando aumenta el número de loci empleados y que el tamaño de la muestra es menos crítico.

La heterocigosis en una población puede incrementarse principalmente por Migración (Ceccobelli et al. 2009). Y puede disminuir por factores como: tamaño pequeño de la población, aislamiento de la población, número reducido de fundadores, alta selección para la especialización y la cría en endogamia o consanguinidad (analizar de manera adicional con información sobre la estructura de la población, (Arranz, Bayón, & Primitivo, 1998; Azor et al., 2004).

Cuando una población se encuentra en absoluto equilibrio de Hardy Weinberg, la He y la Ho serán semejantes. El resultado varía de 0 a 1. El error es menor a medida que aumenta el número de locis empleados y el error causado por el tamaño de la muestra se ve reducido con el aumento de microsatélites (Nei, 1977). Viene dada por la ecuación 2 pq.

El cálculo de la He en la población puede realizarse a través de:

$He = 1 - S p_i^2$ siendo p_i^2 = (homocigocidad) o también su equivalente:

$He = S p_i (1 - p_i)$.

3.26.2.- Desviación Equilibrio Hardy –Weinberg (HWE)

Uno de los argumentos en contra de los postulados de Mendel, fue que los alelos recesivos pronto se perderían de una población en virtud de su recesión. Godfrey Hardy y Wilhelm Weinberg, demostraron de forma independiente ésta hipótesis, que se esperaba que las poblaciones al azar retengan la variación alélica mediante principios mendelianos simples a menos que alguna otra fuerza actúe sobre la variación (Clark, 2001).

Cuando el índice de fijación F es igual a cero se indica que la población está en equilibrio; mientras que si F es diferente de cero, ya sea en forma positiva o negativa, indicaría que existe un déficit o exceso de heterocigotos, respectivamente (Aranguren-Méndez et al., 2005).

El fundamento de la ley HWE se mantiene mientras:

El tamaño de la población sea grande,

El apareamiento sea aleatorio y;

La mutación, selección y migración sean insignificantes (Bronya J. B. Keats & Sherman, 2013).

Cuando la población se desvía de manera significativa de estas proporciones se habla de desequilibrio H-W, y se puede medir mediante el índice de fijación F (Sewall Wright, 1965), el cual se expresa para un locus cualquiera como: $F = (H_e - H_o) / (H_e)$, (Aranguren-Méndez et al., 2005).

Las causas por las que se produce desviación del HWE son:

- Apareamientos no producidos al azar.
- Existencia de subdivisiones dentro de la población.
- Coancestros (antepasados comunes).
- Selección natural.
- Migración o flujo de genes de poblaciones externas.
- Diferencias sexo-específicas en las frecuencias alélicas.
- Técnicas de muestreo incorrecto.
- Presencia de alelos nulos, (Hardy, 1908).

La ley de HWE, es un principio fundamental de la genética de poblaciones, que proporciona un modelo para calcular las frecuencias genotípicas de las frecuencias alélicas para una población de apareamiento aleatorio en equilibrio (B. J. B. Keats & Sherman, 2014)

En el caso de los microsatélites, que poseen un gran número de alelos el número de genotipos es muy elevado, cuando las frecuencias alélicas son muy bajas algunas frecuencias genotípicas pueden ser cero (Barro, 2016).

Para calcular si existen desviaciones del equilibrio Hardy- Weinberg, se compara los genotipos observados con los esperados dentro de una muestra; mediante el estadístico χ^2 , que sirve para detectar la divergencia de las frecuencias genotípicas para cada combinación locus/población. Un tamaño de muestra grande y número de alelos de cada locus pequeño, son necesarios para obtener resultados adecuados; problemas que pueden evitarse al usar programas informáticos como el GENEPOP (Goudet, 2001), que organiza una distribución sintética de la población a partir de los genotipos observados, como la simulación de Monte Carlo, que une alelos aleatoriamente en genotipos, realizando esta operación muchas veces (por ejemplo, 1.000

veces), produciendo una serie de nuevas poblaciones que son testadas para el HWE haciendo un cálculo de x^2 .

El número de veces que estos x^2 exceden el valor observado verifica la probabilidad de equivocarse al rechazar la hipótesis nula (no desviación del HWE). También se pueden usar algoritmos en cadena de Markov para un cálculo no sesgado de la probabilidad exacta (Raymond & Rousset, 1995). Es importante tomar en consideración que si hay más de cuatro alelos se utiliza la estimación no sesgada (Guo & Thompson, 1992).

3.26.3.- Número de alelos totales (N_a)

Intervalo de número de alelos por locus Se obtiene de manera directa de los alelos observados para cada locus. El intervalo indica el menor y mayor número de alelos por locus. El parámetro varía según el tamaño de la muestra y el número de marcadores analizados. Algunos estudios demuestran que el número de alelos totales no implica directamente una mayor diferenciación genética. Para conocer el grado de diversidad se requiere de más información sobre la estructura y el comportamiento de la población (Glowatzki-Mullis, Muntwyler, Bäumle, & Gaillard, 2009).

3.26.4.- Número medio de alelos por locus (NMA)

Se obtiene calculando el promedio de alelos por locus presente en una población. Se obtiene información complementaria junto con el polimorfismo (Kimura & Crow, 1964). Es uno de los más empleados en los estudios de diversidad genética de poblaciones, es importante indicar que depende del número de individuos analizados, ya que cuando el número es amplio, mayor es la probabilidad de detectar alelos suplementarios y variabilidad genética y viceversa (Aranguren-Méndez et al., 2005), su variabilidad condicionará la elección del microsatélite como marcador (Quiroz et al., 2007).

3.26.5.- Número efectivo de alelos (N_e)

Esta medida indica el número de alelos esperados en cada locus de una determinada población y está afectada por la proporción de loci polimórficos, el número de alelos por locus polimórfico, y las frecuencias alélicas y por ende por el tamaño de la muestra. El cálculo de este índice se realiza mediante la ecuación de (Kimura & Crow, 1964). Es necesario indicar que el uso de éste parámetro se ve limitado si existen variaciones por el tamaño de la muestra y el polimorfismo de los loci, pero si puede proporcionar información útil para establecer la estrategia del muestreo.

3.26.6.- Frecuencias Alélicas

Desde el punto de vista genético una población tiene la capacidad de transmitir caracteres de una generación a otra; durante el proceso la transmisión los genotipos de los progenitores se disocian y un nuevo grupo de genotipos se constituye en la progenie (D. S. Falconer, 1960).

La frecuencia genotípica es la frecuencia de cada uno de los genotipos posibles que aparecen en una población mendeliana. Mientras que la frecuencia alélica o génica se puede definir como el cociente de dividir el número de alelos iguales presentes, por el número total de alelos de la población. Se calcula por recuento de los alelos, asumiendo que la observación de un solo alelo representa la condición de homocigosis sin presencia de alelos nulos. Los cambios que se producen en las frecuencias alélicas son indicadores de la evolución de una población. Pueden ser cambios sistémicos hacia un mismo sentido y son debidos a mutaciones, migraciones o acciones de selección; pero también pueden ser dispersos, producidos al azar por deriva genética o endogamia (Glowatzki-Mullis et al., 2009; Gutiérrez-Espeleta, Kalinowski, Boyce, & Hedrick, 2000; Marmi, Parés, & Jordana, 2007; Young, Boyle, & Brown, 1996).

El error estándar del cálculo de las frecuencias disminuye a mayor tamaño de la muestra, pero se acerca a cero asintóticamente a partir de 30 individuos. Se puede considerar, por tanto, que un tamaño óptimo de muestra sería de 30 a 60 individuos (Lacadena, 1981).

3.26.7.- Contenido de Información Polimórfica (PIC)

Es un indicador de la calidad de un marcador, utilizada en estudios de cartografía génica (de segregación, de identificación y control de paternidad, de población), pues refleja el polimorfismo detectado (K. Moazami-Goudarzi, Vaiman, D., Mercier, D., Grohs, C., Furet, J. P., Leveziel, H., & Martin, 1994); su valor es similar al de heterocigosidad; evalúa la información de un marcador en la población de acuerdo a las frecuencias de los alelos (Botstein, White, Skolnick, & Davis, 1980); un locus será polimórfico si el alelo más común presenta una frecuencia menor al 99% en la población bajo estudio (Shete, Tiwari, & Elston, 2000). Es utilizado para medir la capacidad discriminatoria de los loci. Pero al ser dependiente del número de alelos y de sus frecuencias, la información que contribuye no es suficiente para la elección de un marcador u otro (K. Moazami-Goudarzi, Vaiman, D., Mercier, D., Grohs, C., Furet, J. P., Leveziel, H., & Martin, 1994). Se calcula mediante la fórmula:

$$PIC = 1 - \left(\sum_{i=1}^k x_i^2 \right) - \sum_{i=1}^{k-1} \sum_{j=i+1}^k 2 x_i^2 x_j^2$$

3.26.8.- Riqueza alélica (RA)

En cuanto a la riqueza alélica (R_t) que es una estimación del número medio de alelos por locus, corregida por el tamaño de la muestra. Cuantifica el número total de alelos diferentes detectado en cada uno de los loci de una población (S. Ceccobelli, 2013; Nei, 1973, 1977; Nei et al., 1983). Al ser un indicador de variabilidad genética (Marshall and Brown 1975), (Ollivier & Foulley, 2005; Petit, El Mousadik, & Pons, 1998); es esencial para dar a conocer el potencial evolutivo de la población a largo plazo, ya que la respuesta de selección se determina por el número inicial de alelos (Hill & Rasbash, 1986).

3.26.9.- Porcentaje de loci polimórficos

Un gen se considera polimórfico si podemos detectar más de un alelo en una población (Aranguren-Méndez et al. 2005), si la frecuencia del alelo más continuo es menor o igual a 0,95. Cuando uno de los alelos de un marcador supera el 0,95 se considera homocigoto, dado que el segundo apenas tiene presencia y puede desaparecer de la población por deriva genética. Se calcula por conteo directo, y se caracteriza por variar de una población a otra, por lo que algunos de los microsatélites se mantienen en el estudio a pesar de ser monomórfico en alguna de las poblaciones (Barro 2016).

Existe una serie de cálculos para determinar tanto la estructura de las poblaciones que se están estudiando, como para establecer las relaciones genéticas entre las mismas. Estos métodos son: Estadísticos F de Wright (1965) o (Weir 1990), el análisis de varianza molecular o AMOVA, matrices de distancia, árboles de distancias genéticas, las redes filogenéticas o Phylogenetic Networks (Klopper and Huson 2008), análisis multivariado como el factorial de correspondencias (K. Belkhir, Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., & Bonhomme, 2003) y modelos basados en técnicas bayesianas (Pritchard, Stephens, & Donnelly, 2000).

3.27.- ESTRUCTURA Y DISTANCIAS GENÉTICAS ENTRE POBLACIONES

Los progenitores y la descendencia tienen fenotipos correlacionados para rasgos que varían de manera continua. Es así que el genetista Ronald Fisher quien desarrolló un modelo matemático para demostrar los genes que actúan juntos para producir los grados cuantitativos precisos de semejanza familiar que se observan. Fisher continuó desarrollando, junto con Sewall Wright y

J. B. S. Haldane, gran parte de la teoría para el cambio de frecuencia alélica bajo modelos simples de selección natural. Wright y Fisher desarrollaron la base teórica necesaria para comprender el complejo proceso de muestreo recurrente que ahora llamamos deriva genética aleatoria (Clark, 2001). Para lo cual Wright propone medir las desviaciones de frecuencias genotípicas en poblaciones subdivididas por medio de tres parámetros: F_Is, F_{IT} y F_{ST}, llamado teoría de fijación o estadísticos F, desarrollado por (Bruce S. Weir, 1990), para demostrar como la estructura poblacional determina la estructura genética entre y dentro de las poblaciones.

Existen cuatro factores que pueden modificar la estructura genética de las poblaciones: deriva genética, mutación, selección y migración.

Una vez que se aplica microsatélites como marcador molecular, es importante analizar la estructura poblacional, mediante tres supuestos que pueden afectar:

- a) selectiva neutralidad de cada locus,
- b) la inexistencia de alelos nulos y
- c) independencia de los loci

Si se considera que existió algún tipo de selección es preferible descartar el rasgo presumible (Murray, 1996)

3.27.1.- FIS (f)

Índice de fijación de los individuos respecto a las subpoblaciones o desviación de las frecuencias genotípicas observadas en las subpoblaciones respecto a las esperadas, considerando que existe equilibrio HWE, es decir señala la correlación, referente a la subpoblación entre dos unidades gaméticas tomadas al azar (Aranguren-Méndez et al. 2005). Permite valorar la deficiencia o el exceso de heterocigotos promedio en cada población. El valor puede variar entre -1 y 1. Un valor es positivo ($p > 0,05$) indica exceso de homocigotos; negativo refleja un exceso de heterocigotos o una falta de homocigotos en la población (Nei 1973).

3.27.2.- FIT (F)

Correlación entre unidades gaméticas tomadas al azar en la población total a diferentes niveles (Aranguren-Méndez et al. 2005). También se define como el índice de fijación de los individuos respecto al total de la población o desviación de las frecuencias genotípicas observada en la población total respecto a las esperadas, considerando que existe equilibrio HWE (Nei 1973); y de igual manera nos indica el exceso o déficit de heterocigotos presentes pero en la población total.

3.27.3.- FST

Es la correlación entre dos alelos idénticos por descendencia (Excoffier, Smouse and Quattro 1992), tomados al azar de cada una de las subpoblaciones, mide el grado de diferenciación genética entre dos subpoblaciones (Aranguren-Méndez et al. 2005, Goudet 1995). Es un índice que informa sobre la deficiencia (el efecto Wahlund) o el exceso de heterocigotos promedio en un grupo de poblaciones. Su valor varía de 0 a 1. a diferencia de FIS y FIT no puede tener un valor negativo (Nei 1973).

0 = indica que las frecuencias alélicas son iguales en las poblaciones analizadas y no existe divergencia genética.

1 = demuestra que las frecuencias están fijadas para alelos alternos y son diferentes en las poblaciones (S. Wright, 1946, 1978).

Es necesario indicar que FST a diferencia de FIS y FIT no debe presentar un valor negativo (Nei 1973).

Rangos de:

0,00 - 0,05 = se consideran bajos

0,05 - 0,15 = indican diferenciación genética moderada

0,15 - 0,25 = la diferenciación es alta

+ 0,25 = la diferenciación es muy alta (S. Wright, 1946, 1978).

En base a los rangos descritos, la desviación del equilibrio H-W puede estar afectado por los siguientes factores.

Si en los resultados se observan un exceso de heterocigotos, podría ser atribuida a la presencia de una selección sobredominante o a casos de migraciones en la población estudiada.

Si existe un déficit de heterocigotos, podría deberse a cuatro factores:

- 1) el locus esté bajo selección;
- 2) la presencia de alelos nulos en esa población, dando una falsa lectura de un exceso de homocigotos;
- 3) altos niveles de consanguinidad en la población, producto de apareamiento entre individuos emparentados y,

4) presencia de una cierta subestructuración reproductiva de la población (efecto «Wahlund») (Nei, 1987).

El análisis de componentes de la varianza para datos de genotipo en poblaciones genéticas se construye con las frecuencias alélicas y genotípicas (Weir 1990), de la población en un momento concreto (Nei 1977).

Por lo que Nei, se basó en los valores de H_o y H_e para reformular los índices F .

Coefficiente de diferenciación genética (GST)

Una metodología alternativa pero similar a F , para analizar la diferenciación genética entre poblaciones que es independiente de: número de alelos presentes en cada locus, modelo de evolución, el sistema de reproducción del organismo en cuestión; la misma que se mide por diferenciación o estructura de la población por un parámetro denominado G_{ST} (Nei 1973), (Nei 1973), es decir trabaja con frecuencias alélicas en términos de heterocigosis esperada dentro y entre poblaciones (Nei, 1973). En la que se toma en cuenta la variación genómica intra e interpoblacional (Nei, 1987). Se requiere de un número mínimo de alelos, para que los valores sean significativos.

La magnitud relativa de la diferenciación genética entre subpoblaciones puede ser medida por el coeficiente de diferenciación genética:

$$G_{ST} = \frac{H_{eS}}{H_{eT}}$$

Donde:

H_{eS} : Diversidad genética media entre subpoblaciones;

H_{eT} : : Diversidad genética media en la población total.

Tasa de migración (Nm): Estrictamente hablando, F_{ST} estándar no puede considerarse como una medida de distancia genética, ya que F_{ST} se precisa para varias poblaciones; mientras que la distancia genética se define para un par de poblaciones. Por lo que Nei propone una versión modificada de F_{ST} que puede ser usada como medida de distancia genética cuando se consideran sólo dos poblaciones (Nei 1987).

Por lo tanto la diferenciación genética se ve condicionada por la migración existente, cuando hay un mayor flujo genético entre dos poblaciones, menor será la diferenciación genética entre ellas. Existe una relación entre la F_{ST} y el Nm expresada mediante la ecuación descrita por (Wright 1969).

$$Nm = (1 - F_{ST}) / 4F_{ST}$$

Valores:

Mayor a 1 sería suficiente para que no se considere como poblaciones diferentes.

Mayor a 2 sería suficientes para contrarrestar los efectos de la deriva.

Si el valor de Nm es muy bajo, predomina el efecto de la deriva y la mayoría de las poblaciones estarán fijadas.

Si Nm es grande, la deriva genética será poco importante y contrarrestada por la migración; por tanto, las subpoblaciones tenderán a mantener las mismas frecuencias génicas según Wright (1931).

El método de alelos privados es una alternativa para estimar Nm a partir de F_{ST} (Slatkin 1981), pero a diferencia de Nm se ha demostrado que el método de alelos privados tiende a ser más sensible a los errores generados por la recolección de datos (Slatkin, 1994). El número de alelos privados puede ser calculado de manera directa en la frecuencia alélica mediante el software CONVERT (Glaubitz, 2004).

Con base en muestras de distintas localidades se obtiene un valor $p(1)$, que es la media de frecuencia de alelos que están en una muestra. Encontró que para el modelo de islas y el de stepping stone $\log_{10} [p(1)]$ está linealmente relacionado con $\log_{10} (Nm)$, por lo que:

$$\log_{10}[P(1)] = a \log_{10} (Nm) + b$$

Donde:

$p(1)$ = es la frecuencia promedio de los alelos privados

a y b = son constantes que dependen del número de individuos muestreados en cada subpoblación y son determinadas por datos simulados (Slatkin 1995).

3.28.- Análisis de Varianza Molecular (AMOVA)

El análisis de varianza molecular (AMOVA), es una matriz de distancias euclidianas cuadradas entre todos los pares de individuos (Meirmans 2012), (Li and C 1976), (Excoffier et al. 1992), que calcula mediante el análisis de frecuencias génicas (Cockerham 1973), (Weir 1990), entre cada población, tanto para haplotipos como para organismos diploides, el cual se puede aplicar a microsatélites es decir marcadores codominantes, esto generalmente se hace usando un enfoque de locus por locus, donde se usa una matriz de distancia separada para cada locus (Michalakis and Excoffier 1996), para lograr un estadístico semejante al Rst de Slatkin (Slatkin 1995), bajo el supuesto de la evolución de un polimorfismo.

Puede existir diferenciación genética, cuando hay un fraccionamiento de una población original en subpoblaciones aisladas. La heterocigosis de estas subpoblaciones, disminuye respecto a la población inicial y con un tamaño menor y la erosión genética empujaría hacia una fijación más rápida de alelos diferentes que las que podrían ocurrir en una población más grande. Esta técnica realmente requiere que la estructura jerárquica de la población sea conocida de antemano. El AMOVA trata cualquier tipo de dato como un vector booleano π_i , que es una matriz $1 \times n$ de 1's y 0's, siendo 1 presencia de marcador y 0 ausencia de marcador (Excoffier et al. 1992).

La suma de las diagonales de las matrices y submatrices produce una suma de cuadrados de varios niveles jerárquicos de la población. Esta suma de cuadrados puede ser entonces estudiada en un análisis de varianza anidado (Meirmans 2012). Un ANOVA anidado difiere del ANOVA simple en que los datos son arreglados jerárquicamente y los cuadrados medios son calculados, agrupándolos en todos los niveles de la jerarquía. Esto permite a la prueba de hipótesis, entre grupos y dentro de grupos diferenciar, los distintos niveles de las jerarquías (Excoffier et al. 1992).

La estructura de la población jerárquica en el AMOVA consiste entonces en diferentes niveles jerárquicos: individuos, poblaciones y grupos de poblaciones. Se pueden calcular diferentes estadísticas F en función de los componentes de varianza para los diferentes niveles jerárquicos. En términos de estadísticas F, la minimización de SSDAP / WG se reduce a una maximización de FCT, la varianza entre los grupos (C) en relación con la varianza total (T). AMOVA (Dupanloup, Schneider, & Excoffier, 2002; L. Excoffier, Smouse, & Quattro, 1992).

Para los diploides, esta medida de distancia se calcula simplemente como el doble de la distancia euclidiana al cuadrado entre los vectores de las frecuencias alélicas dentro de los individuos de los dos individuos i y j :

Donde L es el número de loci, A_l es el número de alelos en el locus l, y p_{il} es la frecuencia del alelo a en el locus l dentro del individuo i (que para los diploides puede tomar el valor 0, 0.5 o 1). Para una estructura de población jerárquica que incluye individuos, poblaciones y grupos de población, las distancias euclidianas se pueden usar para calcular las diferentes sumas de cuadrados. Usando las ecuaciones 8a-c de Excoffier et al. (1992), obtenemos la suma de cuadrados dentro de las poblaciones (SSDWP), la suma de cuadrados entre poblaciones y dentro de grupos (SSDAP / WG) y la suma de cuadrados entre grupos (SSDAG) (Maguire, Peakall, & Saenger, 2002; Meirmans, 2012; Smouse & Peakall, 1999).

En el estudio de variabilidad entre genotipos, los estadísticos F se pueden calcular según FCT, FST y FSC de la siguiente manera: Tabla 3.

FCT = σ^2a / σ^2 permutaciones dentro de grupos.

FSC = $\sigma^2b / \sigma^2b + \sigma^2c$ permutaciones entre poblaciones y dentro de grupos.

FST = $\sigma^2a + \sigma^2b / \sigma^2$ permutaciones entre poblaciones y entre grupos.

Tabla 3. La estructura de la población jerárquica en el AMOVA

Fuente de variación	GL	Suma de cuadrados	Mínimos cuadrados media
Entre grupos	G-1	(entre grupos)	$n' \sigma^2a + n' \sigma^2b + \sigma^2c$
Entre poblaciones dentro de grupos	p-G	(entre poblaciones dentro de grupos)	$n \sigma^2b + \sigma^2c$
Entre individuos Dentro de poblaciones	2N-p	(entre individuos Dentro de poblaciones)	σ^2c
	2N-1	(Total)	σ^2t

G: número de grupos; p: total de poblaciones; N: número de individuos.

3.29.- Distancias genéticas

Las distancias genéticas se calculan a partir de las frecuencias alélicas de las variantes que segregan a la población en estudio, sometidas a procesos de mutación, selección y deriva que llevan a dicha diferenciación; son estimadoras del tiempo de separación entre poblaciones y se basan en ciertas diferencias genéticas existentes dentro y entre poblaciones. El FST enfoca a las distancias genéticas según los cambios de las frecuencias génicas; mientras que, distancias por paso o etapas (stepwise) incorporan el proceso de mutación con microsatélites (Nei 1973), (Nei 1977), (Aranguren-Méndez et al. 2005).

Las matrices de las distancias genéticas entre poblaciones pueden ser transformadas en árboles evolutivos, mediante métodos de agrupamiento, tales como: Agrupamiento no ponderado por

pares utilizando la media aritmética (UPGMA) o el Neighbour Joining (NJ) (Goldstein y Schlotterer, 1999). Suponiendo diferentes modelos mutacionales para los loci que codifican para proteínas (IAM) y para los loci microsatélites (SMM) (Aranguren-Méndez et al. 2005).

Se presentan problemas con datos de microsatélites de poblaciones divergentes debido a una alta tasa de mutación y un elevado número de alelos. Por otro lado, el estadístico de F_{st} de Wright (1969), puede ser utilizado como medida de distancias genética ya que considera, a diferencia de las distancias convencionales, la tasa de migración entre poblaciones (Slatkin & Voelm, 1991).

(Takezaki & Nei, 1996), investigaron la eficacia mediante simulación computacional, con diferentes datos para una correcta reconstrucción de una filogenia conocida.

Las distancias correspondieron a:

a.- Distancia estándar de Nei (DS (Nei 1973, Nei 1972): Bajo el proceso mutacional IAM se espera que la DS incremente linealmente con el tiempo, si se mantiene un balance entre deriva y mutación a través de todo el proceso evolutivo.

$$D = -\ln \left(\frac{\sum_i x_i y_i}{\sqrt{\sum_i x_i^2 \sum_i y_i^2}} \right)$$

b.- Distancia mínima de Nei (Dm (Nei 1973))

$$Dm = \frac{1}{2} \sum_i (x_i - y_i)^2$$

c.- Distancia de Reynolds (Reynolds, Weir, & Cockerham, 1983).

$$D_{Reynolds} = \frac{1}{2} \frac{\sum_i (x_i - y_i)^2}{1 - \sum_i x_i y_i}$$

d.- Distancia de Rogers (Roger, 1972):

e.- Distancia de Prevosti (Cp; (Prevosti, Ocana, & Alonso, 1975):

f.- Distancia de cuerda (DC; (Cavalli-Sforza & Edwards, 1967):

$$D_C = (2/\pi) \sqrt{2 \left(1 - \sum_i \sqrt{x_i y_i} \right)}$$

g.- Distancia «A» de Nei (DA; (Nei et al., 1983)):

Nei simuló esta distancia (DA) con el proceso mutacional IAM y demostró que era más eficiente que la DS, Dm, DR y DC en la asignación de correctas topologías.

$$D_A = 1 - \sum_i \sqrt{x_i y_i}$$

Para simplificar, las fórmulas se dan para un solo locus. Para ampliar a más loci, se deben sumar todas las distancias para cada locus y dividir por el número de loci cuyos alelos aparecen en las expresiones.

Donde, xi e yi son las frecuencias del alelo i en las poblaciones X e Y respectivamente.

Las primeras investigaciones de microsatélites las cuales poseen un alto grado de polimorfismo con respecto al número de repeticiones, su número puede aumentar o disminuir por un proceso mutacional del tipo SMM, para lo cual se creó la distancia dm2 de (Goldstein et al. 1995).

En estos estudios (Takezaki and Nei 1996), concluyeron que las distancias más eficientes para ambos modelos resultaron ser DC y DA para la correcta asignación de topologías, y la distancia estándar (DS) y dm2 resultaron ser las más apropiadas para estimar los tiempos evolutivos, coincidiendo con otros reportes (Aranguren-Méndez et al., 2005; Nagamine, 2001).

El momento en que dos poblaciones se convierten en dos especies distintas que conllevan diferenciación en la frecuencia alélica, que tiene una duración de periodos largos (distanciamiento de miles de años), deja de existir migración entre las poblaciones, por lo que la migración se ignora en los modelos utilizados para el estudio de análisis de evolución o separación de una especie. Para distanciamientos de razas, periodos más cortos (cientos de años) son considerados como evoluciones independientes de las poblaciones. 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.

Por ello, el estadístico de Fst de (Wright, 1969), puede ser utilizado como medida de distancias genética ya que considera, a diferencia de las distancias convencionales, la tasa de migración

entre poblaciones. Distancias pequeñas pueden indicar que aún existen migraciones o flujo entre las poblaciones o bien que la separación entre las poblaciones es de hace poco tiempo (Slatkin, 1995).

3.30.- ÁRBOLES FILOGENÉTICOS

Los árboles filogenéticos o dendrogramas, son métodos estadísticos que utilizan representaciones gráficas o mapas de la matriz de distancias entre poblaciones, que sirve para interpretar la información que contienen las matrices de distancia genética que se obtienen de los marcadores genéticos analizados. Como todo método estadístico para obtener resultados confiables, es importante el proceso de muestreo, por lo que el «bootstrapping» es una técnica que proporciona mucha información acerca de la distribución de los estimadores, ya que este proceso se repite (³ 1000) veces, pudiéndose emplear para estimar medias y desviaciones estándares de un estimador calculado con los datos.

Según los autores se presentan las siguientes clasificaciones de los métodos a emplear:

Tres: de distancias, de parsimonia y de semejanza (Nei & Kumar, 2000).

Dos: fenético y cladístico.

En la construcción de los árboles filogenéticos existen diferentes métodos de agrupamiento o algoritmos para graficar la matriz de distancias. Sin embargo, los más empleados son el NJ y el UPGMA, con buenos resultados, pero el NJ es superior y eficiente, ya que se basa en el modelo diferentes tasas de evolución (mínima evolución en cada grupo de poblaciones) (Eding & Laval, 1999; Takezaki & Nei, 1996).

El método NJ o árboles basados en la distancia: Vecindad (Saitou & Nei, 1987; Studier & Keppler, 1988) y BioNJ (Gascuel, 1997), es un método que selecciona y agrupa pares de taxones de forma repetida (representada por nodos), que se caracteriza por crear árboles mediante sucesivos agrupamientos de alineaciones (que representan sus relaciones evolutivas), tomando en cuenta las longitudes de las ramas para dichos agrupamientos. Una vez realizado el agrupamiento deriva la mejor aproximación para la máxima parsimonia, construyendo los grupos apareados sobre la base de la mínima longitud de rama. Las dos principales características de este método son que los resultados nos dan un árbol no rotado (sin raíz u origen evolutivo), y luego este no supone un reloj evolutivo (Kloepper & Huson, 2008). Existen varios tipos de redes, que se utilizan según los datos que se pretenden representar, sus

combinaciones y las representaciones que se desea obtener: “phylogenetic Network”, “reticulate Networks”, “splits network”, “NeighborNet”, etc (Bryant & Moulton, 2004).

3.31.- ANÁLISIS FACTORIAL DE CORRESPONDENCIA (AFC)

Es un conjunto de métodos estadísticos ideado por Benzécri, a principios de los años 60; es una extensión del análisis de correspondencia simple al análisis de dos conjuntos de características (Crivisqui, 1993; Nieves, 2005). Está diseñada para analizar datos cuantitativos (nominales u ordinales) y cualitativos (clasificados en categorías), representados en tablas de contingencia constituidas por números positivos, resultado del conteo de las frecuencias (Nieves 2005).

Permite estudiar las relaciones de interdependencia entre variables categóricas, es decir, no métricas y de esta forma guarda cierta similitud con la prueba χ^2 (Ji-cuadrado) y el coeficiente de concordancia de Kendall. Por lo que se utiliza para reducir la dimensionalidad y la elaboración de mapas preceptuales, ya que estos se basan en la asociación entre objetos y un conjunto de características descriptivas; además, va más allá de analizar la relación existente entre las variables, porque admite conocer como está estructurada esta relación (Ramos & Guzmán, 2004). El archivo de fichas se presenta en una matriz formada por la yuxtaposición de submatrices.

Los datos se presentan en un gráfico, conformando la nube de puntos proyectados sobre los ejes principales (Nieves, 2005). Se puede interpretar las distancias entre los puntos de una misma categoría: si la distancia es pequeña, significa que sus contribuciones son similares. Y además interpretar la posición de un punto de una categoría respecto de todos los puntos de la otra categoría (Nieves 2005), (Ramos and Guzmán 2004).

En nuestro campo el AFC es la representación de las relaciones genéticas entre un conjunto de poblaciones (Cañón et al., 2001). Con este método las frecuencias alélicas de las poblaciones en todos los loci, se usan como variables y el cluster de cada población se representa gráficamente (M. H. Li, Sternbauer, Haahr, & Kantanen, 2005). Los datos genotípicos individuales están representados por su resultado para cada modalidad de cada variable categórica, asignando 0 para la ausencia, 1 para la presencia del alelo en su naturaleza heterocigota y 2 para el estado homocigoto. Una de las ventajas es que el AFC tiene la capacidad de resumir 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 variables y el clúster de cada población se representa gráficamente (Li et al. 2005).

3.32.- ESTRUCTURA GENÉTICA

En cualquier especie, la similitud genética entre individuos está estructurada por la existencia de subgrupos y por el aislamiento geográfico, siendo de suma importancia para el análisis genético de la población (Novembre, 2016).

Para una adecuada identificación del origen poblacional se han realizado diferentes estudios y desarrollado varias metodologías (Cornuet, Piry, Luikart, Estoup, & Solignac, 1999; Paetkau, Calvert, Stirling, & Strobeck, 1995; Rannala & Mountain, 1997). Pero las más utilizadas para asignar individuos a poblaciones o razas son dos métodos:

3.32.1.- Métodos basados en probabilidades

Son asignados a aquella población en la que su genotipo presenta una mayor probabilidad de pertenencia. Con dos sub métodos: Frecuencia y Bayesiano.

3.32.2.- Métodos basados en distancias genéticas

Los individuos son asignados a la población que genéticamente sea más cercana.

Asignación de Individuos a Raza

Métodos Basados en Probabilidades:

Clasificado en:

Método de frecuencias: Explicado en principio por (Paetkau et al., 1995), consiste en asignar un individuo a una población basándose en el valor de probabilidad de su genotipo individual de pertenecer a dicha población. Se realiza en tres fases:

Calcula las frecuencias alélicas de todas las poblaciones potenciales;

Calcula la probabilidad de ocurrencia de cada genotipo multilocus para cada una de las poblaciones y;

Asigna el individuo a aquella población en la cual el genotipo multilocus obtuvo la mayor probabilidad.

Mediante información molecular (microsatélites, RFLPs o SNPs) (Pritchard et al., 2000), desarrollaron un método de agrupamiento basado en modelos para emplear datos de genotipos multilocus, para inferir y asignar individuos a las poblaciones. Se asume un modelo en el que hay K poblaciones (K puede ser desconocido), cada población se caracteriza por un conjunto

de frecuencias alélicas en cada locus. Los individuos en la muestra se asignan (probabilísticamente) a poblaciones, o en conjunto a dos o más poblaciones si sus genotipos indican que están mezclados. El modelo no asume un proceso de mutación en particular, y se puede aplicar a la mayoría de los marcadores genéticos, siempre que no se encuentren vinculados. Las aplicaciones del método incluyen:

Demostración de la presencia de la estructura de la población,

Asignación de individuos a las poblaciones,

Estudio de zonas híbridas y;

La identificación de procesos de migración e individuos cruzados.

Es necesario mencionar que el método descrito, puede producir asignaciones altamente precisas usando números moderados de loci, por ejemplo, siete loci de microsatélites de datos de genotipo de una especie de ave que se encuentra en peligro de extinción. El software utilizado para este artículo está disponible en <http://www.stats.ox.ac.uk/zpritch/home.html>.

Esencialmente, en cualquier especie, la similitud genética entre individuos está estructurada por la existencia de subgrupos y el aislamiento geográfico. Para los investigadores, comprender esta estructura de la población puede ser de interés directo, una estación de paso necesaria para futuros análisis o una molestia confusa. Sin importar la motivación, entender la estructura de la población es un paso esencial para el análisis genético de la población. (Pritchard et al. 2000), publicaron uno de los marcos más extendidos e importantes para abordar esta tarea: el método de agrupamiento basado en modelos conocido como *ESTRUCTURA* (Pritchard et al. 2000).

El nacimiento del método se debe en gran parte a tener la experiencia adecuada en una habitación. En septiembre de 1998, Pritchard llegó para un postdoctorado en Oxford justo cuando comenzaba un taller en el Instituto Newton de Cambridge. En ese momento, estaba terminando el trabajo en una prueba de estructura de población críptica en estudios de asociación de enfermedades (Pritchard & Rosenberg, 1999) y se había interesado en agrupar a los individuos relacionados. En el taller, compartió estos intereses con su nuevo asesor Peter Donnelly y su compañero de postdoctorado, Matthew Stephens. Donnelly tenía una gran experiencia con los modelos bayesianos en genética, incluidos modelos para muestras forenses de origen incierto (por ejemplo, Balding y Donnelly 1995), y Matthew había escrito su tesis doctoral sobre agrupamiento bayesiano utilizando técnicas de la cadena de Markov en Monte Carlo (Pritchard et al., 2000). Al juntar estos fondos, lograron el primer modelo en una pizarra en un par de horas.

Método Bayesiano: (Rannala & Mountain, 1997), emplearon la metodología Bayesiana para detectar procesos de migración mediante el uso del genotipado multilocus. Asumiendo una función de densidad igual a priori de las frecuencias alélicas de cada locus en cada población, por lo que manifestaron, que la probabilidad marginal de observar un individuo con un genotipo $A_k A_{k'}$ en el locus j y en la población i es igual a:

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

Ó

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

Donde:

n_{ijk} es el número de alelos

k muestreados en el locus j y en la población i (que no contiene al individuo a ser asignado),

n_{ij} es el número de copias de genes muestreados en el locus j y en la población i y;

K_j es el número total de alelos observados del locus j en las poblaciones estudiadas.

(Monte Carlo Markov Chain), asigna cada individuo a partir de un modelo que permite la mezcla de las poblaciones ancestrales; es decir, una fracción q_k del genoma de un individuo viene de la subpoblación K ($\sum_k q_k = 1$). Mientras que (Falush, Stephens, & Pritchard, 2003) introdujeron un modelo en el que se acepta ligamiento entre los marcadores, que se incluye en el modelo combinado, todo ello para explicar la correlación entre los marcadores ligados. Lo que permite la estimación del origen de la región del cromosoma dentro del individuo y proporciona información más clara para el estudio del proceso histórico de la muestra. El mismo que se encuentra disponibles en el programa Structure v 2.1 (<http://pritch.bsd.uchicago.edu/>).

3.33.- MÉTODOS BASADOS EN DISTANCIAS

Basados en la distancia entre los individuos (Bowcock et al., 1994), asignan el individuo a la población genéticamente más cercana o próxima. Consisten en la construcción de una matriz entre pares de individuos. Su representación gráfica es en forma de árbol y los grupos son identificados visualmente; sin embargo se pueden agrupar en dos grandes bloques: las distancias entre poblaciones (p.e. distancias de Nei; distancia de cuerda de Cavalli-Sforza y

Edwards, etc.) y las distancias entre individuos (eje. distancia de alelos compartidos (DAS)) (Chakraborty & Jin, 1993).

3.33.1.- Tamaño efectivo de la población (NE)

La cantidad y variabilidad de la variación genética dentro y entre las poblaciones está determinada por la interacción de una variedad de factores demográficos, ambientales y de la historia de la vida. Uno de los determinantes más importantes de la variación genética en las poblaciones naturales es el tamaño efectivo (NE) de la población.

El tamaño efectivo de la población es un concepto bastante complejo (Crandall, Bininda-Emonds, Mace, & Wayne, 2000; Leberg, 1993) que a menudo se describe como el número de individuos reproductores. El NE de una población suele ser más bajo que el tamaño del censo, a veces dramáticamente, según la variación en el tamaño del censo, el tamaño de la familia, la proporción de sexos, el sistema de reproducción, la inmigración y otros eventos aleatorios (Frankham 1995). Por ejemplo, las proporciones estimadas de NE / N varían entre 0.05 –0.74 en especies de aves y 0.06 –0.83 en mamíferos (Frankham et al., 2002).

Deriva genética, cuellos de botella genéticos, eventos fundadores. Los cambios en la NE pueden afectar la cantidad de diversidad genética en las poblaciones a través de 2 procesos: deriva genética y cuellos de botella genéticos. La deriva genética es la fluctuación aleatoria de las frecuencias alélicas entre generaciones debido a las diferencias entre individuos en la supervivencia y el éxito reproductivo (Wright 1931). La velocidad a la que opera la deriva genética (por ejemplo, la magnitud del cambio en las frecuencias alélicas entre generaciones) se correlaciona negativamente con la NE, de modo que la mayor tasa de desviación se produce con un tamaño de población bajo. Debido a que estas fluctuaciones en la frecuencia de los alelos están influenciadas por eventos aleatorios, la deriva genética puede tener un efecto grande e impredecible sobre la diversidad genética en poblaciones pequeñas (Hedrick, 1999).

Los cuellos de botella genéticos ocurren cuando una gran población experimenta una disminución severa en NE (Nei et al. 1975, Nei 1987). La variación genética retenida después de un cuello de botella depende de la cantidad de fundadores y de la tasa de recuperación de la población. En las etapas iniciales de un cuello de botella, los alelos se pierden, pero la población puede mantener una cantidad sustancial de heterocigosidad (Cornuet et al., 1999). A menos que la recuperación sea rápida, la variación genética adicional se perderá a través de la deriva genética, lo que dará como resultado una menor heterocigosidad. Los eventos de los fundadores

son similares a los cuellos de botella genéticos, pero ocurren cuando una pequeña población es fundada por un pequeño número de individuos (Nei 1987).

3.34.- DISTANCIA GENÉTICA

Si el objetivo es comparar la diferenciación existente entre poblaciones, se estima entonces la divergencia evolutiva entre ellas, sobre la base de sus frecuencias génicas. Para ello, resulta más indicado el uso de los índices de distancia genética que permiten establecer comparaciones y determinar sus relaciones filogenéticas y los análisis de la Aranguren-Méndez y Jordana. 2001 8 estructura de la población, mediante el uso de los F-estadísticos (Nei, 1987; B. S. Weir, 1990; Sewall Wright, 1965); análisis este que permite determinar el déficit o exceso de heterocigotos en la población (es).

3.34.1.- Análisis Molecular de la Varianza (AMOVA)

3.34.1.1.- Entre genes

Los microsatélites pueden servir como marcadores genéticos a nivel de genes en al menos dos formas. Uno está en la determinación de género (Delehanty & et al., 1995; Longmire et al., 1993), y el otro está en el mapeo de rasgos genéticos. Longmire et al. (1993) utilizaron secuencias de repetición de microsatélites [p. Ej., (GT) n] como sondas, sin el trabajo de secuenciar las regiones flanqueantes para desarrollar cebadores. A medida que se publiquen más secuencias de regiones flanqueantes de microsatélites, las sondas de un solo locus del cromosoma determinante del sexo (W en aves) deberían estar disponibles para muchas especies.

Debido a que las hembras son el sexo heterogamético en las aves (WZ), un locus de microsatélite en el cromosoma W servirá como un marcador inequívoco para las hembras. Las aves que muestran una banda deben ser hembras, mientras que las que carecen de una banda pueden ser machos o fallas en los marcadores. Un marcador de microsatélite del cromosoma Z será informativo solo para machos heterocigotos. Los microsatélites son ahora la principal herramienta para mapear los genomas humanos y de ratón (Dietrich et al., 1996). Se utilizan como marcadores vinculados a loci de interés, como el "gen de la obesidad" en ratones (Zhang et al., 1994), pueden eventualmente ser importantes para el mapeo de genes y arreglos genéticos en poblaciones naturales de aves.

Para las aves, las primeras aplicaciones probablemente provendrán de aves de corral (Y. Cheng & Burt, 2018), o posiblemente de poblaciones naturales para las cuales se dispone de pedigríes extensos. Los microsatélites desarrollados para mapear especies domesticas de importancia

económica pueden luego trabajar en especies muy relacionadas para las cuales el patrón de enlace entre los marcadores de microsátélites y los rasgos genéticos son similares. El potencial de usar pedigríes extensos en aves que muestran monogamia genética apunta a una ventaja imprevista de los estudios de campo a largo plazo.

3.34.1.2.- Entre los individuos

La descendencia es importante para observar las características fenotípicas, por lo que determinar la paternidad es de gran interés para los biólogos evolutivos. Las sondas de minisatélite de Allozymes y multilocus fueron una herramienta importante en la revisión de relativa a los sistemas de apareamiento aviar.

3.34.1.3.- Entre poblaciones

Michod (1980) argumentó la dificultad del sistema moderno, fue el desarrollo de la teoría de la genética de poblaciones de "beanbag" por Wright (1969; 1978), Fisher (1958) y (W. D. Fisher, 1958; Haldane, 1966; S. Wright, 1969, 1978). La mayor parte del trabajo de estos pioneros se ocupó en la teoría de las frecuencias genéticas. El desarrollo de la electroforesis de alozimas proporcionó un método de laboratorio para evaluar dichas frecuencias genéticas en poblaciones naturales. Los microsátélites comparten con las aloenzimas la ventaja de ser específicos del locus y de ser heredados de la manera mendeliana. Por lo que es adecuado para el análisis de modelos desarrollados para analizar datos de alozimas; que incluyen medidas como las estadísticas de F (Wright, 1978; Weir, 1996) y varias medidas de distancia genética (Nei, 1977; Reynolds et al., 1983; Roger, 1972).

Los microsátélites, excepto aquellos fuertemente vinculados a las regiones de codificación bajo selección, parecen cumplir con la hipótesis de neutralidad que se ha cuestionado para algunos análisis de aloenzimas (Karl & Avise, 1992). El muestreo necesario para examinar la variación entre poblaciones puede implicar poco esfuerzo adicional de laboratorio y de campo más allá de lo que ya implica un estudio dentro de la población.

La evidencia sugiere que los microsátélites se mutan de manera gradual, de modo que la similitud en el número de repetición indica una ascendencia común reciente de alelos. (D. B. Goldstein et al., 1995; Michalakis & Excoffier, 1996; Shriver et al., 1995; Slatkin, 1995) utilizaron esta información inherentemente filogenética para generar medidas genéticas de distancia. En este sentido, la variación del microsátélite puede asemejarse a algunas

aplicaciones filogenéticas del ADN mitocondrial (ADNmt). Tales estudios "filogeográficos" basados en ADNmt combinan un enfoque filogenético de grano fino con el estudio de la variación genética geográfica (Ball Jr & Avise, 1992; Ball, Freeman, James, Bermingham, & Avise, 1988).

Los microsatélites en humanos proporcionan una visión mucho más clara de dicho patrón geográfico en poblaciones humanas que el ADNmt (Bowcock et al., 1994). Prevedemos una considerable atención teórica a los problemas especiales y las perspectivas que ofrecen los datos de microsatélites en relación con la subdivisión de la población.

3.34.1.4.- Entre especies

Los cebadores de microsatélites a menudo funcionan en congéneres aviarios o incluso en toda una familia (McDonald, 1995; C. R. Primmer, MØller, & Ellegren, 1996). En tales casos, los microsatélites pueden ser útiles para evaluar las relaciones entre las especies. Los datos de microsatélites pueden proporcionar evidencia útil para las decisiones de conservación en o por encima del nivel de la especie (Roy et al., 1994) examinaron la variación y la hibridación entre cánidos como lobos. Llegaron a la conclusión de que el lobo rojo (*Canis rufus*) es claramente un híbrido entre el lobo gris (*Canis lupus*) y el coyote (*Canis latrans*). Un estudio de Forbes et al (1995) compara los niveles de variación genética en las ovejas domésticas (*Ovis aries*) con las de las ovejas de Big Horn de las Montañas Rocosas (*Ovis canadensis*).

3.34.1.5.- Entre los géneros y los taxones superiores

El examen directo de las medidas de distancia de microsatélite entre géneros y taxones más altos probablemente será menos fructífero que los estudios a niveles taxonómicos más bajos. Es probable que los problemas (ver sección IV) de homoplasia, restricciones en el número de repetición, divergencia no lineal y alta tasa de mutación hagan que tales análisis no sean recompensados en comparación con aquellos que usan otros marcadores moleculares más adecuados para estos análisis. Sin embargo, los microsatélites pueden desempeñar un papel clave como marcadores indirectos para los principales reordenamientos genéticos. Cuando finalmente se desarrollen mapas de genes aviarios, se podrán comparar la organización genómica a niveles intergenéricos y superiores.

3.34.1.6.- Escalas temporales (ADN antiguo)

Hasta ahora, hemos abordado la escala en términos de nivel de organización biológica. Los microsatélites también brindan una poderosa oportunidad para examinar problemas a través de escalas temporales. Debido a que los pares de cebadores son cortos y los microsatélites pueden amplificarse mediante PCR, se pueden analizar incluso cantidades diminutas de ADN antiguo degradado (Roy et al., 1994; Taylor et al., 1994). La genotipificación de especímenes de museos permite la evaluación de la variación entre las poblaciones que ya no existen, así como entre los especímenes de poblaciones existentes muestreadas hace cien años o más.

4.- MATERIALES Y MÉTODOS

4.1.- Población y recopilación de información

La presente investigación tuvo una duración de 365 días, se realizó análisis independientes tomando como conjunto 244 aves, divididas en 6 provincias divididas en localidades de acuerdo a su procedencia Tabla 4.; Tabla 5.; Gallinas (84,84%) y 37 gallos (15,16%); Región Sierra: Bolívar (31), Chimborazo (70), Tungurahua (35), Cotopaxi (32); Región Costa: Guayas (28); Región Amazónica: Morona Santiago (38); Figura 12.

Tabla 4. Relación de las provincias del Ecuador que intervinieron en el presente estudio

Provincia	Parroquias	Números de aves
Bolívar	6	35
Chimborazo	5	75
Guayas	3	30
Tungurahua	5	35
Cotopaxi	5	31
Morona Santiago	5	38
TOTAL	29	244

Parroquias: Echeandía, San Pablo, Chimbo, Columbe, Nabuzo, Licto, Chambo, Guano, Bucay, San Vicente, Pallattanga, Pelileo, Tisaleo, Ambato, Baños, Santa Cecilia, Pujilí, Poaló, Belisario, Salcedo, Saquisilí, Sevilla Don Bosco, Sinaí, Morona, Tres Marías, Sevilla de Oro.

Tabla 5. Relación de las localidades del Ecuador que intervinieron en el presente estudio

Localidad	Sexo		Provincia	N. Total
	H	M		
Echeandía	19	2	Bolívar	21
San Pablo	8	0	Bolívar	8
Chimbo	5	1	Bolívar	6
Columbe	15	7	Chimborazo	22
Nabuzo-Penipe	18	0	Chimborazo	18
Bucay	9	2	Guayas	11
San Vicente-Cumandá	10	3	Guayas	13

Pallatanga	5	1	Guayas	6
Penipe-Nabuzo	7	0	Chimborazo	7
Licto	8	2	Chimborazo	10
Chambo	7	2	Chimborazo	9
Guano	7	0	Chimborazo	7
Pelileo	6	4	Tungurahua	10
Tisaleo	6	2	Tungurahua	8
Ambato	4	3	Tungurahua	7
Baños	9	0	Tungurahua	9
Santa Cecilia	2	0	Tungurahua	2
Pujilí	12	2	Cotopaxi	14
Localidad	Sexo		Provincia	N.
	H	M		Total
Poaló	5	2	Cotopaxi	7
Belisario	1	0	Cotopaxi	1
Salcedo	4	2	Cotopaxi	6
Saquisilí	3	0	Cotopaxi	3
Sevilla Don Bosco	7	0	Morona Santiago	7
Morona Santiago	1	0	Morona Santiago	1
Sinaí	9	1	Morona Santiago	10
3 Marías	7	3	Morona Santiago	10
Sevilla de Oro	10	1	Morona Santiago	11
Total	207	37		244

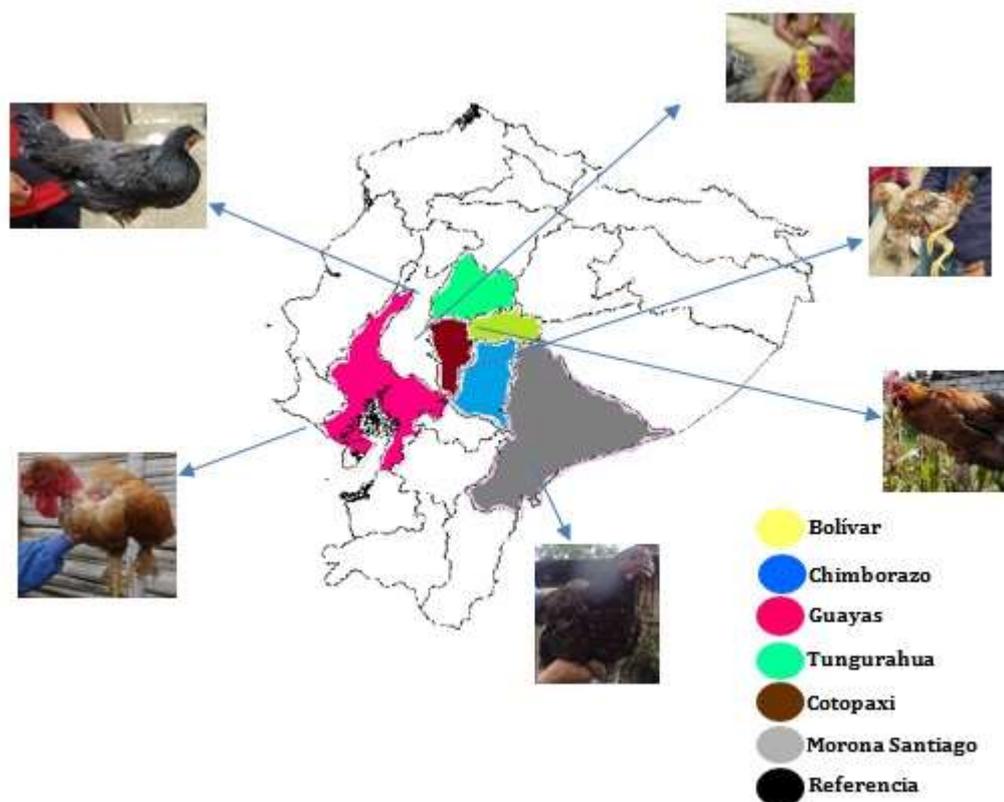


Figura 12. Áreas geográficas que fueron incluidos en el muestreo y población de referencia

4.2.- Muestra

Se trabajó con productores de traspatio, cuyas aves fueron seleccionadas de forma aleatorizada, las cuales no presentaban cruces con líneas genéticas comerciales; pertenecían a 50 productores que se dedican a la actividad avícola de traspatio, es decir, para autoconsumo y venta local. Se consideró que no exista relación genética entre productores. Los lugares representan a las zonas agroecológicas del país, se detallan en la Tabla 6. Tomando en cuenta los protocolos de la FAO (Piling, 2010; FAO, 2012), así como las recomendaciones y experiencias académicas – científicas anteriores del Grupo de Investigación AGR-218 del Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba (España).

4.3.- Áreas de muestreo y ambientes

4.3.1.- Bolívar

Las aves de las diferentes provincias de la Sierra como Bolívar que se encuentra ubicada en la región central del Ecuador. Su territorio montañoso y quebrado se ubica en un área que comprende las estribaciones occidentales de la cordillera occidental de los Andes, el valle formado por el río Chimbo y, en una pequeña parte, la sabana tropical. La provincia está integrada por los cantones Guaranda, Chimbo, Chillanes, Echeandía, San Miguel, Caluma y Las Naves (Ramírez *et al*, 2006).

4.3.1.1.- Echeandía

Es un cantón que posee 232 km aproximadamente. Al norte limita con los cantones Las Naves y Guaranda; al este con el cantón Guaranda; al oeste con la provincia de Los Ríos; y al sur con los cantones Caluma y Guaranda (1°25'53.2"S 79°16'50.4"O). Está definido por 3 tipos de clima: el Tropical Megatérmico SemiHúmedo, Tropical Megatérmico Húmedo y Ecuatorial Mesotérmico Semi-Húmedo. Según el Plan de Ordenamiento Territorial del cantón, la temperatura de 18 °C a 26 °C. Las precipitaciones medias anuales están entre los 1.200 mm hasta los 4.000 mm. El relieve se puede considerar de forma general como: plano o casi plano (0- 5%) al norte, suave o ligeramente ondulado (5-12%) al oeste, ondulación moderada (12-25%), colinado (25-50%), escarpado (50-70%) y montañoso (>70%) distribuidos por todo el territorio cantonal. La altura se encuentra entre los 370 a 830 m.s.n.m. La cobertura de mayor entidad en el cantón es la arboricultura tropical seguida de pasto cultivado y cultivos de ciclo corto (de Desarrollo & Territorial, 2015), (MAGAP, 2017). Figura 13.

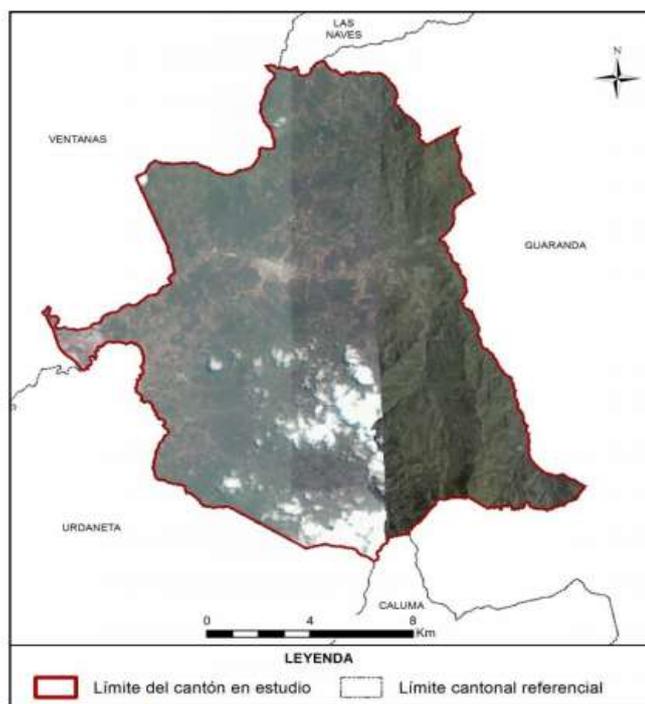


Figura 13. Imagen del Cantón Echeandía
Fuente: SIGTIERRAS 2011-2014

4.3.1.2.- San Pablo de Atenas

Es una parroquia que limita al norte y este con el cantón San Miguel, al sur con Cantón Chillanes, y al oeste Parroquia Bilován y Parroquia Balsapamba, Cantón San Miguel; a una altura promedio de 2.500 a 3200 m.s.n.m. ($1^{\circ}48'49.2''S$ $79^{\circ}04'02.7''O$); se encuentra tipos de relieves como: Relieve Montañoso, terrazas y Vertientes abarca un área de 357.1 Ha. Se puede observar varios tipos de cobertura y usos del suelo como son: Bosque intervenido y Pasto cultivado (50%-50%), bosque intervenido y Pasto cultivado(70%-30%), Bosque Natural, Cultivos de ciclo corto y Vegetación arbustiva(70%-30%), Pasto cultivo y Arboricultura tropical. Los tipos de clima son mesotérmico semihumedo, considerado de esa manera debido a la precipitación anual que es de 500 a 2.000 mm. Plan de Desarrollo Territorial - PDOT -San Pablo 2015-2030, (Aguilar Gaibor, 2018). Figura 14.



Figura 14. Imagen de la Parroquia San Pablo de Atenas
Fuente: PDOT-San Pablo 2015-2030

4.3.1.3.- Chimbo

La ciudad de San José de Chimbo, se encuentran a una altura entre 1000 a 2700 m.s.n.m, las zonas climáticas son: mesotérmico ecuatorial semihúmedo a húmedo que oscila entre 12 a 22°C con precipitaciones entre 500 a 2000mm; y el tropical húmedo y muy húmedo con más de 22°C y precipitaciones de más de 2000mm, (Aguilar Gaibor, 2018). Figura 15.



Figura 15. Imagen del cantón San José de Chimbo
Fuente: GAD Cantonal de Chimbo 2019

4.3.2.- Chimborazo

La provincia de Chimborazo, se encuentra ubicada en el centro del Ecuador, con una extensión jurisdiccional de 6500,66 Km² (Instituto Espacial Ecuatoriano IEE, 2013), políticamente se subdivide en 10 cantones y 45 parroquias rurales (INEC-2010). El rango altitudinal es desde los 135 m.s.n.m. a 6310 m.s.n.m. Los valores de precipitación media mensual observada en las zonas de mayor precipitación superan los 200 mm, mientras que la estación que registra la menor precipitación media es Guano con 57 mm, correspondiente al mes de marzo, (de la Provincia, 2013). Figura 16.



Figura 16. Imagen de la Provincia de Chimborazo
Fuente: Sistema Nacional de Información SNI - 2019

4.3.2.1.- Columbe

La parroquia Columbe, parte del Cantón Colta se encuentra en un rango altitudinal de 3080 - 4320 msnm, con una temperatura de 8 - 14 °C, y precipitación de 500 – 1750 mm. Se limita al Norte: parroquias Villa la Unión y Santiago de Quito; Sur: Parroquia matriz del cantón Guamote; Este: parroquia matriz Guamote y parroquia Flores, cantón Riobamba. Oeste: parroquia Juan de Velasco (Pangor). Sobre el territorio total que es 170290ha, se cuenta con 5274,57ha de vegetación del ecosistema páramo. En ésta parte de la serranía central ecuatoriana, encontramos zonas con precipitaciones que superan los 2.000 mm de lluvia al año, así como sectores con déficit hídricos que alcanzan los 500mm. Diferente tipo de suelos, desde los negros andinos con niveles de fertilidad adecuados y altos contenidos de materia orgánica, hasta suelos tipo arenosos de colores claros, con bajo contenido de nutrientes y pobres en

materia orgánica. La parroquia cuenta con piso climático montano que cubre alrededor de 6ha, montano alto 5400 ha, montano alto superior 11742 ha y subnivel 141 ha Plan de Desarrollo y Ordenamiento Territorial PDOT- COLUMBE.

Se puede identificar desequilibrio de la población animal que han sido afectados en la mayoría de áreas; como es el caso de las aves, anfibios, mamíferos, reptiles, peces, ha sido notoria su desaparición, debido a actividades antrópicas que afectan directa e indirectamente, (Manzano Peñafiel & Cruz Cuvi, 2012), Figura 17.

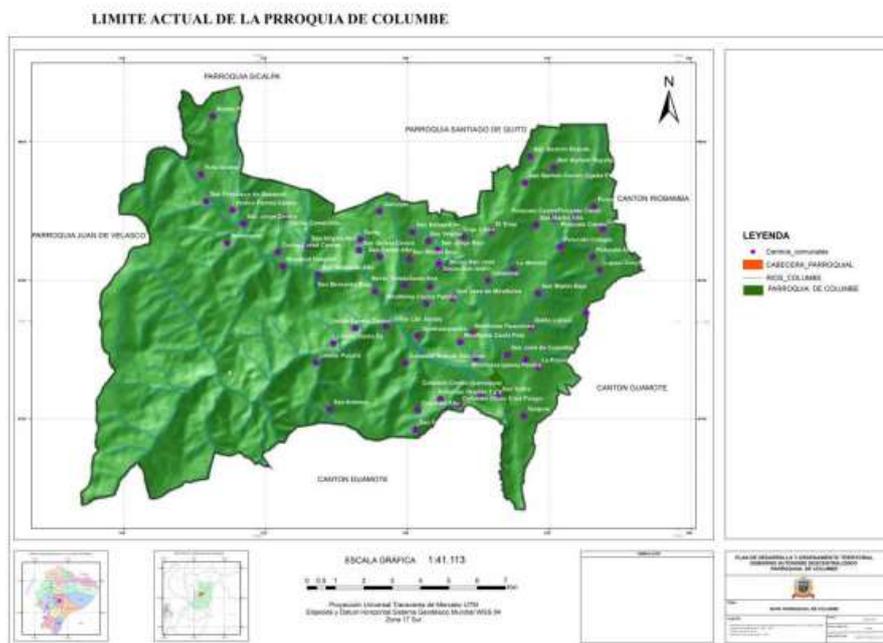


Figura 17. Imagen de la parroquia Columbe
Fuente: PDOT Columbe 2014 - 2019

4.3.2.2.- Nabuzo – Penipe

La parroquia de Nabuzo se encuentra a una altitud desde los 3600 a 4300 msnm en el cual se encuentran la mayoría de ecosistemas naturales, con una precipitación mínima anual de 500 a 750 mm/anuales (región occidental) y la máxima de 200 a 2500 mm/anuales (zona oriental); con una temperatura promedio de 12,5°C con un rango máximo que va de 10 a 12°C media anual y mínima que va de 2 a 4°C; presenta relieves entre edificios volcánicos y subnival, vertiente andina alta, pie de monte y zona baja. Las composición edafológica del Cantón Penipe corresponde a los subórdenes: AQUEPTS, ANDEPTS, ANDEPTS – PSAMMENTS, FLUVENTS, ORTHENTS; existen zonas que se caracterizan por la presencia de nieve, roca, y áreas que carecen de suelo. El 37.71% de la superficie del cantón presenta suelos ANDEPTS, éstos suelos corresponden al grupo de los inceptisoles derivados de maetiales parentales

volcánicos, se caracterizan por su alta fertilidad, propicio para el desarrollo de actividades agrícolas y pecuarias; existen zonas que carecen de suelo, Figura 18. Los pisos climáticos son el ecuatorial frío semi húmedo alta montaña y ecuatorial frío alta montaña. La humedad relativa va desde 65% a 85% en la zona ecuatorial frío semi húmedo alta montaña y superior al 80% en la zona ecuatorial frío alta montaña. PDOT PENIPE, (Chimborazo, 2011).

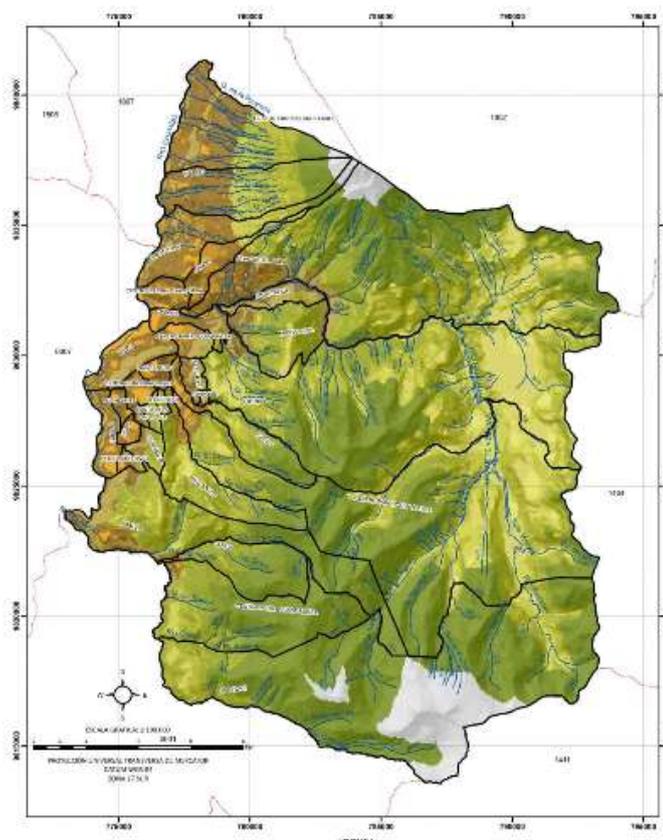


Figura 18. Imagen del Cantón Penipe
Fuente: PDOT Penipe 2014 - 2019

4.3.2.3.-Licto

La parroquia rural San Pedro de Licto, pertenece a la provincia de Chimborazo, Latitud: 766405 - Longitud: 9800166, con un rango altitudinal entre 2680 y 3320 msnm. Limita al norte con el Cantón y río Chambo, al sur Parroquia Cebadas al este Río Chambo y Parroquia Pungalá y al oeste Parroquias Flores y Punín. La parroquia presenta el siguiente relieve Coluvión antiguo, relieve plano o ligeramente inclinado; Llanura de esparcimiento de flujos volcánicos laharrítico. Superficies planas a onduladas; Garganta profunda y/o barranco; Vertiente abrupta irregular, muy fuerte, Vertiente moderada, en los que se desarrolla cultivos de ciclo corto y largo, pastoreo de animales, maquinaria agrícola, actividades agropecuarias. El tipo de suelo en el territorio de

la Parroquia es de Orden ENTISOLES y Suborden ORTHENTS, MOLLISOLES Suborden USTOLLS, INCEPTISOLES Suborden ANDEPTS.

Presenta una Precipitación Isoyetas, Isolínea (o curva de nivel), que une los puntos, en un plano cartográfico, que presentan la misma precipitación en la unidad de tiempo considerada. La precipitación varia de (500 a 1250) mm al año. La temperatura va desde los 10° C a 13°C. los pisos climáticos de la zona son: Ecuatorial frío alta montaña que está determinado por la altitud, las precipitaciones son muy abundantes y se caracteriza por el alto frío de la zona, la vegetación es muy variable, de acuerdo a la latitud en que se encuentren ubicadas las montañas; Ecuatorial mesotérmico semi- húmedo el cual es un cambio climático entre la Sierra y otra región que la limitan. La temperatura varía según la altitud; Ecuatorial Mesotérmico Seco, el cual se presenta en el fondo de los valles de callejón interandino, PDOT – Licto (Coello, Lobato, Riofrío, Gualpa, & Guevara, 2014), Figura 19.

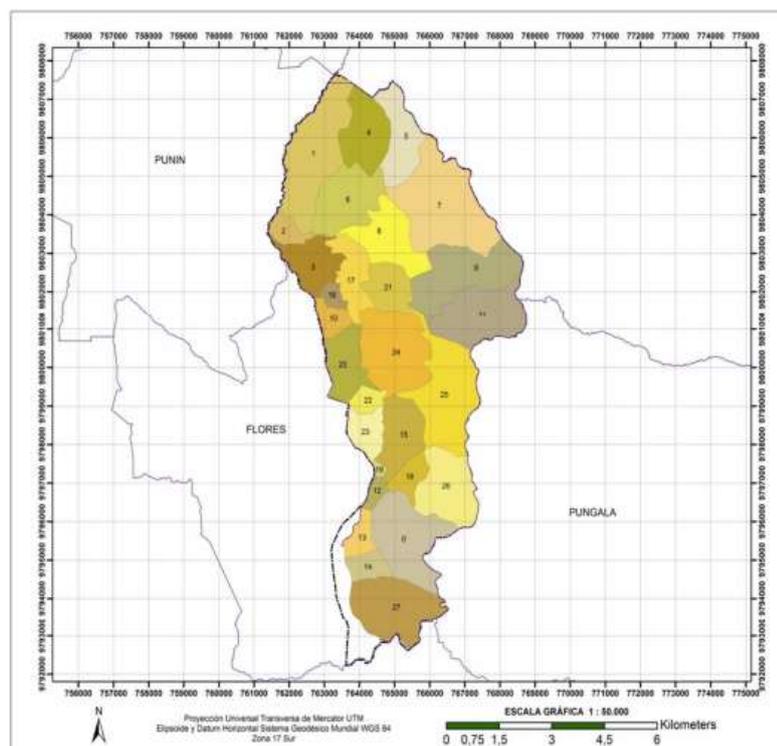


Figura 19. Imagen del Cantón Licto

Fuente: Cartografía MAE 2014 - elaboración: equipo técnico del GAD Parroquial Licto.

4.3.2.4.- Chambo

El cantón Chambo se encuentra ubicado al noroeste de la provincia de Chimborazo, a las faldas de la Cordillera Oriental, su altitud va desde los 2400 a 4730 msnm, parte de la región Interandina – Sierra Centro. La temperatura promedio es de 14°C, con una precipitación media anual de 500mm; se presentan climas como templado subandino, frío andino y el glacial, con una humedad relativa del 60 al 65% y promedio 67.27%. Se localiza en las siguientes coordenadas geográficas 01° 42' 32" de latitud Sur y 78° 35' 32" de longitud occidental, Figura 20, PDOT – Chambo (Chimborazo, 2011), (Pdot, 2014).

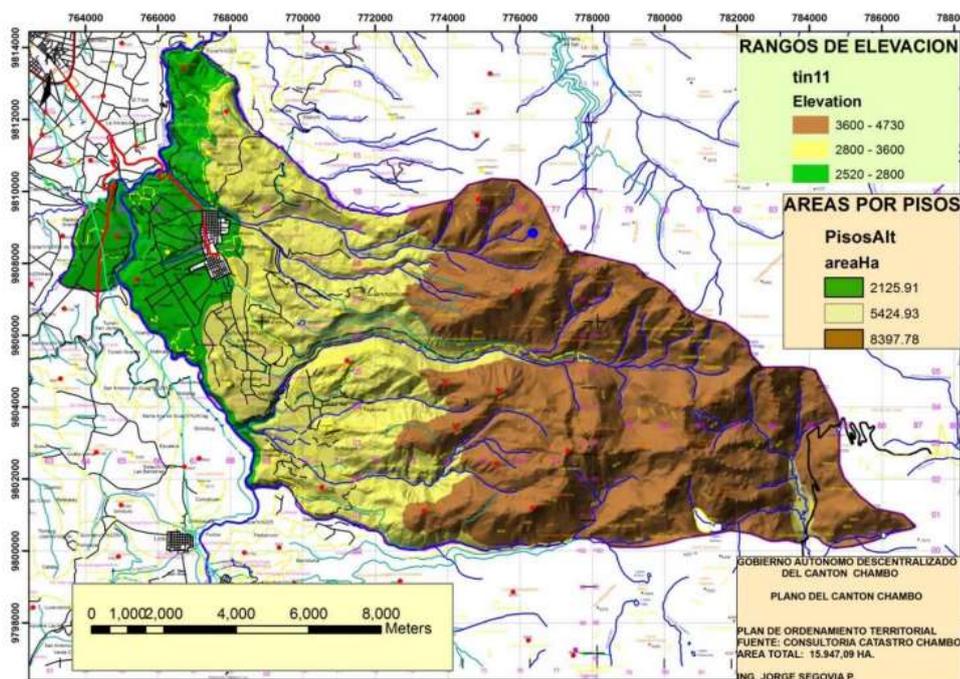


Figura 20. Imagen del Cantón Chambo
Fuente: PDOT Chambo 2012 - 2025

4.3.2.5.- Guano

El cantón Guano se encuentra situado al norte de la Provincia de Chimborazo, su relieve es montañoso su rango de altitud va desde los 2.000 hasta los 6.310 msnm. MEMORIA TÉCNICA CANTÓN GUANO. Sus coordenadas son latitud sur 01°36'10"; latitud oeste 0°6'30"; latitud occidental 0°11'30". Se encuentra a una altura de 2683 msnm. Posee un clima templado con estaciones marcadas secas, lluviosas, y verano frío con temperatura media de 16°C, la temperatura oscila entre 3.6 a 28.3°C, la precipitación promedio anual es de 106.23mm; son suelos son profundos con una textura que varía entre franco-arenoso a arena franca, (Barros, Tatiana, & López Romo, 2012), Figura 21.

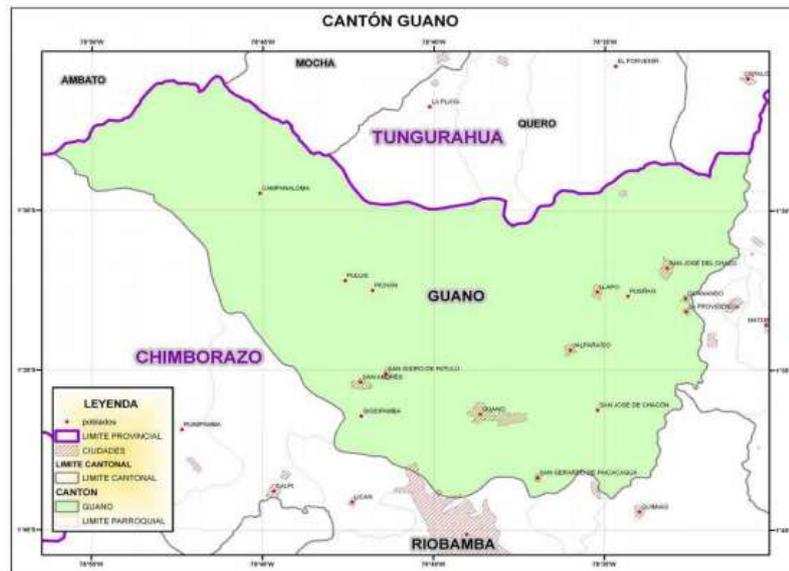


Figura 21. Imagen del Cantón Guano
Fuente: CLIRSEN, 2012

4.3.3.- Guayas

La provincia de Guayas, se encuentra localizada en la región litoral o costa, al suroeste del país. La influencia de las corrientes marinas fría de Humboldt y cálida de El Niño producen que el clima de la provincia sea tropical sabana y tropical monzón, con temperaturas elevadas durante la mayor parte del año; presenta temperatura promedio de 25°C aproximadamente con dos estaciones invierno o época de lluvias de enero a mayo; y la época de verano o época sea que va desde junio hasta diciembre, (de Guayas, 2013).

4.3.3.1.- General. Antonio Elizalde (Bucay)

Pertenece a la provincia del Guayas, es una zona alta y se encuentran en la parte inferior del flanco de la cordillera Occidental de los Andes a 2°12'17"S 79°10'40"O. Sus suelos son derivados de proyecciones volcánicas recientes. Andisoles desaturados. Además los suelos entisoles se localizan en las laderas de la Cordillera Andina Occidental, sobre fuertes pendientes sujetos a una erosión constante. El clima de Bucay se caracteriza por ser cálido y lluvioso llegando a considerarse como un clima tropical húmedo con una temperatura media anual de 16° a 28° C y humedad relativa de 94%, ideal para la producción agrícola y para cultivo de pastizales para la producción ganadera que se desarrolla en el cantón (Gobierno Autónomo Descentralizado de General Antonio Elizalde (Bucay, 2015); se encuentra a una altura entre 700 a 1200 msnm, Figura 22.



Figura 22. Imagen del Cantón Bucay

Fuente: Cartografía Base: SNGR e INEC, 2019

4.3.3.2.- Cumandá

El Cantón Cumandá está ubicado al sur occidente de la provincia de Chimborazo, en las estribaciones de la cordillera occidental. Geográficamente se encuentra desde los 70 grados 0 minutos, 79 grados 15 minutos de longitud oeste y 2 grados 6 minutos hasta 2 grados 16 minutos de latitud sur. Se sitúa en una altitud muy variable (relieve accidentado en su mayoría), con alturas que fluctúan entre 135 msnm hasta los 3000 msnm; por lo que es una de las zonas con mayor biodiversidad de la provincia y del país, dando origen a diversos microclimas con su respectiva flora y fauna característica. Se encuentra ubicada en el subtrópico, por lo que su clima tiene una temperatura promedio de 20° C. Los suelos pertenecen a la formación sedimentaria cuaternaria, son de origen volcánico o sedimentario antiguo, producto de la descomposición de lavas, rocas detríticas, aglomerados y son molisoles, alfisoles, entisoles.

Norte: Parroquias Multitud y Sibambe perteneciente al Cantón Alausí. Sur: Parroquia Aventura del Cantón Cañar, provincia de Cañar Este: Parroquia Huígra del Cantón Alausí, provincia de Chimborazo. Oeste: Parroquia Santa Rosa del Cantón Chillanes, provincia de Bolívar, Cantón General Antoino Elizalde (Bucay) y Cantón Marcelino Maridueña de la Provincia del Guayas. El rango altitudinal es de 300 hasta los 1.900 metros sobre el nivel del mar aproximadamente. PDOT 2014-2019, (Cumandá, 2011), Figura 23.

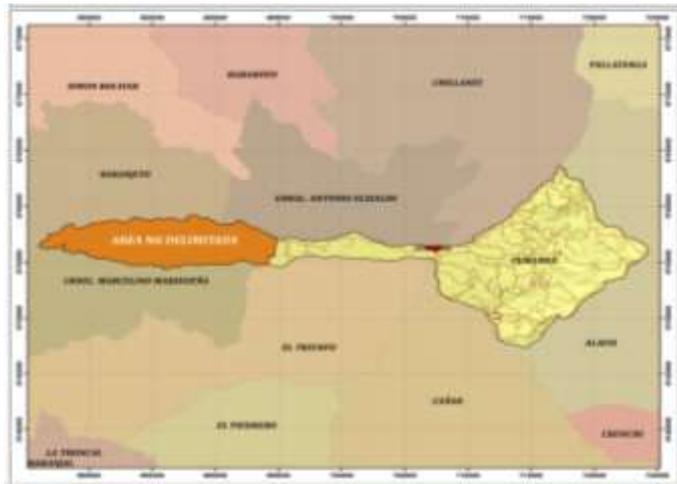


Figura 23. Imagen del Cantón Cumandá
Fuente: PDOT 2014-2019

4.3.3.3.- Pallatanga

El cantón Pallatanga se encuentra situado al sur-oeste de la provincia de Chimborazo, en la hoya de Chimbo. Ubicada en la región interandina o sierra, la vía provincial une a Chimborazo y Guayas (costa). El piso climático se encuentra entre los 1000 y 4357 msnm; dentro de este rango se ha dividido en tres zonas: alta, media y baja; por lo que, se encuentra inmerso en una gran diversidad climática con temperaturas medias de 18.5 °C, en la transición ecológica entre la Sierra y Costa se generan microclimas como el: Ecuatorial Mesotérmico, Semi-Húmedo y Ecuatorial de Alta Montaña, (Cañizares, 2013), Figura 24.

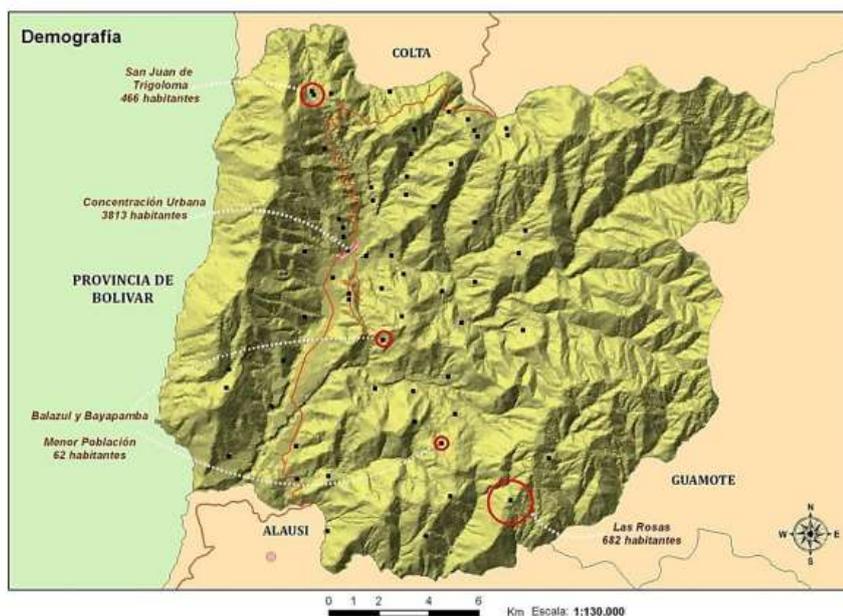


Figura 24. Imagen del Cantón Pallatanga
Fuente: PDOT 2014-2019, (Cañizares, 2013)

4.3.4.- Tungurahua

La provincia de Tungurahua se encuentra ubicada en la Hoya de Oriental de Patate.

4.3.4.1.- Pelileo

Existe diversidad de pisos climáticos propios de la región interandina, existiendo un predominio del clima templado sub-andino, frío andino, glacial, mesodérmico seco, que se modifica por los vientos que ingresan por el cañón del río Pastaza. La altitud promedio cantonal es de 2.900 msnm; el punto más alto es el cerro Teligote con 3.400 msnm y el punto más bajo es el valle de Chiquicha con 2.400 msnm. La temperatura media anual es de 13° C. La máxima media es de 14.8° en noviembre y diciembre, la máxima absoluta llega a 31.9° C en noviembre, mientras que los meses más fríos son julio y agosto con 7.8° C y 7.4° C. En promedio humedad relativa máxima es de 86% en los meses de mayo a julio y la mínima de 83% en los meses de septiembre, octubre, diciembre y enero. La precipitación media anual oscila entre los 557 y 700mm/año, (Ojeda Sánchez, 2013), Figura 25.

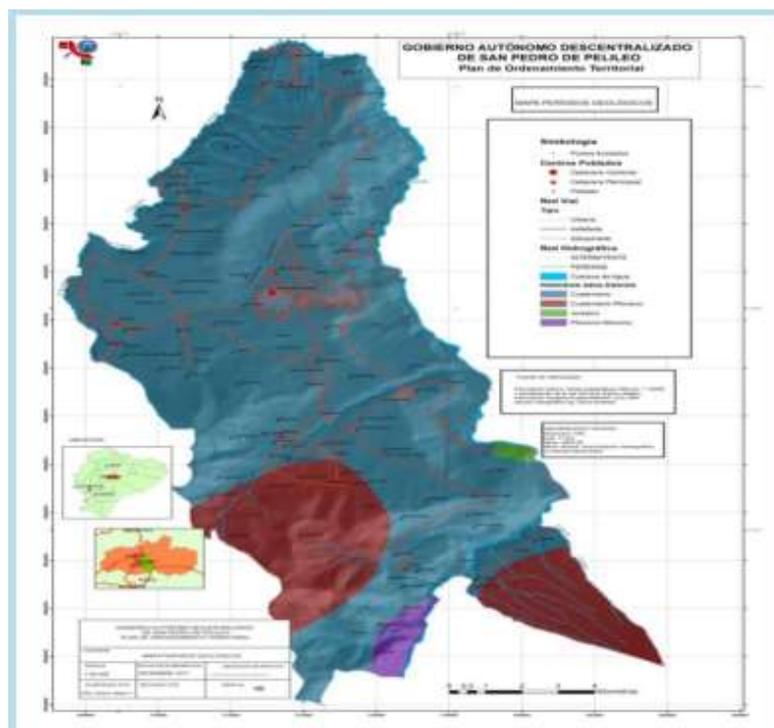


Figura 25. Imagen del Cantón Pelileo
Fuente: GAD Pelileo (Dirección de Planificación)

4.3.4.2.- Tisaleo

El Cantón Tisaleo se encuentra ubicado en el sector Sur Occidental de la provincia de Tungurahua, con una altitud promedio de 3.247 m.s.n.m. en el centro de la ciudad, 3.425

m.s.n.m. en la zona alta, y con una altitud de 2920 a 3.015 m.s.n.m. en la zona baja. Comprende el piso térmico frío (templado y seco), con temperaturas que oscilan entre los 8 y 12° C. La precipitación promedio es 700 mm anuales; presenta una humedad relativa promedio de 55%, (de Tungurahua, 2012), Figura 26.

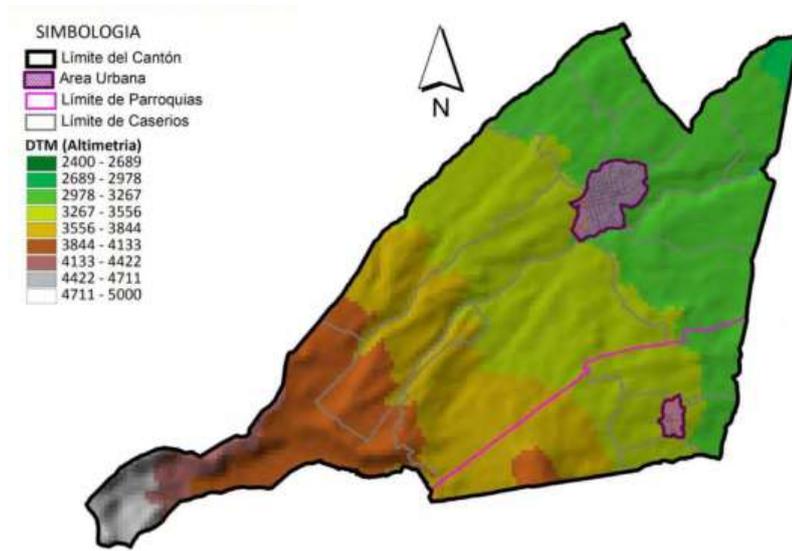


Figura 26. Imagen del Cantón Tisaleo
Fuente: PDOT, 2014 – 2019.

4.3.4.3.- Ambato

El cantón Ambato, capital de la provincia de Tungurahua con un clima templado, posee tres pisos ecológicos principales que dominan el área de acuerdo a la clasificación por altura son: Andino (> 3600 m.), Subandino (3.200 – 3.600 m.) e Interandino (2800 – 3200 m.). La temperatura influye en el cantón con una fluctuación que va desde los 13.3 grados centígrados (°C) hasta temperaturas mayores a los 14.7°C; la variación que se presenta en este parámetro está dada por la irregularidad altitudinal del terreno y se expresa en el rango que va desde los 7 a 24°C, ubicándose el cantón entre los 2240 hasta los 6280 msnm. La precipitación promedio anual es 412 milímetros (mm) hasta mayores a 675 mm, (de Tungurahua, 2012), Figura 27.

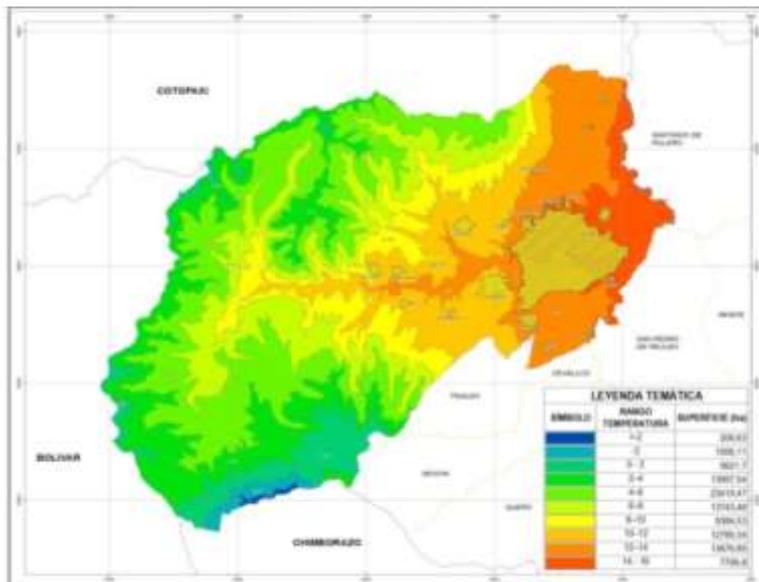


Figura 27. Imagen del Cantón Ambato
 Fuente: Instituto Nacional de Meteorología e Hidrología, INAMHI - COORDINACIÓN PDOT – 2016

4.3.4.3.- Baños

El Cantón Baños, parte de la Provincia de Tungurahua, se localiza al centro de la Región interandina (sierra), en los flancos externos de la cordillera oriental de los Andes, entre el río Pastaza, el río Bascún y las faldas del volcán Tungurahua, a una altitud promedio de 1820 msnm, presenta un clima lluvioso tropical de 15 a 25 °C y 19°C en promedio, con un clima lluvioso tropical, (de Tungurahua, 2012), Figura 28.

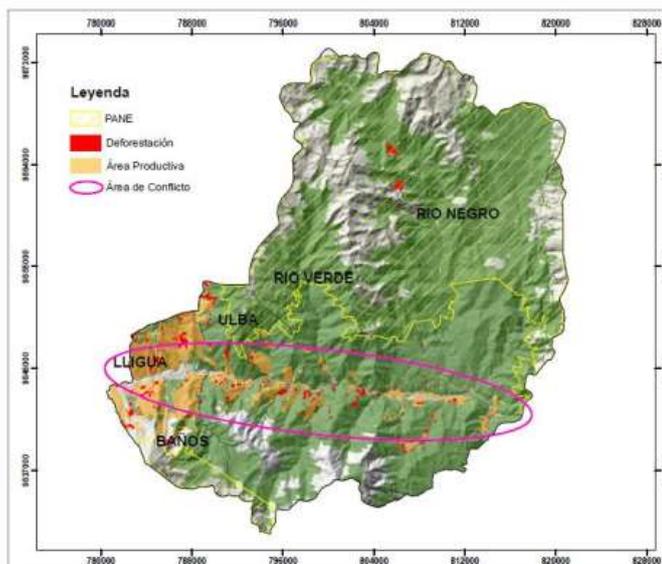


Figura 28. Imagen del Cantón Baños
 Fuente: SNI, 2015, elaborado por: 360 Soluciones, 2015

4.3.5.- Cotopaxi

La topografía de la Provincia de Cotopaxi varía desde los 90 msnm en la Parroquia Moraspungo del Cantón Pangua, asciende hasta los 4.480 msnm en la Cordillera Occidental en el Sector de la Comunidad de Apagua, desciende a los 2.760 msnm en la Ciudad de Latacunga, para subir nuevamente hasta el punto más alto localizado en el borde del cráter del Volcán Cotopaxi con una altitud de 5.920 msnm, (provincia de Cotopaxi, 2015), Figura 29.

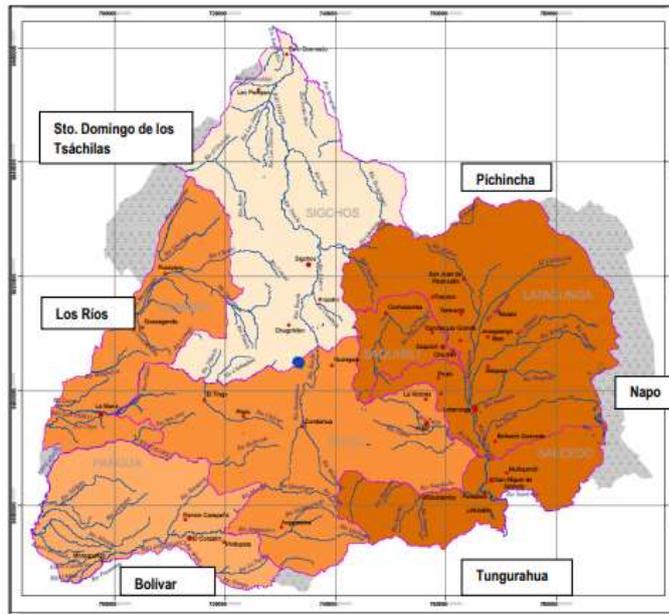


Figura 29. Imagen del Cantón Cotopaxi

Fuente: Digitalización Cartográfica base IGM 1: 50.000. Convenio ECOCIENCIA - HGPC

4.3.5.1.- Pujilí

El Cantón Pujilí, su cabecera cantonal se ubica a 2 961 m.s.n.m. Debido a su relieve, la temperatura del Cantón varía entre los 3 y 21 °C., lo que significa que tiene varios climas: templado en su zona urbana, frío en las regiones altas y cálidas en áreas del sub trópico. Con clima templado periódicamente seco o meso térmico, y semi-húmedo en la zona de los páramos. Los niveles de precipitación están entre 6 mm y 2380 mm anuales, con una humedad relativa entre 59 y 98%, lo cual depende del mes del año.

Subtropical Occidental: su rango altitudinal está entre 800 a 1000 a 1800 –2.000 msnm; el clima es subtropical. Templado: su rango altitudinal está entre 800-1.000 a 1.800 – 3.000 msnm; su clima es templado. Altoandino: su rango altitudinal está desde los 3.000 msnm, su clima es frío, (Tapia & del Cisne, 2012), Figura 30.

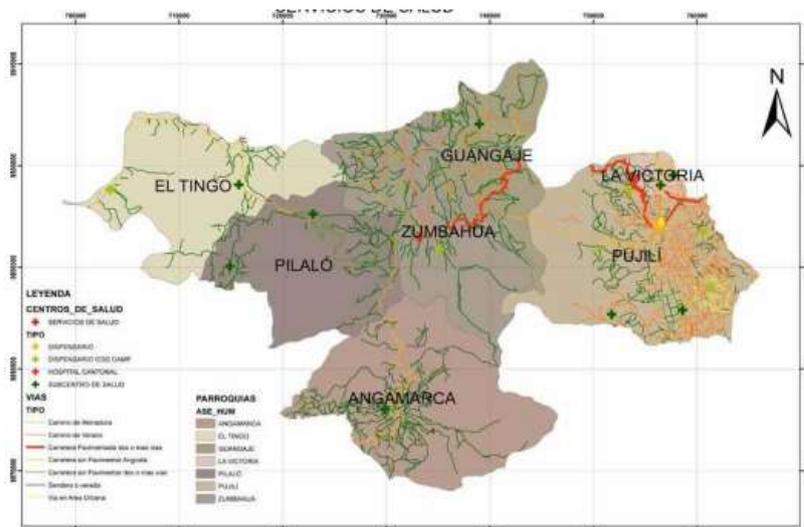


Figura 30. Imagen del Cantón Pujilí
 Fuente: SNI, 2015, elaborado por: 360 Soluciones, 2015

4.3.5.2.- Poaló

La Parroquia Poaló, se halla entre las coordenadas 00°51 07” y 00°54 45” de latitud Sur y de acuerdo al meridiano de Quito está entre 00° 08 21” y 00°17 28” de longitud Oeste, su altura promedio es de 3.560 msnm, una temperatura oscila entre 12 a 20 °C con un promedio de 10°C, y una precipitación media anual de 625 mm. Su clima templado va de montano bajo, montano y montano alto. La humedad relativa está comprendida entre el 50 y el 80 %, (provincia de Cotopaxi, 2015), Figura 31.

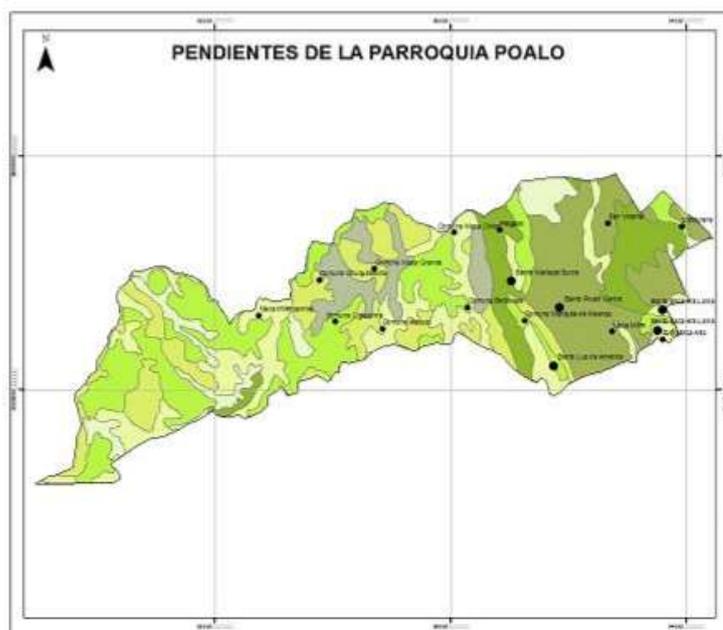


Figura 31. Imagen de la Parroquia Poaló
 Fuente: SIG Agro, 2013, elaboración: GAD Poaló.

4.3.5.3.- Belisario

La Parroquia Rural de Belisario Quevedo, pertenece al Cantón Latacunga de la Provincia de Cotopaxi. La altitud de la parroquia desde el oeste al este, se tiene que el punto más bajo se encuentra en los 2.680 msnm en el Río Cutuchi, asciende a los 2.880 msnm en el pie del Cerro Putzalahua, alcanza los 3.480 msnm en la cima del Cerro Putzalahua y los 3.400 msnm en la Loma Palopo, desciende a los 3.280 msnm en Quebrada Terremoto para nuevamente subir a los 3.960 msnm en el Cerro Puctín límite de la parroquia. Temperatura promedio anual 27.5 ° C 7.7 ° C. Precipitación promedio anual 450 a 1500 mm, (provincia de Cotopaxi, 2015), Figura 32.

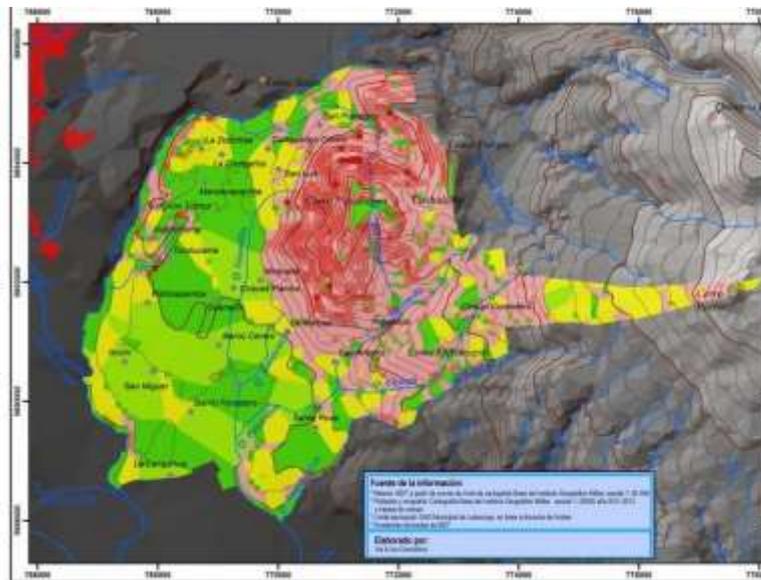


Figura 32. Imagen de la Parroquia Belisario

Fuente: Curvas de nivel de cartografía IGM escala 1: 5, elaborado por: Equipo Técnico Consultor 2015.

4.3.5.4.- Salcedo

El cantón Salcedo se localiza en la zona suroriental de la Provincia de Cotopaxi. La altitud se encuentra entre los 2683 a 4563 m.s.n.m. El clima es templado y frío con una temperatura media anual entre 12°C y 18°C; por estar rodeado de cordilleras cuenta con dos zonas: Zona Fría que se localiza a partir de los 3000msnm en el páramo, con vientos helados. Zona Templada, localizada en la parte baja y plana, con temperaturas que oscilan entre los 12° y 20°C., la precipitación anual va de 500 a 1 000mm, con una humedad relativa del 70%, (del Cantón Salcedo, 2011), Figura 33.

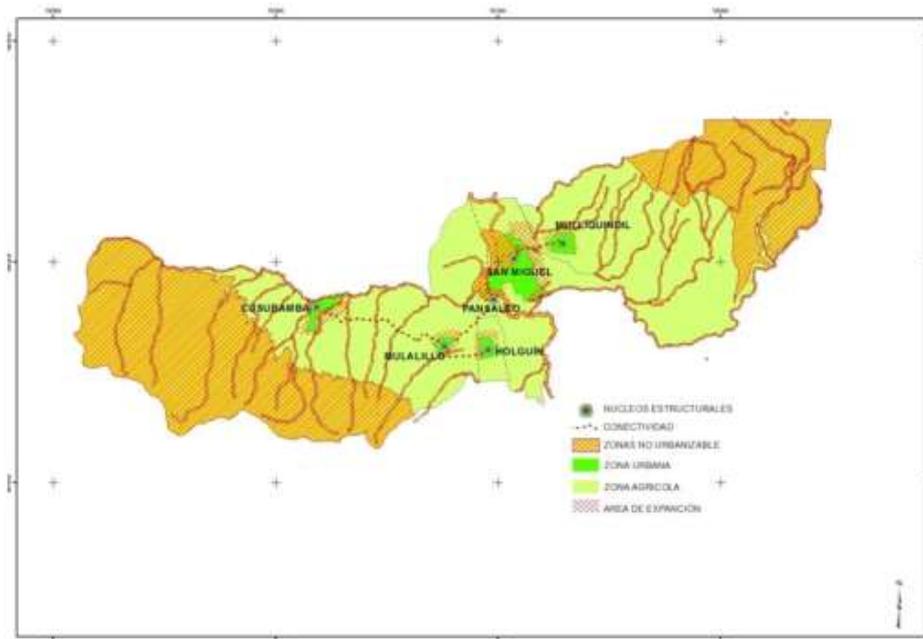


Figura 33. Imagen del Cantón Salcedo
 Fuente: PDOT Salcedo 2014 - 2019

4.3.5.5.- Saquisilí

El Cantón Saquisilí está ubicado en la parte central de la Provincia de Cotopaxi con una altitud que va desde los 2.240 a los 4.280 msnm; una temperatura media de 14 °C y una precipitación anual de 750 mm; presenta tres clases de clima: Ecuatorial de Alta Montaña, Ecuatorial Mesotérmico semihúmedo, y finalmente el clima Ecuatorial Mesotérmico, presenta una humedad relativa del 80%, (Naranjo Enriquez, 2012), Figura 34.

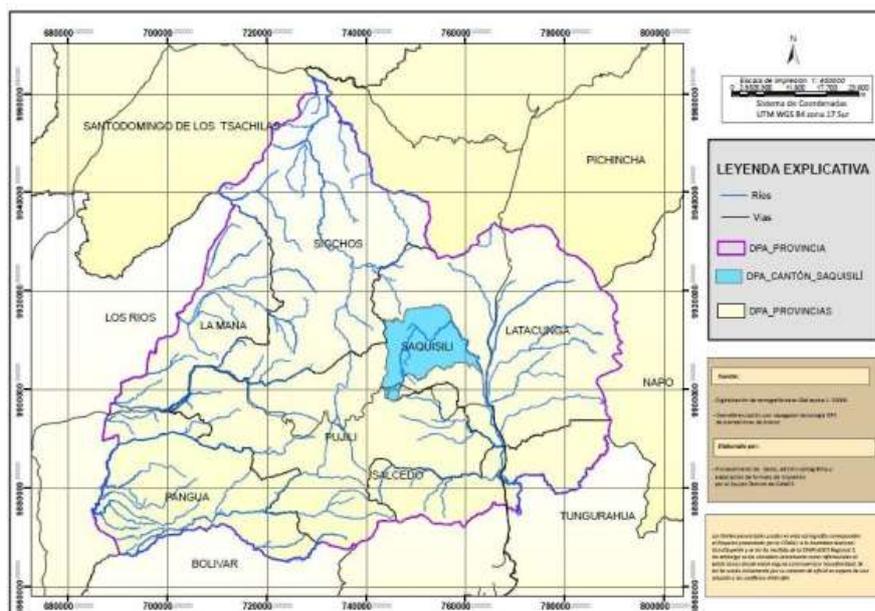


Figura 34. Imagen del Cantón Saquisilí
 Fuente: PDOT Saquisilí 2014 - 2019

4.3.6.- Morona Santiago

La Provincia muestra cuatro grandes regiones de oeste a este, la Cordillera Oriental de los Andes que se despliega del norte al sur, seguido por los valles subandinos con alturas entre 600 a 1500 msnm de los ríos Palora, Upano, Zamora y Bomboiza. Estas están separadas por las cordilleras subandinas del Kutukú y El Cóndor con elevaciones hasta 3000 msnm cuyas estribaciones se derraman en la llanura Amazónica. Se definen las unidades estructurales en base al relieve, considerando pendientes y altitudes de las formaciones geológicas de la Provincia determinándose los siguientes.

La humedad relativa en la Provincia es elevada por la influencia de las masas húmedas provenientes de la Amazonía y por la capacidad evaporante del suelo, la humedad relativa corresponde a valores anuales alrededor de 87% a 90%.

Las temperaturas en la zona amazónica son elevadas y su promedio varía entre los rangos de 18°C en Guarumales a 24°C en Taisha.

Los datos de precipitación de las zonas centro y sur (Sucúa, Logroño, San Juan Bosco y Gualaquiza) tienen mayor similitud con aproximadamente 1.900mm a 2.300mm al año, los cantones de Pablo Sexto, Santiago, también presentan datos de precipitación anual que están dentro de los rangos de 2.200mm a 2.500mm, la zona centro en los cantones Morona y Taisha se encuentran las precipitaciones entre los rangos de 2700mm a 3000mm de precipitación media anual, y las precipitaciones más altas se encuentran en el catón Palora con promedios de 4000mm anuales. Los resultados del mapa de isoyetas, muestra las zonas de la misma precipitación anual y así la variabilidad de la precipitación en la Provincia, con rangos de 500 – 750mm en la parte alta del macizo del Sangay, hasta 5.000 mm anuales en el cantón Palora, (Sucúa, 2017), Figura 35.

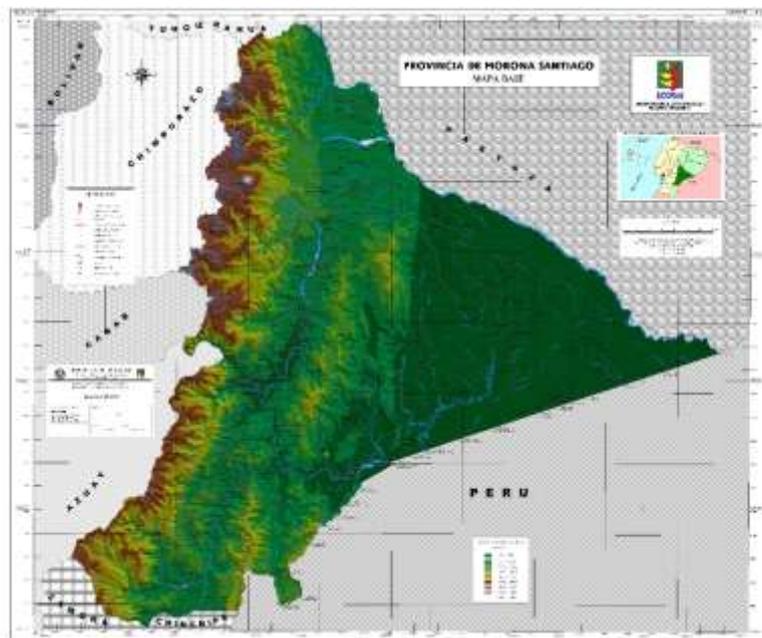


Figura 35. Imagen de la provincia Morona Santiago
Fuente: PDOT Morona Santiago 2014 - 2019

4.4.- Muestreo para las variables de caracterización genética

Se muestrearon al azar un total de 234 animales no relacionados de ambos sexos de seis provincias que representan todos los agroecosistemas continentales de Ecuador: Bolívar, Chimborazo, Cotopaxi, Guayas, Morona Santiago, Tungurahua (Figura 36, 37). El muestreo específico y la ubicación geoespacial se informaron en la Tabla 6, según el municipio de procedencia. Se cargaron hasta 200 μ l de sangre anticoagulada con EDTA K3 en el círculo de recolección de las tarjetas FTA, las tarjetas se secaron a temperatura ambiente durante un mínimo de 3 horas y luego se almacenaron en sobres de papel hasta su utilización. Las 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 asignó un número de laboratorio a cada una de ellas, antes de proceder a la realización de los análisis correspondientes (Anexo 1).



Figura 36. Recolección muestra de sangre



Figura 37. Colocación de la muestra de sangre en las tarjetas FTA

4.5.- Código de ética

Mediante el Decreto 280/2003, de 7 de octubre, se mantienen los derechos generales, el respeto a la dignidad, la integridad y la identidad del ser humano, la promoción en la medida de lo posible, el bienestar de los animales como modelos experimentales en la investigación y en las prácticas docentes. Los riesgos de la seguridad y la salud de los trabajadores y el medio ambiente que conlleva el uso de agentes biológicos. Las muestras de sangre fueron recolectadas por profesionales calificados a través de su práctica habitual, en el marco de programas oficiales dirigidos a la identificación, control de salud y confirmación de parentesco de las razas y poblaciones incluidas en nuestro estudio.

Tabla 6. Localidades donde se ha recogido la muestra, coordenadas geográficas, descripción del clima y altitud

LOCALIDADES	LAT	LONG	CLIMATE	M.S.N.M
Echeandia (Bol)	-1.431431	-79.28067	Tropical Megatérmico SemiHúmedo, Tropical	327
San Pablo (Bol)	-1.813655	-79.09241	mesotérmico semihúmedo	2700
Chimbo (Bol)	-1.676273	-79.03397	mesotérmico ecuatorial semihúmedo a húmedo	1500
Bucay (Gua)	-2.20459	-79.17784	cálido y lluvioso	700
S. Vicente-Cumanda (Gua)	-2.120354	-79.91678	subtrópico	1623
Pallatanga (Chi)	-2.194644	-79.14823	subtrópico	1469
Columbe (Chi)	-1.888049	-78.72282	montano alto y superior	3341
Nabuzo-Penipe (Chi)	-1.554858	-78.54102	ecuatorial frío semi húmedo alta montaña y ecuatorial frío	4300
Nabuzo-Penipe (Chi)	-1.554858	-78.54102	ecuatorial frío semi húmedo alta montaña y ecuatorial frío	4200
Licto (Chi)	-1.804582	-78.6022	Ecuatorial frío alta montaña	2979
Chambo (Chi)	-1.740657	-78.59373	Templado	2800
Guano (Chi)	-1.601677	-78.65432	templado	2799
Pelileo (Tun)	-1.342792	-78.66933	templado sub-andino, frío andino y glacial	2500
Tisaleo (Tun)	-1.223073	-78.59603	Templado y seco	3400
Ambato (Tun)	-1.223073	-78.59603	Tempaldo	2600
Baños (Tun)	-1.40379	-78.44798	Lluvioso tropical	1820
Santa Cecilia (Cot)	-1.40379	-78.44798	Lluvioso tropical	1900
Pujili (Cot)	-0.954693	-78.70558	Templado	2971
Poalo (Cot)	-0.954693	-78.70558	Templado	2917
Belisario (Cot)	-0.954693	-78.70558	Templado húmedo	2806
Salcedo (Cot)	-1.041884	-78.59963	Templado y frío	2500
Saquisili (Cot)	-0.850134	-78.66638	Templado	2938
Sevilla Don Bosco (Ms)	-2.309314	-78.09446	Tropical	1300
Sinai (Ms)	-2.095324	-78.05235	Cálido húmedo	1199
Tres Marias (Ms)	-2.307708	-78.11228	Cálido húmedo	1030
Sevilla De Oro (Ms)	-2.312785	-78.1022	Cálido húmedo	2347

4.6.- Metodología

4.6.1.- Metodología para la obtención de variables morfológicas y fanerópticas.

Se midieron 15 variables cuantitativas propuestos por FAO (1981) y adaptados por Lázaro (2006) y Estrada (2007). Los datos cuantitativos se obtuvieron utilizando una báscula digital, un pie de rey con

precisión de 0,02 mm y una cinta métrica; la información se recolectó en un fichero estructurado con las medidas zoométricas, que incluye georreferenciación de cada productor.

4.6.1.1.- Variables zoométricas y análisis canónico discriminante

La caracterización morfológica de las aves se ha realizado con el diseño y adaptación de metodologías propuestas desde la década de los cuarenta hasta la actualidad, en las cuales se incluyen los lineamientos de la FAO en lo que a especies avícolas se refiere ("Uso de caracteres morfométricos en la clasificación de gallinas locales," 2012). Las medidas morfométricas para aves de traspatio, según Lázaro, C. (2006) y Estrada, A. (2007), se las mide como sigue en la Tabla 7 y Figuras 38 – 52.

Tabla 7. Medidas corporales consideradas para la caracterización de la gallina de campo del Ecuador

VARIABLE	MEDIA
Longitud cabeza (LCAB)	Tomada entre el punto más sobresaliente del occipital y el hueso frontal (lagrimal).
longitud de la cresta (LCRE)	Se toma en dirección cráneo – caudal
longitud de pico (LPIC)	En dirección caudo-craneal, en la base del pico hasta la punta del mismo.
longitud del cuello (LC)	Distancia comprendida desde la base de la nuca hasta el encuentro.
longitud dorsal (LD)	Comprendida entre la primera vértebra torácica hasta la región del pigostillo (cola).
longitud ventral (LV)	Medida en la región esternal (quilla)
longitud perímetro torácico (PT)	Tomado desde la parte más declive de la base de la cruz, pasando por la base ventral del esternón y volviendo a la base de la cruz, formando un círculo recto alrededor de los planos costales.
longitud del ala proximal humero (LAPH)	Desde la unión del húmero con la columna vertebral hasta la terminación del húmero.
longitud del ala media radio cúbito (LAMRC)	Desde la unión del húmero con el radio y el cúbito hasta la terminación de ellos.
longitud del ala distal falange (LADF)	Comprendida desde la unión del radio y el cúbito con las falanges hasta la terminación de ellas.
	Distancia de la región media del coxal hasta la articulación de la rodilla.

VARIABLE	MEDIDA
Longitud de muslo (fémur) (LM)	Distancia entre las región media del coxal hasta la articulación de la rodilla
longitud de pierna (LP)	Distancia entre las articulaciones de rodilla y tarso
circunferencia pierna (CP)	Medida tomada en la parte más prominente de la pierna
longitud tarso metatarso (LTM)	Distancia entre la articulación del tarso y el origen del cuarto dedo.
longitud dedo medio falange (LDEDO)	Distancia entre el calcáneo y el tobillo

Lázaro (2006) y Estrada (2007).

Longitud de la cabeza (LCAB). Tomada entre el punto más sobresaliente del occipital y el hueso frontal (lacrimal). Figura 38.



Figura 38. Longitud de cabeza
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Longitud de cresta (LCRE). Se toma en dirección cráneo - caudal. Figura 39.



Figura 39. Longitud de cresta
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Longitud del Pico (LPIC). Tomada desde la inserción del pico hasta su punta o vértice. Figura 40.



Figura 40. Longitud de pico
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Longitud de cuello (LC). Distancia comprendida desde la base de la nuca hasta el encuentro. Figura 41.



Figura 41. Longitud de cuello
Fuente: Martínez E. (2016).

Longitud dorsal (LD). Comprendida entre la primera vértebra torácica hasta la región del pigostillo (cola). Figura 42.



Figura 42. Longitud dorsal
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Longitud ventral (LV). Se toma desde el punto de encuentro hasta el pigostillo (cola). Figura 43.



Figura 43. Longitud ventral
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Longitud perímetro torácico (PT). Tomado desde la parte más declive de la base de la cruz, pasando por la base ventral del esternón y volviendo a la base de la cruz, formando un círculo recto alrededor de los planos costales Figura 44..



Figura 44. Longitud perímetro torácico
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Longitud de ala proximal (húmero) (LAPH). Desde la unión del húmero con la columna vertebral hasta la terminación del húmero. Figura 45.



Figura 45. Longitud de ala proximal (húmero)
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Longitud de ala media (radio cúbito) (LAMRC). Desde la unión del húmero con el radio y el cúbito hasta la terminación de ellos. Figura 46.



Figura 46. Longitud de ala media (radio cúbito)
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Longitud de ala distal (falanges) (LADF). Comprendida desde la unión del radio y el cúbito con las falanges hasta la terminación de ellas. Figura 47.



Figura 47. Longitud de ala distal (falanges)
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Longitud de muslo (fémur) (LM). Distancia de la región media del coxal hasta la articulación de la rodilla. Figura 48.



Figura 48. Longitud de muslo (fémur)
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Longitud de pierna (tibia – tarso) (LP). Es la distancia entre las articulaciones de rodilla y tarso.

Figura 49.



Figura 49. Longitud de pierna (tibia – tarso)
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Circunferencia pierna (CP). Medida tomada en la parte más prominente de la pierna Figura 50.



Figura 50. Longitud de pierna (tibia – tarso)
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Longitud de caña (tarso-metatarso) (LTM). Distancia entre las articulaciones del tarso y el origen del cuarto dedo. Figura 51.



Figura 51. Longitud de caña (tarso-metatarso)
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

Longitud del dedo medio (3ª falange) (LDEDO). Comprende la distancia entre el calcáneo y el tobillo. Figura 52.



Figura 52. Longitud del dedo medio (3ª falange)
Fuente: Martínez E. y Toalombo P. (2016).

La técnica multivariada implicó el uso del análisis discriminante canónico sobre las provincias y las 15 medidas morfológicas, para identificar la variación aportada por las distintas variables medidas en la experimentación, y establecer agrupamientos en el espacio de las distintas subpoblaciones (Cuadras, 1981 y Sierra, 1994) (Johnson y Wichern, 1982). Es decir se utilizó para determinar el porcentaje de asignación de individuos en sus propias poblaciones; para descubrir una combinación lineal de variables morfológicas cuantitativas que proporcionan una separación máxima entre diferentes poblaciones según las provincias. También se utilizó para trazar pares de variables canónicas para ayudar a la interpretación visual de las diferencias de grupo.

4.6.1.2.- Variables fanerópticas y productivas

Las aves estudiadas pertenecían a 50 productores que se dedican a la actividad avícola de traspatio, es decir, para autoconsumo y venta local. Se consideró que no exista relación genética entre productores. Las características fanerópticas se obtuvieron mediante observación directa y se anotaron en un fichero estructurado que incluyó localización georreferenciada e información del productor. Las variables cualitativas registradas para cada gallina fueron: tipo de cresta, presencia o ausencia de plumas en el cuello, color de la piel, color y tipo de plumas en el cuerpo.

CAPÍTULO 1

“DECIPHERING THE PATTERNS OF GENETIC ADMIXTURE AND DIVERSITY IN THE ECUADORIAN CREOLE CHICKEN”

Paula Alexandra Toalombo Vargas, José Manuel León, Luis Rafael Fiallos Ortega, Amparo Martínez, Alex Arturo Villafuerte Gavilanes, Juan Vicente Delgado and Vincenzo Landi

Animals 2019, 9, 670

<https://doi:10.3390/ani9090670>

Simple Summary: In Ecuador Creole Chicken productions is of crucial importance into the family economy and nutrition. These chickens represent a focal point in scientific research for tree main reason: 1) they are a unknow genetics resource derived from 500 years of environmental and human selection and represent an important reservoir of genetic variability and adaptability ; 2) Creole chicken production is normally familiar and in a marginal dimension and is an important source of economical input for medium-low income people and 3) being a local genetics resource is available to local society without international enterprises intermediation and represent the starting point for food sovereignty. We aimed to measure the level of genetic diversity and its phylogenetic position compared with other outgroup breeds by mean of microsatellite and mitochondrial markers information. Our results showed that these chicken populations represent a great reservoir of genetic variability but the genetic fragmentation due also to the high geographical diversity of the country could compromise the conservation status and therefore the setup of an official breeding program is needed for the conservation a valuation of these avian populations being this genetic characterization a first step.

Abstract: Latin American creole chickens are generally not characterized, such is the case of Ecuador, where the lack of scientific information is contributing to their extinction. Here we developed a genetic characterization of the Ecuadorian chicken resources located in the three continental agroecosystems of the country (Pacific coastal, Andean and Amazonian). Were collected blood samples of 234 unrelated animals in six provinces: Bolívar, Chimborazo, Cotopaxi, Guayas, Morona Santiago, Tungurahua to perform a genetics characterization and population structure assessment using the FAO/ISAG microsatellites panel (30 loci) and D-loop sequences of mitochondrial DNA also comparing with reference data from other breeds or genetics lines. Most important results seem to indicate that Ecuadorian creole chickens are the results of different genetic groups admixture happened during the last five centuries. While the influence, in colonial age, of South Spanish breeds is demonstrated, genetics relationships with other breeds cannot be discarded (Leghorn, Spanish Fight cock). Geographical conformation of the country and the extreme climate variability have influenced the genetics isolation of groups constituting homogeneous genetic status into the whole population; this is a source of genetic variation, but also a critic point because the genetic drift produces a loss of genetics variants.

Keywords: creole chicken; STRs, D-loop, conservation

1. Introduction

In Ecuador, creole chicken is an important genetic resource being part of the traditional diet and an important economic intake for the families being exploited in backyard productions. These animals' meat and eggs have a high nutritional value accessible to the entire population due to its low purchasing power. According to the National Finance Corporation in 2016, after conducting an economic analysis of poultry production in Ecuador, was indicated that between 2013 and 2016 the raising of field poultry decreased 27% while was observed an increase of industrial rearing system (Amores Cárdenas, 2016) putting the attention to the need of an urgent action for the study and characterization of creole population.

The origin of Creole chicken in the American continent is still controversial: current Creole chicken derive from the introduction of European animals during the Spanish colonization starting from XV century. According other authors however, chicken already existed in pre-Columbian civilization. This theory would be confirmed in one registry in which Francisco Pizarro(Moreno, Bustos Lozano, Terán Najas, Landazuri Camacho, & Ayala Mora, 2008) describe the presence of chicken in never knows indigenous settlement but also by the presence, in all the South American continent of animals producing blue coloured eggs, typical of Asian germplasm (Dancause et al., 2011).

The arrival of chickens from Polynesia is supported by different hypotheses. According to some authors, the relative geographic proximity between Chile and the archipelagos of the Pacific, could justify some type of commerce(Gongora et al., 2008; Y. W. Miao et al., 2013; Storey et al., 2007).

Probably the present population is thereafter the result of different admixture events, including the introduction of industrial genetics type in recent time is also evidenced by the extreme phenotypic variability.

This populations represent an important example of adaptation to different climates. In fact, Ecuador allows within a few kilometres of drastically changing climatic and orographic conditions (Alpine in the Andean region, tropical in oriental part and subtropical in the coastal area) ranging from few meter above sea with very high level of temperature and moisture to the central region with more than 4000 meter over the sea level with cold and dry environment.

The adaptation of the local populations of chickens to these extreme environmental conditions on one hand ensure a source of proteins in the family nutrition, and in another hand offers a source of richness to develop the new tendencies of sustainable free-range avian production systems respecting the animal welfare.

By now these animals are in permanent risk of extinction, because the lack of serious scientific studies about their characterization which support their general recognition, according to Alderson (Alderson, 2018), the knowledge of the populations characteristics is the first step in the conservation programs. The absence of information about the genetic variability status jointly with the absence of governmental or private breeding plans is threatened by industrial genetic types that are introduced in the country. This situation is similar to those described in other countries of the region (Carvalho et al., 2017). In the present research we used two genetic tools massively employed (Simone Ceccobelli et al., 2015; Delgado et al., 2012; Ferrando et al., 2015; Pons, Landi, Martinez, & Delgado, 2015; Vargas et al., 2016) in methodological approaches to investigate the genetic variability and the genetic relationship among populations in several species. First of all, microsatellite markers from AVIANDIV project (<https://aviandiv.fli.de/>) have been used order to disentangle the population structure and variability and finally we used the sequence of D-loop region of mitochondrial DNA, seeking for different lineage that could demonstrate the hypothesis of multiple origin of Ecuadorian chickens with a view to develop the basic structures to the conservation, valuation and general recognition of these populations. Materials and Methods

2.1 Sampling and DNA extraction

A total of 234 unrelated animals of both sexes were randomly sampled from, six provinces representing all the continental agroecosystems of Ecuador: Bolívar, Chimborazo, Cotopaxi, Guayas, Morona Santiago, Tungurahua (Figure S1, Table S1). Specific sampling and geospatial location have been reported in table S1 divided into the 27 municipality. Up to 200µl of EDTA K3 anticoagulated blood was loaded in the collection circle of the FTA cards, the cards were dried at room temperature for a minimum of 3 hours and then stored in paper envelop until utilization.

Through Decree 280/2003, of October 7, general rights are maintained, respect for the dignity, integrity and identity of the human being, the promotion as far as possible, the welfare of animals as experimental models in research and in teaching practices, assess the risks of the safety and health of workers and the environment that entails the use of biological agents.

The collection of samples and the handling of animals was developed under the rules of animal welfare and was approved by the Ethical Committee of the University of Cordoba.

Both for Mitochondrial DNA and STRs analysis DNA was extracted following a modification of Walsh et al methods (Walsh, Varlaro, & Reynolds, 1992), that briefly consisted in: 3 circles of spotted card were cut using an 2mm Harris Micro punch cleaning with 1% bleach solution between each sample; the circles were disposed in a PCR plate and incubated in 100 µl of a 5% Chelex 100 resin solution (Biorad) at °C for 15 minutes, 60°C for 15 minutes and finally 99°C for 3 minutes. The lysate was removed and frozen at -20°C until use.

2.2 *Molecular marker analysis.*

2.2.1 *Mitochondrial DNA D-loop analysis*

The mitochondrial control region amplification was performed from nucleotide position 16,741 to 1280 (accession number NC007235;), including part of the hypervariable region of the chicken mitochondrial genome (from nucleotide 1 to 1232). Oligo used were described in Ceccobelli et al. (Simone Ceccobelli et al., 2013).

PCR reaction was performed in a total volume of 25 µl as follows: PCR buffer 1X (75 mM Tris-HCl pH 9, 25 mM KCL, 2 mM MgCl₂), 200µM of each dNTP, 0.2 µM of each oligonucleotide, 1U of Taq polymerase (Aidlab Biotechnologies LTD) and ~30 ng of DNA. The reaction mixtures were placed in a thermocycler (Bio-Rad C1000 touch) under the following amplification conditions: 95 °C for 5 min, followed by 34 cycles of 95 °C for 45 seg, 59 °C for 1 min and 72 °C for 2 min, with a final extension at 72 °C for 45 min.

Amplicons quality and consistency were assessed in a 1% agarose gel stained with ethidium bromide and finally 5µl were incubated with 1 unit of FASTAP and 10 unit of Exonuclease I enzyme (Thermo Fisher Scientific) at 37°C during 15 minutes and 80°C for 15 minutes.

Sequencing reactions were performed at Macrogen Inc. services in both directions using PCR oligos.

Nucleotide sequence were checked and edited using MEGA 5.0 software. A fragment of 506 base pairs (from nucleotide 1 to 505) was used in the analysis. The sequences have been submitted to NCBI database with accession numbers from MK649380 to MK649613.

2.2.2 *Microsatellites markers*

We used a total of 30 microsatellite markers used in the BIOCHICKEN Consortium of the CONBIAND Network dedicated to the avian diversity studies in Latin America (<http://www.uco.es/conbiand/Bienvenida.html>). These markers were included in the standard panel of ISAG/FAO (FAO, 2004), and firstly used in AVIANDIV project (http://aviandiv.tzv.fal.de/primer_table.html). Technical characteristics such as PCR and electrophoresis conditions can be consulted in Ceccobelli et al. (Simone Ceccobelli et al., 2013). Allele calling was carried out using Genemapper 4.0 (Life Technology, CA, USA) using a set of standard samples to adjust nomenclature to AVIANDIV dataset.

Statistical and genetic analyses

2.2.3 *Mitochondrial DNA D-loop*

Sequence editing, alignment, and construction of data matrices were carried out with Mega 5.0 (Tamura et al., 2011) and gBlocks 0.91b (Castresana, 2000) software. For statistical analysis the samples were organized into the six provinces (Table S1): Bolívar, Chimborazo, Guayas, Tungurahua, Cotopaxi and Morona Santiago.

The number of haplotypes (H), polymorphic sites (S), and nucleotide (π) and haplotype (Hd) diversity estimates for the domesticated and wild populations were calculated with DnaSP v5 (Librado & Rozas, 2009). Analysis of molecular variance (AMOVA) (L. Excoffier et al., 1992) was used to calculate genetic variation and genetic differentiation between populations by performing 10,000 permutations, using different clustering taking into account the geographical distribution.

In addition, computed pairwise comparisons of F_{ST} values with 1000 permutations were obtained with ARLEQUIN v3.1 (Laurent Excoffier & Lischer, 2010).

To establish genealogical relationships between haplotypes and their frequencies, a haplotype network was constructed using the median-joining method (Bandelt, Forster, & Röhl, 1999) with the software NETWORK v4.6.0.0 (www.fluxus-engineering.com) and setting default parameters. The relationships between haplotypes were also analysed using phylogenetic inference. Final Dataset include all sequences analysed in this study and which retried in the NCBI database, representing the main clades described in literature: AF512092 (haplogroup A); AF512125 (haplogroup B); AF512263 (haplogroup C); AB007726 (haplogroup D); AB114061 (haplogroup E); GU448405 (haplogroup F); GU448894 (haplogroup G); GU448603 (haplogroup K).

2.2.4 *Microsatellites Markers*

For microsatellites statistical analysis a dataset was constructed considering seven chicken breeds for population relationship and geneflow assessment, including as outgroups nine breeds from Spain (including Balearic archipelago), one from Africa, one Creole breed from Chile and finally tree commercial lines (Table S2). Statistical analysis on Ecuadorian samples were alternatively carried out considering each sampling location (Table S1) in order to study the internal diversity of the population alone.

Mean number of alleles per locus and population (MNA), observed (H_o) and expected (H_e) heterozygosity estimates were calculated with EXCEL MICROSATELLITE TOOLKIT 3.1.1 (Park, 2001). Allelic richness was calculated with rarefaction methods using the HP-Rare software (Kalinowski, 2005), taking 10 as the reference number of samples (Kalinowski, 2004). Deviation from Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) at each locus within populations was tested with GENEPOP 4.0 software (Raymond & Rousset, 1995), applying the Fisher's exact test and using the Markov chain algorithm with default setting. P-values (Guo & Thompson, 1992) were calculated and corrected for multiple tests using the Bonferroni method (Rice, 1989). The F_{is} , F_{IT} and F_{ST} coefficients (Weir & Cockerham, 1984) and Factorial Correspondence Analysis (AFC) was calculated using the software Genetix v.4.05.2. program (K. Belkhir, Borsa, Chikhi, Raufaste, & Bonhomme, 1996-2004).

Reynolds distances (Reynolds et al., 1983) showing genetics divergence among breeds was estimated by POPULATIONS v1.2.28 (Langella & Le Loir, 1999), and a neighbour-net was

constructed as implemented in SplitsTree4 software (Huson & Bryant, 2005) to represent the relationships between breeds graphically as well as to depict evidence of admixture.

Pairwise F_{ST} matrix calculation and graphical representation were performed using the Arlequin software v.3.5 (Laurent Excoffier & Lischer, 2010) and with the same software Analysis of Molecular Variance (AMOVA).

Genetics structure and geneflow were assessed using Structure v. 2.3.4 software (Pritchard et al., 2000). The software was firstly run in a dataset including all the breeds used for comparison and considering Ecuadorian samples as a unique population using Admixture model and correlated allele frequencies (burning-in 300K and iteration 600k). Secondly, using only Ecuadorian samples, organized according sampling location (municipality; Table S1), applying the prior model parameter: *locprior* to the population model (Hubisz, Falush, Stephens, & Pritchard, 2009). Each run was repeated 20 times, after that submitted to CLUMPACK server (Kopelman, Mayzel, Jakobsson, Rosenberg, & Mayrose, 2015) to perform matrix averaging and get individual bar plot representation. Most likely number of K calculations were carried out using the Structure Harvester web server (Earl & Vonholdt, 2012) both using Evanno et al. method (Evanno, Regnaut, & Goudet, 2005) and the Log probability plot (Falush et al., 2003). The R software (Calenge, 2006) was used to display spatial interpolations of the individual membership coefficient (François, Ancelet, & Guillot, 2006) using geographical coordinates recorded from Google Earth software 7.3.1.4507 according to municipality data (Table S1).

3. Results

3.1 Mitochondrial DNA phylogeny

In the present work, 234 mitochondrial DNA sequences have been characterized which consisted in a length of 850 bp that include the central hypervariable region of the Control Region. The six populations were polymorphic, with a number of haplotypes ranging from 4 (Tungurahua) to 10 (Morona Santiago). A total of 24 haplotypes with 123 polymorphic sites were identified. The average haplotypic diversity (HD) was 0.359, ranging from 0.461 (Morona Santiago) to 0.292 (Cotopaxi). The average nucleotide diversity was 0.00547 (Table 1) and ranged from 0.00091 (Bolivar) to 0.01121 (Tungurahua).

Table 1. *mtDNA* diversity indices of the Ecuadorian Creole chicken breed.

Province	n	H	S	Hd	π	D-Tajima
Bolívar	31	6	5	0,301	0,00091	-2.0081*
Chimborazo	70	9	84	0,358	0,00745	-2.8870***
Guayas	28	7	9	0,442	0,00235	-2.01611*
Tungurahua	35	4	66	0,311	0,01121	-2.76689 ***
Cotopaxi	32	6	7	0,292	0,00140	-2.07960*
Morona Santiago	38	10	37	0,461	0,00577	-2.70578***
All samples	234	24	123	0,359	0,00542	-2.85904 ***

N, number of individual; H, number of haplotypes; S, polymorphic sites; Hd, haplotype diversity; π, nucleotide diversity.

Significance: P<0.05, *; P<0.01, **; P<0.001, 0.001

The median-joining network (Figure 1) was constructed with 8 reference sequences, where 21 haplotypes were obtained. The most frequent haplotype in the whole population was H5. Looking at the absolute frequencies in the different provinces, Bolivar presented the haplotypes H1, H5, H6, H10, H11; Chimborazo H1, H5, H6, H12, H13, H15, H17, H18; Guayas H1, H5, H14, H15, H16; Tungurahua H5, H10, H18, H20, H21; Cotopaxi H1, H5, H15, H18, H20, H21 and Morona Santiago H1, H5, H6, H9, H15 and H18. Comparing all the sequences with references haplotypes the 83.76% of the samples were grouped with a main haplogroup E, with 26 samples from Bolivar, 58 Chimborazo, 22 Guayas, 30 Tungurahua, 27 Cotopaxi, 33 Morona Santiago; while in haplogroup F clustered 2.98% of the samples in which 1 belong to Bolívar, 6 to Chimborazo, 2 to Guayas, 1 to Cotopaxi and 3 to Morona Santiago and finally in haplogroup A, 2.55 % of the samples with 1 Guayas, 1 Cotopaxi, and 1 Morona Santiago (Figure 1).

In AMOVA calculation based on the polymorphism of the D-loop sequence, tree comparisons were made (Table S3) showing negative variation in the first and last aggrupation (P<0.05) while when Morona Santiago was compared with the rest of provinces a shingly positive percentage of variation was obtained (0.24, P<0.05).

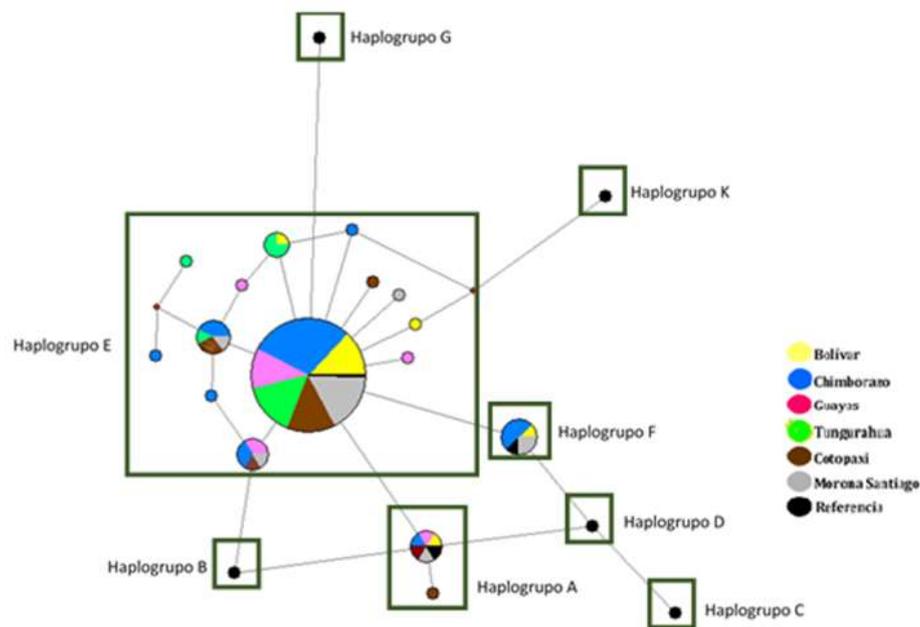


Figure 1. Median-Joining network tree for the Ecuadorian Creole Chicken breed compared with reference sequences from Ceccobelli et al. (Simone Ceccobelli et al., 2015). Circled areas are proportional to the haplotype frequencies and color identify the sampling province of the samples

3.2 Microsatellites Marker

3.2.1 Marker polymorphism and diversity

All the microsatellites used have been polymorphic, finding a minimum of 3 (MCW098, MCW103) and a maximum of 19 alleles (LEIO234), with a mean number of alleles of 8.1 ± 4.21 (Table S4). Allelic richness ranges from 1.50 of MCW014 to 6,67 of LEIO234 being the mean general value of 3.17 ± 1.30 .

The highest expected heterozygosity was observed for LEIO234 with a value of 0.852 and the lowest for the MCW014 with a value of 0.331; the mean value in the whole dataset was 0.637 ± 0.14 (Table S4). The observed heterozygosity values range from a maximum of 0.788 for the LEIO234 marker and a minimum of 0.091 for the MCW014, being the mean value 0.544 ± 0.144 . In this study, most loci (23) have high PIC values ($PIC > 0.5$) so they can be definite as very informative, with the exception of MCW014, MCW248, MCW103, MCW222, MCW098, MCW03, MCW216 ($PIC < 0.5$) that are classified as moderately informative (Table S4).

Fis index (Individual within the Subpopulation fixation index) indicate the excess of homozygosity in a subpopulation and referred to molecular marker indicate if exist a particular pattern of reduction of diversity due several causes. In this study the Fis range from a minimum

of -0.034 (MCW014) to a maximum of 0.727 (MCW014) and 22 of these were significant ($P < 0.05$).

Genetic diversity parameter in the dataset including the 15-breed used for population study comparison and genetic relationship assessment are shown in table S5. Mean number of alleles 4.89 ± 2.62 ranging from a maximum of 7.61 in ECU to 3.04 in LEGH but has a better estimation we reported allelic richness that is a parameter which performs a correction according to the number of samples. In this case the value ranges from 3.85 in ARAU to 2.13 in LEGH again. Expected and observed Heterozygosity were low (0.546 ± 0.357 and 0.491 ± 0.014 respectively) while Fis index showed a clear excess of homozygosity with a mean value of 0.113 positive and significant ($P < 0.05$) as well as all population results with the exception of MLL which registered a value of -0.016 (generally assumed as zero or no deviation of expected homozygosity).

Looking at the diversity for the 30 microsatellite markers within the 244 animals in six provinces of Ecuador (Table 2) an average number of alleles per locus of 5.67 ± 0.32 was found ranging from Tungurahua with 5.37 alleles and Chimborazo with 6.20. The allelic richness and private allelic richness ranges from a minimum of 3.39 and 0.19 (Cotopaxi) to a maximum of 3.60 and 0.31 respectively (Morona Santiago and Tungurahua).

Table 2.- Genetic diversity parameter for each province of Ecuadorian Chicken breed.

Province	N	He	Ho	NA	RA	AP	Fis
Bolivar	35	0.6298	0.5500	5.80	3.58	0.25	0.128*
Chimborazo	72	0.6104	0.5341	6.20	3.46	0.23	0.126*
Cotopaxi	32	0.6039	0.5251	5.40	3.39	0.19	0.132*
Guayas	30	0.6531	0.5903	5.50	3.61	0.23	0.098*
Morona-Santiago	39	0.6426	0.5809	5.77	3.60	0.26	0.097*
Tungurahua	36	0.6284	0.5425	5.37	3.54	0.31	0.138*

N, total samples collected in the province; He, expected heterozygosity; Ho, observed heterozygosity; NA, mean number of alleles; RA, allelic richness; AP, private allele richness; Fis, Subpopulation Fixation Index; *, $P < 0.05$.

The mean heterozygosity expected varied from 0.60 (Cotopaxi) to 0.65 (Guayas), while the heterozygosity observed varied from 0.52 (Cotopaxi) to 0.5903 (Guayas), (Table 2). The Fis index showed the lowest value of 0.097 for Morona Santiago and the highest 0.138 for Tungurahua ($P < 0.05$).

In all 180 HWE tests (30 loci in 6 provinces, table S6), significant deviations from the HWE were observed ($p < 0.05$) in 56 cases (31.11%). Most specifically were found in imbalance MCW014 and LEIO192 in 6 provinces, MCW330 in 5, MCW104 in 4 and MCW034,

MCW078, MCW123, MCW165 in 3. Chimborazo was the population with more unbalanced loci (15) while Morona Santiago with less (6)

3.2.2 Population structure and diversity

Reynold and F_{ST} distances values are show in table S7. The breeds with the lowest F_{ST} with respect to Ecuadorian chickens are the CASN and the ARAU (0.042 and 0.041 respectively), while the Leghorn is the one with the highest F_{ST} (0.212). The Reynolds distance indicate a highest value against LEGH (0.193) and the lowest against CASN and ARAU (0.043 and 0.042 respectively). F_{ST} distances have been represented with a gradient graphic (figure 2) confirming these findings.

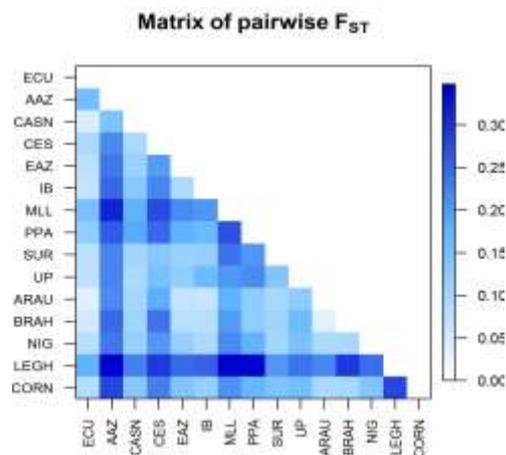


Figure 2. Pairwise F_{ST} distance matrix graphical representation.

Therefore, in the same graphics we can appreciate a lower mean value of F_{ST} ($\sim < 0.1$) of Ecuadorian chicken against IB, EAZ, CES and CASN, a group of Spanish breeds but also with NIG, BRAH; ARAU and CORN. AAZ LEGH and MLL showed higher value of F_{ST} ($\sim > 0.3$). Neighbour-Net tree representing the Reynold distance confirm basically these finding: ECU clustered in an intermediate position between South Spanish breeds (CASN, SUR, UP etc.). The nearest position to the central admixture network indicates also some lower genetic distance with ARAU, with the cluster constituted by CES AAZ and CASN but also a certain nearness to NIG (figure 3).

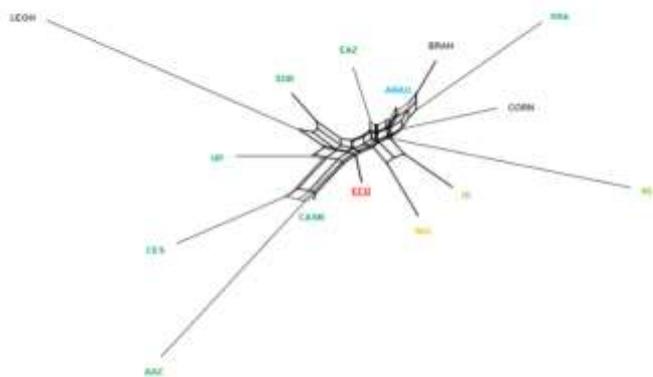


Figure 3. Neighbour-net dendrogram constructed from Reynolds distance among 15 chicken breeds

Figure S2 shows the factorial analysis of correspondence of the Ecuadorian chicken breeds compared with other population (table S2); it is observed that with the first axis of the AFC the Leghorn can be differentiated from the other breeds; in the second axis the PPA, AAZ and the ECU, while with the third axis it is possible to differentiate only the MLL. The ECU differs from the rest of the populations included in the study, showing a shorter distance to ARAU and the BRAH chicken breeds.

The graph derived from the Structure software shows the analysis of assignment of the Ecuadorian population with the other breeds used for comparison in this study. When the software is asked to search for two clusters, the individuals are divided into two clusters of which one includes (yellow, figure S3) AAZ, MLL, UP and LEGH while in the second cluster (blue) the rest of the populations. The animals of the present study seem to be divided between the two clusters without any kind of preferential structure. This behaviour is repeated almost until K5 where it is only possible to appreciate that in the ECU there are individuals with different genome proportions. Although the graph of the most likely number of K according to Evanno method (Figure S4) does not appear to be clear, two peaks would seem to indicate that K4 and 10 are the most significant estimates, on the other hand after observing the log likelihood plot for each K (Figure S4) we may infer that the most appropriate K fallen between 10 and 14. Between K10 and 11 almost all the populations appear homogeneously separated: the individuals of the present study generally show the belonging to a homogeneous cluster but one appreciates a group of them closely related to the SUR and another with the CES. The CES on the other hand appears to be a minor promotion in other areas of the chart. This can be

appreciated in detail in the table of Q values where ECU appears to be assigned for 15% to the CES cluster and 11.2% to the SUR one (table S10).

Analysing the result of the Bayesian assignment considering only the Ecuadorian samples divided into the 26 municipalities (table S1) where the sampling was carried out, we can appreciate a certain stratification within the population. In figure 4 we have visualized K2 and 3. Most likely K as in general Structure calculation is not consistent according to Evanno methods even if several high peak are reported in in K3, K7, K20 and K22 (figure S5). In K2 it is appreciated that the municipalities of Bucay; Penipe-Nabuzo; Chambo, Licto clustered in a homogeneous group (average Q 87%, table S11) although some individuals in other municipalities seem to share this proportion. In K3 we find the same behaviour but with the formation of a third well delimited cluster (average Q 63%) which consists of the municipalities of Pelileo e Tisaleo. The graphical representation of the assignment values of Structure plotted on the map (figure 5), shows as in K2, the two points in the map belonging to Bucay; Penipe-Nabuzo; Chambo, Licto are located on the mountain side region and by a municipal (Bucay) which is very distant on the plain in respect the tropical zone.

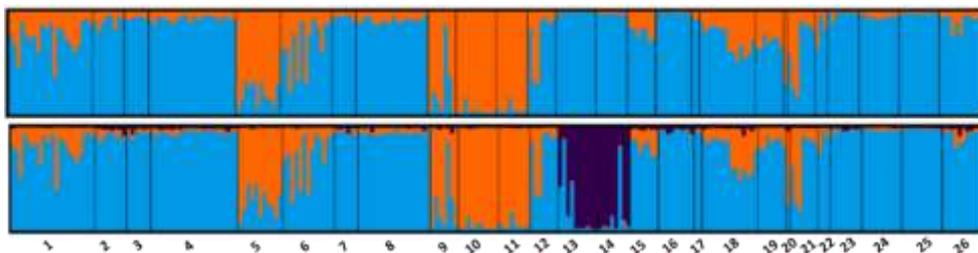


Figure 4. Barplot graphical of K2 and K3 results (individual membership coefficient) of Structure software using locprior assumption divides according the municipality of sampling. 1, Echeandía; 2, San Pablo; 3, Chimbo; 4, Columbe; 5, Bucay ; 6, San Vicente-Cumanda; 7, Pallatanga ;8-9, Nabuzo-Penipe; 10, Licto; 11, Chambo; 12, Guano; 13, Pelileo; 14, Tisaleo; 15, Ambato; 16, Baños; 17, Santa Cecilia; 18, Pujili; 19, Poalo; 20, Belisario; 21, Salcedo; 22, Saquisili; 23, Sevilla Don Bosco; 24, Sinai; 25, Tres Marias; 26, Sevilla De Oro.

The map representing the K3 shows the same behaviour with exception for a new group corresponding to the valley that hosts the city of Ambato, in the centre of the mountain area (Pelileo and Tisaleo).

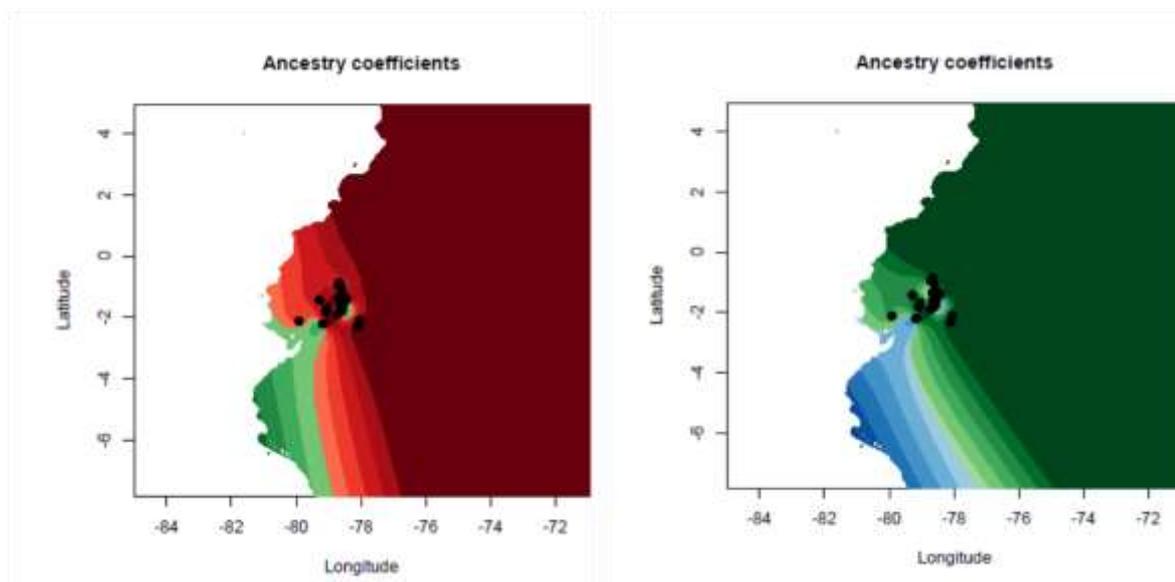


Figure 5. Plot of Structure Q matrix formed by K vectors of ancestry coefficients within a geographic map using an ascii raster file of the study area. Respectively K2 and 3

4. Discussion

4.1 Mitochondrial DNA D-loop analysis

Ecuadorian chicken breeds have a great importance in the country family economy and nutrition, but also, they have an important meaning as a source of richness. Even though all of these populations are in extreme danger of extinction because a dramatic diminution of census, uncontrolled genetic migrations from industrial breeds and specially because their scarce recognition by part of the administration and the society.

We present here the first results on Ecuadorian chicken breeds following two different approaches, the mitochondrial DNA polymorphism to understand the evolution and the basis of genome composition and microsatellites marker to search for population structure and diversity, as an attempt to increase the few scientific knowledges existing about these population through the genetic characterization as the first step of a conservation programs (Alderson, 2018).

The d-loop sequence of *mtDNA* control region analysed in the six population showed a high polymorphism (24 haplotypes in total).

The Morona Santiago samples showed greater haplotype diversity compared to the Cotopaxi ones, even though they are low values similar the value of 0.29 of Zimbabwe chicken (F. C. Muchadeyi et al., 2008). Higher values were found in Guangxi and in Nandan native chicken that showed a value of 0.515 and 0.908 respectively (Liao, Mo, Sun, Wei, & Liao, 2016).

On the other hand, the nucleotide diversity was higher in Tungurahua than in Bolívar; in Morona Santiago a higher value was registered compared to Cotopaxi. Nucleotide diversity is a parameter that estimates the genetic diversity in the population, since this value addresses both the frequency of haplotypes and the differences in nucleotides between haplotypes (Simone Ceccobelli et al., 2013).

Phylogenetic analysing of the haplotypes allow to observe that Ecuadorian samples clustered to tree common maternal lineage: E, F and A which are related to Eurasia region (Komiyama, Ikeo, & Gojobori, 2004; Liu et al., 2006; Y. W. Miao et al., 2013).

Haplogroup E has been observed in Chilean Araucana chicken (Dancause et al., 2011), which reflects the persistence of ancient Polynesian haplogroups (Luzuriaga-Neira et al., 2017). In the present research, as was previously reported in Chilean chicken (Gongora et al., 2008), haplotypes belonging to the geographically broad type E were found; this haplogroup have been identified in involved European animals (Plymouth Rock, White Plymouth Rock, White Leghorn and New Hampshire), and also in the Middle East, India and China (Liu et al., 2006). Regarding haplogroup F, it is mainly concentrated in the southwest of China (Liu et al., 2006; Y. W. Miao et al., 2013) but also in native breeds from Japan, in which Haplogroup F was reported in the Shamo breed from Okinawa.

Haplogroup A, is distributed around all of Eastern Asia (Liao et al., 2016; Liu et al., 2006; Y. W. Miao et al., 2013). In birds from Latin America, and more precisely in Chile, haplogroups A, B and E were also observed, and the possible path for the introduction of haplogroups A and B (Gongora et al., 2008; Storey et al., 2007), as well as the spread of post-colonial introduced European chickens, or the introgression of common commercial lineages associated in three haplogroups A, B and E1 (Y. W. Miao et al., 2013).

The results of the AMOVA do not show a clear divergence between groups, in fact the percentages of negative variance would be a sign that there is no significant difference between the provinces. This fact related to mitochondrial DNA would indicate that all animals belong to the same genetic basis. The province of Morona Santiago shows a slight significant variation perhaps indicating a strong genetic drift due to geographical isolation.

The results from D-loop inference demonstrate that Ecuadorian chicken originated from at least two different sources as we find both lineages identifiable with European strain but also with Asian type demonstrating the presence of pre-Columbian influence of the actual population as recently demonstrated also in other south American population, including Ecuadorian Chicken by other authors (Luzuriaga-Neira et al., 2017). The complete history of

chicken in South America will require to extend this kind of study to more populations because the introduction of animals even from Pacific Ocean could happen in different moment and from different starting population so our actual knowledge about mitochondrial DNA diffusion is likely to be changed in future.

4.2 *Microsatellites* Markers

4.2.1 *Genetic Diversity*

The mean FIS value of the population is 0.146 ($p < 0.05$) and is similar to that obtained by Suh et al. (Suh et al., 2014) but lower than what was described by Ding et al and Kaja et al. (Ding et al., 2010; Kaya & Yildiz, 2008); other authors describe a lower value of Fis (Chen et al., 2008; Fathi, El-Zarei, Al-Homidan, & Abou-Emera, 2018). Because of the high significant value of FIS and the fact that a high number of markers deviate from the Hardy-Weinberg equilibrium, it follows that this population is not in equilibrium probably due to the existence of genetic substructure. This fact could be confirmed by the fact that the genetic diversity measured with different parameters is high and does not presuppose erosion or consanguinity phenomena indicating that the imbalance of HW is due to a large extent to a non-homogeneous population.

Allelic richness (R_t) is an indicator of genetic variability (Ollivier & Foulley, 2005; Petit et al., 1998); essential to publicize the long-term evolutionary potential of the population, since the selection response is determined by the initial number of alleles (Hill & Rasbash, 1986). In the six provinces, high R_t levels are presented if compared to those found by Ceccobelli et al. in European breeds (Simone Ceccobelli et al., 2015).

The expected heterozygosity was higher than the observed heterozygosity in the six provinces, therefore, it is suggested that there is no bottleneck effect present in the populations (Mukesh, M. Fernandes, J. L. Han, & S. Sathyakumar, 2013). The value of Fis by population was positive and significant in the chickens from Ecuador ($p < 0.001$) which may indicate some process that alters the balance of HW such as consanguinity or genetic isolation. This last hypothesis could be in line with the fact that the population in the study is raised in a family environment with little reproductive and genetic planning, therefore, each breeder can result in a genetic island with respect to the population (province) to which belongs This would also be proven by the fact that a certain decrease in value is denoted when it is calculated separating the individuals by province instead of treating it as a single population, a behaviour just described and theorized by different authors (De Meeus, 2018).

The private alleles are present in greater numbers in differentiated breeds (Schroeder et al., 2007). In the present study, these alleles are in line with those found by other authors (Bianchi et al., 2011; Mukesh, M. Fernandes, J. Han, & S. Sathyakumar, 2013), although we can observe a higher value in the province of Tungurahua, which is genetically more divergent compared to the other provinces, may be due to the fact that there is actually a sensibility for intensive poultry farming in this region and some example of genetic improvement (Emara et al., 2002b; Pomboza-Tamaquiza, Guerrero-López, Guevara-Freire, & Rivera, 2018; Toalombo Vargas, Gavilánez, Lara, & Carrillo, 2018).

When a population has several unbalanced microsatellites, it probably indicates that the population is under some systematic and random forces that changes the genotypic frequencies: mutation, selection, migration or drift (Avilés Esquivel, 2016). In the case of the population from Chimborazo to have a high imbalance of HW, may be due to the fact that in the province there are subzones or parishes that are at different climatic levels, which may give way to geographical isolation; in Morona Santiago a lower imbalance could be due the fact that in this province the local chicken production is high even if don't exist a precise breeding strategy but the selection of future cocks is made empirically by the producers based on their phenotype or market requirement (Avilés Esquivel, 2016), this allow a certain movement of animals reducing consanguinity and isolation within the region. The imbalance of two markers (MCW014, LEIO192), which occurs in the six provinces in the study sample, could be attributed to the presence of genotyped errors caused, for example, by null alleles (Emara et al., 2002a).

4.2.2 Genetic structure

Figure 5 shows the Reynolds distance tree constructed by the Neighbour-Net method. In the clear is the independent position of the races: LEGH, MLL, AAZ and PPA of both the population of local chickens from Ecuador (ECU) and the other breeds included in the study. The Spanish breed CASN is closer to the ECU, while the LEGH breed is the most distant, confirming the data previously found and described in the genetic distance matrix.

The genetic differentiation among the 15 avian populations included in the study was very high, with the following values of F statistics: FIS, 0.113; FIT, 0.238; and FST, 0.141 ($P < 0.05$). The genetic differentiation of the ECU chicken is superior to those found in two populations of Pedreas hens found in the study of Francesch et al. (A. Francesch & Cartaña, 2013).

The values of FST between the ECU and the some Spanish breeds (CES, IBI, CASN,) or ARAU and also with the CORN are relatively low if we compare it to previous reports in

chickens(Bianchi et al., 2011); This may be due to the fact that in the latter case, well-defined populations were studied with an improvement or conservation program already established, while in our case, similarly to the findings of(Kong et al., 2006), the poor definition of the populations and possible unknown genetic similarities register less pronounced values and also a stronger genetic relationship. A high value with respect to the LEGH makes us suppose a scarce genetic relation (Arcos-Burgos & Muenke, 2002) and an absence of recent crossing with this industrial type fact that is not so evident with the CORN. This is in agreement with different authors (Finzi, 2000; F. Revidatti et al., 2005) and the AFC graphic that indicates that the breed with the greatest genetic distance from the Ecuador chicken is the Leghorn. These results are similar to those obtained in other works(Bianchi et al., 2011; Ferreira, Souto, Soares, & Fonseca, 2006; Wheeldon & White, 2008). CASN and the ARAU showed less genetics distance as pointed out in the results.

This may be due to the fact that the CASN breed was one of the first chicken that Christopher Columbus took to America, the same one that is known as an autochthonous breed of Spain defined at the end of the 19th century. It was very important as a white shell egg layer during the first half of the 20th century, it being necessary to mention the faneroptic resemblance it has with the animals of the present research. As for the Araucana chicken, its lower genetic distance is due to the geographic location close to Ecuador, which increases the possibility of crossing, since it is a bird widely distributed in southern Chile. Chicken with some proportion of Araucana type genome have the characteristics of producing the blue shell eggs which is highly appreciated in Ecuador because consumer associated this characteristic to a traditional production.(Chen et al., 2008). In a research evaluating 15 indigenous breeds from China the authors observed, in AFC graphic, the formation of an homogeneous cluster composed by the local breeds and a clear distance with LEGH (Kanginakudru, Metta, Jakati, & Nagaraju, 2008). The results of the Bayesian assignment basically confirm what has already been said previously. From the analysis with the 15 breeds used in the comparative study we deduce that, as was to be expected, there is a strong influence of the Iberian chicken strains in the proportion of the Ecuadorian chicken's genome, but this must be understood in two terms. First of all, there is probably a strong influence of SUR because as already described by our recent investigations in the bovine(Martinez, Delgado, Rodero, & Vega-Pla, 2000)and pig (Nordberg, Bhatia, Wang, & Wang, 2013), the breeds of southern Spain were used in the early colonization of South America. Secondly the strong relationship of the CES on ECU is in first hypothesis due to the presence in Ecuador of a huge population of fighting cocks. Many breeders, who also imported routinely animals from Spain, where an important fight cock population exist(Delgado

Bermejo, Martínez Martínez, Camacho Vallejo, & Vega Pla, 2010; Rodero Serrano, Rodero Franganillo, & Delgado-Bermejo, 1992; Serrano, Franganillo, & Bermejo, 1992), normally rear these animals in promiscuity with creole chicken. The analysis with the Evanno method that is commonly used for the estimation of the most likely number of K was doubtful in this case, although it would seem to indicate a very low K, while from the second method of the graph of the probability already described for the software (Pritchard et al., 2000) would be a higher value. This behaviour had already been noticed by other authors (Simone Ceccobelli et al., 2015) and is probably due to the strong stratification of domestic poultry populations due to geographical isolation and the lack of breeding programs.

In the Structure graph showing only the ECU data we see for K2 the formation of a cluster that includes the municipalities of the province of Chimborazo and in an unexpected way the municipality of Bucay (Guayas). The municipality of Bucay is the gateway to coast region of Guayas for the population of the mountain region; this region is a rich province with a commercial connotation and home to numerous livestock markets. In fact, the vertical trade of mountain and coastal products is very common in Ecuador: the farmers of the Chimborazo province in particular, trade potatoes, chickens, Cuys (*Cavia porcellus*) and other livestock while they mainly buy fruit and vegetable products (plane trees, fruit, corn) for the local market in Andean region. The relationship between these two areas is therefore explained by the fact that probably in Bucay, family farmers use genotypes from the mountain for their own production.

In K3 we observe the same subdivision over further group corresponding to the municipalities of Pelileo and Tisaleo (province of Tungurahua). In these two areas of the mountainous region of Ecuador resides the greatest concentration of feed industries and therefore, as happens in other parts of the world of industrial poultry farms (especially Leghorn); it is logical to think that local producers have easy access to genetically improved animals of this industrial genotype and use it to improve the performance of the creole hens, in particular to improve the persistence of egg laying. In all the Andean slope is a common practice because, in addition to exploiting the rusticity qualities of the creole hens and the productivity of the Leghorn, the widespread nature of the blue egg is maintained (a genetic character derived from the pre-Columbian hen Araucana Type) and which is now absorbed in the creole population. Some detail is needed regarding the results of most likely K according Evanno method. Several authors pointed out that misinterpretation or doubtful results in number of K can be led by convergence problem for the Gibbs sampler algorithm used in STRUCTURE (Rosenberg et al.,

2002) multiple peak in Delta K plot may be explained by the existence of subpopulation (Waltmann et al., 2018)

5. Conclusions

The lowest levels of additive genetic variability for PY, Y, and P, were estimated in the MG goat breed. The h^2 estimates were low and close to intermediate for all traits, indicating that the major part of variation for those traits were due to environmental factors. Therefore, this suggests that these traits are very complex and remain quite stable for several generations. The r_e estimates for PY and P traits were low confirming that these traits are mainly influenced by managerial and temporary environmental effects, whereas the estimates for Y trait had a medium value.

Even, for the Y trait using multi-trait vs. uni-trait analysis, both parameters (h^2 and r_e) increased slightly. Genetic correlations observed for PY-Y traits were highly correlated and positive, indicating that it is possible to select for both, while PY-P and Y-P traits showed low to negligible and negative, while the phenotypic correlations showed low antagonism and level of significance.

These results indicate that there is no antagonism between the traits under study and that they can be combined in the early stages of evaluation of the selection program, with careful interpretation of the P trait analysis. The accuracies calculation for the lactation curve traits (PY, Y, and P) shows more stable values from the uni-trait model to multi-traits model. Therefore, this suggests that multi-traits analysis will improve accuracies by a better connection between data due to residual covariance between traits.

Appendix A

Table S1: Municipality where sample have been collected, geographical coordinates, climate description and altitude.

Municipality	N	Lat	Long	Climate	M.S.N.M
Echeandia (Bol)		-1.431431	-79.280668	Tropical Megatérmico Semihúmedo, Tropical	327
San Pablo (Bol)		-1.813655	-79.092409	Mesotérmico Semihumedo	2700
Chimbo (Bol)		-1.676273	-79.033972	Mesotérmico Ecuatorial Semihúmedo A Húmedo	1500
Bucay (Gua)		-2.204590	-79.177840	Cálido Y Lluvioso	700
S. Vicente-Cumanda (Gua)		-2.120354	-79.916784	Subtrópico	1623
Pallatanga (Chi)		-2.194644	-79.148234	Subtrópico	1469
Columbe (Chi)		-1.888049	-78.722821	Montano Alto Y Superior	3341
Nabuzo-Penipe (Chi)		-1.554858	-78.541024	Ecuatorial Frío Semi Húmedo Alta Montaña Y Ecuatorial Frío	4300
Nabuzo-Penipe (Chi)		-1.554858	-78.541024	Ecuatorial Frío Semi Húmedo Alta Montaña Y Ecuatorial Frío	4200
Licto (Chi)		-1.804582	-78.602199	Ecuatorial Frío Alta Montaña	2979
Chambo (Chi)		-1.740657	-78.593733	Templado	2800
Guano (Chi)		-1.601677	-78.654317	Templado	2799
Pelileo (Tun)		-1.342792	-78.669326	Templado Sub-Andino, Frío Andino Y Glacial	2500
Tisaleo (Tun)		-1.223073	-78.596032	Templado Y Seco	3400
Ambato (Tun)		-1.223073	-78.596032	Tempaldo	2600
Baños (Tun)		-1.403790	-78.447979	Lluvioso Tropical	1820
Santa Cecilia (Cot)		-1.403790	-78.447979	Lluvioso Tropical	1900
Pujili (Cot)		-0.954693	-78.705583	Templado	2971
Poalo (Cot)		-0.954693	-78.705583	Templado	2917
Belisario (Cot)		-0.954693	-78.705583	Templado Húmedo	2806
Salcedo (Cot)		-1.041884	-78.599625	Templado Y Frío	2500
Saquisili (Cot)		-0.850134	-78.666380	Templado	2938
Sevilla Don Bosco (Ms)		-2.309314	-78.094457	Tropical	1300
Sinai (Ms)		-2.095324	-78.052346	Cálido Húmedo	1199
Tres Marias (Ms)		-2.307708	-78.112278	Cálido Húmedo	1030
Sevilla De Oro (Ms)		-2.312785	-78.102204	Cálido Húmedo	2347

Table S2: popp

<i>Breed</i>	<i>Abreviation</i>	<i>N</i>	<i>Country</i>
DE CAMPO DE ECUADOR	ECU	244	Ecuador
ANDALUZA AZUL	AAZ	50	Andalucía
CASTELLANA NEGRA	CASN	50	Castilla-La Mancha, Castilla y León, Madrid
COMBATIENTE ESPAÑOL	CES	50	Andalucía
EXTREMEÑA AZUL	EAZ	50	Extremadura
IBICENCA	IB	50	Baleares
MALLORCA	MLL	50	Baleares
PITA PINTA	PPA	50	Principado de Asturias
SUREÑA	SUR	30	Andalucía
UTRERANA PERDIZ	UP	50	Andalucía
ARAUCANA	ARAU	50	Chile
BRAHMA	BRAH	10	Internacional
NIGERIAN	NIG	50	Nigeria
LEGHORN	LEGH	49	Internacional
CORNISH	CORN	26	Internacional

Table S3. Results from AMOVA calculation of D-loop sequence in three different groups representing different starting hypothesis.

Groups	Componentes de varianza (% de variación)				
	Within population	Among population	Among group	F _{ST}	P
Grouped for geographical proximity (Bolívar+Guayas vs Morona Santiago+Chimborazo vs Cotopaxi+Tungurahua)	100.63	-0.45	-0.19	-0.00631	*
Between all provinces	100.59	-0.59		-0.00593	*
Morona Santiago vs the other provinces ^a	100.43	-0.67	0.24	-0.00434	*

*=P<0.05; a: following a posteriori results in microsatellites data we observed a greater differentiation of this province so we decided to test it against the rest.

Table S4.- Parámetros de diversidad genética de la gallina de campo de Ecuador. Microsatélites analizados, número de alelos detectados, número efectivo de alelos, heterocigosis observada y esperada, contenido de información polimórfica, FIS con su intervalo de confianza al 95% con 1000 remuestreos y desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg.

<i>Microsatélite</i>	<i>Nº Alelos</i>	<i>Ae</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>PIC</i>	<i>F_{IS}</i>	<i>F_{IS} (IC)</i>	<i>HW</i>
ADL112	7	4.11	0.567	0.758	0.725	0.253*	(0.1699 - 0.3327)	***
ADL268	6	3.9	0.643	0.745	0.701	0.136*	(0.0559 - 0.2046)	NS
ADL278	5	2.73	0.531	0.635	0.571	0.164*	(0.0699 - 0.2508)	***
LEIO094	14	4.76	0.736	0.792	0.761	0.071	(-0.0004 - 0.1336)	NS
LEIO166	4	2.44	0.541	0.591	0.53	0.086	(-0.0137 - 0.1897)	***
LEIO192	14	4.84	0.498	0.795	0.777	0.374*	(0.2860 - 0.4508)	***
LEIO234	19	6.67	0.788	0.852	0.839	0.075*	(0.0165 - 0.1283)	NS
MCW014	7	1.5	0.091	0.331	0.302	0.727*	(0.6178 - 0.8260)	***
MCW016	9	3.17	0.622	0.686	0.64	0.092*	(0.0049 - 0.1739)	NS
MCW020	4	3.32	0.634	0.7	0.65	0.095*	(0.0134 - 0.1836)	NS
MCW034	13	6.51	0.758	0.848	0.829	0.106*	(0.0450 - 0.1687)	***
MCW037	4	2.16	0.556	0.538	0.48	-0.034	(-0.1230 - 0.0521)	NS
MCW067	6	2.9	0.622	0.656	0.587	0.052	(-0.0394 - 0.1367)	NS
MCW069	10	2.75	0.627	0.638	0.583	0.017	(-0.0687 - 0.1031)	NS
MCW078	5	2.66	0.49	0.625	0.556	0.217*	(0.1255 - 0.3113)	***
MCW080	11	3.54	0.661	0.719	0.685	0.081*	(0.0124 - 0.1524)	NS
MCW081	8	3.4	0.635	0.707	0.656	0.102*	(0.0245 - 0.1864)	NS
MCW098	3	1.8	0.386	0.453	0.352	0.148*	(0.0135 - 0.2748)	NS
MCW103	3	1.7	0.402	0.41	0.33	0.02	(-0.1146 - 0.1500)	NS
MCW104	17	4.18	0.591	0.762	0.742	0.225*	(0.1495 - 0.2981)	***
MCW111	7	3.22	0.608	0.691	0.644	0.120*	(0.0348 - 0.1972)	NS
MCW123	8	2.5	0.517	0.601	0.557	0.141*	(0.0515 - 0.2250)	NS
MCW165	5	2.65	0.426	0.624	0.56	0.317*	(0.2173 - 0.4065)	***
MCW183	12	2.46	0.566	0.595	0.573	0.049	(-0.0310 - 0.1276)	NS
MCW206	11	3.8	0.631	0.736	0.703	0.143*	(0.0686 - 0.2208)	NS
MCW216	6	2.37	0.494	0.579	0.488	0.148*	(0.0490 - 0.2474)	NS
MCW222	4	1.55	0.305	0.358	0.337	0.149*	(0.0324 - 0.2706)	***
MCW248	4	1.56	0.35	0.359	0.325	0.026	(-0.06810 - 0.1261)	NS
MCW295	10	3.1	0.613	0.675	0.64	0.093*	(0.0134 - 0.1722)	***
MCW330	7	2.75	0.421	0.637	0.57	0.340*	(0.2464 - 0.4245)	***
Media	8.1	3.17	0.544	0.637	0.59	0.146	(0.1254 - 0.1638)	

Nº Alelos: Número de alelos. *Ae*: Número efectivo de alelos. *RA*: Riqueza Alélica. *Ho*: Heterocigosis por recuentodirecto. *He*: Heterocigosis esperada. *PIC*: Contenido de información polimórfica. *F_{IS}*: Coeficiente de consanguinidad. *HW*: Desviación del Equilibrio de Hardy-Weinberg. Valor de significación: ***($p \leq 0.001$)

Tabla S5.- Parámetros de diversidad genética de la gallina de campo de Ecuador por provincias, tamaño de la muestra, heterocigosis observada y esperada, número de alelos, riqueza alélica, alelos privados, F_{IS} con su intervalo de confianza al 95% con 10 alelos.

Population	N	NA	AE	He	Ho	Fis
ECU	244	7,61	3,52	0,626	0,530	0,153*
AAZ	50	4,21	2,47	0,411	0,368	0,106*
CASN	50	4,93	3,04	0,545	0,481	0,118*
CES	50	4,86	2,75	0,446	0,38	0,134*
EAZ	50	5,25	3,36	0,601	0,517	0,141*
IB	50	5,11	3,33	0,597	0,516	0,137*
MLL	50	3,29	2,50	0,452	0,459	-0,016
PPA	50	4,82	3,10	0,542	0,454	0,164*
SUR	30	5,04	3,38	0,596	0,533	0,107*
UP	50	3,93	2,77	0,503	0,496	0,014*
ARAU	50	6,50	3,85	0,659	0,582	0,119*
BRAH	10	4,18	3,68	0,680	0,639	0,065*
NIG	50	5,96	3,32	0,587	0,521	0,114*
LEGH	49	3,04	2,13	0,375	0,421	-0,122*
CORN	26	4,64	3,19	0,563	0,465	0,177*
Mean±SD	57,3	4,89±2.62	3,09±0.483	0,546±0.357	0,491±0.014	0,113*

Tabla S6. Desviaciones del Equilibrio de Hardy-Weinberg por loci y por provincia Bolívar (Bol), Chimborazo (Chimb), Cotopaxi (Cot), Guayas (Guay), Morona Santiago (Moro) y Tungurahua (Tung).

	ADL112	ADL268	ADL278	LEIO094	LEIO166	LEIO192	LEIO234	MCW01	MCW01	MCW02	MCW03	MCW03	MCW06	MCW06	MCW07	MCW08	MCW08	MCW09	MCW10	MCW10	MCW11	MCW12	MCW16	MCW18	MCW20	MCW21	MCW22	MCW24	MCW29	MCW33	N	
BO				*	*														*		*	*	*								1	
L				*	*	*	*												*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	0	
CHI	*	*			*	*				*	*			*					*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	1	
MB	*	*	*		*	*			*	*	*			*	*				*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	5	
CO					*	*													*											*		
T					*	*				*	*		*		*				*											*	7	
GU					*	*													*						*					*	6	
AY					*	*							*					*						*						*	6	
MO					*	*													*											*	6	
RO				*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	4
TU	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	4
NG	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	4
N	2	2	1	2	2	6	1	6	0	1	3	0	1	0	3	1	1	0	1	4	2	3	3	1	1	1	1	0	2	5		

*: P<0.05; ** P<0.01

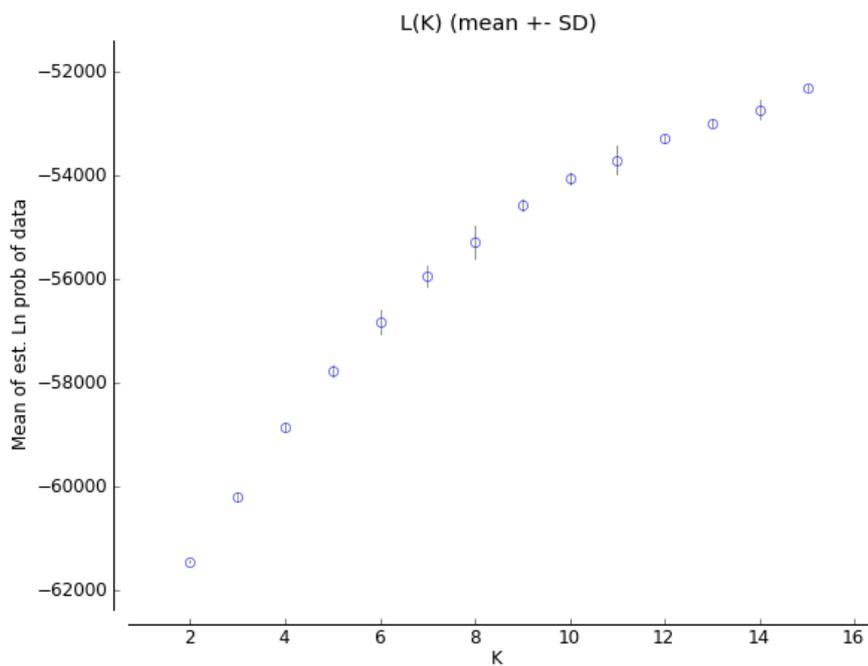
Tabla S7. Valores de las distancias genéticas de Reynolds (debajo de la diagonal) y de FST entre pares de poblaciones (encima de la diagonal) entre 15 poblaciones de gallinas.

	ECU	AAZ	CASN	CES	EAZ	IB	MLL	PPA	SUR	UP	ARAU	BRAH	NIG	LEGH	CORN
ECU	-	0.177	0.042	0.091	0.075	0.073	0.172	0.133	0.078	0.082	0.041	0.059	0.080	0.212	0.090
AAZ	0.163	-	0.166	0.259	0.291	0.320	0.431	0.333	0.286	0.294	0.256	0.316	0.291	0.526	0.376
CASN	0.043	0.155	-	0.104	0.119	0.150	0.221	0.227	0.110	0.099	0.108	0.121	0.125	0.281	0.145
CES	0.088	0.232	0.100	-	0.231	0.267	0.359	0.318	0.156	0.185	0.207	0.294	0.245	0.412	0.275
EAZ	0.074	0.256	0.114	0.209	-	0.098	0.268	0.209	0.125	0.138	0.074	0.086	0.126	0.323	0.154
IB	0.072	0.279	0.141	0.238	0.095	-	0.251	0.195	0.132	0.189	0.069	0.091	0.096	0.330	0.127
MLL	0.159	0.359	0.201	0.308	0.238	0.225	-	0.359	0.313	0.269	0.203	0.250	0.272	0.539	0.263
PPA	0.126	0.289	0.206	0.278	0.191	0.178	0.308	-	0.251	0.269	0.134	0.137	0.207	0.410	0.110
SUR	0.080	0.253	0.106	0.147	0.120	0.126	0.273	0.226	-	0.153	0.100	0.122	0.104	0.252	0.158
UP	0.080	0.258	0.095	0.170	0.130	0.174	0.238	0.239	0.143	-	0.136	0.204	0.166	0.297	0.173
ARAU	0.042	0.227	0.104	0.189	0.073	0.069	0.184	0.127	0.098	0.127	-	0.034	0.099	0.271	0.095
BRAH	0.064	0.278	0.119	0.262	0.090	0.094	0.223	0.135	0.121	0.188	0.042	-	0.112	0.424	0.105
NIG	0.078	0.263	0.119	0.221	0.120	0.093	0.241	0.190	0.101	0.154	0.096	0.112	-	0.303	0.153
LEGH	0.193	0.422	0.248	0.345	0.280	0.286	0.430	0.406	0.224	0.260	0.237	0.350	0.265	-	0.370
CORN	0.087	0.321	0.137	0.245	0.145	0.122	0.234	0.185	0.150	0.160	0.093	0.108	0.145	0.314	-

ECU: de campo Ecuador; AAZ: Andaluza Azul; CASN: Castellana Negra; CES: Combatiente Español; EAZ: Extremeña Azul; IB: Ibicenca; MLL: Mallorquina; PPA: Pita Pinta; SUR: Sureña, UP:Utrerana Perdiz; ARAU: Araucana; BRAH:Brahma; NIG: Nigeria; CORN: Cornish; LEGH: Leghorn

Figure S4. a) Mean L(K) plot from 10 independent runs over k2 to 15 of the Structure software in 15 chicken breeds included in this study and b) Delta K values plot according Evanno et al (2005)

a)



b)

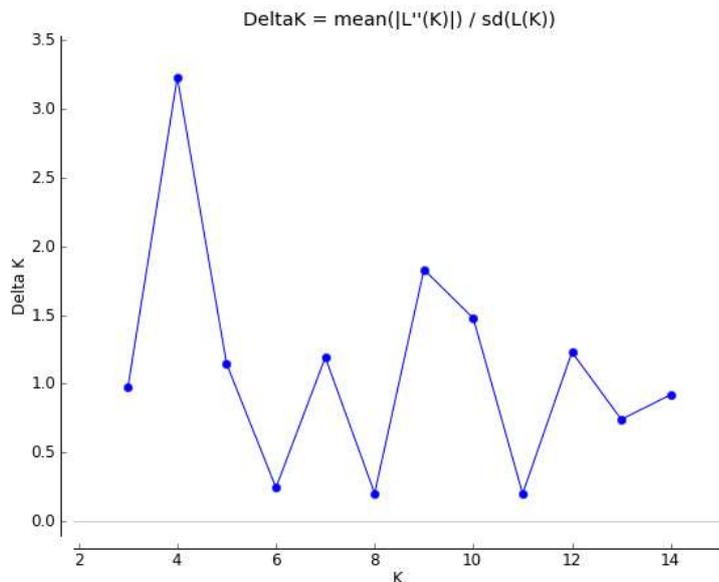


Table s10. Population membership coefficient of the 15 analysed breeds using the Structure software a) at K11 (around the most likely K according to mean Log plot) and 15 (K0number of population). a)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
ECU	0.15	0.027	0.019	0.112	0.035	0.026	0.01	0.016	0.021	0.57	0.014
AAZ	0.011	0.009	0.006	0.013	0.006	0.016	0.003	0.004	0.02	0.006	0.906
CASN	0.201	0.035	0.014	0.093	0.414	0.051	0.033	0.013	0.019	0.047	0.081
CES	0.849	0.005	0.007	0.019	0.01	0.012	0.007	0.008	0.065	0.011	0.008
EAZ	0.021	0.018	0.006	0.015	0.02	0.025	0.007	0.01	0.824	0.047	0.008
IB	0.008	0.784	0.012	0.009	0.016	0.042	0.025	0.036	0.037	0.023	0.008
MLL	0.004	0.004	0.003	0.003	0.004	0.004	0.004	0.962	0.004	0.004	0.004
PPA	0.006	0.007	0.914	0.009	0.011	0.011	0.006	0.005	0.011	0.011	0.01
SUR	0.031	0.027	0.008	0.725	0.027	0.064	0.025	0.009	0.063	0.011	0.01
UP	0.013	0.007	0.005	0.056	0.867	0.007	0.011	0.006	0.009	0.007	0.012
ARAU	0.014	0.072	0.041	0.023	0.029	0.544	0.014	0.02	0.136	0.094	0.012
BRAH	0.006	0.087	0.045	0.085	0.017	0.44	0.009	0.027	0.135	0.101	0.05
NIG	0.016	0.712	0.023	0.076	0.036	0.024	0.028	0.012	0.017	0.036	0.018
LEGH	0.004	0.003	0.002	0.004	0.004	0.006	0.963	0.003	0.002	0.004	0.004
CORN	0.01	0.013	0.006	0.006	0.011	0.911	0.007	0.012	0.006	0.014	0.004

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
ECU	0.013	0.024	0.013	0.391	0.088	0.009	0.029	0.167	0.02	0.016	0.017	0.143	0.034	0.019	0.017
AAZ	0.896	0.007	0.015	0.004	0.007	0.003	0.011	0.009	0.01	0.004	0.01	0.009	0.004	0.006	0.005
CASN	0.038	0.022	0.022	0.026	0.046	0.019	0.021	0.013	0.696	0.007	0.02	0.024	0.029	0.006	0.01
CES	0.009	0.007	0.086	0.007	0.01	0.007	0.004	0.005	0.011	0.005	0.007	0.823	0.011	0.003	0.005
EAZ	0.008	0.009	0.048	0.028	0.01	0.007	0.021	0.02	0.01	0.008	0.787	0.017	0.013	0.009	0.006
IB	0.007	0.019	0.027	0.027	0.009	0.024	0.024	0.011	0.022	0.031	0.024	0.009	0.016	0.745	0.008
MLL	0.004	0.003	0.003	0.004	0.003	0.003	0.004	0.004	0.004	0.95	0.004	0.004	0.004	0.004	0.003
PPA	0.01	0.01	0.016	0.008	0.006	0.005	0.007	0.011	0.007	0.005	0.006	0.005	0.01	0.005	0.889
SUR	0.014	0.53	0.14	0.011	0.015	0.035	0.021	0.045	0.031	0.01	0.013	0.069	0.043	0.015	0.008
UP	0.012	0.009	0.009	0.007	0.008	0.01	0.008	0.011	0.02	0.006	0.009	0.014	0.865	0.009	0.005
ARAU	0.008	0.021	0.43	0.043	0.018	0.014	0.107	0.185	0.024	0.019	0.03	0.01	0.023	0.049	0.019
BRAH	0.032	0.055	0.284	0.023	0.01	0.01	0.118	0.286	0.056	0.025	0.02	0.004	0.007	0.049	0.021
NIG	0.012	0.746	0.017	0.035	0.025	0.011	0.023	0.019	0.014	0.012	0.023	0.008	0.014	0.022	0.018
LEGH	0.004	0.003	0.003	0.004	0.003	0.954	0.006	0.003	0.005	0.003	0.002	0.003	0.004	0.002	0.002
CORN	0.004	0.006	0.012	0.006	0.005	0.006	0.718	0.201	0.006	0.009	0.004	0.005	0.005	0.009	0.005

Table S11. Population membership coefficient of the 26-municipality using the Structure software a) at K2 and 3. Gradient indicate lower (light colour) to higher (darker colour).

Municipality	K2		k3		
ECHEANDIA	0,278	0,722	0,208	0,002	0,79
SAN PABLO	0,138	0,862	0,058	0,01	0,932
CHIMBO	0,11	0,89	0,042	0,021	0,938
COLUMBE	0,119	0,881	0,031	0,005	0,964
BUCAY	0,794	0,206	0,76	0,003	0,237
SAN VICENTE-CUMANDA	0,343	0,657	0,306	0,002	0,692
PALLATANGA	0,098	0,902	0,045	0,023	0,932
NABUZO-PENIPE	0,132	0,868	0,039	0	0,96
PENIPE-NABUZO	0,761	0,239	0,738	0,004	0,258
LICTO	0,965	0,035	0,95	0,001	0,048
CHAMBO	0,948	0,052	0,917	0,002	0,081
GUANO	0,294	0,706	0,247	0,002	0,75
PELILEO	0,01	0,99	0,01	0,758	0,232
TISALEO	0,035	0,965	0,02	0,007	0,973
AMBATO	0,253	0,747	0,151	0,019	0,83
BAÑOS	0,019	0,981	0,008	0,007	0,985
SANTA CECILIA	0,105	0,895	0,034	0,014	0,952
PUJILI	0,295	0,705	0,245	0,022	0,733
POALO	0,33	0,67	0,187	0,002	0,811
BELISARIO	0,713	0,287	0,731	0,035	0,234
SALCEDO	0,385	0,615	0,331	0,003	0,666
SAQUISILI	0,211	0,789	0,081	0,002	0,916
SEVILLA DON BOSCO	0,031	0,969	0,018	0,005	0,977
SINAI	0,085	0,915	0,009	0	0,991
3 MARIAS	0,033	0,967	0,015	0,013	0,972
SEVILLA DE ORO	0,121	0,879	0,056	0,004	0,94

References

1. Amores Cárdenas, C.E. Determinación de la viabilidad financiera de la producción avícola mediante la utilización de plántulas de crianza de pollo de engorde en la región oriental del Ecuador. **2016**.
2. Moreno, S.; Bustos Lozano, G.; Terán Najas, R.; Landazuri Camacho, C.; Ayala Mora, E. Manual de Historia del Ecuador I, Épocas Aborigen y Colonial, Independencia. *Quito: Corporación Editora Nacional* **2008**.
3. Dancause, K.N.; Vilar, M.G.; Steffy, R.; Lum, J.K. Characterizing genetic diversity of contemporary pacific chickens using mitochondrial DNA analyses. *PLoS One* **2011**, *6*, e16843, doi:10.1371/journal.pone.0016843.
4. Gongora, J.; Rawlence, N.J.; Mobegi, V.A.; Jianlin, H.; Alcalde, J.A.; Matus, J.T.; Hanotte, O.; Moran, C.; Austin, J.J.; Ulm, S., et al. Indo-European and Asian origins for Chilean and Pacific chickens revealed by mtDNA. *Proc Natl Acad Sci U S A* **2008**, *105*, 10308-10313, doi:10.1073/pnas.0801991105.
5. Miao, Y.W.; Peng, M.S.; Wu, G.S.; Ouyang, Y.N.; Yang, Z.Y.; Yu, N.; Liang, J.P.; Pianchou, G.; Beja-Pereira, A.; Mitra, B., et al. Chicken domestication: an updated perspective based on mitochondrial genomes. *Heredity (Edinb)* **2013**, *110*, 277-282, doi:10.1038/hdy.2012.83.
6. Storey, A.A.; Ramirez, J.M.; Quiroz, D.; Burley, D.V.; Addison, D.J.; Walter, R.; Anderson, A.J.; Hunt, T.L.; Athens, J.S.; Huynen, L., et al. Radiocarbon and DNA evidence for a pre-Columbian introduction of Polynesian chickens to Chile. *Proc Natl Acad Sci U S A* **2007**, *104*, 10335-10339, doi:10.1073/pnas.0703993104.
7. Alderson, G.L.H. Conservation of breeds and maintenance of biodiversity: justification and methodology for the conservation of Animal Genetic Resources. *Archivos de zootecnia* **2018**, *67*.
8. Carvalho, N.; Canela, F.M.; Leite, P.H.S.; Ferreira, M.A.; Oliveira, V.R.; Santos, M.F.; Souza, N.O.S.; Buso, G.S.C. Analysis of genetic variability of commercial melon cultivars using SSR molecular markers. *Genetics and molecular research : GMR* **2017**, *16*, doi:10.4238/gmr16039739.
9. Ceccobelli, S.; Di Lorenzo, P.; Lancioni, H.; Ibáñez, L.V.M.; Tejedor, M.T.; Castellini, C.; Landi, V.; Martínez, A.M.; Bermejo, J.V.D.; Pla, J.L.V. Genetic diversity and phylogeographic structure of sixteen Mediterranean chicken breeds assessed with microsatellites and mitochondrial DNA. *Livestock Science* **2015**, *175*, 27-36.
10. Delgado, J.V.; Martinez, A.M.; Acosta, A.; Alvarez, L.A.; Armstrong, E.; Camacho, E.; Canon, J.; Cortes, O.; Dunner, S.; Landi, V., et al. Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers. *Animal genetics* **2012**, *43*, 2-10, doi:10.1111/j.1365-2052.2011.02207.x.
11. Ferrando, A.; Manunza, A.; Jordana, J.; Capote, J.; Pons, A.; Pais, J.; Delgado, T.; Atoche, P.; Cabrera, B.; Martinez, A., et al. A mitochondrial analysis reveals distinct founder effect signatures in Canarian and Balearic goats. *Animal genetics* **2015**, *46*, 452-456, doi:10.1111/age.12302.
12. Pons, A.L.; Landi, V.; Martinez, A.; Delgado, J.V. The biodiversity and genetic structure of Balearic sheep breeds. *Journal of animal breeding and genetics* =

- Zeitschrift für Tierzucht und Zuchtungsbiologie* **2015**, *132*, 268-276, doi:10.1111/jbg.12129.
13. Vargas, J.; Landi, V.; Martinez, A.; Gomez, M.; Camacho, M.E.; Alvarez, L.A.; Aguirre, L.; Delgado, J.V. Molecular Study of the Amazonian Macabea Cattle History. *PLoS one* **2016**, *11*, e0165398, doi:10.1371/journal.pone.0165398.
 14. Walsh, P.S.; Varlaro, J.; Reynolds, R. A rapid chemiluminescent method for quantitation of human DNA. *Nucleic Acids Res* **1992**, *20*, 5061-5065, doi:10.1093/nar/20.19.5061.
 15. Nishibori, M.; Shimogiri, T.; Hayashi, T.; Yasue, H. Molecular evidence for hybridization of species in the genus *Gallus* except for *Gallus varius*. *Animal genetics* **2005**, *36*, 367-375, doi:10.1111/j.1365-2052.2005.01318.x.
 16. Ceccobelli, S.; Lorenzo, P.D.; Lancioni, H.; Castellini, C.; Ibáñez, L.V.M.; Sabbioni, A.; Sarti, F.M.; Weigend, S.; Lasagna, E. Phylogeny, genetic relationships and population structure of five Italian local chicken breeds. *Italian Journal of Animal Science* **2013**, *12*, e66.
 17. Tamura, K.; Peterson, D.; Peterson, N.; Stecher, G.; Nei, M.; Kumar, S. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Mol Biol Evol* **2011**, *28*, 2731-2739, doi:10.1093/molbev/msr121.
 18. Castresana, J. Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. *Mol Biol Evol* **2000**, *17*, 540-552, doi:DOI 10.1093/oxfordjournals.molbev.a026334.
 19. Librado, P.; Rozas, J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* **2009**, *25*, 1451-1452.
 20. Excoffier, L.; Smouse, P.E.; Quattro, J.M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* **1992**, *131*, 479.
 21. Excoffier, L.; Lischer, H.E.L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular ecology resources* **2010**, *10*, 564-567.
 22. Bandelt, H.-J.; Forster, P.; Röhl, A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular biology and evolution* **1999**, *16*, 37-48.
 23. Park, S.D.E. Trypanotolerance in West African cattle and the population genetic effects of selection. *Ph. D. thesis, University of Dublin* **2001**.
 24. Kalinowski, S.T. hp-rare 1.0: a computer program for performing rarefaction on measures of allelic richness. *Molecular ecology notes* **2005**, *5*, 187-189.
 25. Kalinowski, S.T. Counting alleles with rarefaction: private alleles and hierarchical sampling designs. *Conservation genetics* **2004**, *5*, 539-543.
 26. Raymond, M.; Rousset, F. An exact test for population differentiation. *Evolution* **1995**; Vol. 49 (6).

27. Guo, S.W.; Thompson, E.A. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics* **1992**, *48*, 361-372.
28. Rice, W.R. Analyzing tables of statistical tests. *Evolution* **1989**, *43*, 223-225.
29. Weir, B.S.; Cockerham, C.C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *evolution* **1984**, *38*, 1358-1370.
30. Belkhir, K.; Borsa, P.; Chikhi, L.; Raufaste, N.; Bonhomme, F. *GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations.*, Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France). 1996-2004.
31. Reynolds, J.; Weir, B.S.; Cockerham, C.C. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics* **1983**, *105*, 767-779.
32. Langella, P.; Le Loir, Y. Heterologous protein secretion in *Lactococcus lactis*: a novel antigen delivery system. *Brazilian journal of medical and biological research* **1999**, *32*.
33. Huson, D.H.; Bryant, D. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Molecular biology and evolution* **2005**, *23*, 254-267.
34. Pritchard, J.K.; Stephens, M.; Donnelly, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **2000**, *155*, 945-959.
35. Hubisz, M.J.; Falush, D.; Stephens, M.; Pritchard, J.K. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Molecular ecology resources* **2009**, *9*, 1322-1332.
36. Kopelman, N.M.; Mayzel, J.; Jakobsson, M.; Rosenberg, N.A.; Mayrose, I. Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular ecology resources* **2015**, *15*, 1179-1191.
37. Earl, D.A.; Vonholdt, B.M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conserv Genet Resour* **2012**, *4*, 359-361, doi:10.1007/s12686-011-9548-7.
38. Evanno, G.; Regnaut, S.; Goudet, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol Ecol* **2005**, *14*, 2611-2620, doi:10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x.
39. Falush, D.; Stephens, M.; Pritchard, J.K. Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* **2003**, *164*, 1567-1587.
40. Calenge, C. The package “adehabitat” for the R software: a tool for the analysis of space and habitat use by animals. *Ecological modelling* **2006**, *197*, 516-519.
41. François, O.; Ancelet, S.; Guillot, G. Bayesian clustering using hidden Markov random fields in spatial population genetics. *Genetics* **2006**, *174*, 805-816.
42. Muchadeyi, F.C.; Eding, H.; Simianer, H.; Wollny, C.B.; Groeneveld, E.; Weigend, S. Mitochondrial DNA D-loop sequences suggest a Southeast Asian and Indian origin of Zimbabwean village chickens. *Anim Genet* **2008**, *39*, 615-622, doi:10.1111/j.1365-2052.2008.01785.x.

43. Liao, Y.; Mo, G.; Sun, J.; Wei, F.; Liao, D.J. Genetic diversity of Guangxi chicken breeds assessed with microsatellites and the mitochondrial DNA D-loop region. *Mol Biol Rep* **2016**, *43*, 415-425, doi:10.1007/s11033-016-3976-0.
44. Liu, Y.P.; Wu, G.S.; Yao, Y.G.; Miao, Y.W.; Luikart, G.; Baig, M.; Beja-Pereira, A.; Ding, Z.L.; Palanichamy, M.G.; Zhang, Y.P. Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles. *Mol Phylogenet Evol* **2006**, *38*, 12-19, doi:10.1016/j.ympev.2005.09.014.
45. Komiyama, T.; Ikeo, K.; Gojobori, T. The evolutionary origin of long-crowing chicken: its evolutionary relationship with fighting cocks disclosed by the mtDNA sequence analysis. *Gene* **2004**, *333*, 91-99, doi:10.1016/j.gene.2004.02.035.
46. Luzuriaga-Neira, A.; Villacis-Rivas, G.; Cueva-Castillo, F.; Escudero-Sanchez, G.; Ulloa-Nunez, A.; Rubilar-Quezada, M.; Monteiro, R.; Miller, M.R.; Beja-Pereira, A. On the origins and genetic diversity of South American chickens: one step closer. *Animal genetics* **2017**, *48*, 353-357, doi:10.1111/age.12537.
47. Suh, S.; Sharma, A.; Lee, S.; Cho, C.Y.; Kim, J.H.; Choi, S.B.; Kim, H.; Seong, H.H.; Yeon, S.H.; Kim, D.H., et al. Genetic diversity and relationships of Korean chicken breeds based on 30 microsatellite markers. *Asian-Australas J Anim Sci* **2014**, *27*, 1399-1405, doi:10.5713/ajas.2014.14016.
48. Ding, F.-X.; Zhang, G.-X.; Wang, J.-Y.; Li, Y.; Zhang, L.-J.; Wei, Y.; Wang, H.-H.; Zhang, L.; Hou, Q.-R. Genetic Diversity of a Chinese Native Chicken Breed, Bian Chicken, Based on Twenty-nine Microsatellite Markers. *Asian-Australas J Anim Sci* **2010**, *23*, 154-161, doi:10.5713/ajas.2010.90367.
49. Kaya, M.; Yildiz, M.A. Genetic diversity among Turkish native chickens, Denizli and Gerze, estimated by microsatellite markers. *Biochem Genet* **2008**, *46*, 480-491, doi:10.1007/s10528-008-9164-8.
50. Fathi, M.; El-Zarei, M.; Al-Homidan, I.; Abou-Emera, O. Genetic diversity of Saudi native chicken breeds segregating for naked neck and frizzle genes using microsatellite markers. *Asian-Australas J Anim Sci* **2018**, *31*, 1871-1880, doi:10.5713/ajas.18.0041.
51. Chen, G.; Bao, W.; Shu, J.; Ji, C.; Wang, M.; Eding, H.; Muchadeyi, F.; Weigend, S. Assessment of Population Structure and Genetic Diversity of 15 Chinese Indigenous Chicken Breeds Using Microsatellite Markers. *Asian-Australas J Anim Sci* **2008**, *21*, 331-339, doi:10.5713/ajas.2008.70125.
52. Petit, R.J.; El Mousadik, A.; Pons, O. Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. *Conservation biology* **1998**, *12*, 844-855.
53. Ollivier, L.; Foulley, J.-L. Aggregate diversity: new approach combining within- and between-breed genetic diversity. *Livestock Production Science* **2005**, *95*, 247-254.
54. Hill, W.G.; Rasbash, J. Models of long term artificial selection in finite population. *Genetics Research* **1986**, *48*, 41-50.
55. Mukesh; Fernandes, M.; Han, J.L.; Sathyakumar, S. Genetics Driven Interventions for Ex Situ Conservation of Red Junglefowl (*Gallus gallus murghi*) Populations in India. *Zoo Biol* **2013**, *32*, 476-483, doi:10.1002/zoo.21081.

56. De Meeus, T. Revisiting FIS, FST, Wahlund Effects, and Null Alleles. *The Journal of heredity* **2018**, *109*, 446-456, doi:10.1093/jhered/esx106.
57. Schroeder, K.B.; Schurr, T.G.; Long, J.C.; Rosenberg, N.A.; Crawford, M.H.; Tarskaia, L.A.; Osipova, L.P.; Zhadanov, S.I.; Smith, D.G. A private allele ubiquitous in the Americas. *Biol Lett-Uk* **2007**, *3*, 218-223, doi:10.1098/rsbl.2006.0609.
58. Bianchi, M.; Ceccobelli, S.; Landi, V.; Di Lorenzo, P.; Lasagna, E.; Ciocchetti, M.; Şahin, E.; Mugnai, C.; Panella, F.; Sarti, F.M. A microsatellites-based survey on the genetic structure of two Italian local chicken breeds. *Italian Journal of Animal Science* **2011**, *10*, e39, doi:10.4081/ijas.2011.e39.
59. Mukesh; Fernandes, M.; Han, J.; Sathyakumar, S. Genetics driven interventions for ex situ conservation of red junglefowl (*Gallus gallus murghi*) populations in India. *Zoo Biol* **2013**, *32*, 476-483, doi:10.1002/zoo.21081.
60. Emara, M.G.; Kim, H.; Zhu, J.; Lapierre, R.R.; Lakshmanan, N.; Lillehojt, H.S. Genetic diversity at the major histocompatibility complex (B) and microsatellite loci in three commercial broiler pure lines. *Poultry science* **2002**, *81*, 1609-1617.
61. Toalombo Vargas, P.A.; Gavilánez, A.A.V.; Lara, J.C.B.; Carrillo, E.R.O. Caracterización del mercado de huevo comercial (gallina lohmann brown) versus el huevo criollo (gallina de campo) en la Provincia de Tungurahua. *Comercio y Negocio* **2018**, 50-60.
62. Pomboza-Tamaquiza, P.; Guerrero-López, R.; Guevara-Freire, D.; Rivera, V. Granjas avícolas y autosuficiencia de maíz y soya: caso Tungurahua-Ecuador. *Estudios sociales (Hermosillo, Son.)* **2018**, *28*, 0-0.
63. Avilés Esquivel, D. Caracterización genética del cuy doméstico de América del Sur mediante marcadores moleculares. **2016**.
64. Emara, M.G.; Kim, H.; Zhu, J.; Lapierre, R.R.; Lakshmanan, N.; Lillehojt, H.S. Genetic diversity at the major histocompatibility complex (B) and microsatellite loci in three commercial broiler pure lines. *Poult Sci* **2002**, *81*, 1609-1617, doi:10.1093/ps/81.11.1609.
65. Francesch, A.; Cartaña, M. Coeficientes de endogamia y diferenciación poblacional en cuatro variedades de gallina Penedesenca después de 25 años de reproducción en población cerrada. In Proceedings of Congreso Científico de Avicultura, Lleida.
66. Kong, H.S.; Oh, J.D.; Lee, J.H.; Jo, K.J.; Sang, B.D.; Choi, C.H.; Kim, S.D.; Lee, S.J.; Yeon, S.H.; Jeon, G.J., et al. Genetic Variation and Relationships of Korean Native Chickens and Foreign Breeds Using 15 Microsatellite Markers. *Asian-Australas J Anim Sci* **2006**, *19*, 1546-1550, doi:10.5713/ajas.2006.1546.
67. Arcos-Burgos, M.; Muenke, M. Genetics of population isolates. *Clin Genet* **2002**, *61*, 233-247.
68. Finzi, A. Integrated backyard system. A contribution to the special programme for food security. *Boletín técnico de la FAO. University of Tuscia, Viterbo, Italia. Página Web: www.fao.org* **2000**.
69. Revidatti, F.; Rafart, J.F.; Terraes, J.C.; Fernandez, R.J.; Sandoval, G.L.; Asiain, M.V.; Sindik, M.M. Rendimiento reproductivo en cruzamientos entre razas tradicionales de aves productoras de huevo y carne. *InVet* **2005**, *7*, 19-23.

70. Ferreira, E.; Souto, L.; Soares, A.; Fonseca, C. Genetic structure of the wild boar (*Sus scrofa* L.) population in Portugal. *Wildlife Biology in Practice* **2006**, *2*, 17-25.
71. Wheeldon, T.; White, B.N. Genetic analysis of historic western Great Lakes region wolf samples reveals early *Canis lupus/lycaon* hybridization. *Biology Letters* **2008**, *5*, 101-104.
72. Kanginakudru, S.; Metta, M.; Jakati, R.D.; Nagaraju, J. Genetic evidence from Indian red jungle fowl corroborates multiple domestication of modern day chicken. *BMC Evol Biol* **2008**, *8*, 174, doi:10.1186/1471-2148-8-174.
73. Martinez, A.M.; Delgado, J.V.; Rodero, A.; Vega-Pla, J.L. Genetic structure of the Iberian pig breed using microsatellites. *Anim Genet* **2000**, *31*, 295-301.
74. Nordberg, H.; Bhatia, K.; Wang, K.; Wang, Z. BioPig: a Hadoop-based analytic toolkit for large-scale sequence data. *Bioinformatics* **2013**, *29*, 3014-3019.
75. Delgado Bermejo, J.V.; Martínez Martínez, A.; Camacho Vallejo, M.E.; Vega Pla, J.L. Capítulo 6: Conservación de Razas de especies Domésticas. *Genética de Animales Domésticos (Giovambattista, G., Peral-García, P.) Editorial Inte-Médica, Ciudad Autónoma de Buenos Aires-Argentina* **2010**, 105-121.
76. Rodero Serrano, E.; Rodero Franganillo, A.; Delgado-Bermejo, J.V. Primitive andalusian livestock and their implications in the discovery of America. **1992**.
77. Serrano, E.R.; Franganillo, A.R.; Bermejo, J.V.D. Primitive andalusian livestock and their implications in the discovery of America. *Archivos de zootecnia* **1992**, *41*, 10.
78. Rosenberg, N.A.; Pritchard, J.K.; Weber, J.L.; Cann, H.M.; Kidd, K.K.; Zhivotovsky, L.A.; Feldman, M.W. Genetic structure of human populations. *Science* **2002**, *298*, 2381-2385, doi:10.1126/science.1078311.
79. Waltmann, A.; Koepfli, C.; Tessier, N.; Karl, S.; Fola, A.; Darcy, A.W.; Wini, L.; Harrison, G.L.A.; Barnadas, C.; Jennison, C., et al. Increasingly inbred and fragmented populations of *Plasmodium vivax* associated with the eastward decline in malaria transmission across the Southwest Pacific. *PLoS neglected tropical diseases* **2018**, *12*, e0006146, doi:10.1371/journal.pntd.0006146.

CAPÍTULO 2

**“SEXUAL DIMORPHISM AND BREED CHARACTERIZATION OF
CREOLE HENS THROUGH BIOMETRIC CANONICAL
DISCRIMINANT ANALYSIS ACROSS ECUADORIAN
AGROECOLOGICAL AREAS”**

Paula Alexandra Toalombo Vargas, Francisco Javier Navas González, Vincenzo Landi, José Manuel León Jurado and Juan Vicente Delgado Bermejo.

(EN REVISIÓN)

Simple Summary: The first step towards the protection and valorization of the genetic resources of a country is its definition. Although Ecuadorian zootechnical species are very diverse, they are scarcely characterized, hence the efforts towards their protection are not as fruitful as they could be. The present paper approaches the biometric characterization of the Creole hen population in Ecuador through the study of sexual dimorphism and the differentiation of agroecologically-based structured population using fourteen zoometric measures as differentiation criteria. Highlands region provinces of Cotopaxi and Tungurahua were the most zoometrically distant from the rest. However, Morona Santiago province population in the Amazonian region slightly differs from those in Guayas, Chimborazo and Bolívar in the Coastal and Highlands regions, respectively. The dual-purpose nature of Ecuadorian Creole hen resources enables the implementation of breeding programs that seek meeting a wider scope of public demands, through the definition of the agro-ecologically based breed differentiated production of local hen eggs and meat.

Abstract: Despite Ecuador has a wide biodiversity of zootechnical species, characterization studies of these genetic resources are scarce. The objective of this research was to perform the biometric characterization of the Creole hen population through 14 quantitative zoometric measures. 207 hens and 37 roosters from Ecuador's three agro-ecological regions were evaluated; Sierra (highlands) region (Bolívar, Chimborazo, Tungurahua and Cotopaxi provinces); Costa (coastal) region (Guayas) and Oriente Amazonian region (Morona Santiago), respectively. Sexual dimorphism was assessed using One-way ANOVA. Body dimensions were generally, significantly higher for males ($P < 0.05$), especially for length of head, beak, neck, dorsum, tarsus, thigh, leg and middle finger. Then, individuals were biometrically clustered into populations after a stepwise canonical discriminant analysis computing interpopulation Mahalanobis distances. Agroecologically-based structured populations were identified when zoometrical criteria were used to classify the animals. Cotopaxi and Tungurahua provinces were reported to be the most distant from the rest, with a slight differentiation of Morona Santiago province population from those in Guayas, Chimborazo and Bolívar. Conclusively, Ecuadorian Creole hens were higher than longer contrasting light hen breeds, which favors their dual-purpose aptitude. Hence, the development of selection programmes aimed at Ecuadorian differentiated entity of production of eggs and meat across agro-ecological areas is feasible.

Keywords: breed characterization; dual-purpose; agroecological regions; local products; ecuador; zoometry

1. Introduction

Continental Ecuador comprises three agroecological regions; the Sierra (Andean highlands), the Amazonian Oriente (eastern rainforests) and the Costa (Pacific coastal lowlands) with five thermal or climatic floors, namely the warm floor (0-1000 meters above mean sea level (mamsl) at 25°C), temperate floor (1000 to 2000 mamsl, at temperatures that range from 16 to 23°C), cold floor (2000 to 3000 mamsl at 12°C), paramo/moor floor (from 3000 to 4000 mamsl close to 0°C) and glacial floor (4000 mamsl <0°C). In this context, the flourishing of the wide genetic diversity of domestic hens existing across the country is not only promoted by such climatic stratification but also natural selection.

From the red junglefowl (*Gallus gallus*), or the most likely ancestor of these avian populations (Mollah et al., 2009), the effects of natural selection among others, have resulted in a high heterogeneity and variability of the morphological characteristics of birds, with a high potential to adapt to the different environmental conditions (Alemu & Tadelle, 1997; Katule & Mgheni, 1990; K. Moazami-Goudarzi, Vaiman, D., Mercier, D., Grohs, C., Furet, J. P., Leveziel, H., & Martin, 1994; Tixier-Boichard, Bordas, & Rognon, 2009; Zaky & Amin, 2007).

Similarly, this variability has been conditioned by natural or human-made migration processes (Andina, 2009), which brought about the widespread distribution of poultry genetic material given the size of animals was convenient as it made transport easy, favoring the expansion of these birds worldwide across the different agroecological levels (Alemu & Tadelle, 1997).

Some species have experienced substantial genetic flow and a genetic mix after domestication. In fact, hybridization in hens has been observed in Yunnan, China (Y. Miao et al., 2013) and also in northern Vietnam (C Berthouly-Salazar et al., 2010).

These factors have led to genetic divergences that have contributed to poultry production under a family-run backyard system usually developed by the women of each household (Alemu & Tadelle, 1997). Husbandry practices characterized by rustic animals kept in free range conditions with a low investment of capital, as rusticity enables assuming a relatively low economic risk to implement an efficient productive management to produce high biological

value protein sources such as hen's meat and eggs (Guèye, 1998; Spradbrow, 1997). Additionally, these products are preferred among consumers because of their pigmentation, taste, and lean quality of meat (Islam & Nishibori, 2009; A. Singh, Chaudhary, Brah, & Sandhu, 2001); which as a result, translates into acceptable income that returns to each family, closing the cycle (McAinsh, Kusina, Madsen, & Nyoni, 2004; F. Muchadeyi, Sibanda, Kusina, Kusina, & Makuza, 2004; Mwalusanya et al., 2002; Swatson, Nsahlai, & Byebwa, 2001; D Tadelle, Alemu, & Peters, 2003; Zaman, Sørensen, & Howlider, 2004).

Breeds that originated in the Old World were introduced in Latin American territories by the Spanish colonists and adapted to the different agroecological areas and conditions that they found, forming what has traditionally been addressed as Creole hen populations. For decades, these creole populations occupied local productive niches and evolved towards their current entity, but still lacked the necessary characterization actions that may help consolidating and protecting them. Parallely, current breed development and formation until the XVII century a.C. provided the basic elements for the directed selection of our days and for the pursue for concrete characteristics of interest to the farmer or producer. In this context, a new conglomerate of breeds and commercial lines formed in the first world were introduced into developing countries in an attempt to fulfil the growing market demands at a lower cost (Alfranca, 2001).

This global situation resulted in the alarming loss in the biodiversity of animals of zootechnical interest that the region faces nowadays. According to FAO, the endangerment risk that 81 percent of Latin America and the Caribbean avian breeds are exposed to is unknown (Dessie, Dana, Ayalew, & Hanotte, 2012), as even censuses are not appropriately registered. The increased risk of a population whose endangerment status is unknown bases on the fact that measures towards its protection are not implemented. In this regard, efforts are being made to maintain, conserve and, in turn, be able to take advantage of their most profitable or useful traits, such as disease or stress resistance, in commercial breeding plans (Alfranca, 2001).

Not only local hen breeds face a serious risk of extinction, but also there is a simultaneous loss of the traits that made them survive after the evolutionary process that they followed when they arrived in and adapted to the lands to which they were introduced. Creole hens present a good ability to scavenge and forage, have good maternal qualities, and are hardier than exotic breeds with higher survival rates at minimal care and attention requirements. This rusticity, is

one of those traits to positively influence avian zootechnical production, given its implication with the adaptation ability of animals to the environment in which they are produced.

After a period characterized by a lack of actions in regards local genetic resources conservation, with policies implemented more likely focusing on intensive production, morphological characterization studies in birds have restarted being run in Ecuador. These studies lay the basis for local resources conservation and breeding plans. Zoometric traits have widely been reported to depend on an inherited basis and to be suitable means of prediction for the live weight of the individuals (Bhattacharya, Ghosh, Duttagupta, & Maitra, 1984; Bote & Basu, 1984; Raji, Igwebuike, & Usman, 2009). Thus, they may play an important role in the subsequent performance of animals carcasses (D. Falconer, 1989). A relationship that translates in new potential selection criteria seeking the maximization of the profitability of the products derived from such local genetic resources.

Canonical Discriminant Analysis (CDA) is a multivariate statistical technique that estimates linear functions from continuous variables (Colorado, 2013), separating groups of individuals, by maximizing variance between groups and minimizing variance within such groups (J. Cruz-Castillo et al., 1994). By considering multivariate experimental designs, CDA facilitates the understanding of the relationships between the variables evaluated within these groups (A. Afifi & V. Clark, 1996), in an approach which is mathematically equivalent to a multivariate one-way variance analysis (Medina et al., 2014). The technique as we know it today is a conglomeration of the procedures by R. A. Fisher (1936), and Mahalanobis (1936).

The objectives to be met with this statistical methods are to locate the largest axes of discrimination between the identified groups, i.e. to find linear combinations of starting variables with maximum discriminating power between groups, to check whether the means of these groups along these axes are significantly unequal, i.e. to find an organization of the groups of individuals each represented by the vector of the means in all variables, and to study the dimensionality of data. When working with more than two groups, the analysis is known as Canonical Discriminant Analysis (Medina et al., 2014).

Despite, research projects seeking the zoometrical characterization of Ecuadorian local hen breeds started being implemented using univariate analysis, there is still a patent lack of knowledge regarding the differentiation of such local populations, hence policies towards the protection of such genetic resources cannot be implemented properly. Therefore, the aim of this

study is to perform differentiated zoometric characterization of Creole hens through the application of a Canonical Discriminant Analysis to provide insights on the possible clustering patterns described by the population and which subpopulations can be distinguished using Ecuadorian provinces as the criteria of origin (Yakubu, 2011).

Conclusively, this approach will enable quantifying the large existing phenotypic variability in Ecuadorian hen creole population as a strategy to facilitate the rational development of such productively important avian local resources, their use and to direct the implementation of conservation strategies aiming at ensuring their survival in the competitive world of poultry production and future consolidation as breeds.

2. Materials and Methods

2.1. Sample size and distribution

The whole sample comprised 281 birds (244 hens (84.84%) and 37 roosters (15.16%)), evaluated across the three regions and six provinces as follows: the Sierra Region (Andean highlands), with the provinces of Bolivar (31), Chimborazo (70), Tungurahua (35), Cotopaxi (32); the Amazonian Oriente Region (eastern rainforests) with Morona Santiago (38); and the Costa Region (Pacific coastal lowlands) with Guayas (28), respectively. Stevens (1986) provided a very thorough discussion of the sample sizes that should be used to obtain reliable results for Canonical Discriminant Analysis. Strong canonical correlations in the data ($R > 0.7$), even in cases of relatively small samples (around $n = 50$) will be detected most of the times. However, to obtain reliable estimates of the canonical factor loadings for interpretation, hence, to be able to draw valid conclusions, Stevens recommends that there should be at least 20 times as many cases as variables included in the analysis, if one wants to interpret the most significant canonical root only, as it happens in our study. To arrive at reliable estimates for two canonical roots, Barcikowski and Stevens (1975) recommend, based on a Monte Carlo study, to include 40 to 60 times as many cases as variables.

2.2. Study site characterization and Sample animals management

The study was conducted under field conditions from January to December, 2015 and from January, 2017 to August, 2018. The animals comprising the sample were raised and kept by backyard producers who did not present evidences of crosses with commercial lines among the

effectives of their farms, following a randomized design. The map of provinces and climatic floors of Ecuador are shown in Figures 1 and 2. Agroecological zones are detailed in Table 1.

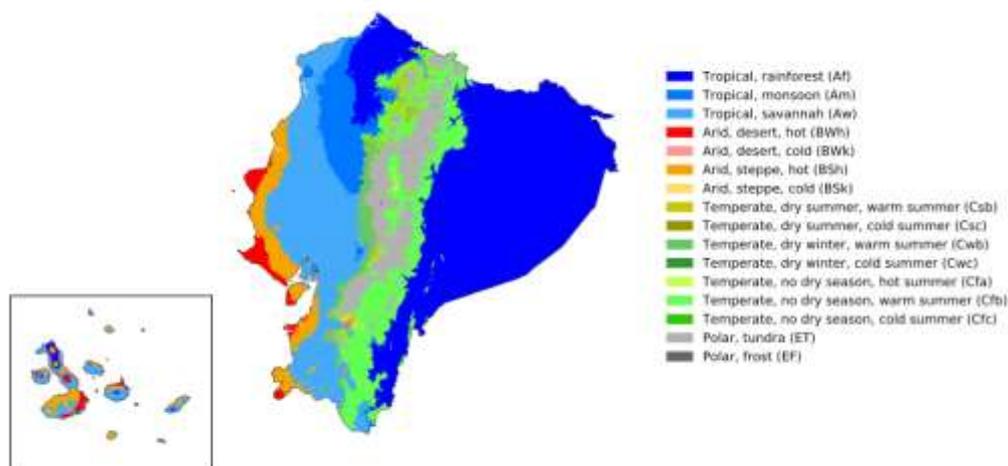


Figure 1. Köppen–Geiger climate classification map for Ecuador (1980-2016), accessed from Beck et al. (2018).

Table 1. Sampled provinces (climate and altitude) considered for the characterization of the Ecuadorian Creole hen.

Province	Climate	Altitude measured in meters above mean sea level (MAMSL)
Bolívar	Tropical Megathermal Semi-Wet, Tropical	327
	Subtropical	1469
	Semi-wet to humid equatorial mesothermal	1500
Chimborazo	Semi-wet mesothermal	2700
	Temperate	2799
	Temperate	2800
	High mountain cold equatorial	2979
	High and upper montane	3341
	Equatorial cold semi-wet high mountain and high mountain cold equatorial	4200
Guayas	Equatorial cold semi-wet high mountain and high mountain cold equatorial	4300
	Warm and rainy	700
Tungurahua	Subtropical	1623
	Tropical rainy	1820
	Sub-Andean tempering, Andean and glacial cold	2500
	Temperate	2600
Cotopaxi	Warm and dry	3400
	Tropical rainy	1900
	Temperate and cold	2500
	Temperate	2938
	Wet tempering	2806
	Temperate	2917
Morona Santiago	Temperate	2971
	Warm humid	1030
	Warm humid	1199
	Tropical	1300
	Warm humid	2347



Figure 2. Administrative division of Ecuador in different shades of yellow, accessed from Manuel Balarezo.

Animals were reared under extensive backyard conditions, and were not vaccinated against viruses or parasites such as coccidia, nor treated against parasites. Chickens were fed on organic corn and were occasionally supplemented with household wastes, vegetables and other sources of minerals from each area. Antibiotics and multivitamins were not administered.

2.3. Biometric data collection

Biometrical analysis was performed on each animal, measuring the 14 of the quantitative variables proposed by FAO (Hoffmann, 2009). A summary of the biometric variables measured and the procedure followed is shown in Table 2. Quantitative data was obtained using a digital scale, a gauge with 0.02 mm accuracy, and a tape measure. All the biometric information was collected in a structured file including georeferencing for each producer together with zoometric measurements.

Table 2. Biometric variables proposed by FAO and measuring procedure to obtain them from the animals.

Variable	How to measure it
Head length (heal)	Taken between the most protruding point of the occipital and the frontal (lacrima) bone.
Crest length (crel)	Taken following the direction of the skull.
Crest width (crew) ^a	From the base of the head until the crest ends at the top of the face, following the opposite direction of the skull.
Beak length (peal)	In a caudo-cranial direction, from the base of the beak to the tip of the beak.
Neck length (necl)	Distance from the base of the neck to the chest.
Dorsal length (dorl)	Between the first thoracic vertebra to the region of the pygostyle (tail).
Ventral length (venl)	Length of the sternal region (keel).
Chest perimeter length (chpl)	Taken from the most declining part of the base of the cross, passing through the ventral base of the sternum and returning to the base of the cross, forming a straight circle around the coastal plains.
Proximal humerus wing length (phwl)	From the binding of the humerus with the spine to the termination of the humerus.
Half wing radius ulna length (hwrul)	From the union of the humerus with the radius and the ulna to the termination of them.
Distal phalanx wing length (dpwl)	Understood from the union of the radius and the ulna with the phalanges until the completion of them.
Thigh length (femur) (thil)	Distance from the middle region of the coxal bone to the knee joint.
Leg length (legl)	Distance between knee and tarsus joints.
Leg circumference (legc)	Measurement taken in the most prominent part of the leg
Metatarsal tarsus length (metl)	Distance between calcaneus and ankle
Middle finger phalanx length (mfpl)	Distance between the tarsus joint and the origin of the fourth finger.

Modified by the premises in Lázaro Galicia et al. (2009) and Estrada Mora et al. (2007)^a.

2.4. Statistical analysis

Mean and standard deviation of each measurement were computed for each sex and province. One-way analysis of Variance (ANOVA) was carried out using the MEANS Statement from PROC GLM routine of the S.A.S. 9.4 software (Inc, 2013) to determine the existence of differences in the means for the fourteen variables measured between males and females and across provinces. Then, the WALLER option was used to perform post hoc Waller-Duncan k-ratio t test on all main effect to measure specific differences between pairs of means ($P < 0.05$). Waller and Duncan (1969) and Duncan (1975) take an approach to multiple comparisons that differs from all the methods previously discussed in minimizing the Bayes risk under additive loss rather than controlling type I error rates. Furthermore, this range test uses the harmonic mean of the sample size what makes it preferable if the sample sizes are unequal (IBM®, 2011). According to D. H. Johnson (1980), Waller-Duncan test solves the dilemma of whether to use experiment-wise or comparison-wise error rates, and has performed nicely in comparative studies, as is preferable is assumptions are met (measurements are exact, that is there is a common standard error or error terms are distributed with zero mean, and

independently between animals and measurement distribution is normal among others) (IBM®, 2011; D. H. Johnson, 1980).

The multivariate technique involved the use of canonical discriminant analysis on the 14 biometric measurements using the province to which each animal belonged as a labeling classification criteria, to identify the variation provided by the different variables measured under study, and to establish clusters that may identify and outline subpopulations (Carles M Cuadras, 1981; Carles M Cuadras & Augé, 1981; R. A. Johnson & Wichern, 1982; Sánchez & López, 2003). Hence, we determined the percentage of correctly allocated individuals in their populations of origin in comparison to those animals which were statistically misclassified or attributed to a different province from the one in which they were sampled; to discover a linear combination of quantitative morphological variables that provide maximum separation between the potentially existing different populations when the classification criterion was the province in which the animals were located. CDA was also used to plot pairs of canonical variables to help visually interpret group differences. Variable selection was performed using Forward Stepwise (FSTEP) multinomial logistic regression algorithms.

2.4.1. Canonical correlation dimension determination

Canonical correlation is a form of correlation relating two sets of variables. As with factor analysis, there may be more than one significant dimension (more than one canonical correlation), each representing an orthogonally separate pattern of relationships between the two latent variables. The maximum number of canonical correlations between two sets of variables is the number of variables in the smaller set. The first canonical correlation is always the one which explains most of the relationship (B. Tabachnick & Fidell, 1996). The canonical correlations are interpreted as Pearson's r , hence, their square is the percent of variance in one set of variables explained by the other set along the dimension represented by the given canonical correlation (usually the first), that is R^2 is the percent of shared variance along this dimension (Thompson, 1984). As a rule of thumb, some researchers state that a dimension will be of interest if its canonical correlation is 0.30 or higher, corresponding to about 10% of variance explained. Despite, some researchers report just the first canonical correlation, it is recommended that all meaningful and interpretable canonical correlations are reported (Programming, 2005).

2.4.2. Canonical discriminant analysis efficiency

Wilks' Lambda test assesses which variables significantly contribute to the discriminant function. Hence, Wilks' Lambda λ parameter can be used to determine how well each function separates individuals into populations, or what is the same whether the function is able to classify individuals better than what we could expect at random. It is equal to the proportion of the total variance in the discriminant scores not explained by differences among the populations. Smaller values of Wilks' lambda indicate greater discriminatory ability of the function (Bian, 2012). As a rule of thumb, the closer Wilks' lambda is to 0, the more the variable contributes to the discriminant function. The significance of Wilk's Lambda can be tested using Chi-Square, then, if the p-value is less than 0.05, we can conclude that the corresponding function explains group adscription well (Corporation, 2019). For small sample sizes or a small number of treatments, the limiting chi-squared or normal distributions may not adequately describe the actual probability distributions of the test statistics. Here, a finite approximation may be more appropriate than using the limiting distribution. One such method is Fisher's F approximation for Wilks' lambda by Rao (1951) as developed in (Chávez, 2007). According to these authors, under normality conditions, this procedure performs more accurately than a χ^2 approximation (Anderson, 1962).

2.4.3. Canonical discriminant analysis model reliability

MANOVA makes the assumption that the within-group covariance matrices are equal. If the design is balanced so that there is an equal number of observations in each cell, the robustness of the MANOVA tests is guaranteed. If the design is unbalanced, you should test the equality of covariance matrices using Box's M test. $P < 0.05$ means the data do not differ significantly from multivariate normal and we can proceed with the analysis. If this test is significant at less than 0.001, there may be severe distortion in the alpha levels of the tests. You should only use Pillai's trace criterion in this situation. Box's M is used to test the assumption of equal covariance matrices in MANOVA and Discriminant Function Analysis (DFA). Box's M has very little power (Cohen, 2008) for small sample sizes; hence when we work with a small-sample a nonsignificant result may not necessarily indicate that the covariance matrices are equal. Contrastingly, for large samples a statistically significant result can be reported when it does not actually exist. To address this particular issue, a smaller alpha level ($P < 0.001$) is recommended (Hahs-Vaughn, 2016). Some authors suggest that Box's M is highly sensitive, hence unless $P < 0.001$ and sample sizes are unequal, we should ignore it. However, if significant and you have unequal sample sizes, the test is not robust (B. G. Tabachnick & Fidell, 2001).

In multiple regression, another assumption that should be tested for is multicollinearity. In this regard, the variance inflation factor (VIF) is used as an indicator of multicollinearity. Computationally, it is defined as the reciprocal of tolerance: $1/(1-R^2)$. All other things equal, researchers desire lower levels of VIF, as higher levels of VIF are known to affect adversely the results associated with a multiple regression analysis. In fact, the utility of VIF, as distinct from tolerance, is that VIF specifically indicates the magnitude of the inflation in the standard errors associated with a particular beta weight that is due to multicollinearity.

Various recommendations for acceptable levels of VIF have been published in the literature. Perhaps most commonly, a value of 10 has been recommended as the maximum level of VIF (Hair, Black, Babin, & Anderson, 2013; Kennedy, 1992; Marquardt, 1970; Neter, Wasserman, & Kutner, 1989). The VIF recommendation of 10 corresponds to the tolerance recommendation of 0.10 ($1/0.10 = 10$). However, a recommended maximum VIF value of 5 (Rogerson, 2001) and even 4 (Pan & Jackson, 2008) can be found in the literature.

For example, a VIF of 8 implies that the standard errors are larger by a factor of 8 than would otherwise be the case, if there were no inter-correlations between the predictor of interest and the remaining predictor variables included in the multiple regression analysis.

2.4.3. Canonical coefficients and loading interpretation and spatial representation

A preliminary principal component analysis (PCA) was performed to minimize overall variables into few meaningful variables that contributed most to variations in the populations. As a result, half wing radius ulna length (hwrul) and distal phalanx wing length (dpwl) were discarded given they reported a component loading lower than $|0.5|$ which suggested their redundant confounding nature, which may base on the fact that they comprise the total length of the wing, defined by proximal humerus wing length (phwl). Discriminant function analysis was used to determine percentage assignment of individuals into their own populations.

The traditional approach to interpreting discriminant functions examines the sign and magnitude of the standardized discriminant weight (also referred to as a discriminant coefficient) assigned to each variable in computing the discriminant functions. When the sign is ignored, each weight represents the relative contribution of its associated variable to that function. Independent variables with relatively larger weights contribute more to the discriminating power of the function than do variables with smaller weights. The sign denotes only that the variable makes either a positive or a negative contribution. Small weights may indicate either that a certain variable is irrelevant in determining a relationship or that it has been discarded because of a high degree of multicollinearity.

Discriminant loadings, referred to sometimes as structure correlations are increasingly used as a basis for interpretation because of the deficiencies in utilizing weights. Measuring the simple linear correlation between each independent variable and the discriminant function, the discriminant loadings reflect the variance that the independent variables share with the discriminant function. In this regard, they can be interpreted like factor loadings in assessing the relative contribution of each independent variable to the discriminant function.

One unique characteristic of loadings is that they can be calculated for all variables, whether they were used in the estimation of the discriminant function or not. This aspect is particularly useful when a stepwise estimation procedure is employed and some variables are D<X included in the discriminant function. Rather than having no way to understand their relative impact, loadings provide a relative effect of every variable on a common measure.

In either simultaneous or stepwise discriminant analysis, variables that exhibit a loading of $>|0.40|$ or higher is considered substantive, indicating substantive discriminating variables. With stepwise procedures, this determination is supplemented because the technique prevents nonsignificant variables from entering the function. However, multicollinearity and other factors may preclude a variable from entering the equation, which does not necessarily mean that it does not have a substantial effect.

Discriminant loadings (like weights) may be subject to instability. Loadings are considered relatively more valid than weights as a means of interpreting the discriminating power of independent variables because of their correlational nature.

Raw or unstandardized canonical function coefficients are used to compute the saved or pined discriminant function scores, that is the centroids that will be used as the center around which each discriminated population will gather. Discriminant scores are computed by applying the regression-like equation of the constant plus each coefficient times the raw value of the appropriate variable, and summing. The standardized coefficients allow you to compare variables measured on different scales. Coefficients with large absolute values correspond to variables with greater discriminating ability. Also, discriminant scores can be computed by using the standardized discriminant function coefficients applied to data that have been centered and divided by the pooled within-cell standard deviations for the predictor variables, as discussed in Corp. (2019).

The data were standardized following standard procedures of Manly (1986) before squared Mahalanobis distances and principal component analysis were computed. Squared Mahalanobis distances were computed between populations using the following formula:

$$D_{ij}^2 = (\bar{Y}_i - \bar{Y}_j) COV^{-1}(\bar{Y}_i - \bar{Y}_j)$$

where D_{ij}^2 is the distance between population i and j and COV^{-1} the inverse of the covariance matrix of measured variable x and \bar{Y}_i and \bar{Y}_j are the means of variable x in the ith and jth populations, respectively. The squared Mahalanobis distance matrix was converted into an Euclidean distances matrix and used to build a dendrogram using unweighted pair-group method using arithmetic mean (UPGMA) via agglomerative hierarchical cluster procedure with the software DendroUPGMA by Garcia-Vallvé and Pere Puigbo (2002). The Mahalanobis squared distance, defined as the square of the distance between the measures of the standardized values of Z (centroids), was used this way to verify whether there were significant differences between provinces (A. P. d. Silva et al., 2001).

2.4.4. Discriminant function cross-validation

When the output derived from the analysis sample is stable and, if applicable, generalizable, most of the individuals should be correctly classified as it happens in our study, that is the percentage of cases correctly classified may exceed 80%. However, when the output derived from the canonical discriminant analysis sample is unstable or not generalizable, many of the individuals will not be correctly classified (<40%).

To establish whether the percentage of correctly classified cases is enough as to consider the discriminant functions issue valid results, as a form of significance we can use leave-one-out cross-validation option. In this procedure, the discriminant weights, estimated by using the analysis sample, are multiplied by the values of the predictor variables in the holdout sample to generate discriminant scores for the cases in the holdout sample. The cases are then assigned to groups based on their discriminant scores and an appropriate decision rule. The hit ratio, or the percentage of cases correctly classified, can then be determined by summing the diagonal elements and dividing by the total number of cases. It is helpful to compare the percentage of cases correctly classified by discriminant analysis to the percentage that would be obtained by chance. Classification accuracy achieved by discriminant analysis should be at least 25% greater than that obtained by chance.

These results can be supported by Press' Q statistic. This parameter can be used to compare the discriminating power of our function to a model classifying individuals at random (50% of the cases correctly classified), as follows

$$\text{Press Q} = [N - (nK)]^2 / N(K - 1) = 227 - (221 * 6)^2 / 227(6 - 1) = 1064.1418 \quad (1)$$

Where N is the number of individuals in the sample, n is the number of observations correctly classified (as a coefficient ranging from 0 to 1), k is the number of groups.

Compute the critical value, which equals the chi-square value at 1 degree of freedom. You should probably let alpha equal 0.05. When Q exceeds this critical value, classification can be regarded as significantly better than chance, thereby supporting cross-validation.

3. Results

Morphometric analysis indicated highly significantly differences when males were compared to females. Roosters presented a significantly higher head length (5.85 and 5.42 cm), beak length (3.16 and 2.98 cm), neck length (14.19 and 12.91 cm), dorsal length (23.12 and 22.17 cm), thigh length (3.45 and 32.69 cm), leg length (12.25 and 10.90 cm) and middle finger length (6.54 and 6.10 cm) (Table 3).

Table 3. Summary of the results for Waller-Duncan k ratio test for Zoometric characteristics in Creole chickens of Ecuador sorted by sex.

Variable	Male	Female
Head length (heal)	5.85 ^a	5.42 ^b
Crest length (crel)	3.50 ^a	3.22 ^a
Beak length (peal)	3.16 ^a	2.98 ^b
Neck length (necl)	14.19 ^a	12.91 ^b
Dorsal length (dorl)	23.12 ^a	22.17 ^b
Ventral length (venl)	24.49 ^a	22.96 ^a
Chest perimeter length (chpl)	33.45 ^a	32.69 ^b
Proximal humerus wing length (phwl)	10.21 ^a	9.69 ^a
Half wing radius ulna length (hwrul)	10.12 ^a	9.82 ^a
Distal phalanx wing length (dpwl)	8.43 ^a	8.39 ^a
Thigh length (femur) (thil)	12.25 ^a	10.90 ^b
Leg length (legl)	15.27 ^a	14.35 ^b
Leg circumference (legc)	9.23 ^a	8.69 ^a
Metatarsal tarsus length (metl)	9.08 ^a	8.66 ^a
Middle finger phalanx length (mfpl)	6.54 ^a	6.10 ^b

^a lower mean; ^b higher mean (P<0.05). When there is not a significant difference between sexes superindex letters are the same (^a).

Table 4 shows a summary of the significant results of ANOVA and post hoc Waller-Duncan test for the zoometric characteristics of Ecuadorian creole hens across provinces. The analyzed variables have a very high and variable coefficient of variation across biometric traits. Regarding the length of the head, there are highly significant differences between the birds of the province of Guayas (6.20 cm) with respect to those from Chimborazo (5.40 cm), which in turn significantly differs from those in Cotopaxi (4.38 cm). Significant differences were also reported between individuals in Guayas (6.20 cm) and those in Bolivar (5.90 cm), and between animals from Morona Santiago (5.68 cm) and Tungurahua (5.60 cm), and between the later and Chimborazo (5.40 cm). Crest length in the province of Guayas has an average value of (3.88 cm) presenting highly significant differences from those presented by the animals in the provinces of Bolivar (3.34 cm), Chimborazo (3.06 cm), Cotopaxi (3.21 cm), Morona Santiago

(3.41 cm) and Tungurahua (3.12 cm). For beak length, Bolívar, Guayas, Morona Santiago with averages of (3.52, 3.40, 3.47 cm), respectively, reported highly significant differences with Cotopaxi (2.83 cm), which in turn is highly significant different form that of the animals in Tungurahua (2.59 cm); which also reported significant differences when compared to the animals in Chimborazo (2.70 cm). Neck length, with an average of 14.65 cm for the animals in the province of Bolivar, shows a highly significant difference when compared to animals in Chimborazo (12.51 cm), Cotopaxi (13.18 cm), Guayas (13.39 cm), Morona Santiago (13.09 cm) or Tungurahua (12.75 cm). When dorsal length was assessed, highly significant differences are found for the individuals in Morona Santiago (25.74 cm) when compared to those from Bolivar (23.29 cm), Chimborazo (22.44 cm), Guayas (23.12 cm); and the later with those in Cotopaxi (19.06 cm) or Tungurahua (19.91 cm). Regarding ventral length, animals in Bolivar (28.31 cm) and Guayas (26.67 cm) are significantly different from those in Chimborazo (24.34 cm) or Morona Santiago (22.80 cm), with the latter being significantly different from those in Tungurahua (20.38 cm) and Cotopaxi (15.96 cm).

Thoracic or chest perimeter of the animals in the province of Guayas (37.00 cm) or Morona Santiago (36.47 cm) is highly significantly different from that of the animals assessed in Bolivar (33.99 cm), which in turn statistically differs from that of the individuals in Chimborazo (31.08 cm), Cotopaxi (31.28 cm) and Tungurahua (30.16 cm). The proximal wing length of the animals in Chimborazo, with an average measurement of 10.68 cm, are highly significantly different from those in Tungurahua (8.81 cm). This variable shows significant statistical differences when the provinces of Chimborazo and Cotopaxi (10.06 cm); Bolivar (9.01 cm), Cotopaxi (10.06 cm), Guayas (9.31 cm), Morona Santiago (9.61 cm) are compared, and between those and Tungurahua (8.81 cm). The average length of radius ulna is reported in Chimborazo (10.76 cm), with it being highly significant when animals were compared to those in Bolivar (9.33 cm), Cotopaxi (9.47 cm), Tungurahua (8.88 cm), Morona Santiago (9.83 cm) and Guayas (9.87 cm). In terms of distal phalanx wing length, Chimborazo and Morona Santiago presented equal mean values (9.07 cm). However, highly statistically significant differences are obtained when animals are compared to those in Tungurahua (7.19 cm). Chimborazo and Morona Santiago present statistically significant differences with animals in Bolivar (8.13 cm) and Cotopaxi (8.37 cm), while Tungurahua animals reported significant differences when compared to the animals from Guayas (7.38 cm). For thigh length, the province of Cotopaxi (12.41 cm), and Tungurahua (13.04 cm), report statistically significant differences when compared to Bolivar (10.86 cm), Chimborazo (10.18 cm), Guayas (10.19 cm) or Morona Santiago (10.94 cm). Leg

length showed an average of 19.77 cm for animals in Tungurahua, which is a highly statistically significantly different value from that in the animals of Cotopaxi (16.34 cm); which in turn differs from that of the individuals in Bolívar (13.91 cm), Guayas (14.06 cm), Morona Santiago (14.58 cm) or Chimborazo (11.87 cm). Regarding leg perimeter, Morona Santiago animals (11.09 cm) present highly significant differences with those from Cotopaxi (9.83 cm) and also with those from Bolivar (8.72 cm), Chimborazo (8.55 cm), Guayas (8.36 cm). Such difference is high as well when animals are compared to those in Morona Santiago (6.48 cm). Tarso-metatarsal length from the animals in Tungurahua (10.62 cm) presents highly statistically significant differences when it is compared to that from the animals in Bolivar (8.78 cm), Chimborazo (8.79 cm), Guayas (9.41 cm) or Tungurahua (9.33 cm); which in turn highly significantly differs from that of the animals in Cotopaxi (5.12 cm). Finally, Middle finger phalanx length from the animals in Bolivar (6.29 cm), Chimborazo (6.33 cm), Cotopaxi (6.58 cm), Morona Santiago (6.28 cm) is highly statistically significantly different from that of the animals in Guayas (5.63 cm) or Tungurahua (5.61 cm).

Table 4. Summary of results for Waller-Duncan test showing statistically significant differences in zoometric traits across provinces in Creole chickens of Ecuador.

Variable	N	Bolívar	Chimborazo	Cotopaxi	Guayas	Morona Santiago	Tungurahua	CV	F	Pr > F
Head length (heal)	242	5.90 ^{ab}	5.40 ^c	4.38 ^d	6.20 ^a	5.68 ^{bc}	5.60 ^{bc}	15.00	16.48	<0.0001
Crest length (crel)	201	3.34 ^b	3.06 ^b	3.21 ^b	3.88 ^a	3.41 ^b	3.12 ^b	27.42	2.71	0.0150
Beak length (peal)	242	3.52 ^a	2.70 ^{bc}	2.83 ^b	3.40 ^a	3.47 ^a	2.59 ^c	16.06	27.24	<0.0001
Neck length (necl)	242	14.65 ^a	12.51 ^b	13.18 ^b	13.39 ^b	13.09 ^b	12.75 ^b	15.83	7.13	<0.0001
Dorsal length (dorl)	242	23.29 ^b	22.44 ^b	19.06 ^c	23.12 ^b	25.74 ^a	19.91 ^c	11.69	27.15	<0.0001
Ventral length (venl)	242	28.31 ^a	24.34 ^b	15.96 ^d	26.67 ^a	22.80 ^b	20.38 ^c	19.95	26.82	<0.0001
Chest perimeter length (chpl)	242	33.99 ^b	31.08 ^c	31.28 ^c	37.00 ^a	36.47 ^a	30.16 ^c	13.90	12.69	<0.0001
Proximal humerus wing length (phwl)	242	9.01 ^{bc}	10.68 ^a	10.06 ^{ab}	9.31 ^{bc}	9.61 ^{abc}	8.81 ^c	23.67	4.28	0.0004
Half wing radius ulna length (hwrul)	242	9.33 ^b	10.76 ^a	9.47 ^b	9.87 ^{ab}	9.83 ^{ab}	8.88 ^b	22.53	3.96	0.0008
Distal phalanx wing length (dpwl)	242	8.13 ^{abc}	9.07 ^a	8.37 ^{ab}	7.38 ^{bc}	9.07 ^a	7.19 ^c	24.59	5.25	<0.0001
Thigh length (femur) (thil)	242	10.86 ^b	10.18 ^b	12.41 ^a	10.19 ^b	10.94 ^b	13.04 ^a	15.81	17.38	<0.0001
Leg length (legl)	238	13.91 ^c	11.87 ^d	16.34 ^b	14.06 ^c	14.58 ^c	19.77 ^a	17.76	40.43	<0.0001
Leg circumference (legc)	232	8.72 ^c	8.55 ^c	6.48 ^d	9.83 ^b	11.09 ^a	8.36 ^c	23.39	15.06	<0.0001
Metatarsal tarsus length (metl)	242	8.78 ^b	8.79 ^b	5.12 ^c	9.41 ^b	10.62 ^a	9.33 ^b	17.08	43.85	<0.0001
Middle finger phalanx length (mfpl)	242	6.29 ^a	6.33 ^a	6.58 ^a	5.63 ^b	6.28 ^a	5.61 ^b	20.29	3.77	0.0013

Different letters in the superindex are indicative of the existence of significant differences among provinces ($P < 0.05$). If the same letter is present in different provinces then, no significant difference is found.

The value of $P < 0.05$ obtained for Box's M test means the data do not differ significantly from multivariate normal and we can proceed with the analysis. Wilk's lambda statistic was used to assess whether canonical discriminating functions contributed significantly to the separation of treatments, i.e. it was used to test the meaning of the discriminating function Table 5.

Table 5. Multivariate statistics and F approximations for testing the significance of canonical correlations between zoometric variables and province classification variable.

Statistic	Value	F value	dfn	dfd	Pr >F
Pillai's Trace	2.6973	17.7378	70	1060	<0.0001
Hotelling-Lawley Trace	9.9878	29.4736	70	729	<0.0001
Roy's Greatest root	5.4219	82.1035	14	212	<0.0001
Wilk's Lambda Ratio	0.0100	23.1461	70	994	<0.0001

dfn: degrees of freedom numerator; dfd: degrees of freedom denominator.

In a previous analysis including all zoometric variables, tolerance ($1/R^2$) and variance inflation factor (VIF) were analyzed to identify those variables that were responsible for multicollinearity between variables. This analysis revealed that the variables proximal humerus wing length (phwl), half wing radius ulna length (hwrul) and distal phalanx wing length (dpwl), turned out to be highly related ($VIF > 4$). Therefore, we decided to retain distal phalanx wing length (dpwl) in the analysis, because that measure results from the combination of proximal humerus wing length (phwl) and half wing radius ulna length (hwrul) given their lower VIF. After the removal of redundant variables, the results for tolerance and VIF can be seen in Table 6.

Table 6. Multicollinearity analysis of biometric variables.

Statistic	Tolerance (1-R ²)	VIF
Head length (heal)	0.5323	1.8788
Crest length (crel)	0.7304	1.3690
Crest width (crew)	0.7034	1.4217
Beak length (peal)	0.5330	1.8763
Neck length (necl)	0.6543	1.5282
Dorsal length (dorl)	0.3612	2.7685
Ventral length (venl)	0.4821	2.0741
Chest perimeter length (chpl)	0.5923	1.6883
Distal phalanx wing length (dpwl)	0.7053	1.4177
Thigh length (femur) (thil)	0.4929	2.0289
Leg length (legl)	0.4069	2.4579
Leg circumference (legc)	0.5591	1.7884
Metatarsal tarsus length (metl)	0.4458	2.2429
Middle finger phalanx length (mfpl)	0.6869	1.4559

Interpretation thumb rule: $VIF = 1$ (Not correlated); $1 < VIF < 5$ (Moderately correlated); $VIF \geq 5$ (Highly correlated).

The canonical discriminant analysis identified five discriminating canonical functions. The first has a high discriminatory power as denoted by the eigenvalue of 5.422. The results are presented in Table 7. The first function obtained explains 91.9% of total variance. The fifth function contributes to the explanation of variance with 49.9% of the information to the analysis, i.e. relatively low.

Table 7. Canonical variate pairs (discriminant functions) found in canonical discriminant analysis for zoometric variables.

Canonical variate (Discriminating functions)	Canonical correlation	Squared canonical correlation	Eigenvalue	R ² (Explained variance)
F1	0.919	0.844	5.422	0.543
F2	0.852	0.726	2.644	0.265
F3	0.696	0.485	0.941	0.094
F4	0.627	0.394	0.649	0.065
F5	0.499	0.249	0.331	0.033

An efficient model will report a value of >0.4 for squared canonical correlations which translates into around 9% of explained variance among groups, provinces in our case.

The results for the tests of equality of group means to test for differences across provinces once redundant variables have been removed are shown in Table 8. The greater the value of F and the lower the value for Wilks' Lambda, the best discriminating power a certain variable has and the lowest rank position it presents. Those variables presenting equal values of lambda and F, have equivalent discriminatory power as shown by beak and dorsal length. When this happens, we must check whether these similarities are based on a multicollinearity problem or because the variables, indeed, have a similar discriminant power.

Table 8. Results for the tests of equality of group means to test for differences across provinces once redundant variables have been removed.

Variable	Wilks' Lambda	F	df1	df2	p value	Rank
Head length (heal)	0.6938	19.5039	5	221	<0.0001	7
Crest length (crel)	0.9427	2.6888	5	221	0.0221	14
Crest width (crew)	0.7700	13.2047	5	221	<0.0001	8
Beak length (peal)	0.6377	25.1148	5	221	<0.0001	5
Neck length (necl)	0.8999	4.9189	5	221	0.0003	13
Dorsal length (dorl)	0.6442	24.4107	5	221	<0.0001	6
Ventral length (venl)	0.5598	34.7614	5	221	<0.0001	3
Chest perimeter length (chpl)	0.8010	10.9814	5	221	<0.0001	10
Distal phalanx wing length (dpwl)	0.8838	5.8128	5	221	<0.0001	11
Thigh length (femur) (thil)	0.7771	12.6790	5	221	<0.0001	9
Leg length (legl)	0.4965	44.8189	5	221	<0.0001	2
Leg circumference (legc)	0.5935	30.2791	5	221	<0.0001	4
Metatarsal tarsus length (metl)	0.4138	62.6212	5	221	<0.0001	1
Middle finger phalanx length (mfpl)	0.9094	4.4048	5	221	0.0008	12

Once F and Wilks' Lambda have been assessed, we must evaluate the magnitude of standardized and non-standardized coefficients, reported in Table 9, to determine whether there has been a reduction in the discriminant power of individual variables as a result of multicollinearity between pairs, which implies a reduction in the separate discriminant power of each of the two variables involved in the multicollinear relationship. In our case, we observe that standardized coefficients fell below 0.4, hence, there was a decrease in the discriminating power of the non-individual function as a result of the effect of multicollinearity between beak and dorsal length.

The greater the reduction in the standardized coefficient is, the more important is the multicollinearity problem between variables holding similar Wilks' lambda and F values. Standardized coefficients are shown in Table 9. According to Hair Jr (2005), absolute values below |0.3| are indicative of multicollinearity problems when F and Wilks' Lambda have been previously checked to be similar for a certain pair of variables.

Unstandardized coefficients, calculated on raw scores for each variable, are of most use when the investigator seeks to cross-validate or replicate the results of a discriminant analysis or to assign previously unclassified subjects or elements to a group. As we are assessing the potential misclassification of individuals belonging to previously defined populations as a way to define such populations themselves, we must interpret standardized coefficients, hence, unstandardized coefficients were discarded (Brown & Wicker, 2000). Furthermore, the unstandardized coefficients cannot be used to compare variables or to determine what variables play the greatest role in group discrimination because the scaling for each of the discriminator variables (i.e. their means and standard deviations) usually differ.

Table 9. Standardized coefficients for zoometric variables.

	F1	F2	F3	F4	F5
Intercept (constant)	-3.6106	-3.6465	-2.0551	-2.3157	-2.9908
Head length (heal)	0.0923	0.0077	-0.0115	0.7568	-0.1707
Crest length (crel)	-0.3936	-0.1515	0.0834	-0.1946	-0.4764
Beak length (picl)	0.2127	0.1287	0.4228	-0.1815	0.1555
Neck length (necl)	0.1746	0.3402	0.4596	0.399	0.5273
Dorsal length (dorl)	-0.3508	0.1704	0.3078	0.1698	-0.3943
Ventral length (venl)	-0.0489	0.2713	0.136	-0.3311	-0.0388
Chest perimeter length (chpl)	0.0703	0.4387	-0.8659	0.3756	0.3443
Proximal humerus wing length (phwl)	-0.0793	0.0603	0.6318	0.0991	-0.3057
Half wing radius ulna length (hwrul)	0.0745	0.4506	-0.4368	-0.3062	0.2837
Distal phalanx wing length (dpwl)	-0.1489	-0.6413	-0.1997	-0.174	0.5706
Thigh length (femur) (thil)	0.2643	-0.68	-0.083	0.0571	0.4576
Leg length (legl)	0.5107	0.2675	0.3097	-0.6428	0.0709
Leg circumference (legc)	1.2468	-0.1421	-0.2844	-0.0454	-0.3439
Metatarsal tarsus length (metl)	-1.0371	0.3027	0.007	-0.014	-0.0011

Linear combination for a discriminant function (Z) could be described by F1 (Z) =

$$\mu_1 Y_1 + \mu_2 Y_2 + \dots + \mu_i Y_i,$$

where μ_i is the canonical coefficient, and Y_i are independent variables measured. The maximum number of canonical discriminant functions generated is equal to the number of groups minus one. In the present study, the number of canonical discriminant functions was 5 for each series, as we used the six provinces as a labelling criterion. After the evaluation of standardized coefficients, the resulting discriminant functions are as follows:

$$F1: (0.8223)*metl + (0.5664)*legc + (0.5222)*legl + (0.4634)*dorl + (0.4648)*heal$$

$$F2: (-0.5567)*legl + (-0.4161)*thil + (0.6086)*venl + (0.4497)*dorl$$

$$F3: (0.4591)*chep + (0.4631)*peal$$

$$F4: (0.4567)*peal + (0.5029)*heal$$

$$F5: (0.5055)*thil + (0.4289)*peal$$

To determine which is the variable that we have to discard out of each pair for which a multicollinearity problem has been detected, we check discriminant loadings which are presented in Table 10. Discriminant loadings measure the existing linear correlation between each independent variable and the discriminant function, reflecting the variance that the independent variables share with the discriminant function. In this regard, they can be interpreted like factor loadings in assessing the relative contribution of each independent variable to the discriminant function. A graphical representation of discriminant loadings is shown in Figure 3, with those variables whose vector extends further apart from the origin being the most representative discriminating ones.

Table 10. Discriminant loadings or structure correlation for zoometrical variables across provinces.

	F1	Rank	VPVF	F2	Rank	VPVF	F3	Rank	VPVF	F4	Rank	VPVF	F5	Rank	VPVF	PCV
Head length (heal)	0.465	4	0.117	-0.025	11	0.000	0.221	7	0.005	0.503	1	0.016	0.009	11	0.028	0.139
Crest length (crel)	0.077	10	0.003	-0.184	12	0.009	0.223	6	0.005	0.031	8	0.000	-0.114	13	0.000	0.017
Crest width (crew)	0.304	7	0.050	0.290	5	0.022	0.282	5	0.008	-0.323	14	0.007	0.213	6	0.002	0.088
Beak length (picl)	0.233	9	0.029	0.342	3	0.031	0.463	1	0.020	0.457	2	0.014	0.429	2	0.006	0.100
Neck length (necl)	0.005	11	0.000	0.089	9	0.002	0.336	3	0.011	0.287	3	0.005	0.171	8	0.001	0.019
Dorsal length (dorl)	0.463	5	0.117	0.450	2	0.054	0.175	9	0.003	-0.102	10	0.001	0.188	7	0.001	0.175
Ventral length (venl)	0.325	6	0.057	0.609	1	0.098	0.263	14	0.007	0.241	4	0.004	0.323	4	0.003	0.169
Chest perimeter length (chpl)	0.264	8	0.038	0.219	8	0.013	0.459	2	0.020	0.079	7	0.000	-0.057	12	0.000	0.071
Distal phalanx wing length (dpwl)	-0.018	12	0.000	0.303	4	0.024	-0.167	13	0.003	-0.294	12	0.006	0.087	9	0.000	0.033
Thigh length (femur) (thil)	-0.087	13	0.004	-0.416	13	0.046	0.194	8	0.004	-0.151	11	0.002	0.506	1	0.008	0.064
Leg length (legl)	0.522	3	0.148	-0.557	14	0.082	0.083	10	0.001	0.203	5	0.003	0.341	3	0.004	0.237
Leg circumference (legc)	0.566	2	0.174	0.263	6	0.018	0.323	4	0.010	-0.212	13	0.003	0.265	5	0.002	0.208
Metatarsal tarsus length (metl)	0.822	1	0.367	0.006	10	0.000	-0.124	11	0.001	0.040	6	0.000	-0.171	14	0.001	0.370
Middle finger phalanx length (mfpl)	-0.214	14	0.025	0.245	7	0.016	-0.127	12	0.002	-0.004	9	0.000	0.043	10	0.620	0.042

VPVF = Discriminat power of a certain variable within the function. PCV = Composite discriminat power of a certain variable. The composite power of each variable results after summing each of its particular effects on each discriminant function.

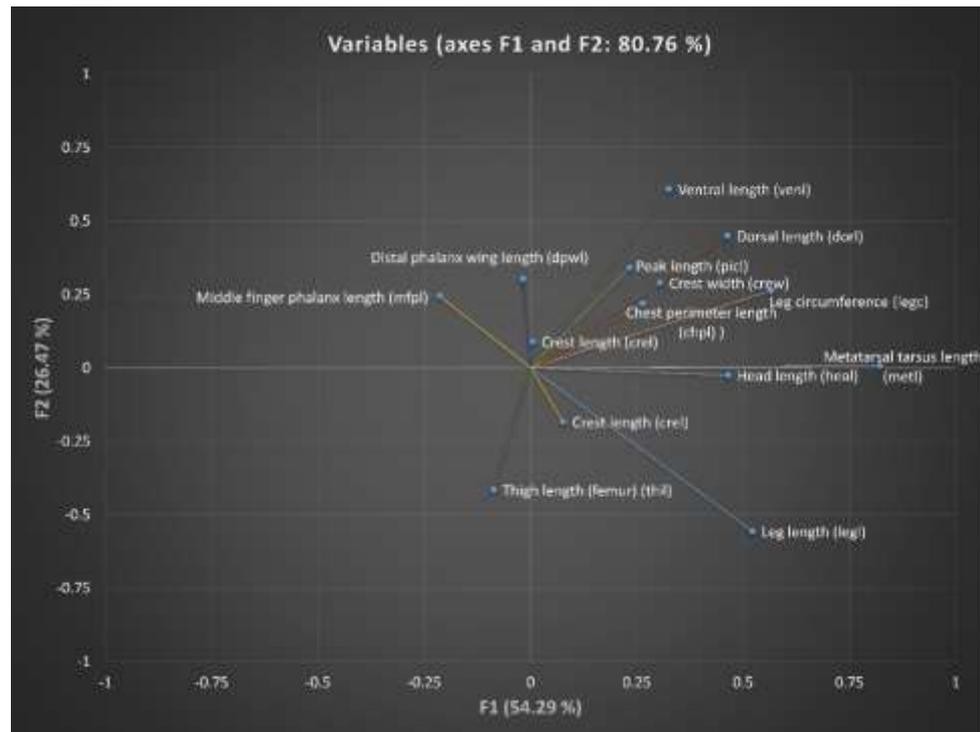


Figure 3. Vector plot of discriminant loadings for biometric variables.

A territorial map is created by plotting the discriminating values for each observation (Z) for the first function on the x axis and those values for the second discriminant function on the y axis. Figure 4 graphically depicts the canonical discriminant analysis of individuals across the six sampling provinces. Cotopaxi and Tungurahua provinces are evidently independent, while the populations from the provinces of Guayas, Chimborazo and Bolívar are nearby. Further away from the latter three, we find the population from the province of Morona Santiago.

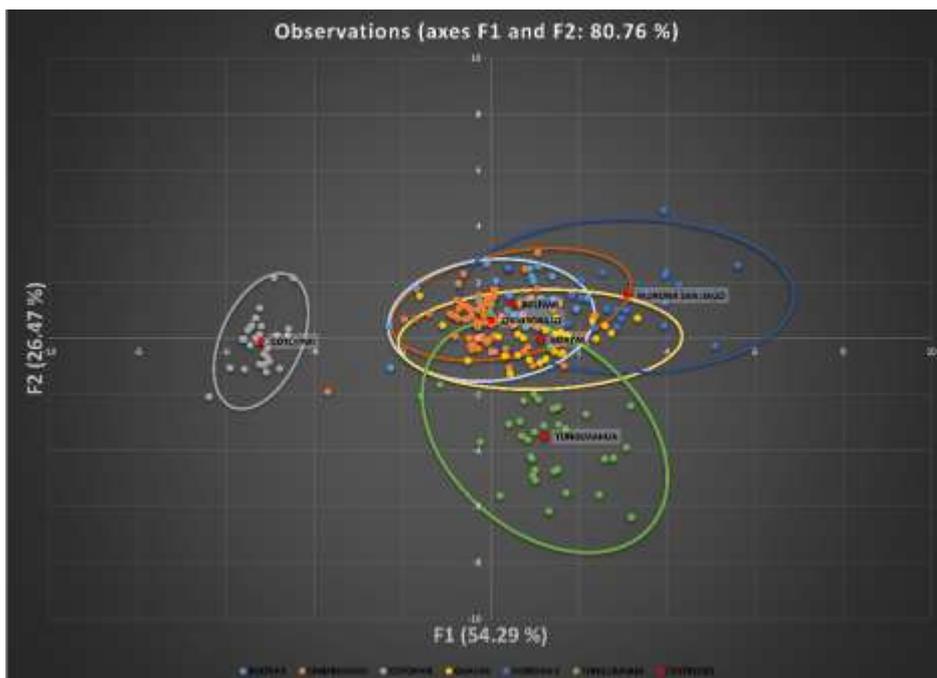


Figure 4. Territorial map depicting the results of the canonical discriminant analysis of individuals across the six sampling provinces.

Centroids design the central observation for each province group. The probability that an unknown case belongs to a particular group is calculated by measuring the relative distance of Mahalanobis to the centroid of a population. To compute discriminant scores or centroids, we substitute the mean for each possible province in the three first dimensions (Moore, 2013). Then, to calculate the optimal cut-off point, that is, the probability of classification we follow the procedures in Hair et al. (2013). Then we can determine whether a certain case is appropriately classified.

It can be observed that the provinces of Cotopaxi and Tungurahua are located in different places on the Cartesian plane, that is, remote from each other. The opposite situation happens with the provinces of Bolívar, Guayas and Chimborazo, as well as, it can be observed that Morona Santiago is slightly separated from the three latter provinces.

When classification and leave-one-out cross-validation matrices are evaluated, it can be observed that 97.14 % has been estimated to be correctly classified for Bolivar, with 88.57% being validated for the same province. For Chimborazo 93.33% has been correctly classified with 89.33% validated. For Cotopaxi, Guayas, Morona Santiago and Tungurahua the total of observation was appropriately classified with 90.63%, 50%, 80% and 94.44% being validated, respectively.

Cross-validation reported a result for Press Q parameter of 1064.1418 ($Press\ Q = \frac{[N - (nK)]^2}{N(K-1)} = \frac{227 - (221*6)^2}{227(6-1)}$). Hence, as Q is above 6.63 (significance level of 0.01), Chi²'s critical value for a degree of freedom at a chosen confidence level. Predictions were significantly better than chance, in which it would have a correct classification rate of 50%

The absolute values of Mahalanobis' distances between the local populations of the six provinces involved in the analysis are shown in Table 11. The shortest distance is found between Bolivar and Chimborazo, while the longest distances are those found between the Province of Cotopaxi and the rest. Contrastingly, the distances of Tungurahua with Bolívar, Chimborazo, Cotopaxi are similar. The level of statistical significance for all Mahalanobis distances was high and similar ($P < 0.0001$).

Table 12. Distance of Mahalanobis between locations (above the diagonal) and F statistics (numerator degrees of freedom (dfn) = 6, denominator degrees of freedom (dfd) = 214) for the square distances between locations (below the diagonal).

	Bolívar	Chimborazo	Cotopaxi	Guayas	Morona Santiago	Tungurahua
Bolívar	0	11.4702	740.9480	43.5906	46.9021	60.1553
Chimborazo	33.4763	0	579.1246	53.3778	65.5743	72.6499
Cotopaxi	73.1381	53.4517	0	322.1637	135.4148	80.8406
Guayas	25.0129	9.1509	989.6791	0	17.9435	42.6445
Morona Santiago	35.1446	29.6095	1176.8949	48.2348	0	324.8541
Tungurahua	68.4382	51.4504	1984.7833	151.4674	110.0090	0

Mahalanobis' distance analysis is based on the analysis of generalized squared euclidean distances adjusted for unequal variances. The main advantage of this procedure is that these distances are calculated in the original space of the variables rather than in the collapsed version used by other distances. The mahalanobis distance (D^2), defined as the square of the distance between the measures of the standardized values of Z, was used to verify whether there were significant differences between the provinces. Thus, the greater the value of the distance is, the greater the distance between the means of the provinces considered is as well. The centre of each treatment represents the discriminatory average value of the individuals of each treatment (centroid) (A. P. d. Silva et al., 2001). In general, Mahalanobis distance is the preferred procedure when we want to maximize the use of information available in a stepwise procedure.

To represent Mahalanobis distances between 2 points, we first apply a linear transformation that disrelates those points and then measure the Euclidean distance between the transformed points. As it can be seen in the dendrogram Figure 5, the provinces of Bolivar - Chimborazo;

Guayas - Morona Santiago; Cotopaxi – Tungurahua are populations are represented as subpopulations.

The shortest Euclidean distance was observed between the provinces of Bolivar and Chimborazo; whereas the opposite happened between the Province of Cotopaxi and the others. The distances between Tungurahua and Bolívar, Chimborazo or Cotopaxi are similar. Contrastingly, Morona Santiago is slightly far from the provinces of Guayas, Chimborazo, Bolívar.

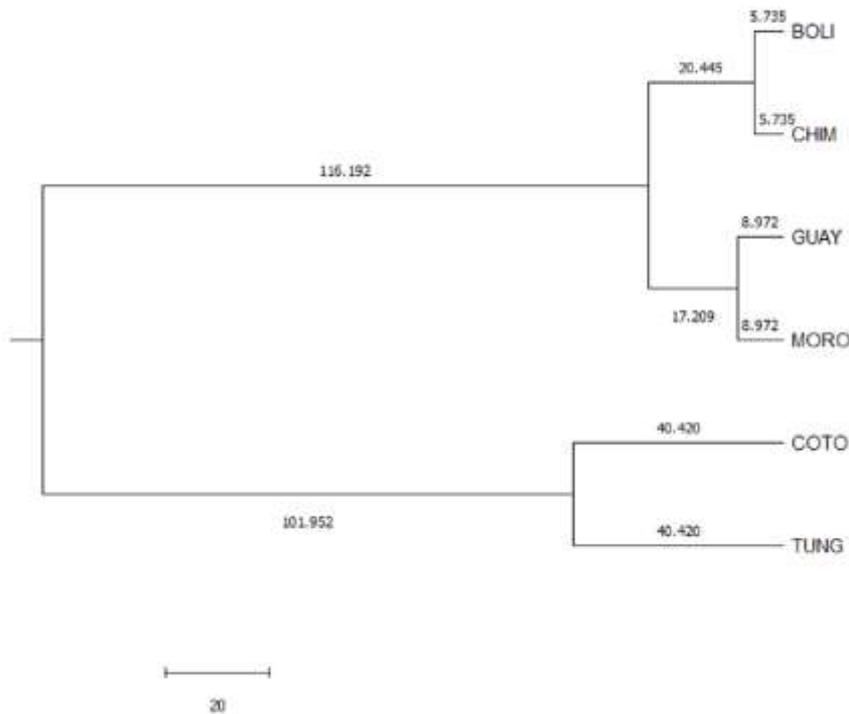


Figure 5. Euclidean distances dendrogram for the creole hen populations across provinces (BOLI: Bolívar, CHIM: Chimborazo, GUAY: Guayas, MORO: Morona Santiago, COTO: Cotopaxi and TUNG: Tungurahua).

4. Discussion

The morphometric measurements show highly significant differences in relation to sex, as reported by Yakubu and Salako (2009) in indigenous chickens in Nigeria, which reported such differences to be based on the hormonal effects of sex that condition growth. These results were consistent with similar results in literature (Vega Murillo et al., 2018; Zaky & Amin, 2007).

The high coefficient of variation observed in the results is similar to that reported in different populations of chickens in Mexico (Strillacci et al., 2017); and also in indigenous chickens in Nigeria (Yakubu & Salako, 2009), which demonstrates the variability of the

morphometry in the birds studied, which may be due to genetic divergence processes followed by the populations, such as migration (D. Tadelle et al., 2000) which resulted in the morphological modification of the populations to adapt to the characteristics of the different environments and the orography to which the birds were introduced (Olawunmi, Salako, & Afuwape, 2008; Semakula et al., 2011; Vega Murillo et al., 2018; Zaragoza et al., 2013).

Measurements for head length are higher than those measured in Batsi Alak Hens of Mexico whose mean for males and females varied from 4.16 to 4.6 cm (Zaragoza et al., 2013); and lower than those reported for Yoruba ecotypes of Nigeria with an average of 9.90 cm (Olawunmi et al., 2008).

In terms of crest length, the values are lower than those measured in indigenous Nigerian roosters with 3.97 cm and higher than those indicated for hens of the same country 2.70 cm; (Yakubu & Salako, 2009). Likewise, Yoruba and Fulani ecotypes reported an average between 4.35 and 6.72 cm (Olawunmi et al., 2008); and a value similar to that reported for the province of Cotopaxi (3.22 cm) when comparing birds in general, without separating males to females (Yakubu, Kuje, & Okpeku, 2009). In autochthonous Catalanian chicken breeds Partridge Penedesenca and Blonde Empordanesa, we observe crest sizes that doubles those measured in the present study with 6.20 cm and 7.23 cm on average, respectively (A. Francesch et al., 2011).

For beak length, the values are analogous to those found in Botswana hens, because the study was also conducted in three agroecological regions, so the observed averages ranged from 2.7 to 3.0 cm (Badubi et al., 2006). However, higher values were reported by Yakubu and Salako (2009) in indigenous Nigerian birds in males 2.12 cm and females 1.95 cm; as well as in native Catalanian breeds Partridge Penedesenca and Blonde Empordanesa (2.01 cm and 1.90 cm, respectively). The opposite occurs in Batsi Alak hens from Mexico, whose measurements range from 3.5 to 3.8 cm (Zaragoza et al., 2013) and Fulani ecotypes of Nigeria with 3.78 cm on average (Olawunmi et al., 2008), with similar mean values to those of Bolivar, Guayas, Morona Santiago, which could be attributed to the similarity of the climate of the place of study.

For the neck length trait, values equivalent to those found in Partridge Penedesenca with 13.91 cm and Blonde Empordanesa with 14.30 cm were found (A. Francesch et al., 2011); while in indigenous Nigerian hens lower values were observed with 8.90 cm in males and 7.81 cm in females (Yakubu & Salako, 2009). Similarly, in Yoruba and Fulani Nigerian ecotypes, the measures varied between 8.73 and 9.26 cm, respectively (Olawunmi et al., 2008); contrary to

what happens in Batsi Alak Hens of Mexico with measures of 19 to 17 cm in males and females, respectively (Zaragoza et al., 2013).

Body and dorsal lengths along with head length have been related in literature to the potential of animals for egg production (Olawunmi et al., 2008). When these data are compared with those reported by K. Moazami-Goudarzi, Vaiman, D., Mercier, D., Grohs, C., Furet, J. P., Leveziel, H., & Martin, P. (1994) and their studies of local Tanzanian chicken ecotypes, the values for males of the Singamagazi ecotype were 26.4 cm in length, slightly higher than the average reported for Morona Santiago hens, but comparable to the males of the Kuchi ecotype with 25.2 cm. However, for the male of Mbeya ecotype and female of the Singamagazi ecotypes, these values ranged between 20 and 23 cm (K. Moazami-Goudarzi, Vaiman, D., Mercier, D., Grohs, C., Furet, J. P., Leveziel, H., & Martin, P., 1994); similar to the 22 cm reported for the Partridge Penedesenca hens and for the Blonde Empordanesa (A. Francesch et al., 2011). These values were equivalent to those found in Bolívar, Chimborazo, Guayas. Studies conducted on Botswana hens in three different agro-ecological zones found values of 18.1 cm for females and 20.20 cm for males (Badubi et al., 2006), similar to those measured in Cotopaxi and Tungurahua). In turn, Yakubu and Salako (2009), reported superior measurements to those of Ecuadorian creole hens found in this study or those found for the Fulani and Yoruba ecotypes with averages of 30.1 cm versus 24.00 cm, respectively.

Higher values for the ventral length variable are found in native breeds of Partridge Penedesenca (10.80 cm), Blonde Empordanesa (10.44 cm) hens (A. Francesch et al., 2011), and Yarubi and Fulani ecotypes with measures ranging between 8.38 and 7.94 cm, respectively (Olawunmi et al., 2008).

The thoracic perimeter variable is a good indicator of meat yield in most species of poultry (Olawunmi et al., 2008). Higher values were found than those obtained for Nigerian hens for which average values were 27.42 cm in males and 25.65 cm in females (Yakubu & Salako, 2009). However, for native Nigerian birds bred for research purposes belonging to the Anak Titan ecotype, averages of 30.39 cm were found (Ajayi et al., 2012). The same is suggested for the Yoruba and Fulani ecotypes, with 22.40 and 27.53 cm, respectively (Olawunmi et al., 2008); similar to those obtained in Chimborazo individuals.

The Batsi Alak hens in Mexico reached values similar to those reported in Bolívar, Chimborazo and Cotopaxi which ranged from 32.03 to 33.6 cm (Zaragoza et al., 2013). The same values were reported for backyard hens in Mexico with averages of 30.13 cm (Vega Murillo et al., 2018). The measurements for half wing radius ulna length (hwrul) were lower than those indicated for the Batsi Alak Hens of Mexico, with males presenting values of 11.00

cm and females of 9.71 cm (Zaragoza et al., 2013). The values for distal phalanx wing length (dpwl), are similar to those observed in Batsi Alak Hens of Mexico with 8.6 and 7.23 cm, for both males and females. This may be due to the fact that the study was carried out at an altitude of 1200 to 2760 meters above mean sea level, conditions similar to those that existed at the time of this research (Zaragoza et al., 2013).

Thigh length measurements of Partridged Penedesenca (12.25 cm) and Blonde Empordanesa (12.57 cm) hens (A. Francesch et al., 2011) are similar to those from Ecuadorian birds from Cotopaxi and Tungurahua provinces, but lower than the Nigerian Yoruba ecotype hens with an average of 16.83 cm (Olawunmi et al., 2008).

Regarding the circumference of the leg, the indigenous hens of Nigeria reported similar values to those measured in Bolívar and Chimborazo with 8.78 cm in males and 7.13 cm. Slightly similar to those reported for the hens of Cotopaxi. The dimensions of the leg have been related in literature with the type of production, with those animals presenting superior dimensions (both in width and length), which would made them more suitable for meat production (Olawunmi et al., 2008).

In Tanzanian local chicken ecotypes, tarso-metatarsal length(K. Moazami-Goudarzi, Vaiman, D., Mercier, D., Grohs, C., Furet, J. P., Leveziel, H., & Martin, P., 1994) for Singamagazi and Kuchi males reported measurements of 13.9 and 13.3 cm respectively, higher than those of Ecuadorian Creole hens. However, females of the same ecotypes report averages of 10.9 and 11.2 cm, respectively (Ngeno, van der Waaij, Kahi, & van Arendonk, 2014) similar to those measured in Morona Santiago's hens).

Similarly, males of the Ching'wekwe ecotype with 10 cm and females of the same ecotype with 8.2 cm and female of the Morogo ecotype with 9.7 cm, presented similar values to those of the provinces of Guayas and Tungurahua, but much higher than those of the province of Cotopaxi. Likewise, this value was similar to that reported by Nigerian birds with 6.65 cm in males and 6.25 cm in females (Yakubu & Salako, 2009)

Similarly, larger sizes were recorded for breeds such as the Partridged Penedesenca and Blonde Empordanesa with an average of 8 cm, which may be because the birds studied also come from four different eco-climates homologous to those of the areas considered in this research.

For birds from India, average values of 8.79 cm (Banerjee, 2012) similar to those measured in Bolívar and Chimborazo) were reported. Long tarsi have been associated with dry regions

and flat topographies, as they allow birds to travel long distances in search for food, unlike birds with short tarsi, which could be attributed to the effects of natural selection (Ajayi et al., 2012)

Short tarsi have been identified with a greater ability to escape from predators (Banerjee, 2012), hence, they have been directly related to processes of adaptation and improvement of survival. Functionally, from a productive point of view, tall animals tend to be destined for meat production and small animals for egg production (Olawunmi et al., 2008). In addition, the length of tarsi may be related to the prediction of live weight in the field as reported by some authors (Kabir, Oni, Akpa, & Adeyinka, 2006; Mani, Abdullahi, & Von Kaufmann, 1991; Nesamvuni et al., 2000). Ecuadorian creole hens present morphological traits which would made them more prone to produce eggs. However, the dimensions of certain morphological variables could make them suitable for meat production, so it is essential to implement breeding programs to select and direct crosses that allow to obtain ecotypes by classifying individuals depending on to their productive potential.

Canonical discriminant analysis suggests that the variables perimeter of the leg (*legc*), metatarsus tarsus length (*metl*) and middle finger phalanx length (*mfpl*) were the ones that had the greatest discriminatory capacity between provinces. The results revealed the presence of wide ranges of variation within and among Creole hens in Ecuador. However, four large population blocs could be identified, namely Cotopaxi, Tungurahua, Morona Santiago and that comprising the populations of Bolívar, Chimborazo and Guayas, a fact that could be attributed to the different conditions found across the various agroecological zones in the country, ethnic groups handling these resources and cultural implications that they have, along with the huge migration events suffered by these resources when facing natural and/or man-made challenges.

The most likely reason for which Morona Santiago, Bolívar, Chimborazo and Guayas populations present a mixed structure which does not permit their complete segregation from one another, may have its basis on the fact that poultry farmers in this province are prone to preserve their birds avoiding the introduction of individuals from external populations, despite poultry production has already been developed in their areas.

The provinces of Morona Santiago, Bolívar and Chimborazo are nearby, something that does not happen with the province of Guayas, located in the Costa Region. However, there is a provincial road that joins Chimborazo (Sierra) and Guayas (Costa). It should be noted that agricultural fairs are likely to take place along the road connecting both provinces. These events act as exchange centers of genetic material, which is mainly performed with minor species such as birds, given the considerable ease to transport such resources. The same would happen with Morona Santiago which is located in the Ecuadorian Amazon, but near Chimborazo, which is

geographically located in the center of the country. The provinces in question are characterized by their agricultural and livestock background, such that 13% of the population is engaged in poultry production activity, hence, it could be assumed that the commoners maintain the genetics of their birds over time.

The connection with Guayas, as stated by the General Secretariat of the Andean Community in 2009, lays on the fact that during the seventies, there was a reduction in domestic agricultural-livestock production, which led to the migration of the inhabitants of Nabuzo – Penipe (Chimborazo) to the coast of Ecuador. This social movement implied people carried easily-used animal species such as hens along with them. Complementarily, as a result of the eruptions of the Tungurahua volcano, constant since the late 90s (Bonifaz Nieto, Yuquilema, & Carlos, 2018), the Canton Penipe experienced a migratory phenomenon of the surrounding populations, that was also noticeable in Nabuzo (Chimborazo), the least affected area by volcanic ash, which confirms that the genetic material did not suffer such migratory pressure hence its resources remain intact, which in turn explains the clustering revealed by the canonical discriminant analysis and which may outline the same genetic structure.

5. Conclusions

The results revealed the presence of wide ranges of variation within and among Creole hens in Ecuador. However, four large population blocs could be identified, namely Cotopaxi, Tungurahua, Morona Santiago and that comprising the populations of Bolivar, Chimborazo and Guayas, a fact that could be attributed to the different conditions found across the various agroecological zones in the country, ethnic groups handling these resources and cultural implications that they have, along with the huge migration events suffered by these resources when facing natural and/or man-made challenges. This addresses the high number of opportunities to implement programmes for the promotion, conservation and genetic improvement of these local resources, through their selection and crossing after their definition and characterization, since their inherent resistance and adaptation to the different environmental conditions allow the definition of technical and scientific strategies to exploit their productive potential. In addition, the local nature of these resources should be highlighted as intangible ancestral value in the field of food sovereignty, and should be inserted within the productive policies at a governmental level, as it has already been done with other species, with the aim of improving rural livelihoods and meeting the growing demand for poultry products.

References

1. Mollah, M.B.R.; Islam, F.B.; Islam, M.S.; Ali, M.A.; Alam, M.S. Analysis of genetic diversity in Bangladeshi chicken using RAPD markers. *Biotechnol.* **2009**, *8*, 462-467.
2. Tixier-Boichard, M.; Bordas, A.; Rognon, X. Characterisation and monitoring of poultry genetic resources. *Worlds Poult. Sci. J.* **2009**, *65*, 272-285.
3. Alemu, Y.; Tadelle, D. The status of poultry research and development in Ethiopia. *Poult. Res. Bull.* **1997**, *1*, 62.
4. Katule, A.M.; Mgheni, M. Performance of crosses between exotic and local Tanzania chicken. In Proceedings of 4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Edinburgh, Scotland, UK, 23-27 July, 1990; pp. 62-64.
5. Moazami-Goudarzi, K., Vaiman, D., Mercier, D., Grohs, C., Furet, J. P., Leveziel, H.,; Martin, P. Emploi de microsatellites pour l'analyse de la diversité génétique des races bovines françaises: premiers résultats. *Genet.Set.Evol J*, : 1994; Vol. 26 (1).
6. Zaky, H.I.; Amin, E.M. Estimates of genetic parameters for body weight and body measurements in Bronze Turkeys (Baladi) by using animal model. *Egypt. Poult. Sci. J.* **2007**, *27*, 151-164.
7. Andina, S.G.d.l.C. *Desarrollo Territorial del cantón Penipe: previniendo las consecuencias de la activación del volcán Tungurahua-Ecuador*. 1st ed.; Pull Creativo S.R.I.: Lima, Perú, 2009; pp. 36.
8. Miao, Y.; Peng, M.-S.; Wu, G.-S.; Ouyang, Y.; Yang, Z.; Yu, N.; Liang, J.; Pianchou, G.; Beja-Pereira, A.; Mitra, B. Chicken domestication: an updated perspective based on mitochondrial genomes. *Heredity* **2013**, *110*, 277.
9. Berthouly-Salazar, C.; Rognon, X.; Van, T.N.; Gély, M.; Chi, C.V.; Tixier-Boichard, M.; Bed'Hom, B.; Bruneau, N.; Verrier, E.; Maillard, J.-C. Vietnamese chickens: a gate towards Asian genetic diversity. *BMC genetics* **2010**, *11*, 53.
10. Spradbrow, P. Policy framework for smallholder rural poultry development. In *Sustainable Rural Poultry Production in Africa*, 1st ed.; Sonaiya, E.B., Eds.; International Livestock Research Institute: Addis Ababa, Ethiopia, 1997; pp. 30-39.
11. Guèye, E.H.F. Village egg and fowl meat production in Africa. *Worlds Poult. Sci. J.* **1998**, *54*, 73-86.
12. Singh, A.; Chaudhary, M.; Brah, G.; Sandhu, J. Inheritance of external body measurements and their relationships with economic traits in layer chickens. *Indian. Poult. Sci.J.* **2001**, *36*, 153-157.
13. Islam, M.; Nishibori, M. Indigenous naked neck chicken: a valuable genetic resource for Bangladesh. *Worlds Poult. Sci. J.* **2009**, *65*, 125-138.
14. Zaman, M.; Sørensen, P.; Howlider, M. Egg production performances of a breed and three crossbreeds under semi-scavenging system of management. *Livestock Res Rural Dev.* **2004**, *16*, 1-4.
15. Swatson, H.; Nsahlai, I.; Byebwa, B. The status of smallholder poultry production in the Alfred district of Kwazulu-Natal, South Africa: priorities for intervention. In Proceedings of 10th Conference of the Association of Institutions for Tropical Veterinary Medicine, Copenhagen, Denmark, 20-24 August, 2001; pp.63-72.

16. Muchadeyi, F.; Sibanda, S.; Kusina, N.; Kusina, J.; Makuza, S. The village chicken production system in Rushinga District of Zimbabwe. *Livestock Res Rural Dev.* **2004**, *16*, 2004.
17. McAinsh, C.V.; Kusina, J.; Madsen, J.; Nyoni, O. Traditional chicken production in Zimbabwe. *Worlds Poult. Sci. J.* **2004**, *60*, 233-246.
18. Tadelle, D.; Alemu, Y.; Peters, K. Village chicken production systems in Ethiopia: Use patterns and performance valuation and chicken products and socio-economic functions of chicken. *LRRD.* **2003**, *15*, 1.
19. Mwalusanya, N.; Katule, A.; Mutayoba, S.; Mtambo, M.; Olsen, J.; Minga, U. Productivity of local chickens under village management conditions. *Trop Anim Health Pro.* **2002**, *34*, 405-416.
20. Alfranca, I.S. El concepto de raza: evolución y realidad. *Arch Zootec.* **2001**, *50*, 547-564.
21. Dessie, T.; Dana, N.; Ayalew, W.; Hanotte, O. Current state of knowledge on indigenous chicken genetic resources of the tropics: domestication, distribution and documentation of information on the genetic resources. *Worlds Poult. Sci. J.* **2012**, *68*, 11-20.
22. Raji, A.O.; Igwebuikwe, J.U.; Usman, M.T. Zoometrical body measurements and their relation with live weight in matured local Muscovy ducks in Borno State, Nigeria. *ARPJ. J. Agric. Biol. Sci.* **2009**, *4*, 58-62.
23. Bhattacharya, B.; Ghosh, T.K.; Duttagupta, R.; Maitra, D.N. Estimation of body weight in Black Bengal goats from body measurements [India]. *Indian Vet J.* **1984**.
24. Bote, S.; Basu, S.B. Relationship between body measurements and meat production in Beetal goats. *Indian Vet J.* **1984**.
25. Falconer, D. Introduction to quantitative genetics 3rd ed. *Harlow: Longman Scientific & Technical* **1989**.
26. Colorado, G.J. Validación de la fórmula de Pyle para la identificación del complejo de Atrapamoscas de Traill (*Empidonax* sp., Tyrannidae) empleando análisis discriminante. *Ornitol. Neotrop.* **2013**, *24*, 359-363.
27. Cruz-Castillo, J.; Ganeshanandam, S.; MacKay, B.; Lawes, G.; Lawoko, C.; Woolley, D. Applications of canonical discriminant analysis in horticultural research. *HortScience* **1994**, *29*, 1115-1119.
28. Afifi, A.; Clark, V. Discriminant analysis. In *CAMPAS*, Springer: 1996; pp. 243-280.
29. Medina, J.L.; Orellana, Y.G.; Pino, M.M.; Diaz, L. Análisis discriminante canónico con técnicas gráficas multivariadas aplicado a un diseño con dos factores. *Avances: Investigación en Ingeniería* **2014**, *11*, 38-47.
30. Fisher, R.A. The use of multiple measurements in taxonomic problems. *Ann. Eugen.* **1936**, *7*, 179-188.
31. Mahalanobis, P.C. On the generalized distance in statistics.
32. Yakubu, A. Discriminant analysis of sexual dimorphism in morphological traits of African Muscovy ducks. *Arch Zootec.* **2011**, *60*, 1115-1123.
33. Stevens, J. Applied multivariate statistics for the social sciences. **1986**.

34. Barcikowski, R.S.; Stevens, J.P. A Monte Carlo study of the stability of canonical correlations, canonical weights and canonical variate-variable correlations. *Multivariate Behav Res.* **1975**, *10*, 353-364.
35. Beck, H.E.; Zimmermann, N.E.; McVicar, T.R.; Vergopolan, N.; Berg, A.; Wood, E.F. Present and future Köppen-Geiger climate classification maps at 1-km resolution. *Sci.Data.* **2018**, *5*, 180214, doi:10.1038/sdata.2018.214.
36. Hoffmann, I. The global plan of action for animal genetic resources and the conservation of poultry genetic resources. *Worlds Poult. Sci. J.* **2009**, *65*, 286-297.
37. Lázaro ,G.C. Análisis del sistema de producción de gallinas de transpatio en la Trinidad Tianguismanalco, Tecali, Puebla. Master of Degree , Colegio de Postgraduados, Campus Puebla, 2012.
38. Estrada M, A. Caracterización fenotípica, Manejo y usos del pavo doméstico (Meleagris gallopavo, gallopavo) en la comunidad indígena de Kapola en la sierra nororiental del Estado de Puebla. Master of Degree, Colegio de Postgraduados, Campus Puebla, 2012.
39. Inc, S.I. SAS 9.4. Author Cary, NC: 2013.
40. Waller, R.A.; Duncan, D.B. A Bayes rule for the symmetric multiple comparisons problem. *Am Stat Assoc J.* **1969**, *64*, 1484-1503.
41. Duncan, D.B. T tests and intervals for comparisons suggested by the data. *Biometrics.* **1975**, 339-359.
42. IBM®. IBM SPSS advanced statistics 20. **2011**.
43. Johnson, D.H. The comparison of usage and availability measurements for evaluating resource preference. *Ecology.* **1980**, *61*, 65-71.
44. Sánchez, A.; López, L. Clasificación y ordenación de la vegetación del norte de la Sierra Nevada, a lo largo de un gradiente altitudinal. *An. Inst. Biol., Univ. Nac. Auton. Mex., Zool.* **2003**, *74*, 47-71.
45. Cuadras, C.M.; Augé, J. A continuous general multivariate distribution and its properties. *Commun Stat-Theor M.* **1981**, *10*, 339-353.
46. Cuadras, C.M. Nuevos Métodos de Análisis Multivariate; Barcelona, España, 2019; pp.1-308.
47. Johnson, R.A.; Wichern, D.W. Applied multivariate statistical analysis Prentice Hall. *Inc.: Englewood Cliffs, NJ* **1982**.
48. Tabachnick, B.; Fidell, L. Using multivariate statistics 3rd edition. *NY: Harper Collins* **1996**.
49. Thompson, B. *Canonical correlation analysis: Uses and interpretation*; Sage: 1984.
50. Programming, F. Canonical correlation. 2005.
51. Bian, H. SPSS discriminant function analysis. *Retrieved July* **2012**, *13*, 2017.
52. Corporation, O. Interpreting Results of Discriminant Analysis. 2019.
53. Rao, C.R. An asymptotic expansion of the distribution of Wilks' criterion. *Bulletin of the International Statistical Institute* **1951**, *33*, 177-180.

54. Chávez, A.G. *100 Problemas Resueltos de Estadística Multivariante Implementados en Matlab*; Delta Publicaciones: 2007.
55. Anderson, T.W. *An introduction to multivariate statistical analysis*; Wiley New York: 1962.
56. Cohen, B.H. *Explaining psychological statistics*; John Wiley & Sons: 2008.
57. Hahs-Vaughn, D.L. *Applied multivariate statistical concepts*; Routledge: 2016.
58. Tabachnick, B.G.; Fidell, L.S. Principal components and factor analysis. *Using multivariate statistics* **2001**, 4, 582-633.
59. Neter, J.; Wasserman, W.; Kutner, M.H. *Applied linear regression models*. **1989**.
60. Marquardt, D.W. Generalized inverses, ridge regression, biased linear estimation, and nonlinear estimation. *Technometrics* **1970**, 12, 591-612.
61. Kennedy, P. Violating Assumption Five: Multicollinearity. *Guide to Econometrics. Oxford, United Kingdom: Blackwell* **1992**, 192-202.
62. Hair, J.F.; Black, W.C.; Babin, B.J.; Anderson, R.E. *Multivariate data analysis: Pearson new international edition*; Pearson Higher Ed: 2013.
63. Rogerson, P.A. *Data reduction: factor analysis and cluster analysis*. Sage: London: 2001; pp 192-197.
64. Pan, Y.; Jackson, R.T. Ethnic difference in the relationship between acute inflammation and serum ferritin in US adult males. *Epidemiology & Infection* **2008**, 136, 421-431.
65. Corp., I. Technote 1479621. Available online: <http://www-01.ibm.com/support/docview.wss?uid=swg21475033> (accessed on
66. Garcia-Vallvé, S.; Pere Puigbo, P. *DendroUPGMA: A dendrogram construction utility*, Universitat Rovira i Virgili (URV): Tarragona, Spain, 2002.
67. Silva, A.P.d.; Imhoff, S.; Giarola, N.F.B.; Tormena, C.A. Análisis multivariado y univariado en la discriminación de sistemas de uso de suelos del centro de Santa Fe. *Edafología* **2001**, 8, 21-34.
68. Hair Jr, J.F. Anderson, RE/Tatham, RL/Black, WC (1998): *Multivariate data analysis. Upper Saddle River, NJ: Prentice Hall* **2005**.
69. Brown, M.T.; Wicker, L.R. Discriminant analysis. In *Handbook of applied multivariate statistics and mathematical modeling*, Elsevier: 2000; pp. 209-235.
70. Moore, M.K. Sex estimation and assessment. In *Research methods in human skeletal biology*, Elsevier: 2013; pp. 91-116.
71. Yakubu, A.; Salako, A.E. Path coefficient analysis of body weight and morphological traits of Nigerian indigenous chickens. *Egyptian Poultry Science* **2009**, 29, 837-850.
72. Vega Murillo, V.E.; Román Ponce, S.I.; Durán Aguilar, M.; Vélez Izquierdo, A.; Cabrera Torres, E.; Cantú Covarrubias, A.; Colín, C.; Maldonado Jaquez, J.A.; Martínez Velázquez, G.; Ríos Utrera, Á. Evaluación morfológica de gallinas de traspatio mexicanas (*Gallus gallus domesticus*). *Revista mexicana de ciencias pecuarias* **2018**, 9, 362-375.

73. Strillacci, M.G.; Vega-Murillo, V.E.; Román-Ponce, S.I.; López, F.J.R.; Cozzi, M.C.; Gorla, E.; Cerolini, S.; Bertolini, F.; Fontanesi, L.; Bagnato, A. Looking at genetic structure and selection signatures of the Mexican chicken population using single nucleotide polymorphism markers. *Poultry science* **2017**, *97*, 791-802.
74. Tadelle, D.; Alemu, Y.; Peters, K.J. Indigenous chickens in Ethiopia: genetic potential and attempts at improvement. *World's Poultry Science Journal* **2000**, *56*, 45-54, doi:10.1079/WPS20000005.
75. Semakula, J.; Lusembo, P.; Kugonza, D.R.; Mutetikka, D.; Ssenyonjo, J.; Mwesigwa, M. Estimation of live body weight using zoometrical measurements for improved marketing of indigenous chicken in the Lake Victoria basin of Uganda. **2011**.
76. Zaragoza, M.L.; Rodríguez, H.; Hernández, Z.; Perezgrovas, G.R.; Martínez, C.; Méndez, E. Characterization of hens Batsi Alak in the highlands of southeast Mexico. *Archivos de Zootecnia* **2013**, *62*, 321-332.
77. Olawunmi, O.O.; Salako, A.E.; Afuwape, A.A. Morphometric Differentiation and Assessment of Function of the Fulani and Yoruba Ecotype Indigenous Chickens of Nigeria. *International Journal of morphology* **2008**, *26*.
78. Yakubu, A.; Kuje, D.; Okpeku, M. Principal components as measures of size and shape in Nigerian indigenous chickens. *Thai Journal of Agricultural Science* **2009**, *42*, 167-176.
79. Francesch, A.; Villalba, I.; Cartaña, M. Methodology for morphological characterization of chicken and its application to compare Penedesenca and Empordanesa breeds. *Animal Genetic Resources/Ressources génétiques animales/Recursos genéticos animales* **2011**, *48*, 79-84, doi:10.1017/s2078633610000950.
80. Badubi, S.S.; Rakereng, M.; Marumo, M. Morphological characteristics and feed resources available for indigenous chickens in Botswana. *Livestock Research for Rural Development* **2006**, *18*, 205-211.
81. Moazami-Goudarzi, K., Vaiman, D., Mercier, D., Grohs, C., Furet, J. P., Leveziel, H., & Martin, P. Emploi de microsattellites pour l'analyse de la diversité génétique des races bovines françaises: premiers résultats. *Genetics Selection Evolution* , : 1994; Vol. 26 (1).
82. Ajayi, O.O.; Adeleke, M.A.; Sanni, M.T.; Yakubu, A.; Peters, S.O.; Imumorin, I.G.; Ozoje, M.O.; Ikeobi, C.O.N.; Adebambo, O.A. Application of principal component and discriminant analyses to morpho-structural indices of indigenous and exotic chickens raised under intensive management system. *Tropical Animal Health and Production* **2012**, *44*, 1247-1254, doi:10.1007/s11250-011-0065-1.
83. Ngeno, K.; van der Waaij, E.H.; Kahi, A.K.; van Arendonk, J.A.M. Morphological features of indigenous chicken ecotype populations of Kenya. *Animal Genetic Resources/Ressources génétiques animales/Recursos genéticos animales* **2014**, *55*, 115-124, doi:10.1017/s2078633614000356.
84. Banerjee, S. Morphological characterization of indigenous chickens of Sikkim and West Bengal, India. *Animal Genetic Resources/Ressources génétiques animales/Recursos genéticos animales* **2012**, *51*, 57-71, doi:10.1017/s2078633612000343.
85. Kabir, M.; Oni, O.O.; Akpa, G.N.; Adeyinka, I.A. Heritability estimates and the interrelationships of body weight and shank length in Rhode Island Red and White chickens. *Pakistan Journal of Biological Sciences* **2006**, *9*, 2892-2896.

86. Mani, R.I.; Abdullahi, A.R.; Von Kaufmann, R. Comparison of scale weights to tape estimates and their relationships with condition scores in Bunaji Cattle. *Nigerian Journal of Animal Production* **1991**, *18*, 78-81.
87. Nesamvuni, A.E.; Mulaudzi, J.; Ramanyimi, N.D.; Taylor, G.J. Estimation of body weight in Nguni-type cattle under communal management conditions. *South African Journal of Animal Science* **2000**, *30*, 97-98.
88. Bonifaz Nieto, L.E.; Yuquilema, P.; Carlos, J. Planificación estratégica y gestión pública por objetivos: caso de estudio Gobierno Autónomo descentralizado municipal del Cantón Penipe–Chimborazo–Ecuador. *Caribeña de Ciencias Sociales* **2018**.

CAPÍTULO 3

“SOCIOECONOMIC EFFECT ON MORPHOLOGICAL TRAITS OF ECUADOR AUTOCHTHONOUS HENS”

***Toalombo, P.A.; Camacho, C.A.; Buenaño, R.; Jiménez, S.; Navas-González, F.J.;
Landi, V. y Delgado, J.V.***

Arch. Zootec. 68 (263): 410-415. 2019.

RESUMEN

Se caracterizaron fanerópticamente 244 aves: 207 gallinas 84,84% y 37 gallos 15,16% en 25 localidades de 6 provincias del Ecuador, Región Sierra: Bolívar 31, Chimborazo 70, Tungurahua 35, Cotopaxi 32; Región Costa: Guayas 28; Región Amazónica: Morona Santiago 38. Mediante observación directa, los datos recogidos fueron tabulados en el programa estadístico SPSS versión Statistic 19, como estadísticos descriptivos se obtuvo frecuencias; además se realizó, la prueba Chi-cuadrado de Pearson y La V de Cramer ($P \leq 0,05$). La provincia de Bolívar parroquia Chimbo, obtuvo los mayores valores de la mediana para color de plumas, tipo de cresta, color de piel y presencia de plumas en el cuello 6,50; 1,00; 1,00; 1,00 respectivamente. La coloración del plumaje que se presentó fue marrón café 17,21%, seguido del jaspeado 16,80%, negro 14,34% y barrado 10,25%. La forma más frecuente de las crestas fue la sencilla con 76,74%, seguida de tipo nuez 8,20%. La piel de las aves presentó una coloración amarilla en la mayoría de los casos 52,46%. El mayor porcentaje de los animales presenta emplumado de tipo normal 94,26 % y 5,74 % cuello desnudo. Las aves estudiadas son poblaciones heterogéneas con gran variabilidad en cuanto a características fanerópticas, que permitiría la creación de líneas productivas que conserven su fenotipo y rusticidad, tomando en consideración la preferencia de los consumidores y productores que ejecuten bajo sistemas de producción tradicionales, culturales, sociales y económicamente sustentables en beneficio de las familias campesinas salvaguardando la soberanía alimentaria y los saberes ancestrales.

SUMMARY

A phaneroptically 244 birds were characterized: 207 chickens 84.84% and 37 chickens 15.16% in 25 localities of 6 provinces of Ecuador, Sierra Region: Bolívar 31, Chimborazo 70, Tungurahua 35, Cotopaxi 32; Coast Region: Guayas 28; Amazon Region: Morona Santiago 38. Through direct observation, the collected data were tabulated in the statistical program SPSS Statistic version 19, as descriptive statistics, frequencies were obtained; The Chi-square test of Pearson and La V de Cramer ($P \leq 0.05$) were also performed. The province of Bolívar, Chimbo parish, obtained the highest values of the median for feather color, ridge type, skin color and presence of feathers in the neck 6,50; 1.00; 1.00; 1.00 respectively. The coloration of the plumage presented was brown coffee 17.21%, followed by mottled 16.80%, black 14.34% and barred 10.25%. The most frequent form of the crests was the simple one with 76.74%, followed by walnut type 8.20%. The skin of the birds showed a yellow coloration in most cases 52.46%. The greater percentage of the animals presents feathered of normal type

94,26% and 5,74% bare neck. The birds studied are heterogeneous populations with great variability in terms of phaneroptic characteristics, which would allow the creation of production lines that preserve their phenotype and rusticity, taking into account the preference of consumers and producers who run under traditional, cultural, social production systems and economically sustainable for the benefit of peasant families, safeguarding food sovereignty and ancestral knowledge.

INTRODUCCIÓN

Los recursos genéticos animales para la alimentación y la agricultura a nivel mundial, son de suma importancia (FAO (2007)). Las aves de corral, como otros animales domésticos, desempeñan funciones importantes para la subsistencia de la sociedad humana, ya que aportan con el 80% de la producción de huevos y carne (Besbes 2009), siendo importante señalar que son la base económica y cultural del sector campesino (Zaragoza et al. 2013, Tadelle, Alemu & Peters 2000). El incremento de la avicultura intensiva sobre la avicultura de traspatio, ha causado preocupación referente a la conservación de Recursos Zoogenéticos y de manera directa sobre la soberanía alimentaria; por lo que su situación debido a la falta de caracterización cuantitativa y cualitativa sigue siendo delicada; así como también el seguimiento que se debe llevar a cabo a lo largo del tiempo, para verificar si las características morfológicas han variado en las diferentes regiones de Ecuador y fijarlos en los sistemas de producción del país. Al igual que de manera mundial, en Sudamérica también existe una tendencia preponderante sobre la explotación de estirpes comerciales altamente productivas, las cuales se especializan en la producción de carne y huevos. Esta situación amenaza de manera severa la extinción de las razas locales tradicionales (Moula et al. 2014), las cuales han sido la base para establecer las líneas comerciales, y con ello la pérdida de características de resistencia y adaptación al medio rural (Alemu & Tadelle 1997; Zaragoza et al. 2013). Según (FAO 2006) alrededor del 40% de las razas aviares no se encuentran inventariadas (Besbes, O & Zeevi 2009). Por lo que en la presente investigación se lleva a cabo la caracterización faneróptica de las gallinas de campo de Ecuador, tomando en consideración los diferentes sistemas agroecológicos en los que se producen, (Dana, N. et al.

2011), (Kingori, Wachira & Tuitoek 2010), (Cabarles et al. 2012) de tal manera que se evalúe la situación de los recursos locales que no se encuentran identificados y que pueden ser económicamente rentables.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se registraron las características fanerópticas de un total de 234 aves: 207 gallinas (84,84%) y 37 gallos (15,16%). De la Región Sierra: Bolívar (31), Chimborazo (70), Tungurahua (35), Cotopaxi (32); de la Región Costa: Guayas (28); y de la Región Amazónica: Morona Santiago (38). Estas Regiones representan las diferentes zonas agroecológicas de Ecuador, es importante mencionar que las 25 localidades consideradas fueron tomadas en cuenta según el último Censo agropecuario

2010. Las aves estudiadas pertenecían a 50 productores que se dedican a la actividad avícola de traspatio, es decir, para autoconsumo y venta local. Se consideró que no exista relación genética entre productores. Las características fanerópticas se obtuvieron mediante observación directa y se anotaron en un fichero estructurado que incluyó localización georreferenciada e información del productor. Las variables cualitativas registradas para cada gallina fueron: tipo de cresta, presencia o ausencia de plumas en el cuello, color de la piel, color y tipo de plumas en el cuerpo. Los datos se procesaron con el programa estadístico SPSS versión Statistic 19. Para determinar la dispersión de los datos se obtuvieron las frecuencias para cada variable; además se realizó la prueba Chi-cuadrado de Pearson y la V de Cramer que es una corrección aplicada al coeficiente Chi Cuadrado, lo cual permite obtener un índice con valor máximo igual a 1 (que indica la mayor asociación entre variables) o un valor mínimo de 0 (que indica NO asociación). Se consideró un valor de $P < 0,05$ para las diferencias significativas.

RESULTADOS

El color del plumaje, tipo de cresta, color de piel y esencia de plumas en el cuello presentan diferencias estadísticas significativas ($P < 0,05$) entre provincias y parroquias. Para el color del plumaje se observa una asociación lineal entre sí alta para las provincias y media para las parroquias Tabla I. En cuanto al tipo de cresta y color de piel presentan un grado de asociación lineal medio para las provincias y alto para las parroquias.

Para la variable presencia de plumas en el cuello el grado de asociación lineal entre las provincias y parroquias es medio Tabla I.

En Bolívar se obtuvo los mayores valores de la mediana para la parroquia Chimbo referente a color de plumas, tipo de cresta, color de piel y presencia de plumas en el cuello 6,50; 1,00; 1,00; 1,00 respectivamente; así también en Chimborazo la parroquia Pallatanga con 11,00; 1,00; 3,00; 1,00; en Bucay que pertenece a Guayas 7,00; 1,00; 2,00; 1,00; Tisaleo – Tungurahua 1,00; 1,00; 3,00; 1,00; Cotopaxi localidad Pujilí con

7,00; 1,00; 1,50; 1,00 y Morona Santiago – Sinaí con 10,00; 1,00; 2,00; 1,00 respectivamente, Tabla II. Las variables fanerópticas estudiadas no presentaon diferencias significativas entre macho y hembra, por lo que las frecuencias se describen de manera general para ambos sexos. El color de plumaje es muy variado (Tabla III). El marrón café es el más común

Tabla I. *Características fanerópticas en gallinas criollas del Ecuador* (Morphometric characteristics in Creole chickens of Ecuador)

	Variable	Chi-Square Tests Value	df	Asymptotic Significance (2-sided)	Cramer's V Value	Approximate Significance
Provincia	Color de plumas	322,357 ^a	90	0,000	0,514	0,000
	Tipo de cresta	95,021 ^a	15	0,000	0,360	0,000
	Color de piel	115,133 ^a	20	0,000	0,343	0,000
	Presencia de plumas en cuello	31,345 ^a	5	0,000	0,358	0,000
Parroquia	Color de plumas	853,536 ^a	432	0,000	0,441	0,000
	Tipo de cresta	185,549 ^a	72	0,000	0,503	0,000
	Color de piel	456,763 ^a	96	0,000	0,684	0,000
	Presencia de plumas en cuello	46,924 ^a	24	0,003	0,439	0,003

Tabla II. Valores de la mediada para las características fanerópticas en gallinas criollas del Ecuador (Morphometric characteristics in Creole chickens of Ecuador)

Provincia	Parroquia	Color de plumas	Tipo de cresta	Color de piel	Presencia de plumas en cuello	
Bolívar	Echeandía	4,00	2,00	1,00	1,00	
	San Pablo	5,50	1,00	1,00	1,00	
	Chimbo	6,50	1,00	1,00	1,00	
Chimborazo	Columbe	6,00	1,00	1,00	1,00	
	Nabuzo	6,00	1,00	1,00	1,00	
	Pallatanga	11,00	1,00	3,00	1,00	
	Licto	10,00	1,00	2,00	1,00	
	Chambo	6,00	1,00	3,00	1,00	
	Guano	7,00	1,00	4,00	1,00	
	Guayas	Bucay	7,00	1,00	2,00	1,00
	San Vicente	3,00	1,00	3,00	1,00	
	Tungurahua	Pelileo	6,50	1,00	1,00	1,00
	Tisaleo	11,00	1,00	3,00	1,00	
	Ambato	7,00	1,00	1,00	1,00	
	Baños	7,00	1,00	3,00	1,00	
	Santa Cecilia	7,00	1,00	1,00	1,00	
	Cotopaxi	Pujilí	7,00	1,00	1,50	1,00
	Poaló	6,00	1,00	1,00	1,00	
Morona Santiago	Salcedo	4,50	1,00	2,00	1,00	
	Saquisilí	7,00	1,00	3,00	1,00	
	Sevilla Don Bosco	8,00	1,00	3,00	1,00	
	Morona	3,00	1,00	3,00	1,00	
	Sinaí	10,00	1,00	2,00	1,00	
	Tres Marías	15,00	1,00	1,00	1,00	
	Sevilla de Oro	8,00	4,00	2,00	1,00	

Tabla III. *Color del plumaje de la gallina gallinas criollas del Ecuador* (Colour of the plumage in Creole chickens of Ecuador).

Pluma	Frecuencia
Amarilla	2.87
Amarillo, Negro, Verde	0.41
Negro	14.34
Café, Negro	6.56
Negro Amarillo	3.69
Marrón Café	17.21
Jaspeado	16.80
Barrado	10.25
Amarillo Café	0.41
Blanco	6.15
Marrón Negro	4.10
Negro Rojizo	4.51
Gris	1.23
Multicolor	0.82
Negro Verdoso	1.23
Pardo	4.10
Blanco Con Gris	1.23
Amarillo Con Gris	0.82
Negro Con Naranja	0.41
Blanco Con Negro	0.82
Anaranjado Negro	2.05
Total	100

(17,21%), seguido del jaspeado con (16,80%), negro con (14,34%) y por último barrado con (10,25%). Otros colores frecuentes que se presentan en menor cantidad son amarillo entero, colores combinados amarillo- negro- verde; café-negro, negro-amarillo, amarillo-café, blanco, marrón negro, negro rojizo, gris, multicolor, negro verdoso, pardo, blanco con gris, amarillo-gris, negro-naranja, blanco con negro, anaranjado negro. La forma más frecuente de las crestas fue la sencilla con (76,74%), seguida de la tipo nuez (8,20%). La piel de las aves presentó una coloración amarilla en la mayoría de los casos (52,46%), la presencia blanca y rosada también fueron registradas con (27,87%) y (13,11%) respectivamente y en menor frecuencia la blanca-amarilla (6,15%) y negra (0,41%). El mayor porcentaje de los animales presenta emplumado de tipo normal (94,26%), y (5,74 %) de cuello desnudo.

DISCUSIÓN

El color del plumaje de las gallinas criollas del Ecuador, presentan una alta variabilidad fenotípica que caracteriza a las aves locales (McAinsh et al. 2004), por la manifestación de diferentes tipos de tonalidades e innumerables combinaciones de colores que deriva de la presencia de genes multialélicos (Tadelle, D., Alemu& Peters 2000), (Jauregui et al. 2012), con

diferentes efectos e interacciones entre ellos (Periquet 1997), que las diferencian de las líneas comerciales y razas. En el presente estudio, el color marrón predomina de forma similar a lo observado con las aves de Bostwana (Badubi, Rakereng & Marumo 2006), seguido del color negro (14%) producto de la expresión del gen “E” y sus alelos con dominancias relativas (Smith 1990), lo que difiere a lo observado por (Zaragoza et al. 2013) en poblaciones de gallinas en México que presentaron 35% plumaje negro; 35,6% jaspeado; pero coincide con las aves de Ecuador en coloraciones como el barrado y blanco; además la variedad de coloraciones se deben a la presencia de las eumelaninas responsables del color negro y azul-grisáceo, y las feomelaninas del rojo, pardo y leonado que son producto de la expresión de diversos genes (Smith 1990), (Jauregui et al. 2012), los cuales son visibles en las aves analizadas, en frecuencias relativamente bajas de 6 a 0,42% (Crawford 1990). Es por ello que los productores prefieren gallinas de diferentes matices que pueden estar afines con una dilución entre los genes locales con los establecidos mediante razas comerciales (Juárez 1995), (Tadelle, Dessie & Ogle 1996), (TEKETEL 1986), (Dana, Nigussie et al. 2010), (Kingori, Wachira & Tuitoek 2010). Las gallinas de campo en el Ecuador han pasado a ser un acervo cultural, religioso y social que juegan un rol importante dentro de la economía de los productores de traspatio; la demanda insatisfecha que existe en el mercado nacional de carne y huevos (proteína de alto valor biológico) con características organolépticas diferentes, al que presentan las líneas comerciales producidas bajo sistemas intensivos; brindan la pauta para solventarla, mediante la producción animal a pequeña escala, con el uso de insumos ecológicos locales. Desde el punto de vista cultural, las mejores aves son comercializadas para la alimentación en diferentes celebraciones que se ofrecen en los sectores rurales; así como los huevos de campo, llamados huevos de “gallo y gallina”, son cotizados para el uso en medicina tradicional (saberes ancestrales) como para el consumo fuera y dentro de la ciudad. Por lo que la producción de aves de traspatio, es una alternativa factible para producir proteína asequible de origen animal, debido al tamaño que facilita el manejo de las aves, así como la adaptación al medio ambiente en el cual se explote, lo que da paso a una alta variabilidad genética y por ende faneróptica.

La actividad pecuaria de traspatio es ejecutada en un 90% por el matriarcado, es decir madres de familia, que a más de ejercer las gestiones del hogar “amas de casa”, generan ingresos económicos emergentes, ya que cada unidad es vendida a 0,25 centavos de dólar, mientras que un huevo de gallina comercial oscila entre 0,12 a 0,15 según la oferta y demanda; las dos actividades avícolas presentan excelentes rendimientos económicos, más aun las gallinas de traspatio, cuyo sistema de producción es sostenido con especies forrajeras y alimentos

alternativos y un manejo con bajo riesgo; por lo tanto desarrollan un papel fundamental en la seguridad y soberanía alimentaria del Ecuador.

Las entidades de gobierno y ONG's como parte del incentivo a la producción pecuaria, con el fin de evitar el abandono del campo, han fomentado aproximadamente hace más de 7 años, dicha actividad mediante la ejecución de programas Asociativos con productores zonales; quienes son acreedores a un número determinado de aves de líneas comerciales como la Lohmann Brown e Isa Brown (huevos), Campero INTA (Pío pío – finquero), etc; así como también razas introducidas como la Araucana y otras más, que son producidas bajo un sistema extensivo en cada hogar; todos éstos procesos se han realizado sustituyendo los genotipos avícolas locales.

El censo avícola del 2006 realizado por el MAGAP, AGROCALIDAD y CONAVE, identificó cerca de 1570 entre pequeños, medianos y grandes avicultores, sin considerar la avicultura familiar o de traspatio (El Agro 2013). Por otro lado se registraron 10 millones de gallinas en planteles avícolas durante el 2012, mientras que las criadas en campo registraron una existencia de 4,7 millones, (Censos 2012); lo que significa, que la información sobre la avicultura de traspatio es muy escasa, impidiendo de esta manera conocer las características y el manejo de estas aves en las distintas regiones del país (Enríquez Torres 2015).

La presencia de plumaje en el cuello que se encuentra en la mayoría de las aves muestreadas, está relacionada a la interacción genotipo x ambiente descrita por (Santoni et al. 2000), (Ali, Ahmed & Aly 2003), ya que las bajas temperaturas provocarían la presencia de plumas a nivel de cuello para conservar el calor.

Mientras que la ausencia de plumaje estaría asociado al gen Na, siendo el resultado de los procesos de adaptación a pisos climáticos bajos con temperatura ambiental y humedad relativa superior, la fisiología del animal debe adaptarse, por lo que las frecuencias genéticas variarían, según el medio ambiente en el que se encuentre, como medida a mantener la temperatura corporal (termorregulación) (Hill, Hill & McGraw 2006), (Protas & Patel 2008), (Horst & Mathur), tal como describe (Zaragoza et al. 2013) en las regiones altas de Chiapas de México.

En las gallinas de campo del Ecuador se observó la presencia de tipo de la cresta en su mayoría sencilla (rrpp) que coincide con los estudios realizados en la gallina de cuello desnudo en Guatemala y (Zaragoza et al. 2013) en México, así como también en las gallinas de Nigeria (Apuno, Mbap & Ibrahim 2011). La cresta es importante, por ser una vía para la pérdida de

calor en las aves (Van Kampen 1974) e >, (Ibe 1993), por lo que a mayor tamaño se garantiza un medio eficiente para la disipación del calor.

La manifestación de la piel amarilla en las aves de Ecuador se presentó en mayor frecuencia, lo que difiere con aves de Guatemala (Jauregui et al. 2012) y también con aves México (Zaragoza et al. 2013); desde el punto de vista genético el color amarillo de la piel viene determinado por el gen “piel amarilla” –w-. El homocigoto recesivo (ww) provoca piel amarilla, mientras que el homocigoto dominante (WW) da lugar a gallinas de piel blanca, con efectos sobre pico y tarsos (Jauregui et al. 2012). Como efecto medio ambiental la coloración de la piel puede ser producto de la alimentación suministrada (manejo), a base de pastos y forrajes principalmente de alfalfa (*Medicago sativa*) que contiene de 400-500 mg/kg de materia seca de xantofilas, con efecto colorante en los tejidos, piel, músculo y tarsos (RAGHAVAN 2002); también existen otros factores que pueden influir en el color de la piel como el grado de penetración de genes diferentes provenientes de aves que fueron introducidas (Ca, Aja & Segura 2000).

CONCLUSIONES

Las aves de Ecuador estudiadas son poblaciones heterogéneas con gran variabilidad en características fanerópticas. Los rasgos que predominan son: el plumaje color marrón, posiblemente por la influencia de líneas comerciales; el color negro puede estar asociado a las preferencias culturales tanto de los productores como de los consumidores; además las diferentes tonalidades presentadas, son características que sirven como medio de camuflaje contra los depredadores. Se manifiesta en su mayoría cresta simple, presencia de plumaje en todo el cuerpo (termorregulación) y piel amarilla, lo que favorece el consumo de carne, ya que los consumidores relacionan calidad con color amarillo. El precio de huevo de “gallo y gallina”, tiene un costo en el mercado que a pesar de ser mayor al de la gallina comercial, sigue siendo accesible y con excelente aceptación en el mercado, constituyendo una oportunidad para fomentar e incrementar la producción de traspatio y por ende favorece la conservación de los recursos genéticos, cuyos animales presentan cualidades de resistencia a condiciones ambientales, eficiencia productiva, que forman parte de la biodiversidad mundial, que hoy día se ve afectada.

BIBLIOGRAFÍA

Alemu, Y & Tadelle, D 1997, 'The status of poultry research and development in Ethiopia, research bulletin No. 4, poultry commodity research program Debrezeit Agricultural research center', *Alemaya University of agriculture, Ethiopia*, vol. 62.

Ali, BA, Ahmed, MMM & Aly, OM 2003, 'Relationship between genetic similarity and some productive traits in local chicken strains', *African Journal of Biotechnology*, vol. 2, no. 2, pp. 46-7.

Apuno, AA, Mbap, ST & Ibrahim, T 2011, 'Characterization of local chickens (*Gallus gallus domesticus*) in shelleng and song local government areas of Adamawa State, Nigeria', *Agriculture and Biology Journal of North America*, vol. 2, no. 1, pp. 6-14.

Badubi, SS, Rakereng, M & Marumo, M 2006, 'Morphological characteristics and feed resources available for indigenous chickens in Botswana', *Livestock Research for Rural Development*, vol. 18, no. 1, pp. 205-11.

Besbes, B 2009, 'Genotype evaluation and breeding of poultry for performance under sub-optimal village conditions', *World's Poultry Science Journal*, vol. 65, no. 2, pp. 260-71.

Besbes, O & Zeevi, A 2009, 'Dynamic pricing without knowing the demand function: Risk bounds and near-optimal algorithms', *Operations Research*, vol. 57, no. 6, pp. 1407-20.

Ca, J, Aja, M & Segura, CJC 2000, 'Rasgos de apariencia fenotipica en la avicultura rural de los municipios de la Ribera del Lago de Patzcuaro, Michoacan, Mexico', *Livestock Research for Rural Development*, vol. 12, p. 1.

Cabarles, JC, Lambio, AL, Vega, SA, Capitan, SS & Mendioro, MS 2012, 'Distinct morphological features of traditional chickens (*Gallus gallus domesticus* L.) in Western Visayas, Philippines', *Animal Genetic Resources/Resources génétiques animales/Recursos genéticos animales*, vol. 51, pp. 73-87.

Censos, INDEy 2012 'Encuesta de Superficie y Producción Agropecuaria Continua'.

Crawford, RD 1990, *Poultry breeding and genetics*.

Dana, N, Dessie, T, van der Waaij, LH & van Arendonk, JAM 2010, 'Morphological features of indigenous chicken populations of Ethiopia', *Animal Genetic Resources/Resources génétiques animales/Recursos genéticos animales*, vol. 46, pp. 11-23.

Dana, N, Megens, HJ, Crooijmans, RP, Hanotte, O, Mwacharo, J, Groenen, MA & van Arendonk, JA 2011, 'East Asian contributions to Dutch traditional and western commercial chickens inferred from mtDNA analysis', *Anim Genet*, vol. 42, no. 2, pp. 125-33.

El Agro, R 2013, 'Análisis de la avicultura ecuatoriana', *Revista ElAgro*.

Enríquez Torres, MR 2015, 'Evaluación de dos sistemas de alimentación de tres tipos de alimentos en aves de traspatio Caupichu III, Pichincha 2015'.

FAO 2006, ' A Strategic Approach for Conservation and Continued Use of Animal Genetic Resources', *Fourth Session of ITWG for Animal GRFA, FAO, Rome*.

—— (2007), 'Statistical database. Accessible online at
' , *FAOSTAT*, no. <http://faostat.fao.org>.

Hill, GE, Hill, GE & McGraw, KJ 2006, *Bird coloration: mechanisms and measurements*, vol. 1, Harvard University Press.

Horst, P & Mathur, PK 'Feathering and adaptation to tropical climates', in vol. 2, pp. 79-82.

Ibe, SN 1993, 'Growth performance of normal frizzle and naked-neck chickens in a tropical environment', *Nigerian Journal of Animal Production*, vol. 20, no. 1, pp. 25-31.

Jauregui, R, Flores, H, Sagastume, L, Vasquez, L, Oliva, M & Sandoval, R 2012, 'Caracterización de la Gallina del Cuello Desnudo (*Gallus domesticus nudicollis*), en la Región Chorti de Guatemala', *Universidad de San Carlos de Guatemala*.

Juárez, CA 1995, 'Producción de huevo, calidad de cascarón y balance de calcio en gallinas criollas de cuello desnudo (Na)', *Rev. Los Avicultores y su Entorno. México*, vol. 1, no. 1, pp. 20-2.

Kingori, AM, Wachira, AM & Tuitoek, JK 2010, 'Indigenous chicken production in Kenya: A review', *International Journal of Poultry Science*, vol. 9, no. 4, pp. 309-16.

McAinsh, CV, Kusina, J, Madsen, J & Nyoni, O 2004, 'Traditional chicken production in Zimbabwe', *World's Poultry Science Journal*, vol. 60, no. 2, pp. 233-46.

Moula, N, Philippe, F-X, Moussiaux, NA, Leroy, P & Michaux, C 2014, 'Estimation of inbreeding rates and extinction risk of forty one belgian chicken breeds in 2005 and 2010', *Archivos de Zootecnia*, vol. 63, no. 242, pp. 389-92.

Periquet, JC 1997, 'Races de poulets, de l'élevage, produits d'hygiène et de santé', *Edition Broché*.

Protas, ME & Patel, NH 2008, 'Evolution of coloration patterns', *Annual review of cell and developmental biology*, vol. 24, pp. 425-46.

RAGHAVAN, V 2002, ' Avicultura Profesional', vol. Volumen no. 20 págs. , pp. 14-6.

Santoni, S, Faivre-Rampant, P, Prado, E & Prat, D 2000, 'Ressources génétiques', *Cahiers Agricultures*, vol. 9, pp. 311-27.

Smith, AJ 1990, *Poultry-Tropical Agriculturist series*. CTA, Macmillan Publishers, London.

Tadelle, D, Alemu, Y & Peters, KJ 2000, 'Indigenous chickens in Ethiopia: genetic potential and attempts at improvement', *World's Poultry Science Journal*, vol. 56, no. 1, pp. 45-54.

Tadelle, D & Ogle, B 1996, 'Studies on scavenging poultry production system in Central Highlands of Ethiopia', *MS cThesis, presented Swedish University of Agricultural Sciences, Sweden*.

TEKETEL, F 1986, 'Studies on the meat production potential of some local strains of chickens in

Ethiopia', *Ph.D. Thesis, J.L. University of Giessen, 210 pp*.

Van Kampen, M 1974, 'Physical factors affecting energy expenditure', *Energy requirements of Poultry*, pp. 47-59.

Zaragoza, ML, Rodríguez, H, Hernández, Z, Perezgrovas, GR, Martínez, C & Méndez, E 2013, 'Characterization of hens Batsi Alak in the highlands of southeast Mexico', *Archivos de Zootecnia*, vol. 62, no. 239, pp. 321-32.

CAPÍTULO 4

“CHARACTERIZATION PRODUCTIVE AND ORGANOLEPTIC OF EGGS FROM FIELD HENS IN THE SIERRA REGION OF ECUADOR”

*Toalombo, P.A.; Navas-González, F.J; Andrade-Yucailla, V.C.; Trujillo, J.V.;
Martinez, J. y Delgado, J.V.*

Arch. Zootec. 68 (263): 406-409. 2019.

RESUMEN

En la Estación Experimental Tunshi de la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo, parroquia Licto, a 2712 msnm a una temperatura promedio de 14,92°C. Se evaluó el comportamiento productivo para huevos de gallinas de campo y se analizó las características organolépticas, en 94 aves de traspatios identificadas en la región sierra del Ecuador de las provincias: Pichincha, Bolívar, Loja, Cañar, Tungurahua, y Chimborazo, una vez adaptadas in situ, la investigación tuvo una duración de 120 días. Los datos recogidos fueron tabulados en el programa estadístico SPSS versión Statistic 19, se obtuvo estadísticos descriptivos. Los resultados para peso inicial promedio fue de 1508,78 g; peso final $1502,36 \pm 247,61$ g; ganancia de peso $175,26 \pm 137,20$ g; Los parámetros de calidad del huevo fueron: peso promedio $54,95 \pm 5,24$ g; masa del huevo de $48,15 \pm 4,68$ g; ancho del huevo de 42,25 mm; longitud del huevo de $55,40 \pm 2,60$ mm; peso de la cáscara de 6,80 g; grosor de la cáscara de $0,32 \pm 0,02$ mm. Para la medición organoléptica se realizó un análisis sensorial triangular, utilizando 6 combinaciones con 3 repeticiones, total 18 catadores, estos resultados fueron sometidos a Chi-cuadrado obteniendo diferencias significativas en sabor del huevo de campo con relación al comercial. Cabe indicar que la característica de rusticidad en las gallinas, representa un factor importante para la conservación de recursos genéticos, ya que han demostrado poseer una capacidad de adaptación al medio ambiente, que aseguran buenos rendimientos productivos y que resultan interesantes para la seguridad y soberanía alimentaria.

Summary

At the Tunshi Experimental Station of the Escuela Superior Politécnica de Chimborazo, Licto, at 2712 meters above sea level at an average temperature of 14.92 °C. The productive behavior for eggs of field hens was evaluated and the organoleptic characteristics were analyzed, in 94 birds of backyards identified in the mountain region of Ecuador of the provinces: Pichincha, Bolívar, Loja, Cañar, Tungurahua, and Chimborazo, once adapted In situ, the investigation lasted 120 days. The data collected were tabulated in the statistical program SPSS Statistic version 19, descriptive statistics were obtained. The results for average initial weight was 1508.78 g; final weight 1502.36 ± 247.61 g; weight gain 175.26 ± 137.20 g; The parameters of egg quality were: average weight 54.95 ± 5.24 g; egg mass of 48.15 ± 4.68 g; egg width 42.25 mm; egg length of 55.40 ± 2.60 mm; shell weight of 6.80 g; thickness of the shell of $0.32 \pm$

0.02mm. For the organoleptic measurement, a triangular sensory analysis was carried out, using 6 combinations with 3 repetitions, total 18 tasters, these results were subjected to Chi-square, obtaining significant differences in the flavor of the field egg in relation to the commercial one. It should be noted that the characteristic of hardness in chickens represents an important factor for the conservation of genetic resources, since they have shown to have a capacity to adapt to the environment, which ensure good productive yields and which are interesting for food security and sovereignty.

Introducción/Introduction

La avicultura rural es una actividad de importancia social, cultural y económica, por constituirse en una fuente de alimento para las familias campesinas que ayuda a complementar los requerimientos nutricionales, además es un importante recurso zoogenético del país (Alderson, 2018), (Andrade-Yucailla V. & Toalombo-Vargas P., 2018), (Villacís Rivas, Escudero Sánchez, Cueva Castillo, & Luzuriaga Neira, 2016); la cría de animales menores se convierte en la caja menor campesina (Rodríguez García, 2007), ya que aporta a los recursos familiares. Según, (FAO, 2015) la producción mundial de huevos en el año 1983 fue de 29,3 millones de toneladas, considerándose un logro para la década de los 80, sin embargo, hasta la actualidad esta producción ha superado en 44,5 millones de toneladas destacándose los países de América Central y Este de Asia como los mayores productores de dicho alimento, de la misma manera señala que el huevo tiene un alto valor nutritivo al aportar proteína, energía, vitaminas y minerales, siendo uno de los alimentos de origen animal completos; y por poseer dichas características nutritivas y al ser de bajo costo, éste alimento ha sido difundido en una multitud de civilizaciones y culturas. En base a (FAO, 2015), indica que entre los años 2000 a 2016 la producción mundial de huevos se ha incrementado en un 42%, a una tasa promedio anual de 2,2%, en 2016 alcanzó 1.360 billones de unidades de huevos, un 1,3% más que en 2015, que corresponde a la especie (*Gallus domesticus*) y de manera alternativa se consumen en menor cantidad huevos de otras especies como codornices, pavo, patos y gansos. (Primo-Yúfera, 1997), los huevos camperos son criados a campo abierto de manera libre, con restos de alimentos orgánicos-ecológicos, a partir de granos, pastos de la zona y demás recursos que se producen en una parcela, que se encuentran a disposición del lugar (Rodríguez García, 2007); además el sistema de producción implementado brinda un estado de bienestar animal, que influye de manera positiva en los procesos metabólicos y por ende en la producción. Sin embargo, este tipo de explotación siendo tradicional con un manejo técnico mínimo y sin los

adecuados planes de desparasitación, se ven reflejados en una baja producción y muerte de los animales, limitando su productividad (Luka & Ndams, 2007).

Ecuador al estar ubicado en la zona de la cual lleva su nombre (ecuatorial) y al mismo tiempo estar atravesado por la cordillera de los Andes, presenta diferentes zonas agroecológicas y diferentes pisos climáticos que lo hacen rico en biodiversidad, tanto de especies exóticas como domésticas; es así el caso de las gallinas de campo, de las cuales no existe un banco de información divulgada; aun cuando son la base genética de fácil adaptabilidad, rusticidad y que en la actualidad están en peligro de desaparecer (Moula et al., 2014), constituyen la base de la seguridad y soberanía alimentaria, por lo que se justifica la necesidad de investigar sobre el comportamiento productivo y caracterización organoléptica de huevos de gallinas de campo presentes en traspatios de la región sierra del Ecuador con miras a la creación de núcleos genéticos y bancos de germoplasma (Formoso-Rafferty et al., 2016).

Material y Métodos

La presente investigación fue realizada en la Estación Experimental Tunshi de la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo, ubicada en la parroquia Licto, a 1°44'54.1"S 78°37'32.6"W, 2712 msnm a una temperatura de 14,92 °c aproximadamente; para el levantamiento de información se identificó 94 aves de campo de las provincias de Pichincha, Bolívar, Loja, Cañar, Tungurahua y Chimborazo; una vez adaptadas *in situ*, la duración del experimento fue de 120 días. Las aves fueron manejadas bajo un sistema extensivo, alimentadas con pienso + residuos de cosecha + pastoreo y agua *ad libitum*. Las variables estudiadas fueron sometidas a un análisis estadístico descriptivo siendo: Peso del Huevo (PH), Masa del huevo (MH), Peso de la cascara (PC), Grosor de la cascara (GC), Ancho del huevo (AH) y Largo del huevo (LH), con una balanza y pie de rey digital. Para las variables organolépticas, se realizó un análisis sensorial triangular, utilizando 6 combinaciones con 3 repeticiones, total 18 catadores, los datos fueron sometidos a Chi-cuadrado; analizados con el programa estadístico SPSS versión Statistic 18.

Resultados

Los resultados obtenidos en el estudio sobre el comportamiento productivo de las gallinas criollas de la región Sierra de Ecuador en el peso inicial se presentaron los siguientes resultados por provincia: Bolívar un promedio de $1612,00 \pm 442,15$ g; Cañar $1357,5 \pm 374,36$ g; Chimborazo $1280,56 \pm 327,10$ g; Loja $1864,76 \pm 795,37$ g; Pichincha $1467,86 \pm 484,22$ g; Tungurahua $1470,00 \pm 327,62$ g.

Las ganancias de peso de las gallinas de campo son reportadas para verificar el comportamiento productivo de las aves, las que fueron tomadas en su madurez sexual, por tal motivo no se espera una notable ganancia de peso en sus respectivas provincias: Bolívar registra una de ganancia de $257 \pm 95,68$ g; en Cañar $289 \pm 142,14$; Chimborazo $76,67 \pm 92,91$ g; Loja $252,50 \pm 209,49$ g; Pichincha $205,40 \pm 118,33$ g; Tungurahua $118,00 \pm 96,98$ g; al finalizar la investigación en las gallinas de campo de la Región Sierra, se alcanzaron los siguientes pesos finales por provincia: Bolívar un promedio de $1625,36 \pm 498,40$ g; Cañar $1419,94 \pm 375,28$ g; Chimborazo $1170,88 \pm 277,77$ g; Loja $1909,90 \pm 824,33$ g; Pichincha $1474,42 \pm 442,39$ g; Tungurahua $1413,67 \pm 276,01$ g, con un promedio total de $1502,36 \pm 247,6$ g.

En lo que respecta a la producción de huevos el total de producción fue de 16,67%, equivalente a 2283 huevos, el número de huevos/gallina fue de $28,57 \pm 3,65$ conforme el periodo de estudio que duró la investigación, como se puede observar en Tabla I. Es importante mencionar el estrés por adaptación al ser trasladadas al lugar de investigación, influyó en la producción de huevos. Al analizar el porcentaje de producción, se obtuvo los siguientes resultados en % de huevos: Loja 22,50; Bolívar 21,40; Cañar 20,80; Pichincha 13,50; Tungurahua 11,80 y Chimborazo 10,00.

En lo referente al peso del huevo (g), se determinó un promedio de $54,95 \pm 5,24$ g Tabla II, resultados fundamentados en una alimentación de balanceado + residuos de cosecha + pastoreo. Para masa del huevo (g) de las gallinas criollas presentes en la Sierra ecuatoriana, se obtuvo un promedio de $48,15 \pm 4,68$ g. Al analizar la variable ancho del huevo de las gallinas criollas de la Sierra ecuatoriana, se obtuvo un promedio de $42,45 \pm 1,36$ g.

En la evaluación organoléptica, se determinó a través de encuestas, utilizando el método triangular para el sabor del huevo, comparando el sabor del huevo de gallina criolla con el huevo de gallina comercial, para el cual se realizaron 6 posibles combinaciones con 3

repeticiones, en total 18 catadores fueron sometidos a la degustación, obteniéndose los siguientes resultados: aciertos 8 y desaciertos 10. Al someter los resultados a la prueba de Chi cuadrado se obtuvieron diferencias significativas, entre el sabor del huevo de gallina de campo y el huevo de gallina comercial Tabla III. La Hipótesis se acepta: Chi cuadrado calculado es menor que Chi cuadrado tabular, por lo tanto, existe diferencia entre el sabor del huevo criollo y el huevo de gallina comercial.

Discusión

Los pesos iniciales son similares a los reportados por (Salas, Sánchez, Rodríguez, Aparicio, & Correa), pesos entre 1400 a 1600 g, esto se debe a que el ensayo se realizó en una zona análoga, entre 2000 y 3000 msnm; similares forma reporta (Vignon & Santiago, 1996), en un sistema de traspatio, en donde las gallinas criollas de los diferentes grupos evaluados tuvieron un peso promedio de 1300 g esto se debe al tipo de alimentación utilizado a base de maíz y además lo disponible en el piso como larvas de insectos, desperdicios de cocina, desechos de cosecha, entre otros y (Lázaro, Hernández, Vargas, Martínez, & Pérez, 2012), reporta un peso promedio de $1603,30 \pm 3,20$ g, este valor es mayor a lo reportado en la presente investigación, lo que indica una adaptación de las diferentes cruza de aves que manejan los productores en clima templado. Los resultados obtenidos difieren a los reportados por (Toscano, 2002), quien menciona que las gallinas criollas alimentadas con una dieta a base de maíz, tuvieron un peso vivo de 2044,00 g; y las alimentadas con trigo pesaron 2016,00 g, a las 35 semanas de edad evaluadas bajo un sistema semi-intensivo en su lugar de origen, claramente indica que las diferencias encontradas se deben a la adaptación, alimentación y sistema de producción aplicado, en esta investigación, que fue bajo un sistema extensivo, dieta a base de balanceado + residuos de cosecha + pastoreo a voluntad, durante el periodo de experimentación; las aves se encontraban en un ambiente libre y el gasto de energía fue elevado.

En cuanto a la producción de huevos estos valores son similares a los reportados por (Salas et al.), en la producción de 40 gallinas criollas donde obtuvo un total acumulado de 903 huevos durante 19 semanas que duró su investigación, lo que significa una producción de 22,5 huevos/ave (Rodríguez Buenfil, Allaway, Wassink, Segura Correa, & Rivera Ortega, 1996); valores inferiores a los obtenidos en la presente investigación y difiere con lo mencionado por (Rodríguez Buenfil et al., 1996) (Andrade-Yucailla V. & Toalombo-Vargas P., 2018) que reporta una producción entre 35 y 47 huevos por gallina en un periodo de 24 semanas, valores mayores a los obtenidos en esta investigación.

En cuanto al peso de los huevos este valor son similares a los reportados a los de (Andrade-Yucailla V. & Toalombo-Vargas P., 2018) y superior a los reportado en el peso promedio del huevo a la postura, 53,30 g, obtenido por (Vignon, 1997), en un trabajo con gallinas criollas bajo un sistema semi-intensivo; así mismo, un valor mayor a lo reportado por (Monterrubio, 2000), quién evaluó gallinas criollas bajo una dieta de maíz, el peso del huevo fue de 51,90 g; pero los resultados son inferiores a los obtenidos por (Martínez Correal, 2010), con dieta de maíz y trigo donde obtuvo pesos de huevo a la postura de 55,30 y 54,60 g respectivamente y (Toscano, 2002), obtuvo pesos de huevo a la postura con dieta de maíz y trigo de 59,10 y 55,10 g, correspondientemente.

Para masa de huevo los resultados obtenidos son superiores a los reportados en gallinas criollas criadas en traspatio en Michoacán – México (Juárez-Caratachea et al., 2010), donde registró una masa inferior del huevo con un promedio de 46,20 g. Al estudiar la variable peso de la cáscara en las gallinas criollas de la Sierra ecuatoriana, se obtuvo un promedio de $6,80 \pm 1,11$ g, siendo valores superiores a los reportados en gallinas criollas alimentadas a base de maíz (Juárez-Caratachea et al., 2010) reportando $4,5 \pm 0,3$ g, en el peso de la cáscara de las gallinas criollas esto se atribuye a la alimentación con balanceado, cubriendo el requerimiento de calcio y fósforo, principales componentes de la cáscara, para el grosor de la cáscara de las gallinas criollas de la Sierra ecuatoriana, se obtuvo un promedio de $0,32 \pm 0,02$ mm, superando estos resultados a los reportados por (Juárez-Caratachea et al., 2010), con $0,28 \pm 0,09$ mm, esta diferencia se debe a que el sistema de producción avícola de traspatio se basa en una dieta de grano (maíz), lo cual suele provocar limitaciones de calcio y fósforo, minerales estructurales de la cáscara que puede repercutir sobre el grosor de la misma, también menciona que el estado nutricional, la edad de la gallina, ritmo de postura, tamaño del huevo, estado de salud y manejo, son otros factores de influencia en el grosor de la cáscara, en otro estudio con huevos de color azul, a la vez (Juárez-Caratachea et al., 2010), reporta efectos para gallinas de emplume normal, un grosor de cáscara de $0,35 \pm 0,07$ g, mayor al reportado en la presente investigación, los principales factores que afectan a la calidad de la cáscara son; genética, edad de los animales, nutrición, factores de estrés y el sistema de producción.

La variable ancho del huevo en lo que, respecto a la variable largo del huevo en las gallinas criollas de la Sierra ecuatoriana, se obtuvo un promedio de $55,40 \pm 2,60$ mm siendo superior a los reportados por (Juárez-Caratachea et al., 2010) en los dos casos.

Conclusion

Las gallinas criollas captadas en las diferentes provincias de la región sierra de Ecuador presentaron diferentes pesos iniciales, aun cuando son de edades similares lo que ha influenciado en su ganancia de peso y su peso final, dado los diferentes medio ambientes donde se desarrollaron, lo que ha con llevado a obtener huevos de diferentes pesos y tamaños, así como también el estrés por adaptación que sufrieron al ser trasladadas al lugar de investigación; cabe indicar que la característica de rusticidad, es de interés, representando gran valor para la conservación de los recursos genéticos, las aves criollas han demostrado poseer una buena capacidad de adaptación al medio a lo largo del tiempo, que aseguran rendimientos productivos.

Tabla I. Porcentaje de producción de huevos de gallinas criollas presentes en la región sierra del Ecuador. (*Percentage of egg production of Creole hens present in the region Mountain range of Ecuador*)

Provincia	Nº gallinas	Nº de huevos	Producción (%)	Huevos/gallina
Pichincha	12	309	13,5	25,75
Bolivar	14	488	21,4	34,86
Loja	21	513	22,5	24,43
Cañar	17	476	20,8	28
Tungurahua	9	269	11,8	29,89
Chimborazo	8	228	10	28,5
TOTAL	81	2283	16,7	
DS: Desviación Estándar			Media	28,57
			DS	3,65

Tabla II. Parámetros de calidad de huevo de las gallinas criollas presentes en la región sierra del Ecuador. (*Parameters of egg quality of the Creole hens present in the region Mountain range of Ecuador.*)

Parámetros	Media	DS
Peso del huevo, (g)	54,95	5,24
Masa del huevo, (g)	48,15	4,68
Peso de la cáscara, (g)	6,80	1,11
Grosor de la cáscara, (mm)	0,32	0,02
Ancho del huevo, (mm)	42,45	1,36
Largo del huevo, (mm)	55,4	2,60
DS: Desviación Estándar.		

Tabla III. Análisis de la hipótesis con CHI CUADRADO. (*Analysis of the hypothesis with CHI SQUARE.*)

		CHI CUADRADO	
Chi cuad. Calculado	5,6	Ho	No existe diferencia
Chi cuad. Tabulado	11,07	Hi	Si exista diferencia
GL	5		
p=	0.05		

Bibliografía

Alderson, GLH 2018, 'Conservation of breeds and maintenance of biodiversity: justification and methodology for the conservation of Animal Genetic Resources', *Archivos de Zootecnia*, vol. 67, no. 258.

Andrade-Yucailla V., A-CC, Ramírez A., Viamonte M.I., Sánchez J., & Toalombo-Vargas P., Á-PGR, Vargas-Burgos J.C. 2018, 'Caracterización morfométrica y faneróptica de la gallina criolla (*Gallus domesticus*), en traspatios familiares del cantón Santa Clara, Pastaza', *AICA*, vol. 12, pp. 1-8.

FAO 2015, 'El huevo en cifras', [www.fawo.org](http://www.fao.org/assets/infographics/FAO-Infographic-egg-facts-es.pdf). Recuperado de <http://www.fao.org/assets/infographics/FAO-Infographic-egg-facts-es.pdf> 22/04/2015 Roma. Italia • García Roberto Trujillo, Juan Berrocal, Laura Moreno, Gisela Ferrón (2009). *Producción Ecológica de Gallinas Ponedoras*. ISBN: 978-84-8474- 262-3.

Formoso-Rafferty, N, García-García, RM, Rodríguez, M, Alonso, A, Masdeu, M, Millán, P, Arias-Álvarez, M, Lorenzo, PL & Rebollar, PG 2016, 'Caracterización de parámetros reproductivos y endocrinos en una población de conejas ibicencas', *Archivos de Zootecnia*, vol. 65, no. 252, pp. 525-34.

Juárez-Caratachea, A, Gutiérrez-Vázquez, E, Segura-Correa, J & Santos-Ricalde, R 2010, 'Calidad del huevo de gallinas criollas criadas en traspatio en Michoacán, México', *Tropical and subtropical agroecosystems*, vol. 12, no. 1, pp. 109-15.

Lázaro, GC, Hernández, ZJS, Vargas, LS, Martínez, LA & Pérez, AR 2012, 'Uso de caracteres morfométricos en la clasificación de gallinas locales', *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal*, vol. 2, no. 1, pp. 109-14.

Luka, SA & Ndams, IS 2007, 'Short communication report: Gastrointestinal parasites of domestic chicken *Gallus-gallus domesticus* linnaeus 1758 in Samaru, Zaria Nigeria', *Science World Journal*, vol. 2, no. 1.

Martínez Correal, G 2010, 'Plan nacional de acción para la conservación, mejoramiento y utilización sostenible de los recursos genéticos animales de Colombia: informe final/Recurso electrónico'.

Monterrubio, RAD 2000, 'Lombriz roja (*Eisenia* spp), alternativa sustentable en la alimentación de gallinas criollas'.

Moula, N, Philippe, F-X, Moussiaux, NA, Leroy, P & Michaux, C 2014, 'Estimation of inbreeding rates and extinction risk of forty one belgian chicken breeds in 2005 and 2010', *Archivos de Zootecnia*, vol. 63, no. 242, pp. 389-92.

Rodríguez Buenfil, JC, Allaway, CE, Wassink, GJ, Segura Correa, JC & Rivera Ortega, T 1996, 'Estudio de la avicultura de traspatio en el municipio de Dzununcán, Yucatán', *Vet. Méx*, vol. 27, no. 3, pp. 215-9.

Rodríguez García, R 2007, *Agricultura tropical con enfoque humano y visión sistémica*.

Salas, MPJ, Sánchez, MR, Rodríguez, JCC, Aparicio, YV & Correa, JS 'INDICADORES PRODUCTIVOS DE GALLINAS CRIOLLAS EN UN SISTEMA DE PRODUCCIÓN AVICOLA ALTERNATIVO EN OAXACA, MEXICO'.

Toscano, RL 2002, 'Efecto de tres dietas sobre los parámetros productivos y reproductivos en gallinas criollas'.

Vignon, CL 1997, 'Variables de selección en huevos criollos que influyen en incubabilidad, calidad y producción de pollo'.

Vignon, CL & Santiago, DH 1996, 'Características reproductivas de gallinas criollas en condiciones controladas y de traspatio en el Valle de Zaachila, Oax'.

Villacís Rivas, G, Escudero Sánchez, G, Cueva Castillo, F & Luzuriaga Neira, A 2016, 'Características morfométricas de las gallinas criollas de comunidades rurales del sur del Ecuador', *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, vol. 27, no. 2, pp. 218-24.

CONCLUSIONES

6. CONCLUSIONES

Primera. Los resultados revelaron la presencia de amplios rangos de variación dentro y entre las gallinas de Ecuador, lo que constituye una población heterogénea con una amplia variabilidad en los caracteres morfológicos, debido a diversos agroclimas, grupos étnicos y culturas, junto con una enorme migración tras desafíos naturales y / o creados por el hombre; esto sugiere una alta disponibilidad para ejecutar programas de fomento, conservación y mejoramiento genético, a través de la selección y el cruce de los recursos genéticos caracterizados, ya que al presentar características de resistencia y adaptación a las diferentes condiciones medio ambientales, se puede definir estrategias técnicas y científicas para aprovechar su potencial productivo, ya que al ser nativo de la zona se debe resaltar como valor ancestral intangible en el ámbito de soberanía alimentaria, debiendo insertarse como política productiva en el sector primario gubernamental, como ya se lo ha realizado con otras especies y razas introducidas (re población). Con el propósito de mejorar los medios de vida rurales y satisfacer la creciente demanda de productos avícolas.

Segunda. Al realizar la comparación entre sexos mediante las variables zoométricas se observaron diferencias importantes en machos y hembras para las variables: longitud de la cabeza, longitud de pico, longitud de cuello, longitud dorsal, longitud de muslo, longitud de pierna y longitud dedo medio falange.

Tercera. La circunferencia corporal promedio, el cuerpo y la longitud de los tarsos de los pollos locales en este estudio son comparables a estudios realizados en diferentes zonas agroecológicas. Pero se debe tomar en cuenta el hecho de que cuando los pollos se toman como un grupo, sus valores promedio tienden a enmascarar el efecto de cada región.

Cuarta. Los Análisis de la Varianza así como el Discriminante Canónico, basados tanto en las variables morfométricas, demuestran la existencia de alta diversidad interna en la población de gallinas criollas del Ecuador, demarcada por las 6 provincias que representan todas las Zonas agroecológicas del país, por lo que se observa una diferenciación de las aves que provienen de la Provincia de Morona Santiago; y a su vez de Cotopaxi y Tungurahua.

Quinta. Las variables circunferencia de pierna, longitud tarso metatarso y longitud dedo medio falange, son las medidas más importantes que proporcionarán mayor información, al igual que longitud de pico y longitud dorsal, ya que son las variables de mayor poder

discriminante en las mismas; las cuales podrán estar correlacionadas, de tal manera que se podrá verificar en campo, el potencial productivo de las aves ya sea para carne o para huevos.

Sexta. Se observó la menor distancia Euclidiana entre las provincias de Bolívar y Chimborazo; mientras que lo contrario ocurrió entre la Provincia de Cotopaxi y las demás. Por último las distancias de Tungurahua con Bolívar, Chimborazo, Cotopaxi son similares. Según el gráfico de los centroides, Morona Santiago se encuentra levemente alejada de las provincias de Guayas, Chimborazo, Bolívar.

Séptima. Las aves de Ecuador estudiadas son poblaciones heterogéneas con gran variabilidad en características fanerópticas. Los rasgos que predominan son: el plumaje color marrón, posiblemente por la influencia de líneas comerciales; el color negro puede estar asociado a las preferencias culturales tanto de los productores como de los consumidores; además las diferentes tonalidades presentadas, son características que sirven como medio de camuflaje contra los depredadores. Se manifiesta en su mayoría cresta simple, presencia de plumaje en todo el cuerpo (termorregulación) y piel amarilla, lo que favorece el consumo de carne, ya que los consumidores relacionan calidad con color amarillo.

Octava. El precio de huevo de “gallo y gallina”, tiene un costo en el mercado que a pesar de ser mayor al de la gallina comercial, sigue siendo accesible y con excelente aceptación en el mercado, constituyendo una oportunidad para fomentar e incrementar la producción de traspatio y por ende favorece la conservación de los recursos genéticos, cuyos animales presentan cualidades de resistencia a condiciones ambientales, eficiencia productiva, que forman parte de la biodiversidad mundial, que hoy día se ve afectada.

Novena. Las gallinas ecuatorianas criadas en los tres sistemas agroecológicos existentes en el país mostraron un patrón común de haplogrupos de ADN mitocondrial, lo que significa que estos animales muestran los mismos linajes maternos. Los patrones encontrados parecen tener el origen materno en las matrilineas asiáticas precolombinas o en las matrilineas ibéricas que llegaron de la Península Ibérica en la colonización. Nuestros hallazgos mitocondriales demuestran que los pollitos locales ecuatorianos actuales no muestran influencias maternas de líneas comerciales.

Décimo. Los parámetros genéticos obtenidos de nuestros hallazgos de microsatélites indican altos niveles de diversidad genética, no hay efectos evidentes de deriva genética o cuello de botella. Esta alta diversidad puede deberse a una heterogeneidad interna que permite cierto optimismo en términos de conservación.

Décimo primera. En cuanto al origen de las aves ecuatorianas, los hallazgos de microsátélites están de acuerdo con los del ADN mitocondrial, la alta proximidad a una antigua raza española como la Castellana Negra y a la raza Araucana bajo controversia por su posible origen en las ramas precolombinas asiáticas. Demuestra un doble origen ibérico / asiático de las gallinas ecuatorianas. Nuestra investigación ha encontrado cierta subestructura interna en la población ecuatoriana, pero la ausencia de cualquier programa de mejoramiento, registros y manejo zootécnico produce una alta atomización de las razas potenciales ecuatorianas. Son necesarias medidas urgentes para definir, conservar y gestionar la diversidad genética de las gallinas encontradas en Ecuador.

Décimo segunda.- Esta investigación es un primer paso para obtener la caracterización genética de las razas de aves ecuatorianas, pero también es un modelo a seguir para la conservación de recursos nativos latinoamericanos que debe ser generalizada.

RESUMEN

Ecuador posee una amplia biodiversidad en cuanto a especies zootécnicas, siendo las gallinas de campo una de las de mayor demanda en el país; pero en la actualidad existen pocos estudios sobre caracterización. El objetivo de la presente investigación fue caracterizar morfológica, productiva y genética de la Gallina Criolla del Ecuador con vistas a su definición, descripción, y puesta en valor; a través de 15 medidas zoométricas cuantitativas univariadas y con capacidad discriminante en la especie. Se trabajó una muestra de 207 gallinas (84,84%) y 37 gallos (15,16%); Región Sierra: Bolívar (31), Chimborazo (70), Tungurahua (35), Cotopaxi (32); Región Costa: Guayas (28); Región Amazónica: Morona Santiago (38). Los datos se procesaron con el programa estadístico SAS 9.4 Software. Se obtuvieron estadísticos descriptivos: media y desviación típica para toda la población, por provincia y por sexo, donde se realizó una ADEVA con separación de medias a través de la prueba de Duncan ($P \leq 0,05$). Durante el análisis univariado, se encontraron diferencias significativas para las medidas morfométricas con relación al sexo según las cuales, los machos alcanzaron unas mayores dimensiones corporales de manera general, sobre todo en lo referente a las variables longitud de la cabeza, longitud de pico, longitud de cuello, longitud dorsal, perímetro torácico, longitud de muslo, longitud de pierna, longitud dedo medio. Por el contrario, las variables longitud de cresta, longitud ventral, longitud ala proximal húmero, longitud ala media-radio-cúbito, longitud ala-distal-falanges, circunferencia de pierna, longitud de caña-tarso-metatarso no atestiguaron dicho dimorfismo sexual. En cuanto al análisis discriminante canónico por pasos, y al cálculo de las distancias de Mahalanobis a efectos de clasificar los animales en poblaciones según la provincia a la que pertenecen; se concluye que las variables cuantitativas morfométricas evaluadas, poseen elevados niveles de variabilidad fenotípica. Existe diversidad interna en la población de aves de campo por provincias que representan las Zonas agroecológicas, así como también se observa una diferenciación de las aves provenientes de la Provincia de Cotopaxi y Tungurahua, las cuales se encuentran separadas de las otras provincias; pero según el gráfico de los centroides, Morona Santiago se encuentra levemente apartada de las provincias de Guayas, Chimborazo y Bolívar. Es decir, las aves de las provincias de Cotopaxi y Tungurahua se diferencian en cuanto a sus caracteres morfométricos de las otras provincias. Las distancias de Mahalanobis y variables canónicas discriminantes son significativas entre las seis provincias muestreadas. Las aves de Ecuador destacan sus medidas de altura sobre la longitud, valores que son superiores a las gallinas livianas; por lo que se consideran gallinas de doble propósito, siendo favorables para ejecutar programas de selección, ya sea para producción de huevos o carne, de acuerdo a las medidas morfológicas obtenidas por provincia y por localidad.

En cuanto a las características fanerópticas, mediante observación directa, los datos recogidos fueron tabulados en el programa estadístico SPSS versión Statistic 19, como estadísticos descriptivos se obtuvo frecuencias; además se realizó, la prueba Chi-cuadrado de Pearson y La V de Cramer ($P \leq 0,05$). La provincia de Bolívar parroquia Chimbo, obtuvo los mayores valores de la mediana para color de plumas, tipo de cresta, color de piel y presencia de plumas en el cuello 6,50; 1,00; 1,00; 1,00 respectivamente. La coloración del plumaje que se presentó fue marrón café 17,21%, seguido del jaspeado 16,80%, negro 14,34% y barrado 10,25%. La forma más frecuente de las crestas fue la sencilla con 76,74%, seguida de tipo nuez 8,20%. La piel de las aves presentó una coloración amarilla en la mayoría de los casos 52,46%. El mayor porcentaje de los animales presenta emplumado de tipo normal 94,26 % y 5,74 % cuello desnudo. Las aves estudiadas son poblaciones heterogéneas con gran variabilidad en cuanto a características fanerópticas, que permitiría la creación de líneas productivas que conserven su fenotipo y rusticidad, tomando en consideración la preferencia de los consumidores y productores que ejecuten bajo sistemas de producción tradicionales, culturales, sociales y económicamente sustentables en beneficio de las familias campesinas salvaguardando la soberanía alimentaria y los saberes ancestrales.

Para el análisis genético, cuyo objetivo fue medir el nivel de diversidad genética y su posición filogenética en comparación con otras razas de grupos externos por medio de información de microsatélites y marcadores mitocondriales. Los resultados mostraron que estas poblaciones de aves representan un gran reservorio de variabilidad genética, pero la fragmentación genética debida también a la alta diversidad geográfica del país, podría comprometer el estado de conservación y, por lo tanto, se necesita la configuración de un programa oficial de cría para la conservación y valoración de Estas poblaciones de aves son esta caracterización genética un primer paso. Las aves latinoamericanas generalmente no se caracterizan, como es el caso de Ecuador, donde la falta de información científica está contribuyendo a su extinción. Por lo que se desarrolla una caracterización genética de los recursos avícolas ecuatorianos, ubicados en los tres agroecosistemas continentales del país (Pacífico costero, andino y amazónico). Por lo que se recogieron muestras de sangre de 234 animales no relacionados en seis provincias de Ecuador: Bolívar, Chimborazo, Cotopaxi, Guayas, Morona Santiago, Tungurahua, para realizar una caracterización genética y una evaluación de la estructura de la población utilizando el panel de microsatélites del proyecto AVIANDIV (30 loci) y D-loop. secuencias de ADN mitocondrial que también se comparan con datos de referencia de otras razas o líneas genéticas. Los resultados más importantes indican que los pollos criollos ecuatorianos son el resultado de

la mezcla de diferentes grupos genéticos ocurridos durante los últimos cinco siglos. Si bien se demuestra la influencia, en la época colonial, de las razas del sur de España, las relaciones genéticas con otras razas no pueden descartarse (Leghorn, Combatiente Español). La conformación geográfica del país y la variabilidad climática extrema, han influido en el aislamiento genético de grupos, que constituyen un estado genético homogéneo en toda la población; ésta es una fuente de variación genética, pero también un punto crítico porque la deriva genética produce una pérdida de variantes genéticas.

SUMMARY

Ecuador has a wide biodiversity in respect of zootechnical species, the creole chicken represents some of the largest demand in the country, but there are currently very few studies about their characterization. The aim of this research was the morphological, and genetic characterization of the creole chicken of Ecuador with a view to its definition, description, and valuation.

The **morphological characterization** was performed through the recording of 15 quantitative morphological univariate traits with discriminant capacity in the species. A sample of 207 hens (84.84%) and 37 roosters (15.16%) were recorded in six municipalities of the three continental regions of Ecuador; Sierra Region: Bolívar (31), Chimborazo (70), Tungurahua (35), Cotopaxi (32); Coast Region: Guayas (28); Amazon Region: Morona Santiago (38). Data were processed with the statistical software SAS 9.4. Descriptive statistics were obtained: mean and standard deviation for the entire population, by province and by sex, where an ADEVA was performed with separation of means through the Duncan test ($P \leq 0.05$). Univariate analysis showed significant differences for morphometric measurements in relation to sex according to which the males reached greater body dimensions in general, especially in relation to the variables head length, peak length, length of neck, dorsal length, thoracic perimeter, thigh length, leg length, middle finger length. On the contrary, the variables crest length, ventral length, humeral proximal wing length, mid-radius-ulnar wing length, wing-distal-phalange length, leg circumference, cane-tarsal-metatarsal length did not show such sexual dimorphism.

Regarding the canonical discriminant analysis results, the Mahalanobis distances were calculated in order to classify the individuals into populations according to the province to which they are assigned; it is concluded that the evaluated morphometric quantitative variables have high levels of phenotypic variability. There is internal diversity in the population of creole chicken by provinces that represent the agroecological zones, as well as a differentiation of the creole chicken coming from the Province of Cotopaxi and Tungurahua, which are separated from the other provinces; but according to the centroid chart, Morona Santiago is labelled apart from the provinces of Guayas, Chimborazo and Bolívar.

That is, the birds of the provinces of Cotopaxi and Tungurahua differ in their morphometric characters from the other provinces. Mahalanobis distances and discriminating canonical variables are significant between the six sampled provinces. Ecuadorian chicken highlight height measures over length, values that are higher than light hens; Therefore, they are considered dual-purpose hens, being favourable, after characterization, to execute selection programs, either for the production of eggs or meat.

Regarding the phenotypic characteristics, through direct observation, the data collected were tabulated in the statistical program SPSS Statistic version 19, obtaining descriptive statistics frequencies; In addition, the Chi-square test of Pearson and V de Cramer ($P \leq 0.05$) were performed. The province of Bolívar parish Chimbo, obtained the highest values of the median for feather colour, crest type, skin colour and presence of feathers in the neck 6.50; 1.00; 1.00; 1.00, respectively. The colour of the plumage that was presented was brown 17.21%, followed by marbled 16.80%, black 14.34% and barred 10.25%. The most frequent form of the ridges was the simple one with 76.74%, followed by a nutty type 8.20%. The skin of the birds presented a yellow coloration in most cases 52.46%. The largest percentage of animals has feathers of normal type 94.26% and 5.74% bare neck. The chicken studied are heterogeneous populations with great variability in terms of phenotypic characteristics, which would allow the creation of productive lines that retain their phenotype and rusticity, taking into consideration the preference of the consumers and producers whom are under traditional cultural, social and productive systems economically sustainable, for the farming families benefits and safeguarding of food sovereignty and ancestral knowledge.

For the **genetic analysis**, the aim was to measure the level of genetic diversity of the Ecuadorian Creole populations and its phylogenetic position in respect to other breeds belonging to external groups, by using information of microsatellites and mitochondrial DNA markers. According to the results, these Ecuadorian chicken populations represent a great reservoir of genetic diversity, but their genetic fragmentation also due to the high geographical diversity of the country could compromise their conservation status due to the absence of an official conservation program. The assessment of these chicken populations genetic characterization is a first stage of their breeding programs. Latin American chickens are generally not characterized, such is the case of Ecuador, where the lack of scientific information is contributing to the Creole breeds' extinction.

Blood samples were collected from 234 unrelated animals in the six provinces of Ecuador mentioned before (Bolívar, Chimborazo, Cotopaxi, Guayas, Morona Santiago, Tungurahua) to perform their genetic characterization and the definition of the population structure by using the panel of microsatellites of the AVIANDIV project (30 loci) and D-loop Mitochondrial DNA sequences. These information was compared with reference data from other races or genetic lines. The most important results indicate that Ecuadorian Creole chickens are the result of the mixing of different genetic groups that have occurred during the last five centuries. While the influence of colonial races in southern Spain is demonstrated, genetic relationships with

other races cannot be ruled out (Leghorn, Spanish Fighter). The geographical conformation of the country and the extreme climatic variability have influenced the genetic isolation of groups, which constitute a homogeneous genetic state in the entire population; This is a source of genetic variation, but also a critical point because genetic drift causes a loss of genetic variants.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Achilli, A., Bonfiglio, S., Olivieri, A., Malusà, A., Pala, M., Kashani, B. H., . . . Semino, O. (2009). The multifaceted origin of taurine cattle reflected by the mitochondrial genome. *PLoS One*, 4(6), e5753.
- Achilli, A., Olivieri, A., Pellecchia, M., Uboldi, C., Colli, L., Al-Zahery, N., . . . Perego, U. A. (2008). Mitochondrial genomes of extinct aurochs survive in domestic cattle. *Current Biology*, 18(4), R157-R158.
- Achilli, A., Olivieri, A., Soares, P., Lancioni, H., Kashani, B. H., Perego, U. A., . . . Capomaccio, S. (2012). Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(7), 2449-2454.
- Afifi, A., & Clark, V. (1996). Discriminant analysis *Computer-aided multivariate analysis* (pp. 243-280): Springer.
- Afifi, A. A., & Clark, V. (1996). Variable selection in regression analysis *Computer-Aided Multivariate Analysis* (pp. 166-196): Springer.
- Aguilar Gaibor, N. M. (2018). Auditoría de cumplimiento al Gobierno Autónomo Descentralizado Municipal del cantón San Miguel, provincia de Bolívar, período 2016.
- Ajayi, O. O., Adeleke, M. A., Sanni, M. T., Yakubu, A., Peters, S. O., Imumorin, I. G., . . . Adebambo, O. A. (2012). Application of principal component and discriminant analyses to morpho-structural indices of indigenous and exotic chickens raised under intensive management system. *Tropical Animal Health and Production*, 44(6), 1247-1254. doi: 10.1007/s11250-011-0065-1
- Al-Qamashoui, B., Al-Ansari, A., Simianer, H., Weigend, S., Mahgoub, O., Costa, V., . . . Beja-Pereira, A. (2014). From India to Africa across Arabia: An mtDNA assessment of the origins and dispersal of chicken around the Indian Ocean Rim. *Towards Conservation of Omani Local Chicken: Management, Performance and Genetic Diversity*, 43.
- Alderson, G. L. H. (2018). Conservation of breeds and maintenance of biodiversity: justification and methodology for the conservation of Animal Genetic Resources. *Archivos de Zootecnia*, 67(258).
- Alemu, Y., & Tadelle, D. (1997). The status of poultry research and development in Ethiopia, research bulletin No. 4, poultry commodity research program Debrezeit Agricultural research center. *Alemaya University of agriculture, Ethiopia*, 62.
- Alfranca, I. S. (2001). El concepto de raza: evolución y realidad. *Archivos de Zootecnia*, 50(192), 547-564.
- Alvarez, L., Francesch, A., Eding, H., & Weigend, S. (2008). Estudio de marcadores moleculares para la trazabilidad en la igp pollo de Prat. *CIMNE, Barcelona*.
- Amores Cárdenas, C. E. (2016). Determinación de la viabilidad financiera de la producción avícola mediante la utilización de plantales de crianza de pollo de engorde en la región oriental del Ecuador.
- Amos, B., Schlotterer, C., & Tautz, D. (1993). Social structure of pilot whales revealed by analytical DNA profiling. *Science*, 260(5108), 670. doi: 10.1126/science.8480176
- Anderson, T. W. (1962). An introduction to multivariate statistical analysis: Wiley New York.
- Andina, S. G. d. I. C. (2009). Desarrollo Territorial del cantón Penipe: previniendo las consecuencias de la activación del volcán Tungurahua-Ecuador. (Vol. Primera edición): Pull Creativo S.R.I. .
- Andrade-Yucailla S., J.-R. E., Bravo L., Ortiz-Nacaza P., Vargas-Burgos J.C. , Jácome-Santamaría A., Freire-Gómez C., Andrade-Yucailla V. (2019). Efecto de la aplicación del extracto de *Tithonia diversifolia* para parásitos gastrointestinales de gallinas criollas (*Gallus gallus domesticus*) en la amazonia ecuatoriana. . *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal AICA*, 13 10-15.

- Andrade-Yucailla, V., Isuiza, L., Ramírez, A., Viamonte, M. I., Sánchez, J., Andrade-Yucailla, S., . . . Vargas-Burgos, J. C. (2017). Phenotypical description of backyard hens (*Gallus domesticus*) of the original people Kichwa of Sarayaku in Ecuadorian Amazonia. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal*, 10, 263-269.
- Andrade-Yucailla V., A.-C. C., Ramírez A., Viamonte M.I., Sánchez J., & Toalombo-Vargas P., Á.-P. G. R., Vargas-Burgos J.C. . (2018). Caracterización morfométrica y faneróptica de la gallina criolla (*Gallus domesticus*), en traspatios familiares del cantón Santa Clara, Pastaza. *AICA*, 12, 1-8.
- Aranguren-Méndez, J. A., Román-Bravo, R., Isea, W., Villasmil, Y., & Jordana, J. (2005). Microsatellites (STR's), ADN Molecular Markers for Excellency for conservation programs: A review. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, 13(1), 30-42.
- Arcos-Burgos, M., & Muenke, M. (2002). Genetics of population isolates. *Clin Genet*, 61(4), 233-247.
- Arranz, J.-J., Bayón, Y., & Primitivo, F. S. (1998). Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellites. *Animal Genetics*, 29(6), 435-440.
- Ashley, M. V., & Dow, B. D. (1994). The use of microsatellite analysis in population biology: background, methods and potential applications. *Exs*, 69, 185-201.
- Avilés Esquivel, D. (2016). Caracterización genética del cuy doméstico de América del Sur mediante marcadores moleculares.
- Avise, J. C. (2012). *Molecular markers, natural history and evolution*: Springer Science & Business Media.
- Azor, P. J., Molina Alcalá, A., Barajas, F., Arranz, J. J., Miguélez, J. J., Valera Córdoba, M., & Rodero Franganillo, A. (2004). Estimación del nivel de diferenciación genética de la raza merina mediante ADN Microsatélite.
- Badubi, S. S., Rakereng, M., & Marumo, M. (2006). Morphological characteristics and feed resources available for indigenous chickens in Botswana. *Livestock Research for Rural Development*, 18(1), 205-211.
- Ball Jr, R. M., & Avise, J. C. (1992). Mitochondrial DNA phylogeographic differentiation among avian populations and the evolutionary significance of subspecies. *The Auk*, 109(3), 626-636.
- Ball, R. M., Freeman, S., James, F. C., Bermingham, E., & Avise, J. C. (1988). Phylogeographic population structure of red-winged blackbirds assessed by mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 85(5), 1558-1562.
- Bandelt, H.-J., Forster, P., & Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular biology and evolution*, 16(1), 37-48.
- Banerjee, S. (2012). Morphological characterization of indigenous chickens of Sikkim and West Bengal, India. *Animal Genetic Resources/Ressources génétiques animales/Recursos genéticos animales*, 51, 57-71. doi: 10.1017/s2078633612000343
- Bao, H., Zhao, C., Zhang, L., Li, J., & Wu, C. (2008). Single-nucleotide polymorphisms of mitochondrially coded subunit genes of cytochrome c oxidase in five chicken breeds: Full-Length Research Paper. *DNA Sequence*, 19(5), 461-464.
- Barcikowski, R. S., & Stevens, J. P. (1975). A Monte Carlo study of the stability of canonical correlations, canonical weights and canonical variate-variable correlations. *Multivariate behavioral research*, 10(3), 353-364.
- Barro, A. L. P. (2016). Caracterización genética del ovino de las Islas Baleares.
- Barroeta, A. (2009). Manual de avicultura; Breve manual de aproximación a la empresa avícola para estudiantes de veterinaria. UAB.

- Barros, C., Tatiana, A., & López Romo, M. B. (2012). Formulación de la propuesta del plan de Ordenamiento Territorial (POT) del Cantón Guano, Provincia de Chimborazo mediante el uso de herramientas SIG.
- Bastos-Silveira, C., Santos, S. M., Monarca, R., Mathias Mda, L., & Heckel, G. (2012). Deep mitochondrial introgression and hybridization among ecologically divergent vole species. *Mol Ecol*, *21*(21), 5309-5323. doi: 10.1111/mec.12018
- Beck, H. E., Zimmermann, N. E., McVicar, T. R., Vergopolan, N., Berg, A., & Wood, E. F. (2018). Present and future Köppen-Geiger climate classification maps at 1-km resolution. *Scientific Data*, *5*, 180214. doi: 10.1038/sdata.2018.214
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., & Bonhomme, F. (1996-2004). GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations.: Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France).
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., & Bonhomme, F. (2003). Genetix: 4.05 Logiciel sous WindowsTM pour la genetique des populations, In: U. d. Montpellier: Ed. Montpellier, France. .
- Bello, A. P., & Expósito, G. P. (2003). La avicultura de traspatio en zonas campesinas de la provincia de Villa Clara, Cuba. *Livestock Research for Rural Development*, *15*(2).
- Bencomo, B. G. (2016). Manejo eficiente de gallinas de patio: Instituto Nicaragense de Tecnología Agropecuaria, INTA, Managua (Nicaragua
- Berthouly-Salazar, C., Rognon, X., Van, T., Gely, M., Chi, C. V., Tixier-Boichard, M., . . . Michaux, J. R. (2010). Vietnamese chickens: a gate towards Asian genetic diversity. *BMC Genet*, *11*, 53. doi: 10.1186/1471-2156-11-53
- Berthouly-Salazar, C., Rognon, X., Van, T. N., Gély, M., Chi, C. V., Tixier-Boichard, M., . . . Maillard, J.-C. (2010). Vietnamese chickens: a gate towards Asian genetic diversity. *BMC Genetics*, *11*(1), 53.
- Besbes, B. (2009). Genotype evaluation and breeding of poultry for performance under sub-optimal village conditions. *World's Poultry Science Journal*, *65*(2), 260-271.
- Bhattacharya, B., Ghosh, T. K., Duttgupta, R., & Maitra, D. N. (1984). Estimation of body weight in Black Bengal goats from body measurements [India]. *Indian Veterinary Journal*.
- Bhuiyan, M. S. A., Chen, S., Faruque, S., Bhuiyan, A., & Beja-Pereira, A. (2013). Genetic diversity and maternal origin of Bangladeshi chicken. *Molecular biology reports*, *40*(6), 4123-4128.
- Bian, H. (2012). SPSS discriminant function analysis. Retrieved July, 13, 2017.
- Bianchi, M., Ceccobelli, S., Landi, V., Di Lorenzo, P., Lasagna, E., Ciocchetti, M., . . . Sarti, F. M. (2011). A microsatellites-based survey on the genetic structure of two Italian local chicken breeds. *Italian Journal of Animal Science*, *10*(3), e39. doi: 10.4081/ijas.2011.e39
- Bonfiglio, S., Achilli, A., Olivieri, A., Negrini, R., Colli, L., Liotta, L., . . . Ferretti, L. (2010). The enigmatic origin of bovine mtDNA haplogroup R: sporadic interbreeding or an independent event of *Bos primigenius* domestication in Italy? *PLoS One*, *5*(12), e15760.
- Bonifaz Nieto, L. E., Yuquilema, P., & Carlos, J. (2018). Planificación estratégica y gestión pública por objetivos: caso de estudio Gobierno Autónomo descentralizado municipal del Cantón Penipe–Chimborazo–Ecuador. *Caribeña de Ciencias Sociales*(julio).
- Bote, S., & Basu, S. B. (1984). Relationship between body measurements and meat production in Beetal goats. *Indian Veterinary Journal*.
- Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., & Davis, R. W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet*, *32*(3), 314-331.

- Bowcock, A. M., Ruiz-Linares, A., Tomfohrde, J., Minch, E., Kidd, J. R., & Cavalli-Sforza, L. L. (1994). High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. *Nature*, *368*(6470), 455-457. doi: 10.1038/368455a0
- Bowling, A. T. (2001). Historical development and application of molecular genetic tests for horse identification and parentage control. *Livestock Production Science*, *72*(1-2), 111-116.
- Bowling, A. T., & Clark, R. S. (1985). Blood group and protein polymorphism gene frequencies for seven breeds of horses in the United States. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics*, *16*(2), 93-108.
- Britten, R. J., & Kohne, D. E. (1968). Repeated sequences in DNA. Hundreds of thousands of copies of DNA sequences have been incorporated into the genomes of higher organisms. *Science*, *161*(3841), 529-540.
- Broughton, R. E., Milam, J. E., & Roe, B. A. (2001). The complete sequence of the zebrafish (*Danio rerio*) mitochondrial genome and evolutionary patterns in vertebrate mitochondrial DNA. *Genome research*, *11*(11), 1958-1967.
- Brown, M. T., & Wicker, L. R. (2000). Discriminant analysis *Handbook of applied multivariate statistics and mathematical modeling* (pp. 209-235): Elsevier.
- Bruford, M. W., Bradley, D. G., & Luikart, G. (2003). DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nat Rev Genet*, *4*(11), 900-910. doi: 10.1038/nrg1203
- Bryant, D., & Moulton, V. (2004). Neighbor-net: an agglomerative method for the construction of phylogenetic networks. *Molecular biology and evolution*, *21*(2), 255-265.
- Bucay, G. A. (2015). Plan de desarrollo y ordenamiento territorial del cantón General Antonio Elizalde. *Bucay: Pdf*.
- Burland, C. A. (1967). *La vida en los pueblos primitivos*: Salvat.
- Ca, J., Aja, M., & Segura, C. J. C. (2000). Rasgos de apariencia fenotípica en la avicultura rural de los municipios de la Ribera del Lago de Patzcuaro, Michoacan, Mexico. *Livestock Research for Rural Development*, *12*, 1.
- Cabarles, J. C., Lambio, A. L., Vega, S. A., Capitan, S. S., & Mendiolo, M. S. (2012). Distinct morphological features of traditional chickens (*Gallus gallus domesticus* L.) in Western Visayas, Philippines. *Animal Genetic Resources/Resources génétiques animales/Recursos genéticos animales*, *51*, 73-87.
- Calenge, C. (2006). The package “adehabitat” for the R software: a tool for the analysis of space and habitat use by animals. *Ecological modelling*, *197*(3-4), 516-519.
- Camacho-Escobar, M. A., Lira-Torres, I., Ramírez-Cancino, L., López-Pozos, R., & Arcos-García, J. L. (2006). La avicultura de traspatio en la costa de Oaxaca, México. *Ciencia y Mar*, *10*(28), 3-11.
- Cañizares, F. R. (2013). Perfil Territorial del Cantón Pallatanga.
- Cañón, J., Alexandrino, P., Bessa, I., Carleos, C., Carretero, Y., Dunner, S., . . . Laloë, D. (2001). Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genetics Selection Evolution*, *33*(3), 311.
- Capy, P. (1998). *Dynamics and evolution of transposable elements*: North American distributor Chapman & Hall.
- Carvalho, N., Canela, F. M., Leite, P. H. S., Ferreira, M. A., Oliveira, V. R., Santos, M. F., . . . Buso, G. S. C. (2017). Analysis of genetic variability of commercial melon cultivars using SSR molecular markers. *Genet Mol Res*, *16*(3). doi: 10.4238/gmr16039739
- Castelló, J. A., & Sole, V. (1986). Manual práctico de Avicultura. *Ed. Real Escuela Oficial y Superior de Avicultura, Arenys de Mar, Barcelona*.
- Castresana, J. (2000). Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. *Molecular Biology and Evolution*, *17*(4), 540-552. doi: DOI 10.1093/oxfordjournals.molbev.a026334

- Cavalli-Sforza, L. L., & Edwards, A. W. F. (1967). Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. *Evolution*, 21(3), 550-570.
- Ceccobelli, S. (2013). Genetic diversity of Mediterranean autochthonous chicken breeds. Genetic diversity of Mediterranean autochthonous chicken breeds.
- Ceccobelli, S., Di Lorenzo, P., Lancioni, H., Ibáñez, L. V. M., Tejedor, M. T., Castellini, C., . . . Pla, J. L. V. (2015). Genetic diversity and phylogeographic structure of sixteen Mediterranean chicken breeds assessed with microsatellites and mitochondrial DNA. *Livestock Science*, 175, 27-36.
- Ceccobelli, S., Lorenzo, P. D., Lancioni, H., Castellini, C., Ibáñez, L. V. M., Sabbioni, A., . . . Lasagna, E. (2013). Phylogeny, genetic relationships and population structure of five Italian local chicken breeds. *Italian Journal of Animal Science*, 12(3), e66.
- Cisneros, M. (2002). Aves de traspatio modernas en el Ecuador. *Avicultura familiar*. FAO, 62.
- Clark, A. G. (2001). Population Genetics. In S. Brenner & J. H. Miller (Eds.), *Encyclopedia of Genetics* (pp. 1513-1519). New York: Academic Press.
- Coello, P., Lobato, M., Riofrío, R., Guallpa, P., & Guevara, I. (2014). Plan de Desarrollo y Ordenamiento Territorial 2015-2019. *Recuperado de: <http://www.licto.gob.ec/index.php/gad-licto/plan-de-desarrollo/1-plan-dedesarrollo-y-ordenamiento-territorial/file>*.
- Cohen, B. H. (2008). *Explaining psychological statistics*: John Wiley & Sons.
- Colorado, G. J. (2013). Validación de la fórmula de Pyle para la identificación del complejo de Atrapamoscas de Traill (*Empidonax* sp., Tyrannidae) empleando análisis discriminante. *Ornitología Neotropical*, 24, 359-363.
- Collard, B. C., & Mackill, D. J. (2008). Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 363(1491), 557-572. doi: 10.1098/rstb.2007.2170
- Cornuet, J. M., Piry, S., Luikart, G., Estoup, A., & Solignac, M. (1999). New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. *Genetics*, 153(4), 1989-2000.
- Corp., I. (2019). Technote 1479621. from <http://www-01.ibm.com/support/docview.wss?uid=swg21475033>
- Corporación Nacional de Avicultores del Ecuador, C. (2006). Censo Avícola 2006. from <http://www.conave.org/report/rep01.php?codrep=1&nom=Estadis>
- Corporation, O. (Producer). (2019). Interpreting Results of Discriminant Analysis. Retrieved from <https://www.originlab.com/doc/Origin-Help/DiscAnalysis-Result>
- Correa, J. C. S., Salas, M. P. J., Franco, L. S., & Ricalde, R. S. (2007). Indicadores de producción de huevo de gallinas criollas en el trópico de México. *Archivos de Zootecnia*, 56(215), 309-317.
- Crandall, K. A., Bininda-Emonds, O. R. P., Mace, G. M., & Wayne, R. K. (2000). Considering evolutionary processes in conservation biology. *Trends in Ecology & Evolution*, 15(7), 290-295.
- Crawford, R. D. (1990). Poultry breeding and genetics.
- Crawford, R. D., & Christman, C. J. (1992). Heritage hatchery networks in poultry conservation. *Genetic Conservation of Domestic Livestock*, CAB International, Oxon, UK, 121-122.
- Crivisqui, E. (1993). Análisis factorial de correspondencias un instrumento de investigación en ciencias sociales. *Laboratorio de Informática Social Universidad Católica de Asunción, Asunción*.
- Crow, J. F., & Kimura, M. (1970). An introduction to population genetics theory. *An introduction to population genetics theory*.

- Cruz-Castillo, J., Ganeshanandam, S., MacKay, B., Lawes, G., Lawoko, C., & Woolley, D. (1994). Applications of canonical discriminant analysis in horticultural research. *HortScience*, 29(10), 1115-1119.
- Cruz-Castillo, J. G., Ganeshanandam, S., MacKay, B. R., Lawes, G. S., Lawoko, C. R. O., & Woolley, D. J. (1994). Applications of canonical discriminant analysis in horticultural research. *HortScience*, 29(10), 1115-1119.
- Cuadras, C. M. (1981). *Métodos de análisis multivariante*.
- Cuadras, C. M. (1996). *Métodos de Análisis Multivariante*. EUNIBAR, Barcelona, España.
- Cuadras, C. M., & Augé, J. (1981). A continuous general multivariate distribution and its properties. *Communications in Statistics-Theory and Methods*, 10(4), 339-353.
- Cumandá, G. A. D. (2011). Plan de Desarrollo y Ordenamiento Territorial del cantón Cumandá. *Cumandá. Ecuador*.
- Chakraborty, R., & Jin, L. (1993). A unified approach to study hypervariable polymorphisms: statistical considerations of determining relatedness and population distances *DNA fingerprinting: state of the science* (pp. 153-175): Springer.
- Chandel, N. S., & Schumacker, P. T. (2000). Cellular oxygen sensing by mitochondria: old questions, new insight. *Journal of applied physiology*, 88(5), 1880-1889.
- Chang, Y.-s., Huang, F.-l., & Lo, T.-b. (1994). The complete nucleotide sequence and gene organization of carp (*Cyprinus carpio*) mitochondrial genome. *Journal of molecular evolution*, 38(2), 138-155.
- Chávez, A. G. (2007). *100 Problemas Resueltos de Estadística Multivariante Implementados en Matlab*: Delta Publicaciones.
- Chen, G., Bao, W., Shu, J., Ji, C., Wang, M., Eding, H., . . . Weigend, S. (2008). Assessment of Population Structure and Genetic Diversity of 15 Chinese Indigenous Chicken Breeds Using Microsatellite Markers. *Asian-Australas J Anim Sci*, 21(3), 331-339. doi: 10.5713/ajas.2008.70125
- Cheng, H. H., Levin, I., Vallejo, R. L., Khatib, H., Dodgson, J. B., Crittenden, L. B., & Hillel, J. (1995). Development of a genetic map of the chicken with markers of high utility. *Poultry Science*, 74(11), 1855-1874.
- Cheng, Y., & Burt, D. W. (2018). Chicken genomics. *Int J Dev Biol*, 62(1-2-3), 265-271. doi: 10.1387/ijdb.170276yc
- Chimborazo, D. E. (2011). Plan de desarrollo y ordenamiento territorial. *Gobierno Autónomo Descentralizado de la Provincia de Chimborazo. Riobamba, Ecuador*.
- Dana, N., Megens, H. J., Crooijmans, R. P., Hanotte, O., Mwacharo, J., Groenen, M. A., & van Arendonk, J. A. (2011). East Asian contributions to Dutch traditional and western commercial chickens inferred from mtDNA analysis. *Anim Genet*, 42(2), 125-133. doi: 10.1111/j.1365-2052.2010.02134.x
- Dancause, K. N., Vilar, M. G., Steffy, R., & Lum, J. K. (2011). Characterizing genetic diversity of contemporary pacific chickens using mitochondrial DNA analyses. *PLoS One*, 6(2), e16843. doi: 10.1371/journal.pone.0016843
- Dawson, R. J. G., Gibbs, H. L., Hobson, K. A., & Yezerinac, S. M. (1997). Isolation of microsatellite DNA markers from a passerine bird, *Dendroica petechia* (the yellow warbler), and their use in population studies. *Heredity*, 79(5), 506.
- de Desarrollo, P., & Territorial, O. (2015). Gobierno Autónomo Descentralizado Municipio Cantón Echeandía.
- de Guayas, I. M. (2013). Plan de Desarrollo de la Provincia del Guayas. GAD Provincial del Guayas.
- de la Provincia, G. A. D. (2013). de Chimborazo.(2015). *Plan de desarrollo y ordenamiento territorial de Chimborazo*.

- De Meeus, T. (2018). Revisiting FIS, FST, Wahlund Effects, and Null Alleles. *J Hered*, 109(4), 446-456. doi: 10.1093/jhered/esx106
- de Tungurahua, G. P. (2012). Agenda Tungurahua desde la visión territorial. *Ambato, Ecuador*.
- del Cantón Salcedo, G. A. D. (2011). Plan de desarrollo y ordenamiento territorial Salcedo: Salcedo-Ecuador.
- Delehanty, D. J., ., & et al. (1995). Genetic and morphological methods for gender identification of mountain quail (pp. (785-789)): *The Journal of wildlife management*.
- Delgado Bermejo, J. V., Martínez Martínez, A., Camacho Vallejo, M. E., & Vega Pla, J. L. (2010). Capítulo 6: Conservación de Razas de especies Domésticas. *Genética de Animales Domésticos (Giovambattista, G., Peral-García, P.) Editorial Inte-Médica, Ciudad Autónoma de Buenos Aires-Argentina*, 105-121.
- Delgado, J. V., Martinez, A. M., Acosta, A., Alvarez, L. A., Armstrong, E., Camacho, E., . . . Ginja, C. (2012). Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers. *Anim Genet*, 43(1), 2-10. doi: 10.1111/j.1365-2052.2011.02207.x
- Desjardins, P., & Morais, R. (1990). Sequence and gene organization of the chicken mitochondrial genome: a novel gene order in higher vertebrates. *Journal of Molecular Biology*, 212(4), 599-634.
- Dessie, T., Dana, N., Ayalew, W., & Hanotte, O. (2012). Current state of knowledge on indigenous chicken genetic resources of the tropics: domestication, distribution and documentation of information on the genetic resources. *World's Poultry Science Journal*, 68(1), 11-20.
- DeYoung, R. W., & Honeycutt, R. L. (2005). THE MOLECULAR TOOLBOX: GENETIC TECHNIQUES IN WILDLIFE ECOLOGY AND MANAGEMENT. *The Journal of Wildlife Management*, 69(4), 1362-1384. doi: 10.2193/0022-541x(2005)69[1362:tmtgti]2.0.co;2
- Diamond, J. M. (2000). Taiwan's gift to the world. *Nature*, 403(6771), 709-710. doi: 10.1038/35001685
- Dietrich, W. F., Miller, J., Steen, R., Merchant, M. A., Damron-Boles, D., Husain, Z., . . . O'Connor, T. J. (1996). A comprehensive genetic map of the mouse genome. *Nature*, 380(6570), 149.
- Diez-Tascon, C., Littlejohn, R. P., Almeida, P. A., & Crawford, A. M. (2000). Genetic variation within the Merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. *Anim Genet*, 31(4), 243-251.
- Ding, F.-X., Zhang, G.-X., Wang, J.-Y., Li, Y., Zhang, L.-J., Wei, Y., . . . Hou, Q.-R. (2010). Genetic Diversity of a Chinese Native Chicken Breed, Bian Chicken, Based on Twenty-nine Microsatellite Markers. *Asian-Australas J Anim Sci*, 23(2), 154-161. doi: 10.5713/ajas.2010.90367
- Domínguez-Domínguez, O., & Vázquez-Domínguez, E. (2009). Filogeografía: aplicaciones en taxonomía y conservación. *Animal biodiversity and conservation*, 32(1), 59-70.
- Duncan, D. B. (1975). T tests and intervals for comparisons suggested by the data. *Biometrics*, 339-359.
- Dupanloup, I., Schneider, S., & Excoffier, L. (2002). A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations. *Molecular Ecology*, 11(12), 2571-2581.
- Duran Leon, M., & Perucho Garces, Y. (2014). Caracterización fenotípica de las gallinas criollas de la provincia de Ocaña en los municipios de Cachira, Villacaro, La Esperanza, El Carmen y Gonzales.
- Earl, D. A., & Vonholdt, B. M. (2012). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4(2), 359-361. doi: 10.1007/s12686-011-9548-7

- Eding, J. H., & Laval, G. (1999). Measuring genetic uniqueness in livestock. *Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources*, 33-58.
- Eisen, J. A. (1999). Mechanistic basis for microsatellite instability. *Microsatellites: Evolution and applications*, 34-48.
- Emara, M. G., Kim, H., Zhu, J., Lapierre, R. R., Lakshmanan, N., & Lillehojt, H. S. (2002a). Genetic diversity at the major histocompatibility complex (B) and microsatellite loci in three commercial broiler pure lines. *Poult Sci*, 81(11), 1609-1617. doi: 10.1093/ps/81.11.1609
- Emara, M. G., Kim, H., Zhu, J., Lapierre, R. R., Lakshmanan, N., & Lillehojt, H. S. (2002b). Genetic diversity at the major histocompatibility complex (B) and microsatellite loci in three commercial broiler pure lines. *Poultry Science*, 81(11), 1609-1617.
- Englert, S. (1948). *La Tierra de Hotu Matua*: Edit." San Francisco,".
- Englund, T., Stromstedt, L., & Johansson, A. M. (2014). Relatedness and diversity of nine Swedish local chicken breeds as indicated by the mtDNA D-loop. *Hereditas*, 151(6), 229-233. doi: 10.1111/hrd2.00064
- Escamila, L. (1958). Manual práctico de avicultura moderna: Continental.
- Estoup, A., Garnery, L., Solignac, M., & Cornuet, J. M. (1995). Microsatellite variation in honey bee (*Apis mellifera* L.) populations: hierarchical genetic structure and test of the infinite allele and stepwise mutation models. *Genetics*, 140(2), 679-695.
- Estrada Mora, A., Rodríguez Hernández, V., Zepeda, H., Cabrera, H., Edgaaseso, B., & Casiano Ventura, M. Á. (2007). Caracterización fenotípica, Manejo y usos del pavo doméstico (*Meleagris gallopavo*, gallopavo) en la comunidad indígena de Kapola en la sierra nororiental del Estado de Puebla, México: Colegio de Postgraduados, Campus Puebla, Programa en Estrategias para el
- Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14(8), 2611-2620. doi: 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x
- Excoffier, L., & Lischer, H. E. L. (2010). Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular ecology resources*, 10(3), 564-567.
- Excoffier, L., Smouse, P. E., & Quattro, J. M. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2), 479.
- Falconer, D. (1989). Introduction to quantitative genetics 3rd ed. *Harlow: Longman Scientific & Technical*.
- Falconer, D. S. (1960). *Introduction to quantitative genetics*: Oliver And Boyd; Edinburgh; London.
- Falush, D., Stephens, M., & Pritchard, J. K. (2003). Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 164(4), 1567-1587.
- FAO. (1993). An integrated global programme to establish the genetic relationships among the breeds of each domestic animal species. FAO. Rome. .
- FAO. (2000). Peligra la diversidad genética de los animales de granja. .
- FAO. (2003). Cría de aves de corral, un salvavidas para los campesinos pobres.
- FAO. (2006). A Strategic Approach for Conservation and Continued Use of Animal Genetic Resources. *Fourth Session of ITWG for Animal GRFA, FAO, Rome*.

- FAO. (2011). Under-utilized Andean food crops. Latin América and the Caribbean, Rome, Italy. .
- FAO. (2015). El huevo en cifras. www.fao.org. Recuperado de <http://www.fao.org/assets/infographics/FAO-Infographic-egg-facts-es.pdf> 22/04/2015 Roma. Italia • García Roberto Trujillo, Juan Berrocal, Laura Moreno, Gisela Ferrón (2009). *Producción Ecológica de Gallinas Ponedoras*. ISBN: 978-84-8474- 262-3.
- FAO. (2007). Statistical database. Accessible online at [FAOSTAT\(http://faostat.fao.org\)](http://faostat.fao.org).
- Farid, A., O'Reilly, E., Dollard, C., & Kelsey Jr, C. R. (2000). Genetic analysis of ten sheep breeds using microsatellite markers. *Canadian Journal of Animal Science*, 80(1), 9-17.
- Fathi, M., El-Zarei, M., Al-Homidan, I., & Abou-Emera, O. (2018). Genetic diversity of Saudi native chicken breeds segregating for naked neck and frizzle genes using microsatellite markers. *Asian-Australas J Anim Sci*, 31(12), 1871-1880. doi: 10.5713/ajas.18.0041
- Ferrando, A., Manunza, A., Jordana, J., Capote, J., Pons, A., Pais, J., . . . Amills, M. (2015). A mitochondrial analysis reveals distinct founder effect signatures in Canarian and Balearic goats. *Anim Genet*, 46(4), 452-456. doi: 10.1111/age.12302
- Ferreira, E., Souto, L., Soares, A., & Fonseca, C. (2006). Genetic structure of the wild boar (*Sus scrofa* L.) population in Portugal. *Wildlife Biology in Practice*, 2(1), 17-25.
- Finzi, A. (2000). Integrated backyard system. A contribution to the special programme for food security. *Boletín técnico de la FAO*. University of Tuscia, Viterbo, Italia. Página Web: www.fao.org.
- Fisher, R. A. (1936). The use of multiple measurements in taxonomic problems. *Annals of eugenics*, 7(2), 179-188.
- Fisher, W. D. (1958). On grouping for maximum homogeneity. *Journal of the American statistical Association*, 53(284), 789-798.
- Fleischer, R. (1996). Application of molecular methods to the assessment of genetic mating systems in vertebrates: Molecular zoology: advances, strategies and protocols.
- Fonseca, D. M. S., & Fonseca, J. A. (2011). Producción sostenible de pollo de engorde y gallina ponedora campesina: revisión bibliográfica y propuesta de un modelo para pequeños productores. *RIAA*, 2(1), 29-43.
- Formoso-Rafferty, N., García-García, R. M., Rodríguez, M., Alonso, A., Masdeu, M., Millán, P., . . . Rebollar, P. G. (2016). Caracterización de parámetros reproductivos y endocrinos en una población de conejas ibicencas. *Archivos de Zootecnia*, 65(252), 525-534.
- Francesch, A., & Cartaña, M. (2013). *Coeficientes de endogamia y diferenciación poblacional en cuatro variedades de gallina Penedesenca después de 25 años de reproducción en población cerrada*. Paper presented at the Congreso Científico de Avicultura, Lleida.
- Francesch, A., Villalba, I., & Cartaña, M. (2011). Methodology for morphological characterization of chicken and its application to compare Penedesenca and Empordanesa breeds. *Animal Genetic Resources/Ressources génétiques animales/Recursos genéticos animales*, 48, 79-84. doi: 10.1017/s2078633610000950
- François, O., Ancelet, S., & Guillot, G. (2006). Bayesian clustering using hidden Markov random fields in spatial population genetics. *Genetics*, 174(2), 805-816.
- Frankham, R., Briscoe, D. A., & Ballou, J. D. (2002). *Introduction to conservation genetics*: Cambridge university press.
- Fries, R., Eggen, A., & Stranzinger, G. (1990). The bovine genome contains polymorphic microsatellites. *Genomics*, 8(2), 403-406.
- Fumihito, A., Miyake, T., Sumi, S., Takada, M., Ohno, S., & Kondo, N. (1994). One subspecies of the red junglefowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matriarchic ancestor of all domestic breeds. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 91(26), 12505-12509.

- Galtier, N., Nabholz, B., Glémin, S., & Hurst, G. D. D. (2009). Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal. *Molecular Ecology*, 18(22), 4541-4550.
- García-Vallvé, S., & Pere Puigbo, P. (2002). DendroUPGMA: A dendrogram construction utility. Tarragona, Spain: Universitat Rovira i Virgili (URV).
- Gascuel, O. (1997). BIONJ: an improved version of the NJ algorithm based on a simple model of sequence data. *Molecular biology and evolution*, 14(7), 685-695.
- Gibbs, H. L., Brooke, M. L., & Davies, N. B. (1996). Analysis of genetic differentiation of host races of the common cuckoo *Cuculus canorus* using mitochondrial and microsatellite DNA variation. *Proc Biol Sci*, 263(1366), 89-96. doi: 10.1098/rspb.1996.0015
- Giovambattista, G., Lirón, J. P., It, V., Bravi, C., Prando, A., & Peral García, P. (2010). El aporte de la Genética a la elucidación de la historia de la domesticación y diferenciación de las especies domésticas. Capítulo 5. *Genética de animales domésticos*, 73-103.
- Gittins, R. (2012). *Canonical analysis: a review with applications in ecology* (Vol. 12): Springer Science & Business Media.
- Glaubitz, J. C. (2004). convert: A user-friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages. *Molecular Ecology Notes*, 4(2), 309-310. doi: 10.1111/j.1471-8286.2004.00597.x
- Glowatzki-Mullis, M. L., Muntwyler, J., Bäumle, E., & Gaillard, C. (2009). Genetic diversity of Swiss sheep breeds in the focus of conservation research. *Journal of animal breeding and genetics*, 126(2), 164-175.
- Goldstein, D. B. (1999). Microsatellites. : Evolution and application . .
- Goldstein, D. B., & Pollock, D. D. (1997). Launching microsatellites: a review of mutation processes and methods of phylogenetic inference. *Journal of Heredity*, 88(5), 335-342.
- Goldstein, D. B., Ruiz Linares, A., Cavalli-Sforza, L. L., & Feldman, M. W. (1995). An evaluation of genetic distances for use with microsatellite loci. *Genetics*, 139(1), 463-471.
- Gongora, J., Rawlence, N. J., Mobegi, V. A., Jianlin, H., Alcalde, J. A., Matus, J. T., . . . Cooper, A. (2008). Indo-European and Asian origins for Chilean and Pacific chickens revealed by mtDNA. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 105(30), 10308-10313. doi: 10.1073/pnas.0801991105
- Gorelenkov, V., Antipov, A., Lejnine, S., Daraselina, N., & Yuryev, A. (2001). Set of novel tools for PCR primer design. *Biotechniques*, 31(6), 1326-1330.
- Goudet, J. (2001). FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices v. 2.9.3: <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm> (September 5, 2009).
- Gower, J. C. (1989). Generalized canonical analysis. In: Multiway Data Analysis. (R. Coppi y Bolasco, eds.). . Elsevier Science Publisher, New York.. 221-232.
- Grant, W. S., García-Marin, J. L., & Utter, F. M. (1999). Defining population boundaries for fishery management (pp. 27-72): Fishing News Books, Oxford.
- Guèye, E. H. F. (1998). Village egg and fowl meat production in Africa. *World's Poultry Science Journal*, 54(1), 73-86.
- Guo, S. W., & Thompson, E. A. (1992). Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics*, 48(2), 361-372.
- Gutiérrez-Espeleta, G. A., Kalinowski, S. T., Boyce, W. M., & Hedrick, P. W. (2000). Genetic variation and population structure in desert bighorn sheep: implications for conservation. *Conservation Genetics*, 1(1), 3-15.
- H., C. (2009). Animal Genetic Resources. Beijing. : Science Press.
- Hahs-Vaughn, D. L. (2016). *Applied multivariate statistical concepts*: Routledge.
- Hair, J. F., Black, W. C., Babin, B. J., & Anderson, R. E. (2013). *Multivariate data analysis: Pearson new international edition*: Pearson Higher Ed.

- Hair Jr, J. F. (2005). Anderson, RE/Tatham, RL/Black, WC (1998): Multivariate data analysis. *Upper Saddle River, NJ: Prentice Hall.*
- Haldane, J. B. S. (1966). An autobiography in brief. *Perspectives in biology and medicine*, 9(4), 476-481.
- Hamada, H., Petrino, M. G., & Kakunaga, T. (1982). A novel repeated element with Z-DNA-forming potential is widely found in evolutionarily diverse eukaryotic genomes. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 79(21), 6465-6469. doi: 10.1073/pnas.79.21.6465
- Hardy, G. H. (1908). Mendelian proportions in a mixed population. *Classic papers in genetics. Prentice-Hall, Inc.: Englewood Cliffs, NJ*, 60-62.
- Harumi, T., Sano, A., Kagami, H., Tagami, T., Matsubara, Y., & Naito, M. (2004). Polymerase chain reaction detection of single nucleotide polymorphisms in the chicken mitochondrial D-loop region. *Animal Science Journal*, 75(6), 503-507.
- Haynes, C. (1990). Cría domestica de pollos. *Editorial Limunsa. México D.-F.*
- Hedrick, P. W. (1999). PERSPECTIVE: HIGHLY VARIABLE LOCI AND THEIR INTERPRETATION IN EVOLUTION AND CONSERVATION. *Evolution*, 53(2), 313-318. doi: 10.1111/j.1558-5646.1999.tb03767.x
- Herschhorn, A., & Hizi, A. (2010). Retroviral reverse transcriptases. *Cellular and molecular life sciences*, 67(16), 2717-2747.
- Hill, W. G., & Rasbash, J. (1986). Models of long term artificial selection in finite population. *Genetics Research*, 48(1), 41-50.
- Hoffmann, I. (2009). The global plan of action for animal genetic resources and the conservation of poultry genetic resources. *World's Poultry Science Journal*, 65(2), 286-297.
- Hoy, M. A. (2013). *Insect Molecular Genetics : An Introduction to Principles and Applications*. San Diego, UNITED STATES: Elsevier Science & Technology.
- Hubert de, R., Florence, F.-H., & Jacqueline Vu Tien, K. (2000). Measuring and managing genetic variability in small populations. *Ann. Zootech.*, 49(2), 77-93.
- Hubisz, M. J., Falush, D., Stephens, M., & Pritchard, J. K. (2009). Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Molecular ecology resources*, 9(5), 1322-1332.
- Huipe, I. M. S., Páramo, G. Z., Camacho, H. C., & Meza, J. E. L. (2002). Análisis de dos poblaciones de gallinas criollas (*Gallus domesticus*) utilizando RAPD' s como marcadores moleculares. *Revista mexicana de ciencias pecuarias*, 40(3).
- Hunt, T. L., & Lipo, C. P. (2006). Late colonization of Easter island. *Science*, 311(5767), 1603-1606.
- Huson, D. H., & Bryant, D. (2005). Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Molecular biology and evolution*, 23(2), 254-267.
- IBM®. (2011). IBM SPSS advanced statistics 20.
- Inc, S. I. (2013). SAS 9.4.: Author Cary, NC.
- Iniesta, R., Guinó, E., & Moreno, V. (2005). Análisis estadístico de polimorfismos genéticos en estudios epidemiológicos. *Gaceta Sanitaria*, 19(4), 333-341. doi: <https://doi.org/10.1157/13078029>
- Isabel, G. S. (2019). Gallina Raza Andaluza Azul.
- Ishida, N., Hasegawa, T., Takeda, K., Sakagami, M., Onishi, A., Inumaru, S., . . . Mukoyama, H. (1994). Polymorphic sequence in the D-loop region of equine mitochondrial DNA. *Animal Genetics*, 25(4), 215-221.
- Islam, M., & Nishibori, M. (2009). Indigenous naked neck chicken: a valuable genetic resource for Bangladesh. *World's Poultry Science Journal*, 65(1), 125-138.

- Izquierdo, A. C., Córdova-Jiménez, M. S., Córdova-Jiménez, C. A., & Liera, J. E. G. (2007). El bienestar animal en la reproducción y producción de cerdos-The animal welfare in the reproduction and production of pigs. *Redvet*.
- Jarne, P., & Lagoda, P. J. (1996). Microsatellites, from molecules to populations and back. *Trends Ecol Evol*, 11(10), 424-429.
- Jerez Salas, M. P., Herrera Haro, J., & Vásquez Dávila, M. A. (1994). *La gallina criolla en los valles centrales de Oaxaca*.
- Jobse, C., Buntjer, J. B., Haagsma, N., Breukelman, H. J., Beintema, J. J., & Lenstral, J. A. (1995). Evolution and recombination of bovine DNA repeats. *Journal of molecular evolution*, 41(3), 277-283.
- Johnson, D. H. (1980). The comparison of usage and availability measurements for evaluating resource preference. *Ecology*, 61(1), 65-71.
- Johnson, R. A., & Wichern, D. W. (1982). Applied multivariate statistical analysis Prentice Hall. Inc.: Englewood Cliffs, NJ.
- Juárez-Caratachea, A., Gutiérrez-Vázquez, E., Segura-Correa, J., & Santos-Ricalde, R. (2010). Calidad del huevo de gallinas criollas criadas en traspatio en Michoacán, México. *Tropical and subtropical agroecosystems*, 12(1), 109-115.
- Kabir, M., Oni, O. O., Akpa, G. N., & Adeyinka, I. A. (2006). Heritability estimates and the interrelationships of body weight and shank length in Rhode Island Red and White chickens. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 9(15), 2892-2896.
- Kainz, P. (2000). The PCR plateau phase - towards an understanding of its limitations. *Biochim Biophys Acta*, 1494(1-2), 23-27.
- Kalinowski, S. T. (2004). Counting alleles with rarefaction: private alleles and hierarchical sampling designs. *Conservation Genetics*, 5(4), 539-543.
- Kalinowski, S. T. (2005). hp-rare 1.0: a computer program for performing rarefaction on measures of allelic richness. *Molecular Ecology Notes*, 5(1), 187-189.
- Kanginakudru, S., Metta, M., Jakati, R. D., & Nagaraju, J. (2008). Genetic evidence from Indian red jungle fowl corroborates multiple domestication of modern day chicken. *BMC Evol Biol*, 8, 174. doi: 10.1186/1471-2148-8-174
- Karl, S. A., & Avise, J. C. (1992). Balancing selection at allozyme loci in oysters: implications from nuclear RFLPs. *Science*, 256(5053), 100-102.
- Katule, A. M., & Mgheni, M. (1990, 23-27, July, 1990). *Performance of crosses between exotic and local Tanzania chicken*. Paper presented at the 4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Edinburgh.
- Kaya, M., & Yildiz, M. A. (2008). Genetic diversity among Turkish native chickens, Denizli and Gerze, estimated by microsatellite markers. *Biochem Genet*, 46(7-8), 480-491. doi: 10.1007/s10528-008-9164-8
- Keats, B. J. B., & Sherman, S. L. (2013). Chapter 13 - Population Genetics. In D. Rimoin, R. Pyeritz & B. Korf (Eds.), *Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics* (pp. 1-12). Oxford: Academic Press.
- Keats, B. J. B., & Sherman, S. L. (2014). *Population Genetics Reference Module in Biomedical Sciences*: Elsevier.
- Kellogg Karen, A., Markert Jeffrey, A., Stauffer Jay, R., & Kocher Thomas, D. (1995). Microsatellite variation demonstrates multiple paternity in lekking cichlid fishes from Lake Malawi, Africa. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 260(1357), 79-84. doi: 10.1098/rspb.1995.0062
- Kennedy, P. (1992). Violating Assumption Five: Multicollinearity. *Guide to Econometrics*. Oxford, United Kingdom: Blackwell, 192-202.
- Kimura, M., & Crow, J. F. (1964). The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, 49(4), 725.

- Kingori, A. M., Wachira, A. M., & Tuitoek, J. K. (2010). Indigenous chicken production in Kenya: A review. *International Journal of Poultry Science*, 9(4), 309-316.
- Kirch, P. V. (2017). *On the road of the winds: an archaeological history of the Pacific Islands before European contact*: Univ of California Press.
- Klopper, T. H., & Huson, D. H. (2008). Drawing explicit phylogenetic networks and their integration into SplitsTree. *BMC evolutionary biology*, 8(1), 22.
- Komiyama, T., Ieko, K., & Gojobori, T. (2004). The evolutionary origin of long-crowing chicken: its evolutionary relationship with fighting cocks disclosed by the mtDNA sequence analysis. *Gene*, 333, 91-99. doi: 10.1016/j.gene.2004.02.035
- Kong, H. S., Oh, J. D., Lee, J. H., Jo, K. J., Sang, B. D., Choi, C. H., . . . Lee, H. K. (2006). Genetic Variation and Relationships of Korean Native Chickens and Foreign Breeds Using 15 Microsatellite Markers. *Asian-Australas J Anim Sci*, 19(11), 1546-1550. doi: 10.5713/ajas.2006.1546
- Kopelman, N. M., Mayzel, J., Jakobsson, M., Rosenberg, N. A., & Mayrose, I. (2015). Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular ecology resources*, 15(5), 1179-1191.
- Krzanowski, W. J. (1988). *Principles of Multivariate Analysis: A User's Perspective*. Oxford: Clarendon Press.
- Lacadena, J. R. (1981). Genética, cap. XIX: «Genética de la diferenciación y el desarrollo en eucariontes», Madrid, AGESA.
- Lan, D., Hu, Y., Zhu, Q., & Liu, Y. (2017). Mitochondrial DNA study in domestic chicken. *Mitochondrial DNA A DNA Mapp Seq Anal*, 28(1), 25-29. doi: 10.3109/19401736.2015.1106526
- Langella, P., & Le Loir, Y. (1999). Heterologous protein secretion in *Lactococcus lactis*: a novel antigen delivery system. *Brazilian journal of medical and biological research*, 32(2).
- Larson, G., & Fuller, D. Q. (2014). The evolution of animal domestication. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 45, 115-136.
- LATCHAM, R. E. (1922). Los animales domésticos de la América Precolombina. Publicaciones del Museo de Etnología y Antropología de Chile
- 177.
- Lázaro Galicia, C., Vargas López, S., Zepeda, H., Santoaseso, J., Haro, H., Guadalupaseso, J., & Ramírez Juárez, J. (2009). Análisis del sistema de producción de gallinas de transpatio en la Trinidad Tianguismanalco, Tecali, Puebla: Colegio de Postgraduados, Campus Puebla, Postgrado de Estrategias para el
- Lázaro, G. C., Hernández, Z. J. S., Vargas, L. S., Martínez, L. A., & Pérez, A. R. (2012). Uso de caracteres morfométricos en la clasificación de gallinas locales. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal*, 2(1), 109-114.
- Lebart, L., A. Morineau y M. Piron. . (1995). *Statistique exploratoire multidimensionnelle*. Dunod, París.
- Leberg, P. L. (1993). Strategies for Population Reintroduction: Effects of Genetic Variability on Population Growth and Size. *Conservation Biology*, 7(1), 194-199. doi: 10.1046/j.1523-1739.1993.07010194.x
- Levinson, G., & Gutman, G. A. (1987). Slipped-strand mispairing: a major mechanism for DNA sequence evolution. *Mol Biol Evol*, 4(3), 203-221. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040442
- Li, M. H., Sternbauer, K., Haahr, P. T., & Kantanen, J. (2005). Genetic components in contemporary Faroe Islands Cattle as revealed by microsatellite analysis. *Journal of animal breeding and genetics*, 122(5), 309-317.

- Li, Y. C., Lee, C., Sanoudou, D., Hseu, T. H., Li, S. Y., & Lin, C. C. (2000). Interstitial colocalization of two cervid satellite DNAs involved in the genesis of the Indian muntjac karyotype. *Chromosome Res*, 8(5), 363-373.
- Liao, Y., Mo, G., Sun, J., Wei, F., & Liao, D. J. (2016). Genetic diversity of Guangxi chicken breeds assessed with microsatellites and the mitochondrial DNA D-loop region. *Mol Biol Rep*, 43(5), 415-425. doi: 10.1007/s11033-016-3976-0
- Librado, P., & Rozas, J. (2009). DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25(11), 1451-1452.
- Litt, M., & Luty, J. A. (1989). A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *Am J Hum Genet*, 44(3), 397-401.
- Liu, Y. P., Wu, G. S., Yao, Y. G., Miao, Y. W., Luikart, G., Baig, M., . . . Zhang, Y. P. (2006). Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles. *Mol Phylogenet Evol*, 38(1), 12-19. doi: 10.1016/j.ympev.2005.09.014
- Loftus, R. T., MacHugh, D. E., Bradley, D. G., Sharp, P. M., & Cunningham, P. (1994). Evidence for two independent domestications of cattle. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 91(7), 2757-2761.
- Longmire, J. L., Maltbie, M., Robert, W. P., Smith, L. M., Witte, S. M., Ryder, O. A., . . . Baker, R. J. (1993). Gender Identification in Birds Using Microsatellite DNA Fingerprint Analysis. *The Auk*, 110(2), 378-381.
- Luikart, G., & England, P. R. (1999). Statistical analysis of microsatellite DNA data. *Trends Ecol Evol*, 14(7), 253-256.
- Luka, S. A., & Ndams, I. S. (2007). Short communication report: Gastrointestinal parasites of domestic chicken *Gallus-gallus domesticus linnaeus 1758* in Samaru, Zaria Nigeria. *Science World Journal*, 2(1).
- Luzuriaga-Neira, A., Villacis-Rivas, G., Cueva-Castillo, F., Escudero-Sanchez, G., Ulloa-Nunez, A., Rubilar-Quezada, M., . . . Beja-Pereira, A. (2017). On the origins and genetic diversity of South American chickens: one step closer. *Anim Genet*, 48(3), 353-357. doi: 10.1111/age.12537
- M.A.P.A. (2017). Catálogo de razas autóctonas españolas. Especies Avícolas. Dirección General de la Producción Agraria. Madrid.
- Macari M., G. E., Patricio I.S., Naas I.A., y P.C., M. (2015). Manejo de la Incubación FACTA, FAPESP. *The World Poultry Cience Association y AECA WPSA., Brasil*, 514.
- Machugh, D. E., Loftus, R. T., Bradley, D. G., Sharp, P. M., & Cunningham, P. (1994). Microsatellite DNA variation within and among European cattle breeds. *Proc Biol Sci*, 256(1345), 25-31. doi: 10.1098/rspb.1994.0044
- MacHugh, D. E., Shriver, M. D., Loftus, R. T., Cunningham, P., & Bradley, D. G. (1997). Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of taurine and zebu cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). *Genetics*, 146(3), 1071-1086.
- Madsen, T., Shine, R., Olsson, M., & Wittzell, H. (1999). Restoration of an inbred adder population. *Nature*, 402(6757), 34-35. doi: 10.1038/46941
- MAGAP. (2017). Ministerio de Agricultura y Pesca.
- Maguire, T. L., Peakall, R., & Saenger, P. (2002). Comparative analysis of genetic diversity in the mangrove species *Avicennia marina* (Forsk.) Vierh.(Avicenniaceae) detected by AFLPs and SSRs. *Theoretical and Applied Genetics*, 104(2-3), 388-398.
- Mahalanobis, P. C. (1936). *On the generalized distance in statistics*.
- Mani, R. I., Abdullahi, A. R., & Von Kaufmann, R. (1991). Comparison of scale weights to tape estimates and their relationships with condition scores in Bunaji Cattle. *Nigerian Journal of Animal Production*, 18(1), 78-81.

- Manzano Peñafiel, F. S., & Cruz Cuvi, R. (2012). Plan estratégico para sustentar una propuesta de desarrollo económico para la parroquia Columbe, cantón Colta, provincia de Chimborazo. Período 2011–2016.
- Marmi, J., Parés, P. M., & Jordana, J. (2007). Análisis genético de la raza ovina aranesa con marcadores microsatélite. *Archivos de Zootecnia*, 56(Su1).
- Marquardt, D. W. (1970). Generalized inverses, ridge regression, biased linear estimation, and nonlinear estimation. *Technometrics*, 12(3), 591-612.
- Martinez, A. M., Delgado, J. V., Rodero, A., & Vega-Pla, J. L. (2000). Genetic structure of the Iberian pig breed using microsatellites. *Anim Genet*, 31(5), 295-301.
- Martínez Correal, G. (2010). Plan nacional de acción para la conservación, mejoramiento y utilización sostenible de los recursos genéticos animales de Colombia: informe final/Recurso electrónico.
- Maudet, C., Luikart, G., & Taberlet, P. (2002). Genetic diversity and assignment tests among seven French cattle breeds based on microsatellite DNA analysis. *J Anim Sci*, 80(4), 942-950.
- McAinsh, C. V., Kusina, J., Madsen, J., & Nyoni, O. (2004). Traditional chicken production in Zimbabwe. *World's Poultry Science Journal*, 60(2), 233-246.
- McDonald, J. F. (1995). Transposable elements: possible catalysts of organismic evolution. *Trends Ecol Evol*, 10(3), 123-126.
- Medina, J. L., Orellana, Y. G., Pino, M. M., & Diaz, L. (2014). Análisis discriminante canónico con técnicas gráficas multivariadas aplicado a un diseño con dos factores. *Avances: Investigación en Ingeniería*, 11(2), 38-47.
- Medrano, J. A. (2000). Recursos animales locales del centro de México. *Archivos de Zootecnia*, 49(187), 385-390.
- Meirmans, P. G. (2012). AMOVA-Based Clustering of Population Genetic Data. *Journal of Heredity*, 103(5), 744-750. doi: 10.1093/jhered/ess047
- Miao, Y., Peng, M.-S., Wu, G.-S., Ouyang, Y., Yang, Z., Yu, N., . . . Mitra, B. (2013). Chicken domestication: an updated perspective based on mitochondrial genomes. *Heredity*, 110(3), 277.
- Miao, Y. W., Peng, M. S., Wu, G. S., Ouyang, Y. N., Yang, Z. Y., Yu, N., . . . Zhang, Y. P. (2013). Chicken domestication: an updated perspective based on mitochondrial genomes. *Heredity (Edinb)*, 110(3), 277-282. doi: 10.1038/hdy.2012.83
- Michalakis, Y., & Excoffier, L. (1996). A generic estimation of population subdivision using distances between alleles with special reference for microsatellite loci. *Genetics*, 142(3), 1061-1064.
- Moazami-Goudarzi, K., Vaiman, D., Mercier, D., Grohs, C., Furet, J. P., Leveziel, H., & Martin, P. (1994). Emploi de microsatellites pour l'analyse de la diversité génétique des races bovines françaises: premiers résultats (Vol. 26 (1.)): *Genetics Selection Evolution* , .
- Moazami-Goudarzi, K., Vaiman, D., Mercier, D., Grohs, C., Furet, J. P., Leveziel, H., & Martin, P. (1994). Emploi de microsatellites pour l'analyse de la diversité génétique des races bovines françaises: premiers résultats (Vol. 26 (1.)): *Genetics Selection Evolution* , .
- Molina, M. P. (2013). Comparación de dos sistemas de producción y de manejo sanitario de las aves criollas de traspatio en los municipios de Ignacio de la Llave y Teocelo, Veracruz. *Veracruz, México: Universidad Veracruzana*.
- Mollah, M. B. R., Islam, F. B., Islam, M. S., Ali, M. A., & Alam, M. S. (2009). Analysis of genetic diversity in Bangladeshi chicken using RAPD markers. *Biotechnology*, 8(4), 462-467.
- Monterrubio, R. A. D. (2000). Lombriz roja (*Eisenia* spp), alternativa sustentable en la alimentación de gallinas criollas.

- Montes, V., de la Ossa, J., & Hernández, H. (2019). Caracterización morfológica de la gallina criolla de traspatio de la subregión Sabana departamento de Sucre (Colombia). *Revista MVZ Córdoba*, 24(2).
- Moore, M. K. (2013). Sex estimation and assessment *Research methods in human skeletal biology* (pp. 91-116): Elsevier.
- Moreno, S., Bustos Lozano, G., Terán Najas, R., Landazuri Camacho, C., & Ayala Mora, E. (2008). Manual de Historia del Ecuador I, Épocas Aborígen y Colonial, Independencia. *Quito: Corporación Editora Nacional*.
- Morin, P. A., Luikart, G., Wayne, R. K., & the, S. N. P. w. g. (2004). SNPs in ecology, evolution and conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 19(4), 208-216. doi: <https://doi.org/10.1016/j.tree.2004.01.009>
- Moula, N., Philippe, F.-X., Moussiaux, N. A., Leroy, P., & Michaux, C. (2014). Estimation of inbreeding rates and extinction risk of forty one belgian chicken breeds in 2005 and 2010. *Archivos de Zootecnia*, 63(242), 389-392.
- Muchadeyi, F., Sibanda, S., Kusina, N., Kusina, J., & Makuza, S. (2004). The village chicken production system in Rushinga District of Zimbabwe. *Livestock Research for Rural Development*, 16(6), 2004.
- Muchadeyi, F. C., Eding, H., Simianer, H., Wollny, C. B., Groeneveld, E., & Weigend, S. (2008). Mitochondrial DNA D-loop sequences suggest a Southeast Asian and Indian origin of Zimbabwean village chickens. *Anim Genet*, 39(6), 615-622. doi: 10.1111/j.1365-2052.2008.01785.x
- Mukesh, Fernandes, M., Han, J., & Sathyakumar, S. (2013). Genetics driven interventions for ex situ conservation of red junglefowl (*Gallus gallus murghi*) populations in India. *Zoo Biol*, 32(5), 476-483. doi: 10.1002/zoo.21081
- Mukesh, Fernandes, M., Han, J. L., & Sathyakumar, S. (2013). Genetics Driven Interventions for Ex Situ Conservation of Red Junglefowl (*Gallus gallus murghi*) Populations in India. *Zoo Biology*, 32(5), 476-483. doi: 10.1002/zoo.21081
- Mullis, K. B. (1990). The unusual origin of the polymerase chain reaction. *Scientific American*, 262(4), 56-65.
- Murray, B. W. (1996). The estimation of genetic distance and population substructure from microsatellite allele frequency data. *McMaster University, Ontario, Canada*.
- Mwacharo, J. M., Bjørnstad, G., Mobegi, V., Nomura, K., Hanada, H., Amano, T., . . . Hanotte, O. (2011). Mitochondrial DNA reveals multiple introductions of domestic chicken in East Africa. *Molecular phylogenetics and evolution*, 58(2), 374-382.
- Mwalusanya, N., Katule, A., Mutayoba, S., Mtambo, M., Olsen, J., & Minga, U. (2002). Productivity of local chickens under village management conditions. *Tropical Animal Health and Production*, 34(5), 405-416.
- Nagamine, Y. y. M. H. (2001). Genetic distance and classification of domestics animals using genetic markers (pp. 118: 101-109): *Journal of Animal Breeding and Genetics*.
- Naranjo Enriquez, F. B. (2012). Plan estratégico de desarrollo local para el departamento de turismo del Gobierno Autónomo Descentralizado Municipal del cantón Saquisilí período 2012-2016.
- Navarro, A. G. (1988). Filogenia y clasificación de las aves. *Ciencias*(012).
- Nei, M. (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 70(12), 3321-3323.
- Nei, M. (1977). F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Annals of human genetics*, 41(2), 225-233.
- Nei, M. (1987). *Molecular evolutionary genetics*: Columbia university press.
- Nei, M., & Kumar, S. (2000). *Molecular evolution and phylogenetics*: Oxford university press.

- Nei, M., Tajima, F., & Tateno, Y. (1983). Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of molecular evolution*, 19(2), 153-170.
- Nesamvuni, A. E., Mulaudzi, J., Ramanyimi, N. D., & Taylor, G. J. (2000). Estimation of body weight in Nguni-type cattle under communal management conditions. *South African Journal of Animal Science*, 30(4), 97-98.
- Neter, J., Wasserman, W., & Kutner, M. H. (1989). Applied linear regression models.
- Ngeno, K., van der Waaij, E. H., Kahi, A. K., & van Arendonk, J. A. M. (2014). Morphological features of indigenous chicken ecotype populations of Kenya. *Animal Genetic Resources/Ressources génétiques animales/Recursos genéticos animales*, 55, 115-124. doi: 10.1017/s2078633614000356
- Nieves, J. (2005). Análisis estadístico multivariado de los presupuestos familiares de la región de los Andes 1988/89.
- Nishibori, M., Shimogiri, T., Hayashi, T., & Yasue, H. (2005a). Molecular evidence for hybridization of species in the genus Gallus except for Gallus varius. *Anim Genet*, 36(5), 367-375. doi: 10.1111/j.1365-2052.2005.01318.x
- Nishibori, M., Shimogiri, T., Hayashi, T., & Yasue, H. (2005b). Molecular evidence for hybridization of species in the genus Gallus except for Gallus varius. *Animal Genetics*, 36(5), 367-375.
- Nordberg, H., Bhatia, K., Wang, K., & Wang, Z. (2013). BioPig: a Hadoop-based analytic toolkit for large-scale sequence data. *Bioinformatics*, 29(23), 3014-3019.
- Novembre, J. (2016). Pritchard, Stephens, and Donnelly on Population Structure. *Genetics*, 204(2), 391-393. doi: 10.1534/genetics.116.195164
- Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Saavedra-Jiménez, L. A., & García-Muñiz, J. G. (2016). La adaptabilidad de los recursos zoogenéticos criollos, base para enfrentar los desafíos de la producción animal. *Archivos de Zootecnia*, 65(251), 461-468.
- Ojeda Sánchez, V. P. (2013). Plan de Desarrollo Turístico para el cantón Pelileo, provincia de Tungurahua.
- Oka, T., Ino, Y., Nomura, K., Kawashima, S., Kuwayama, T., Hanada, H., . . . Akishinomiya, F. (2007). Analysis of mtDNA sequences shows Japanese native chickens have multiple origins. *Anim Genet*, 38(3), 287-293. doi: 10.1111/j.1365-2052.2007.01604.x
- Olawunmi, O. O., Salako, A. E., & Afuwape, A. A. (2008). Morphometric Differentiation and Assessment of Function of the Fulani and Yoruba Ecotype Indigenous Chickens of Nigeria. *International Journal of morphology*, 26(4).
- Oluyemi, J. A., & Roberts, F. A. (1979). *Poultry Production in warm wet climates*: Macmillan Press Ltd.
- Ollivier, L., & Foulley, J.-L. (2005). Aggregate diversity: new approach combining within-and between-breed genetic diversity. *Livestock Production Science*, 95(3), 247-254.
- Orozco Piñan, F. (1991). Mejora genética avícola.
- Paetkau, D., Calvert, W., Stirling, I., & Strobeck, C. (1995). Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Mol Ecol*, 4(3), 347-354.
- Paetkau, D., & Strobeck, C. (1994). Microsatellite analysis of genetic variation in black bear populations. *Molecular Ecology*, 3(5), 489-495. doi: 10.1111/j.1365-294X.1994.tb00127.x
- Palacios, E. Y., Álvarez, L., & Muñoz, J. (2016). Genetic diversity of Creole hens of the Colombian southwest. *Archivos de Zootecnia*, 65(249), 73-78.
- Pan, Y., & Jackson, R. T. (2008). Ethnic difference in the relationship between acute inflammation and serum ferritin in US adult males. *Epidemiology & Infection*, 136(3), 421-431.
- Park, S. D. E. (2001). Trypanotolerance in West African cattle and the population genetic effects of selection. *Ph. D. thesis, University of Dublin*.

- Pdot, C. (2014). Actualización del Plan de Desarrollo y Ordenamiento Territorial del Cantón Chambo: Recuperado el.
- Peng, M.-S., Shi, N.-N., Yao, Y.-G., & Zhang, Y.-P. (2015). Caveats about interpretation of ancient chicken mtDNAs from northern China. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *112*(16), E1970-E1971.
- Perezgrovas-Garza, R. (2016). Acercamiento a la diversidad de animales domésticos localmente adaptados en las montañas de Chiapas. *QueHacer Científico en Chiapas*, *11*(1), 3-12.
- Petit, R. J., El Mousadik, A., & Pons, O. (1998). Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. *Conservation Biology*, *12*(4), 844-855.
- Pisenti, J. M., Delany, M. E., Taylor, R. L., Abbott, U. K., Abplanalp, H., Arthur, J. A., . . . Bradley, F. (1999). Avian genetic resources at risk: an assessment and proposal for conservation of genetic stocks in the USA and Canada. *Avian Poult. Biol. Rev*, *12*(1&2), 1-102.
- Pomboza-Tamaquiza, P., Guerrero-López, R., Guevara-Freire, D., & Rivera, V. (2018). Granjas avícolas y autosuficiencia de maíz y soya: caso Tungurahua-Ecuador. *Estudios sociales (Hermosillo, Son.)*, *28*(51), 0-0.
- Pons, A. L., Landi, V., Martínez, A., & Delgado, J. V. (2015). The biodiversity and genetic structure of Balearic sheep breeds. *J Anim Breed Genet*, *132*(3), 268-276. doi: 10.1111/jbg.12129
- Ponsuksill, S., Wimmers, K., Schmoll, F., Horst, P., & Schellander, K. (1999). Brief communication. Comparison of multilocus DNA fingerprints and microsatellites in an estimate of genetic distance in chicken. *Journal of Heredity*, *90*(6), 656-659.
- Possamai, M. H. P. (2011). Análise da Variabilidade Genética de Linhagens de Galinhas Caipiras Brasileiras.
- Prevosti, A., Ocana, J., & Alonso, G. (1975). Distances between populations of *Drosophila subobscura*, based on chromosome arrangement frequencies. *Theoretical and Applied Genetics*, *45*(6), 231-241.
- Primmer, C. R., Borge, T., Lindell, J., & Saetre, G. P. (2002). Single-nucleotide polymorphism characterization in species with limited available sequence information: high nucleotide diversity revealed in the avian genome. *Mol Ecol*, *11*(3), 603-612.
- Primmer, C. R., & Ellegren, H. (1998). Patterns of molecular evolution in avian microsatellites. *Molecular biology and evolution*, *15*(8), 997-1008.
- Primmer, C. R., Møller, A. P., & Ellegren, H. (1997). A wide-range survey of cross-species microsatellite amplification in birds. *Mol Ecol*, *6*(1), 101.
- Primmer, C. R., Møller, A. P., & Ellegren, H. (1996). A wide-range survey of cross-species microsatellite amplification in birds. *Molecular Ecology*, *5*(3), 365-378. doi: 10.1046/j.1365-294X.1996.00092.x
- Pritchard, J. K., & Rosenberg, N. A. (1999). Use of unlinked genetic markers to detect population stratification in association studies. *The American Journal of Human Genetics*, *65*(1), 220-228.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, *155*(2), 945-959.
- Programming, F. (Producer). (2005). Canonical correlation. Retrieved from <https://rabbitshin.tistory.com/112>
- provincia de Cotopaxi, G. A. D. (2015). Actualización del Plan de Desarrollo y Ordenamiento Territorial Cotopaxi 2025. *Recuperado el*, 16.
- Quiroz, J., Martínez, A., Landi, V., Zaragoza Martínez, L., Perezgrovas Garza, R., & Vega Pla, J. L. (2007). Relación genética de la raza ovina de Chiapas con algunas razas ovinas españolas. *Archivos de Zootecnia*, *56*(Su1).

- Radman, M., Matic, I., & Taddei, F. (1996). Novedades sobre el origen de las especies. *Mundo científico*(174), 1018-1025.
- Raji, A. O., Igwebuike, J. U., & Usman, M. T. (2009). Zoometrical body measurements and their relation with live weight in matured local Muscovy ducks in Borno State, Nigeria. *ARN J. Agric. Biol. Sci*, 4(3), 58-62.
- Ramos, C., & Guzmán, D. (2004). Aplicación del análisis factorial de correspondencias a mapas perceptuales de los pacientes infectados por enfermedades de transmisión sexual. *Trabajo Monográfico. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Facultad de Ciencias Matemáticas. EAP. de Estadística, Lima*.
- Rannala, B., & Mountain, J. L. (1997). Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 94(17), 9197-9201. doi: 10.1073/pnas.94.17.9197
- Rao, C. R. (1951). An asymptotic expansion of the distribution of Wilks' criterion. *Bulletin of the International Statistical Institute*, 33(2), 177-180.
- Raymond, M., & Rousset, F. (1995). An exact test for population differentiation. (Vol. 49 (6)): *Evolution*
- Revelo Cuaspud, H. A. (2015). Diversidad Genética de gallinas criollas del Suroccidente Colombiano mediante ADN mitocondrial.
- Revidatti, F., Rafart, J. F., Terraes, J. C., Fernandez, R. J., Sandoval, G. L., Asiain, M. V., & Sindik, M. M. (2005). Rendimiento reproductivo en cruzamientos entre razas tradicionales de aves productoras de huevo y carne. *InVet*, 7(1), 19-23.
- Revidatti, M. A. S. (2009). *Caracterización de cerdos criollos en el nordeste argentino* ((Doctoral dissertation, Universidad de Córdoba).).
- Reynolds, J., Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1983). Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105(3), 767-779.
- Rice, W. R. (1989). Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*, 43(1), 223-225.
- Rivera Meza, F. A. (2017). Prevalencia de huevos de parásitos gastrointestinales y sus factores de riesgo en gallinas criollas (*gallus gallus domesticus*), de traspatio, en el distrito de Rupa Rupa.
- Rodero Serrano, E., Rodero Franganillo, A., & Delgado-Bermejo, J. V. (1992). Primitive andalusian livestock and their implications in the discovery of America.
- Rodríguez Buenfil, J. C., Allaway, C. E., Wassink, G. J., Segura Correa, J. C., & Rivera Ortega, T. (1996). Estudio de la avicultura de traspatio en el municipio de Dzununcán, Yucatán. *Vet. Méx*, 27(3), 215-219.
- Rodríguez García, R. (2007). *Agricultura tropical con enfoque humano y visión sistémica*.
- Roger, J. S. (1972). Measure of genetic similarity and genetic distance. *Studies in genetics VII. University of Texas publication*, 7213, 145-153.
- Rogerson, P. A. (2001). *Data reduction: factor analysis and cluster analysis* (pp. 192-197): Sage: London.
- Romanov, M. N., Wezyk, S., Cywa-Benko, K., & Sakhatsky, N. I. (1996). Poultry genetic resources in the countries of Eastern Europe—history and current state. *Poultry and Avian Biology Reviews*, 7(1), 1-29.
- Romero-López, A. A., Negrete-Yankelevich, S., De la Rosa, I., & Geissert, D. (2012). Presencia de “gallinas ciegas” (Coleoptera: Scarabaeoidea: Melolonthidae) en el bosque mesófilo y su distribución espacial en un pastizal. *Southwestern Entomologist*, 37(3), 419-423.
- Rosenberg, N. A., Pritchard, J. K., Weber, J. L., Cann, H. M., Kidd, K. K., Zhivotovsky, L. A., & Feldman, M. W. (2002). Genetic structure of human populations. *Science*, 298(5602), 2381-2385. doi: 10.1126/science.1078311

- Roy, M. S., Girman, D. J., Taylor, A. C., & Wayne, R. K. (1994). The use of museum specimens to reconstruct the genetic variability and relationships of extinct populations. *Experientia*, 50(6), 551-557.
- Rúales, F. M. C. R. F., Molina L.; Latorre A. . (2009). Caracterización Morfológica y Zoométrica de Gallinas criollas en el Municipio de Florencia Caquetá *Memorias. X Simposio Iberoamericano sobre conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos. Universidad nacional de Colombia sede Palmira. Noviembre 2009.*
- Saitbekova, N., Gaillard, C., Obexer-Ruff, G., & Dolf, G. (1999). Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis. *Animal Genetics*, 30(1), 36-41.
- Saitou, N., & Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular biology and evolution*, 4(4), 406-425.
- Salamini, F., Heun, M., Brandolini, A., Özkan, H., & Wunder, J. (2004). Comment on "AFLP data and the origins of domesticated crops". *Genome*, 47(3), 615-620. doi: 10.1139/g04-013
- Salas, M. P. J., Sánchez, M. R., Rodríguez, J. C. C., Aparicio, Y. V., & Correa, J. S. INDICADORES PRODUCTIVOS DE GALLINAS CRIOLLAS EN UN SISTEMA DE PRODUCCIÓN AVICOLA ALTERNATIVO EN OAXACA, MEXICO.
- Sánchez, A., & López, L. (2003). Clasificación y ordenación de la vegetación del norte de la Sierra Nevada, a lo largo de un gradiente altitudinal. *Anales del Instituto de Biología. Serie Botánica*, 74(1), 47-71.
- Schlotterer, C., & Pemberton, J. (1994). The use of microsatellites for genetic analysis of natural populations. *Exs*, 69, 203-214.
- Schlotterer, C., & Tautz, D. (1992). Slippage synthesis of simple sequence DNA. *Nucleic Acids Res*, 20(2), 211-215. doi: 10.1093/nar/20.2.211
- Schroeder, K. B., Schurr, T. G., Long, J. C., Rosenberg, N. A., Crawford, M. H., Tarskaia, L. A., . . . Smith, D. G. (2007). A private allele ubiquitous in the Americas. *Biology Letters*, 3(2), 218-223. doi: 10.1098/rsbl.2006.0609
- Semakula, J., Lusembo, P., Kugonza, D. R., Mutetikka, D., Ssenyonjo, J., & Mwesigwa, M. (2011). Estimation of live body weight using zoometrical measurements for improved marketing of indigenous chicken in the Lake Victoria basin of Uganda.
- Serrano, E. R., Franganillo, A. R., & Bermejo, J. V. D. (1992). Primitive andalusian livestock and their implications in the discovery of America. *Archivos de Zootecnia*, 41(154), 10.
- Shete, S., Tiwari, H., & Elston, R. C. (2000). On Estimating the Heterozygosity and Polymorphism Information Content Value. *Theoretical Population Biology*, 57(3), 265-271. doi: <https://doi.org/10.1006/tpbi.2000.1452>
- Shriver, M. D., Jin, L., Boerwinkle, E., Deka, R., Ferrell, R. E., & Chakraborty, R. (1995). A novel measure of genetic distance for highly polymorphic tandem repeat loci. *Mol Biol Evol*, 12(5), 914-920. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040268
- Silva, A. P. d., Imhoff, S., Giarola, N. F. B., & Tormena, C. A. (2001). Análisis multivariado y univariado en la discriminación de sistemas de uso de suelos del centro de Santa Fe. *Edafología*, 8(1), 21-34.
- Silva, P., Guan, X., Ho-Shing, O., Jones, J., Xu, J., Hui, D., . . . Smith, E. (2009). Mitochondrial DNA-based analysis of genetic variation and relatedness among Sri Lankan indigenous chickens and the Ceylon junglefowl (*Gallus lafayetti*). *Animal Genetics*, 40(1), 1-9.

- Simon, D. L. (1984). Conservation of animal genetic resources—A review. *Livestock Production Science*, 11(1), 23-36.
- Singh, A., Chaudhary, M., Brah, G., & Sandhu, J. (2001). Inheritance of external body measurements and their relationships with economic traits in layer chickens. *Indian Journal of Poultry Science*, 36(2), 153-157.
- Singh, R. S., & Uyenoyama, M. K. (2004). *The evolution of population biology*: Cambridge University Press.
- Slamovits, C. H., & Rossi, M. S. (2002). Satellite DNA: agent of chromosomal evolution in mammals (Vol. 9, pp. 297-308.): A review. *Mastozoología Neotropical* , .
- Slatkin, M. (1994). Flujo génico y estructura de las poblaciones: Ecological genetics . .
- Slatkin, M. (1995). A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics*, 139(1), 457.
- Slatkin, M., & Voelm, L. (1991). FST in a hierarchical island model. *Genetics*, 127(3), 627-629.
- Smouse, P. E., & Peakall, R. (1999). Spatial autocorrelation analysis of individual multiallele and multilocus genetic structure. *Heredity*, 82(5), 561-573.
- Spradbrow, P. (1997). *Policy framework for smallholder rural poultry development*. Paper presented at the Proceedings of International Workshop on sustainable poultry production in Africa held in Addis Ababa, Ethiopia.
- Stavenhagen, J. B., & Robins, D. M. (1988). An ancient provirus has imposed androgen regulation on the adjacent mouse sex-limited protein gene. *Cell*, 55(2), 247-254.
- Stevens, J. (1986). *Applied multivariate statistics for the social sciences*.
- Storey, A. A., Ramirez, J. M., Quiroz, D., Burley, D. V., Addison, D. J., Walter, R., . . . Matisoo-Smith, E. A. (2007). Radiocarbon and DNA evidence for a pre-Columbian introduction of Polynesian chickens to Chile. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 104(25), 10335-10339. doi: 10.1073/pnas.0703993104
- Strillacci, M. G., Vega-Murillo, V. E., Román-Ponce, S. I., López, F. J. R., Cozzi, M. C., Gorla, E., . . . Bagnato, A. (2017). Looking at genetic structure and selection signatures of the Mexican chicken population using single nucleotide polymorphism markers. *Poultry Science*, 97(3), 791-802.
- Studier, J. A., & Keppler, K. J. (1988). A note on the neighbor-joining algorithm of Saitou and Nei. *Molecular biology and evolution*, 5(6), 729-731.
- Sucúa, G. A. D. (2017). *Plan de desarrollo y ordenamiento territorial: Sucúa, Morona Santiago, Ecuador*: GAD Sucúa.
- Suh, S., Sharma, A., Lee, S., Cho, C. Y., Kim, J. H., Choi, S. B., . . . Ko, Y. G. (2014). Genetic diversity and relationships of korean chicken breeds based on 30 microsatellite markers. *Asian-Australas J Anim Sci*, 27(10), 1399-1405. doi: 10.5713/ajas.2014.14016
- Sunnucks, P. (2000). Efficient genetic markers for population biology. *Trends Ecol Evol*, 15(5), 199-203.
- Swatson, H., Nsahlai, I., & Byebwa, B. (2001). The status of smallholder poultry production in the Alfred district of Kwazulu-Natal, South Africa: priorities for intervention. *Department of Animal and Poultry Science, University of Natal, Pietermaritzburg, South Africa*, 63-72.
- Tabachnick, B., & Fidell, L. (1996). *Using multivariate statistics* 3rd edition. NY: Harper Collins.
- Tabachnick, B. G., & Fidell, L. S. (2001). Principal components and factor analysis. *Using multivariate statistics*, 4, 582-633.
- Tadelle, D., Alemu, Y., & Peters, K. (2003). Village chicken production systems in Ethiopia: Use patterns and performance valuation and chicken products and socio-economic functions of chicken.

- Tadelle, D., Alemu, Y., & Peters, K. J. (2000). Indigenous chickens in Ethiopia: genetic potential and attempts at improvement. *World's Poultry Science Journal*, 56(1), 45-54. doi: 10.1079/wps20000005
- Takezaki, N., & Nei, M. (1996). Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*, 144(1), 389-399.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., & Kumar, S. (2011). MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28(10), 2731-2739. doi: 10.1093/molbev/msr121
- Tapia, V., & del Cisne, P. (2012). Plan estratégico para fomentar el turismo en ruta en la parroquia Matriz del cantón Pujilí.
- Tautz, D. (1989). Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Res*, 17(16), 6463-6471. doi: 10.1093/nar/17.16.6463
- Tautz, D., & Renz, M. (1984). Simple DNA sequences of *Drosophila virilis* isolated by screening with RNA. *Journal of Molecular Biology*, 172(2), 229-235. doi: https://doi.org/10.1016/S0022-2836(84)80041-8
- Tautz, D., & Schlötterer, C. (1994). Simple sequences. *Current opinion in genetics & development*, 4(6), 832-837.
- Taylor, A. C., Sherwin, W. B., & Wayne, R. K. (1994). Genetic variation of microsatellite loci in a bottlenecked species: the northern hairy-nosed wombat *Lasiornis krefftii*. *Mol Ecol*, 3(4), 277-290.
- Tejada, R., Chao, E., Gómez, H., Lilian Painter, R. E., & Wallace, R. B. (2006). Evaluación sobre el uso de la fauna silvestre en la Tierra Comunitaria de Origen Tacana, Bolivia. *Ecología en Bolivia*, 41(2), 138-148.
- Thompson, B. (1984). *Canonical correlation analysis: Uses and interpretation*: Sage.
- Thomson, V. A., Lebrasseur, O., Austin, J. J., Hunt, T. L., Burney, D. A., Denham, T., . . . Flink, L. G. (2014). Using ancient DNA to study the origins and dispersal of ancestral Polynesian chickens across the Pacific. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(13), 4826-4831.
- Thornton, P. K., van de Steeg, J., Notenbaert, A., & Herrero, M. (2009). The impacts of climate change on livestock and livestock systems in developing countries: A review of what we know and what we need to know. *Agricultural systems*, 101(3), 113-127.
- Tixier-Boichard, M., Bordas, A., & Rognon, X. (2009). Characterisation and monitoring of poultry genetic resources. *World's Poultry Science Journal*, 65(2), 272-285. doi: 10.1017/S0043933909000233
- Toalombo, P., Villafuerte, A., Fiallos, L., Andino, P., Damián, P., Duchi, N., . . . Hidalgo, L. (2017). Polyphenols of thyme (*Thymus vulgaris*) and ginger (*Zingiber officinale*) in the feeding of local hens. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal*, 10, 88-93.
- Toalombo Vargas, P. A., Gavilánez, A. A. V., Lara, J. C. B., & Carrillo, E. R. O. (2018). Caracterización del mercado de huevo comercial (gallina lohmann brown) versus el huevo criollo (gallina de campo) en la Provincia de Tungurahua. *Comercio y Negocio*(6), 50-60.
- Toscano, R. L. (2002). Efecto de tres dietas sobre los parámetros productivos y reproductivos en gallinas criollas.
- Tovar, J. L., Narváez-Solarte, W., & Takahashi, S. E. (2014). Bases para la conservación del *Gallus gallus domesticus* (Phasianidae) colombiano en el departamento de Caldas. *Boletín Científico Centro De Museos De Historia Natural*, 18(1), 112-123.
- Tzeng, C.-S., Hui, C.-F., Shen, S.-C., & Huang, P. C. (1992). The complete nucleotide sequence of the *Crossostoma lacustre* mitochondrial genome: conservation and variations among vertebrates. *Nucleic Acids Research*, 20(18), 4853-4858.

- Uso de caracteres morfométricos en la clasificación de gallinas locales. (2012). http://www.uco.es/conbiand/aica/templatemo_110_lin_photo/articulos/2012/Trabajo049_AICA2012.pdf
- Vaca, L. (2003). Producción avícola. San José, Costa Rica: Ed. Universidad estatal a distancia.
- Valencia Llano, N. F. (2011). La gallina criolla Colombiana: Universidad Nacional de Colombia.
- Van Bruggen E, B. P., Ruttenberg G, Gruber M, Kroon A. (1966). Circular mitochondrial DNA *Biochim Biophys Acta*, 119, 437–439.
- Vanhala, T., Tuiskula-Haavisto, M., Elo, K., Vilkki, J., & Maki-Tanila, A. (1998). Evaluation of genetic variability and genetic distances between eight chicken lines using microsatellite markers. *Poultry Science*, 77(6), 783-790.
- Vargas, J., Landi, V., Martinez, A., Gomez, M., Camacho, M. E., Alvarez, L. A., . . . Delgado, J. V. (2016). Molecular Study of the Amazonian Macabea Cattle History. *PLoS One*, 11(10), e0165398. doi: 10.1371/journal.pone.0165398
- Vega-Pla, J. L., Angulo, B., Cabello, A., León, J. M., & Nogales, S. (2014). Estudio genético comparativo preliminar del gallo combatiente español mediante análisis con marcadores moleculares (ADN). *Feagas*(38), 136-139.
- Vega Murillo, V. E., Román Ponce, S. I., Durán Aguilar, M., Vélez Izquierdo, A., Cabrera Torres, E., Cantú Covarrubias, A., . . . Ríos Utrera, Á. (2018). Evaluación morfológica de gallinas de traspatio mexicanas (*Gallus gallus domesticus*). *Revista mexicana de ciencias pecuarias*, 9(2), 362-375.
- Vignon, C. L. (1997). Variables de selección en huevos criollos que influyen en incubabilidad, calidad y producción de pollo.
- Vignon, C. L., & Santiago, D. H. (1996). Características reproductivas de gallinas criollas en condiciones controladas y de traspatio en el Valle de Zaachila, Oax.
- Villacís Rivas, G., Escudero Sánchez, G., Cueva Castillo, F., & Luzuriaga Neira, A. (2016). Características morfométricas de las gallinas criollas de comunidades rurales del sur del Ecuador. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 27(2), 218-224.
- Villardón, J. L. V., Amaro, R., Villardón, M. P. G., & Ramírez, G. (2001). *Manova Biplot para diseños con varios factores basado en modelos lineales generales multivariantes*.
- Walsh, P. S., Varlaro, J., & Reynolds, R. (1992). A rapid chemiluminescent method for quantitation of human DNA. *Nucleic Acids Res*, 20(19), 5061-5065. doi: 10.1093/nar/20.19.5061
- Waltmann, A., Koepfli, C., Tessier, N., Karl, S., Fola, A., Darcy, A. W., . . . Barry, A. E. (2018). Increasingly inbred and fragmented populations of *Plasmodium vivax* associated with the eastward decline in malaria transmission across the Southwest Pacific. *PLoS Negl Trop Dis*, 12(1), e0006146. doi: 10.1371/journal.pntd.0006146
- Waller, R. A., & Duncan, D. B. (1969). A Bayes rule for the symmetric multiple comparisons problem. *Journal of the American Statistical Association*, 64(328), 1484-1503.
- Weber, J. L., & May, P. E. (1989). Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *Am J Hum Genet*, 44(3), 388-396.
- Weir, B. S. (1990). *Genetic data analysis. Methods for discrete population genetic data*. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, Inc. Publishers.
- Weir, B. S. (1990). *Genetic data analysis. Methods for discrete population genetic data: Sinauer Associates, Inc. Publishers*.
- Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38(6), 1358-1370.

- West, B., & Zhou, B.-X. (1988). Did chickens go north? New evidence for domestication. *Journal of Archaeological Science*, 15(5), 515-533.
- Westemeier, R. L., Brawn, J. D., Simpson, S. A., Esker, T. L., Jansen, R. W., Walk, J. W., . . . Paige, K. N. (1998). Tracking the long-term decline and recovery of an isolated population. *Science*, 282(5394), 1695-1698.
- Wheeldon, T., & White, B. N. (2008). Genetic analysis of historic western Great Lakes region wolf samples reveals early *Canis lupus/lycaon* hybridization. *Biology Letters*, 5(1), 101-104.
- Wong, G. K., Liu, B., Wang, J., Zhang, Y., Yang, X., Zhang, Z., . . . Yang, H. (2004). A genetic variation map for chicken with 2.8 million single-nucleotide polymorphisms. *Nature*, 432(7018), 717-722. doi: 10.1038/nature03156
- Wright, S. (1946). Isolation by distance under diverse systems of mating. *Genetics*, 31(1), 39-59.
- Wright, S. (1965). The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19(3), 395-420.
- Wright, S. (1969). *Evolution and Genetics of Population: The theory of Gene Frequencies*, Chicago.
- Wright, S. (1978). *Evolution and Genetics of Population*, Chicago.
- Wu, Z., & Kaiser, P. (2011). Antigen presenting cells in a non-mammalian model system, the chicken. *Immunobiology*, 216(11), 1177-1183.
- Xiang, H., Gao, J., Yu, B., Zhou, H., Cai, D., Zhang, Y., . . . Zhao, X. (2014). Early Holocene chicken domestication in northern China. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(49), 17564-17569.
- Xiang, H., Hofreiter, M., & Zhao, X. (2015). Reply to Peng et al.: Archaeological contexts should not be ignored for early chicken domestication. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(16), E1972-E1973.
- Xie, Z., Zhang, Y., Deng, X., Xie, Z., Liu, J., Huang, L., . . . Wang, S. (2016). Molecular characterization of the Cenxi classical three-buff chicken (*Gallus gallus domesticus*) based on mitochondrial DNA. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(6), 3968-3970.
- Xu, S., Luosang, J., Hua, S., He, J., Ciren, A., Wang, W., . . . Zheng, X. (2007). High altitude adaptation and phylogenetic analysis of Tibetan horse based on the mitochondrial genome. *Journal of Genetics and Genomics*, 34(8), 720-729.
- Yakubu, A. (2011). Discriminant analysis of sexual dimorphism in morphological traits of African Muscovy ducks. *Archivos de Zootecnia*, 60(232), 1115-1123.
- Yakubu, A., Kuje, D., & Okpeku, M. (2009). Principal components as measures of size and shape in Nigerian indigenous chickens. *Thai Journal of Agricultural Science*, 42(3), 167-176.
- Yakubu, A., & Salako, A. E. (2009). Path coefficient analysis of body weight and morphological traits of Nigerian indigenous chickens. *Egyptian Poultry Science*, 29(3), 837-850.
- Yan, M.-L., Ding, S.-P., Ye, S.-H., Wang, C.-G., He, B.-L., Yuan, Z.-D., & Liu, L.-L. (2016). The complete mitochondrial genome sequence of the Daweishan Mini chicken. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(1), 138-139.
- Young, A., Boyle, T., & Brown, T. (1996). The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. *Trends in Ecology & Evolution*, 11(10), 413-418.
- Zaky, H. I., & Amin, E. M. (2007). Estimates of genetic parameters for body weight and body measurements in Bronze Turkeys (Baladi) by using animal model. *Egyptian Poultry Science*, 27, 151-164.
- Zaldivar, I., J (2007). *Manual de avicultura*. La Habana: ed. Sociedad cubana de productores avícolas.

- Zaman, M., Sørensen, P., & Howliger, M. (2004). Egg production performances of a breed and three crossbreeds under semi-scavenging system of management. *Livestock Research for Rural Development*, 16(8), 1-4.
- Zapata, C. (1987). La variabilidad genética de las poblaciones. *Genética de la acuicultura*, 33-57.
- Zaragoza, M. L., Rodríguez, H., Hernández, Z., Perezgrovas, G. R., Martínez, C., & Méndez, E. (2013). Characterization of hens Batsi Alak in the highlands of southeast Mexico. *Archivos de Zootecnia*, 62(239), 321-332.
- Zhang, Y., Proenca, R., Maffei, M., Barone, M., Leopold, L., & Friedman, J. M. (1994). Positional cloning of the mouse obese gene and its human homologue. *Nature*, 372(6505), 425.

ANEXOS



Caracterización productiva y organoléptica de huevos de gallinas de campo de la región sierra del Ecuador

Toalombo, P.A.^{1,2}; Navas-González, F.J.²; Andrade-Yucailla, V.C.²; Trujillo, J.V.¹; Martínez, J.¹ y Delgado, J.V.²

¹Escuela Superior de Chimborazo, Carrera de Zootecnia, Riobamba, Ecuador.

²Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, España.

³Universidad Estatal Amazónica, Centro de Investigación Posgrado y Conservación Amazónica, Pastaza, Ecuador.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Gallinas de campo.
Saberes ancestrales.
Recursos genéticos locales.
Características fenotípicas.
Producción sustentable.

ADDITIONAL KEYWORDS

Field chickens.
Ancestral knowledge.
Local genetic resources.
Phenotypic characteristics.
Sustainable production.

INFORMATION

Cronología del artículo:
Recibido/Received: 03.02.2019
Aceptado/Accepted: 08.09.2019
On-line: 15.07.2019
Correspondencia a los autores/Contact email:
ptaalombo@esPOCH.edu.ec

RESUMEN

En la Estación Experimental Turshi de la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo, parroquia Lido, a 2712 msnm a una temperatura promedio de 14,92 °C. Se evaluó el comportamiento productivo para huevos de gallinas de campo y se analizó las características organolépticas, en 94 oves de traspatios identificadas en la región sierra del Ecuador de las provincias: Pichincha, Bolívar, Loja, Cañar, Tungurahua, y Chimborazo, una vez adaptadas in situ, la investigación tuvo una duración de 120 días. Los datos recogidos fueron tabulados en el programa estadístico SPSS versión Statistic 19, se obtuvo estadísticos descriptivos. Los resultados para peso inicial promedio fue de 1308,78 g; peso final 1502,36 ± 247,61 g; ganancia de peso 175,26 ± 137,20 g; Los parámetros de calidad del huevo fueron: peso promedio 54,95 ± 5,24 g; masa del huevo de 48,15 ± 4,68 g; ancho del huevo de 42,25 mm; longitud del huevo de 35,40 ± 2,60 mm; peso de la cáscara de 6,80 g; grosor de la cáscara de 0,32 ± 0,02mm. Para la medición organoléptica se realizó un análisis sensorial triangular, utilizando 6 combinaciones con 3 repeticiones, total 18 catadores, estos resultados fueron sometidos a Chi-cuadrado obteniendo diferencias significativas en sabor del huevo de campo con relación al comercial. Cabe indicar que la característica de rusticidad en las gallinas, representa un factor importante para la conservación de recursos genéticos, ya que han demostrado poseer una capacidad de adaptación al medio ambiente, que aseguran buenos rendimientos productivos y que resultan interesantes para la seguridad y soberanía alimentaria.

Characterization productive and organoleptic of eggs from field hens in the sierra region of Ecuador

SUMMARY

At the Turshi Experimental Station of the Escuela Superior Politécnica de Chimborazo, Lido, at 2712 meters above sea level at an average temperature of 14.92 °C. The productive behavior for eggs of field hens was evaluated and the organoleptic characteristics were analyzed, in 94 birds of backyards identified in the mountain region of Ecuador of the provinces: Pichincha, Bolívar, Loja, Cañar, Tungurahua, and Chimborazo, once adapted in situ, the investigation lasted 120 days. The data collected were tabulated in the statistical program SPSS Statistic version 19, descriptive statistics were obtained. The results for average initial weight was 1308.78 g; final weight 1502.36 ± 247.61 g; weight gain 175.26 ± 137.20 g; The parameters of egg quality were: average weight 54.95 ± 5.24 g; egg mass of 48.15 ± 4.68 g; egg width 42.25 mm; egg length of 35.40 ± 2.60 mm; shell weight of 6.80 g; thickness of the shell of 0.32 ± 0.02mm. For the organoleptic measurement, a triangular sensory analysis was carried out, using 6 combinations with 3 repetitions, total 18 tasters, these results were subjected to Chi-square, obtaining significant differences in the flavor of the field egg in relation to the commercial one. It should be noted that the characteristic of hardiness in chickens represents an important factor for the conservation of genetic resources, since they have shown to have a capacity to adapt to the environment, which ensure good productive yields and which are interesting for food security and sovereignty.

INTRODUCCIÓN

La avicultura rural es una actividad de importancia social, cultural y económica, por constituirse en una fuente de alimento para las familias campesinas que ayuda a complementar los requerimientos nutricio-

nales, además es un importante recurso zoogenético del país (Alderson 2018), (Andrade-Yucailla V. & Toalombo-Vargas P. 2018), (Villacis Rivas et al. 2016); la cría de animales menores se convierte en la caja menor campesina (Rodríguez García 2007), ya que aporta a los

CARACTERIZACIÓN PRODUCTIVA Y ORGANOLÉPTICA DE HUEVOS DE GALLINAS DE CAMPO DE LA REGIÓN SIERRA DEL ECUADOR

recursos familiares. Según, (FAO 2015) la producción mundial de huevos en el año 1983 fue de 29,3 millones de toneladas, considerándose un logro para la década de los 80, sin embargo, hasta la actualidad esta producción ha superado en 44,5 millones de toneladas destacándose los países de América Central y Este de Asia como los mayores productores de dicho alimento, de la misma manera señala que el huevo tiene un alto valor nutritivo al aportar proteína, energía, vitaminas y minerales, siendo uno de los alimentos de origen animal completos; y por poseer dichas características nutritivas y al ser de bajo costo, éste alimento ha sido difundido en una multitud de civilizaciones y culturas. En base a (FAO 2015), indica que entre los años 2000 a 2016 la producción mundial de huevos se ha incrementado en un 42%, a una tasa promedio anual de 2,2%, en 2016 alcanzó 1.360 billones de unidades de huevos, un 1,3% más que en 2015, que corresponde a la especie (*Gallus domesticus*) y de manera alternativa se consumen en menor cantidad huevos de otras especies como codornices, pavo, patos y gansos. (Primo-Yúfera, 1997), los huevos camperos son criados a campo abierto de manera libre, con restos de alimentos orgánicos-ecológicos, a partir de granos, pastos de la zona y demás recursos que se producen en una parcela, que se encuentran a disposición del lugar (Rodríguez García 2007); además el sistema de producción implementado brinda un estado de bienestar animal, que influye de manera positiva en los procesos metabólicos y por ende en la producción. Sin embargo, este tipo de explotación siendo tradicional con un manejo técnico mínimo y sin los adecuados planes de desparasitación, se ven reflejados en una baja producción y muerte de los animales, limitando su productividad (Luka & Ndams 2007).

Ecuador al estar ubicado en la zona de la cual lleva su nombre (ecuatorial) y al mismo tiempo estar atravesado por la cordillera de los Andes, presenta diferentes zonas agroecológicas y diferentes pisos climáticos que lo hacen rico en biodiversidad, tanto de especies exóticas como domésticas; es así el caso de las gallinas de campo, de las cuales no existe un banco de información divulgada; aun cuando son la base genética de fácil adaptabilidad, rusticidad y que en la actualidad están en peligro de desaparecer (Moula et al. 2014), constituyen la base de la seguridad y soberanía alimentaria, por lo que se justifica la necesidad de investigar sobre

el comportamiento productivo y caracterización organoléptica de huevos de gallinas de campo presentes en traspatios de la región sierra del Ecuador con miras a la creación de núcleos genéticos y bancos de germoplasma (Formoso-Rafferty et al. 2016).

MATERIAL Y MÉTODOS

La presente investigación fue realizada en la Estación Experimental Tunshi de la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo, ubicada en la parroquia Licto, a 1°44'54.1"S 78°37'32.6"W, 2712 msnm a una temperatura de 14,92 °C aproximadamente; para el levantamiento de información se identificó 94 aves de campo de las provincias de Pichincha, Bolívar, Loja, Cañar, Tungurahua y Chimborazo; una vez adaptadas *in situ*, la duración del experimento fue de 120 días. Las aves fueron manejadas bajo un sistema extensivo, alimentadas con pienso + residuos de cosecha + pastoreo y agua *ad libitum*. Las variables estudiadas fueron sometidas a un análisis estadístico descriptivo siendo: Peso del Huevo (PH), Masa del huevo (MH), Peso de la cascara (PC), Grosor de la cascara (GC), Ancho del huevo (AH) y Largo del huevo (LH), con una balanza y pie de rey digital. Para las variables organolépticas, se realizó un análisis sensorial triangular, utilizando 6 combinaciones con 3 repeticiones, total 18 catadores, los datos fueron sometidos a Chi-cuadrado; analizados con el programa estadístico SPSS versión Statistic 18.

RESULTADOS

Los resultados obtenidos en el estudio sobre el comportamiento productivo de las gallinas criollas de la región Sierra de Ecuador en el peso inicial se presentaron los siguientes resultados por provincia: Bolívar un promedio de 1612,00 ± 442,15 g; Cañar 1357,5 ± 374,36 g; Chimborazo 1280,56 ± 327,10 g; Loja 1864,76 ± 795,37 g; Pichincha 1467,86 ± 484,22 g; Tungurahua 1470,00 ± 327,62 g.

Las ganancias de peso de las gallinas de campo son reportadas para verificar el comportamiento productivo de las aves, las que fueron tomadas en su madurez sexual, por tal motivo no se espera una notable ganancia de peso en sus respectivas provincias: Bolívar registra una ganancia de 257 ± 95,68 g; en Cañar 289 ± 142,14; Chimborazo 76,67 ± 92,91 g; Loja 252,50

Tabla I. Porcentaje de producción de huevos de gallinas criollas presentes en la región sierra del Ecuador (Percentage of egg production of Creole hens present in the region Mountain range of Ecuador).

Provincia	N° gallinas	N° de huevos	Producción (%)	Huevos/gallina
Pichincha	12	309	13,9	25,75
Bolívar	14	455	21,4	34,06
Loja	21	513	22,5	24,43
Cañar	17	476	20,6	26
Tungurahua	9	269	11,6	29,89
Chimborazo	6	226	10	26,5
TOTAL	61	2263	16,7	
Media: 26,57				
DS: 3,65				

$\pm 209,49$ g; Pichincha $205,40 \pm 118,33$ g; Tungurahua $118,00 \pm 96,98$ g; al finalizar la investigación en las gallinas de campo de la Región Sierra, se alcanzaron los siguientes pesos finales por provincia: Bolívar un promedio de $1625,36 \pm 498,40$ g; Cañar $1419,94 \pm 375,28$ g; Chimborazo $1170,88 \pm 277,77$ g; Loja $1909,90 \pm 824,33$ g; Pichincha $1474,42 \pm 442,39$ g; Tungurahua $1413,67 \pm 276,01$ g, con un promedio total de $1502,36 \pm 247,6$ g.

En lo que respecta a la producción de huevos el total de producción fue de 16,67%, equivalente a 2283 huevos, el número de huevos/gallina fue de $28,57 \pm 3,65$ conforme el periodo de estudio que duró la investigación, como se puede observar en **Tabla I**. Es importante mencionar el estrés por adaptación al ser trasladadas al lugar de investigación, influyó en la producción de huevos. Al analizar el porcentaje de producción, se obtuvo los siguientes resultados en % de huevos: Loja 22,50; Bolívar 21,40; Cañar 20,80; Pichincha 13,50; Tungurahua 11,80 y Chimborazo 10,00.

En lo referente al peso del huevo (g), se determinó un promedio de $54,95 \pm 5,24$ g **Tabla II**, resultados fundamentados en una alimentación de balanceado + residuos de cosecha + pastoreo. Para masa del huevo (g) de las gallinas criollas presentes en la Sierra ecuatoriana, se obtuvo un promedio de $48,15 \pm 4,68$ g. Al analizar la variable ancho del huevo de las gallinas criollas de la Sierra ecuatoriana, se obtuvo un promedio de $42,45 \pm 1,36$ g.

En la evaluación organoléptica, se determinó a través de encuestas, utilizando el método triangular para el sabor del huevo, comparando el sabor del huevo de gallina criolla con el huevo de gallina comercial, para el cual se realizaron 6 posibles combinaciones con 3 repeticiones, en total 18 catadores fueron sometidos a la degustación, obteniéndose los siguientes resultados: aciertos 8 y desaciertos 10. Al someter los resultados a la prueba de Chi cuadrado se obtuvieron diferencias significativas, entre el sabor del huevo de gallina de campo y el huevo de gallina comercial **Tabla III**. La Hipótesis se acepta: Chi cuadrado calculado es menor que Chi cuadrado tabular, por lo tanto, existe diferencia entre el sabor del huevo criollo y el huevo de gallina comercial.

DISCUSIÓN

Los pesos iniciales son similares a los reportados por (Salas et al. 2009), pesos entre 1400 a 1600 g, esto

Tabla II. Parámetros de calidad de huevo de las gallinas criollas presentes en la región sierra del Ecuador (Parameters of egg quality of the Creole hens present in the region Mountain range of Ecuador.)

Parámetros	Media	DS
Peso del huevo, (g)	54,95	5,24
Masa del huevo, (g)	48,15	4,68
Peso de la cáscara, (g)	6,80	1,11
Grosor de la cáscara, (mm)	0,32	0,02
Ancho del huevo, (mm)	42,45	1,36
Largo del huevo, (mm)	55,4	2,60

se debe a que el ensayo se realizó en una zona análoga, entre 2000 y 3000 msnm; similares forma reporta (Vignon & Santiago 1996), en un sistema de traspatio, en donde las gallinas criollas de los diferentes grupos evaluados tuvieron un peso promedio de 1300 g esto se debe al tipo de alimentación utilizado a base de maíz y además lo disponible en el piso como larvas de insectos, desperdicios de cocina, desechos de cosecha, entre otros y (Lázaro et al. 2012), reporta un peso promedio de $1603,30 \pm 3,20$ g, este valor es mayor a lo reportado en la presente investigación, lo que indica una adaptación de las diferentes cruza de aves que manejan los productores en clima templado. Los resultados obtenidos difieren a los reportados por (Toscano 2002), quien menciona que las gallinas criollas alimentadas con una dieta a base de maíz, tuvieron un peso vivo de 2044,00 g; y las alimentadas con trigo pesaron 2016,00 g, a las 35 semanas de edad evaluadas bajo un sistema semi-intensivo en su lugar de origen, claramente indica que las diferencias encontradas se deben a la adaptación, alimentación y sistema de producción aplicado, en esta investigación, que fue bajo un sistema extensivo, dieta a base de balanceado + residuos de cosecha + pastoreo a voluntad, durante el periodo de experimentación; las aves se encontraban en un ambiente libre y el gasto de energía fue elevado.

En cuanto a la producción de huevos estos valores son similares a los reportados por (Salas et al.), en la producción de 40 gallinas criollas donde obtuvo un total acumulado de 903 huevos durante 19 semanas que duró su investigación, lo que significa una producción de 22,5 huevos/ave (Rodríguez Buenfil et al. 1996); valores inferiores a los obtenidos en la presente investigación y difiere con lo mencionado por (Rodríguez Buenfil et al. 1996) (Andrade-Yucailla V. & Toalombo-Vargas P. 2018) que reporta una producción entre 35 y 47 huevos por gallina en un periodo de 24 semanas, valores mayores a los obtenidos en esta investigación.

En cuanto al peso de los huevos este valor son similares a los reportados a los de (Andrade-Yucailla V. & Toalombo-Vargas P. 2018) y superior a los reportado en el peso promedio del huevo a la postura, 53,30 g, obtenido por (Vignon 1997), en un trabajo con gallinas criollas bajo un sistema semi-intensivo; así mismo, un valor mayor a lo reportado por (Monterrubio 2000), quien evaluó gallinas criollas bajo una dieta de maíz, el peso del huevo fue de 51,90 g; pero los resultados son inferiores a los obtenidos por (Martínez Correal 2010), con dieta de maíz y trigo donde obtuvo pesos de huevo a la postura de 55,30 y 54,60 g respectivamente y (Toscano 2002), obtuvo pesos de huevo a la postura con dieta de maíz y trigo de 59,10 y 55,10 g, correspondientemente.

Para masa de huevo los resultados obtenidos son superiores a los reportados en gallinas criollas criadas en traspatio en Michoacán - México (Juárez-Caratachea et al. 2010), donde registró una masa inferior del huevo con un promedio de 46,20 g. Al estudiar la variable peso de la cáscara en las gallinas criollas de la Sierra ecuatoriana, se obtuvo un promedio de $6,80 \pm 1,11$ g, siendo valores superiores a los reportados en gallinas criollas alimentadas a base de maíz (Juárez-Caratachea et al. 2010) reportando $4,5 \pm 0,3$ g, en el peso de la cáscara.

CARACTERIZACIÓN PRODUCTIVA Y ORGANOLÉPTICA DE HUEVOS DE GALLINAS DE CAMPO DE LA REGIÓN SIERRA DEL ECUADOR

Tabla III. Análisis de la hipótesis con chi cuadrado (Analysis of the hypothesis with chi square).

		Chi Cuadrado	
Chi cuadr. Calculado	5,6	H ₀	No existe diferencia
Chi cuadr. Tabulado	11,07	H ₁	Si existe diferencia
GL: 5			
P: 0,05			

cara de las gallinas criollas esto se atribuye a la alimentación con balanceado, cubriendo el requerimiento de calcio y fósforo, principales componentes de la cáscara, para el grosor de la cáscara de las gallinas criollas de la Sierra ecuatoriana, se obtuvo un promedio de $0,32 \pm 0,02$ mm, superando estos resultados a los reportados por (Juárez-Caratachea et al. 2010), con $0,28 \pm 0,09$ mm, esta diferencia se debe a que el sistema de producción avícola de traspatio se basa en una dieta de grano (maíz), lo cual suele provocar limitaciones de calcio y fósforo, minerales estructurales de la cáscara que puede repercutir sobre el grosor de la misma, también menciona que el estado nutricional, la edad de la gallina, ritmo de postura, tamaño del huevo, estado de salud y manejo, son otros factores de influencia en el grosor de la cáscara, en otro estudio con huevos de color azul, a la vez (Juárez-Caratachea et al. 2010), reporta efectos para gallinas de emplume normal, un grosor de cáscara de $0,35 \pm 0,07$ g, mayor al reportado en la presente investigación, los principales factores que afectan a la calidad de la cáscara son; genética, edad de los animales, nutrición, factores de estrés y el sistema de producción.

La variable ancho del huevo en lo que, respecto a la variable largo del huevo en las gallinas criollas de la Sierra ecuatoriana, se obtuvo un promedio de $55,40 \pm 2,60$ mm siendo superior a los reportados por (Juárez-Caratachea et al. 2010) en los dos casos.

CONCLUSION

Las gallinas criollas captadas en las diferentes provincias de la región sierra de Ecuador presentaron diferentes pesos iniciales, aun cuando son de edades similares lo que ha influenciado en su ganancia de peso y su peso final, dado los diferentes medio ambientes donde se desarrollaron, lo que ha con llevado a obtener huevos de diferentes pesos y tamaños, así como también el estrés por adaptación que sufrieron al ser trasladadas al lugar de investigación; cabe indicar que la característica de rusticidad, es de interés, representando gran valor para la conservación de los recursos genéticos, las aves criollas han demostrado poseer una buena capacidad de adaptación al medio a lo largo del tiempo, que aseguran rendimientos productivos.

AGRADECIMIENTOS

A la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo, Carrera de Zootecnia, Estación Experimental Tunshi; así como también al grupo AGR18 Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba. Y de manera especial a todos los productores de traspatio del Ecuador,

que permitieron realizar varias visitas a sus explotaciones y adquirir sus aves.

BIBLIOGRAFÍA

- Alderson, G.H. 2018, 'Conservation of breeds and maintenance of biodiversity: justification and methodology for the conservation of Animal Genetic Resources', *Archivos de Zootecnia*, vol. 67, no. 258.
- Andrade-Yucaila V., A-CC, Ramirez A., Viamonte M.I., Sánchez J., & Toalombo-Vargas P., Á-PGR, Vargas-Burgos J.C. 2018, 'Caracterización morfológica y fenotípica de la gallina criolla (*Gallus domesticus*), en traspatis familiares del cantón Santa Clara, Pastaza', *AICA*, vol. 12, pp. 1-8.
- FAO 2015, 'El huevo en cifras', [www.fao.org](http://www.fao.org/assets/infographics/FAO-Infographic-egg-facts-es.pdf). Recuperado de <http://www.fao.org/assets/infographics/FAO-Infographic-egg-facts-es.pdf> 22/04/2015 Roma, Italia
- Farmaso-Rafferty, N., García-García, R.M., Rodríguez, M., Alarico, A., Masdeu, M., Millán, P., Arias-Álvarez, M., Lorenzo, P.L. & Rebolgar, P.G. 2016, 'Caracterización de parámetros reproductivos y endocrinos en una población de conejas ibicencas', *Archivos de Zootecnia*, vol. 65, no. 252, pp. 323-34.
- Juárez-Caratachea, A., Gutiérrez-Vázquez, E., Segura-Correa, J. & Santos-Ricalde, R. 2010, 'Calidad del huevo de gallinas criollas criadas en traspatis en Michoacán, México', *Tropical and subtropical agroecosystems*, vol. 12, no. 1, pp. 109-115.
- Lázaro, G.C., Hernández, Z.J.S., Vargas, I.S., Martínez, I.A. & Pérez, A.R. 2012, 'Uso de caracteres morfológicos en la clasificación de gallinas locales', *Actas iberoamericanas de Conservación Animal*, vol. 2, no. 1, pp. 109-14.
- Luka, S.A. & Ndams, I.S. 2007, 'Short communication report: Gastrointestinal parasites of domestic chicken *Gallus-gallus domesticus* Linnaeus 1758 in Samaru, Zaria Nigeria', *Science World Journal*, vol. 2, no. 1.
- Martínez Correal, G. 2010, 'Plan nacional de acción para la conservación, mejoramiento y utilización sostenible de los recursos genéticos animales de Colombia: informe final/Recurso electrónico'. Monterubio, RAD 2000, 'Lambriz roja (*Eisenia* spp), alternativa sustentable en la alimentación de gallinas criollas'.
- Moula, N., Philippe, F.-X., Mousiaux, N.A., Leroy, P. & Michaux, C. 2014, 'Estimation of inbreeding rates and extinction risk of forty one belgian chicken breeds in 2005 and 2010', *Archivos de Zootecnia*, vol. 63, no. 242, pp. 389-92.
- Rodríguez Buenfil, J.C., Allaway, C.E., Wassink, G.J., Segura Correa, J.C. & Rivera Ortega, T. 1996, 'Estudio de la avicultura de traspatis en el municipio de Dzurunacán, Yucatán', *Vet. Méx.*, vol. 27, no. 3, pp. 215-9.
- Rodríguez García, R. 2007, *Agricultura tropical con enfoque humano y visión sistémica*.
- Salas, M.P.J., Sánchez, M.R., Rodríguez, J.C.C., Aparicio, Y.V. & Correa, J.S. 2009, 'Indicadores productivos de gallinas criollas en un sistema de producción avícola alternativo en Oaxaca, México'.
- Toscano, R.I. 2002, 'Efecto de tres dietas sobre los parámetros productivos y reproductivos en gallinas criollas'.
- Vignon, C.L. 1997, 'Variables de selección en huevos criollos que influyen en incubabilidad, calidad y producción de pollo'.
- Vignon, C.L. & Santiago, D.H. 1996, 'Características reproductivas de gallinas criollas en condiciones controladas y de traspatis en el Valle de Zaachila, Oax.'.
- Villacis Rivas, G., Escudero Sánchez, G., Cueva Castilla, F. & Luzuriaga Neira, A. 2016, 'Características morfológicas de las gallinas criollas de comunidades rurales del sur del Ecuador', *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, vol. 27, no. 2, pp. 218-24.



Efecto socioeconómico sobre las características fanerópticas de gallinas autóctonas de Ecuador

Toalombo, P.A.^{1,2}; Camacho, C.A.¹; Buenaño, R.¹; Jiménez, S.¹; Navas-González, F.J.²; Landí, V.³ y Delgado, J.V.²

¹Escuela Superior de Chimborazo, Carrera de Zootecnia, Riobamba, Ecuador.

²Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, España.

³Animal Breeding Consulting, S.L., Córdoba, España.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Gallinas de campo.
Recursos genéticos locales.
Características fanerópticas.
Producción sustentable.

ADDITIONAL KEYWORDS

Field chickens.
Local genetic resources.
Morphological traits.
Sustainable production.

INFORMATION

Cronología del artículo.
Recibido/Received: 03.02.2019
Aceptado/Accepted: 08.09.2019
Online: 15.07.2019
Correspondencia a los autores/Contact email:
ptoalombo@espoch.edu.ec

RESUMEN

Se caracterizaron fanerópticamente 244 aves: 207 gallinas 84,84% y 37 gallos 15,16% en 25 localidades de 6 provincias del Ecuador, Región Sierra: Bolívar 31, Chimborazo 70, Tungurahua 35, Cotopaxi 32; Región Costa: Guayas 28; Región Amazónica: Morona Santiago 38. Mediante observación directa, los datos recogidos fueron tabulados en el programa estadístico SPSS versión Statistic 19, como estadísticos descriptivos se obtuvieron frecuencias; además se realizó, la prueba Chi-cuadrado de Pearson y la V de Cramer ($P \leq 0,05$). La provincia de Bolívar parroquia Chimbo, obtuvo los mayores valores de la mediana para color de plumas, tipo de cresta, color de piel y presencia de plumas en el cuello 6,50; 1,00; 1,00; 1,00 respectivamente. La coloración del plumaje que se presentó fue marrón café 17,21%, seguido del jaspeado 16,80%, negro 14,34% y barrado 10,23%. La forma más frecuente de las crestas fue la sencilla con 76,74%, seguida de tipo nuez 8,20%. La piel de las aves presentó una coloración amarilla en la mayoría de los casos 94,26%. El mayor porcentaje de los animales presenta emplumado de tipo normal 94,26% y 5,74% cuello desnudo. Las aves estudiadas son poblaciones heterogéneas con gran variabilidad en cuanto a características fanerópticas, que permitiría la creación de líneas productivas que conserven su fenotipo y rusticidad, tomando en consideración la preferencia de los consumidores y productores que ejecuten bajo sistemas de producción tradicionales, culturales, sociales y económicamente sustentables en beneficio de las familias campesinas salvaguardando la soberanía alimentaria y los saberes ancestrales.

Socioeconomic effect on morphological traits of Ecuador autochthonous hens

SUMMARY

A phenerotically 244 birds were characterized: 207 chickens 84.84% and 37 chickens 15.16% in 25 localities of 6 provinces of Ecuador, Sierra Region: Bolívar 31, Chimborazo 70, Tungurahua 35, Cotopaxi 32; Coast Region: Guayas 28; Amazon Region: Morona Santiago 38. Through direct observation, the collected data were tabulated in the statistical program SPSS Statistic version 19, as descriptive statistics, frequencies were obtained; The Chi-square test of Pearson and La V de Cramer ($P \leq 0.05$) were also performed. The province of Bolívar, Chimbo parish, obtained the highest values of the median for feather color, ridge type, skin color and presence of feathers in the neck 6.50; 1.00; 1.00; 1.00 respectively. The coloration of the plumage presented was brown coffee 17.21%, followed by mottled 16.80%, black 14.34% and barred 10.23%. The most frequent form of the crests was the simple one with 76.74%, followed by walnut type 8.20%. The skin of the birds showed a yellow coloration in most cases 94.26%. The greater percentage of the animals presents feathered of normal type 94.26% and 5.74% bare neck. The birds studied are heterogeneous populations with great variability in terms of phenotypic characteristics, which would allow the creation of production lines that preserve their phenotype and rusticity, taking into account the preference of consumers and producers who run under traditional, cultural, social production systems and economically sustainable for the benefit of peasant families, safeguarding food sovereignty and ancestral knowledge.

INTRODUCCIÓN

Los recursos genéticos animales para la alimentación y la agricultura a nivel mundial, son de suma importancia (FAO (2007)). Las aves de corral, como otros animales domésticos, desempeñan funciones importantes para la subsistencia de la sociedad humana,

ya que aportan con el 80% de la producción de huevos y carne (Besbes 2009), siendo importante señalar que son la base económica y cultural del sector campesino (Zaragoza et al. 2013, Tadelle, Alemu & Peters 2000). El incremento de la avicultura intensiva sobre la avicultura de traspatio, ha causado preocupación referente a la conservación de Recursos Zootecnicos y de manera

EFECTO SOCIOECONÓMICO SOBRE LAS CARACTERÍSTICAS FANERÓPTICAS DE GALLINAS AUTÓCTONAS DE ECUADOR

directa sobre la soberanía alimentaria; por lo que su situación debido a la falta de caracterización cuantitativa y cualitativa sigue siendo delicada; así como también el seguimiento que se debe llevar a cabo a lo largo del tiempo, para verificar si las características morfológicas han variado en las diferentes regiones de Ecuador y fijarlos en los sistemas de producción del país. Al igual que de manera mundial, en Sudamérica también existe una tendencia preponderante sobre la explotación de estirpes comerciales altamente productivas, las cuales se especializan en la producción de carne y huevos. Esta situación amenaza de manera severa la extinción de las razas locales tradicionales (Moula et al. 2014), las cuales han sido la base para establecer las líneas comerciales, y con ello la pérdida de características de resistencia y adaptación al medio rural (Alemu & Tadelle 1997; Zaragoza et al. 2013). Según (FAO 2006) alrededor del 40% de las razas aviares no se encuentran inventariadas (Besbes, O & Zeevi 2009). Por lo que en la presente investigación se lleva a cabo la caracterización faneróptica de las gallinas de campo de Ecuador, tomando en consideración los diferentes sistemas agroecológicos en los que se producen, (Dana, N. et al. 2011), (Kingori, Wachira & Tuitoek 2010), (Caballes et al. 2012) de tal manera que se evalúe la situación de los recursos locales que no se encuentran identificados y que pueden ser económicamente rentables.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se registraron las características fanerópticas de un total de 234 aves: 207 gallinas (84,84%) y 37 gallos (15,16%). De la Región Sierra: Bolívar (31), Chimborazo (70), Tungurahua (35), Cotopaxi (32); de la Región Costa: Guayas (28); y de la Región Amazónica: Morona Santiago (38). Estas Regiones representan las diferentes zonas agroecológicas de Ecuador, es importante mencionar que las 25 localidades consideradas fueron tomadas en cuenta según el último Censo agropecuario 2010. Las aves estudiadas pertenecían a 50 productores que se dedican a la actividad avícola de traspaso, es decir, para autoconsumo y venta local. Se consideró que no exista relación genética entre productores. Las características fanerópticas se obtuvieron mediante observación directa y se anotaron en un fichero es-

tructurado que incluyó localización georreferenciada e información del productor. Las variables cualitativas registradas para cada gallina fueron: tipo de cresta, presencia o ausencia de plumas en el cuello, color de la piel, color y tipo de plumas en el cuerpo.

Los datos se procesaron con el programa estadístico SPSS versión Statistic 19. Para determinar la dispersión de los datos se obtuvieron las frecuencias para cada variable; además se realizó la prueba Chi-cuadrado de Pearson y la V de Cramer que es una corrección aplicada al coeficiente Chi Cuadrado, lo cual permite obtener un índice con valor máximo igual a 1 (que indica la mayor asociación entre variables) o un valor mínimo de 0 (que indica NO asociación). Se consideró un valor de $P < 0,05$ para las diferencias significativas.

RESULTADOS

El color del plumaje, tipo de cresta, color de piel y presencia de plumas en el cuello presentan diferencias estadísticas significativas ($P < 0,05$) entre provincias y parroquias. Para el color del plumaje se observa una asociación lineal entre sí alta para las provincias y media para las parroquias **Tabla I**. En cuanto al tipo de cresta y color de piel presentan un grado de asociación lineal medio para las provincias y alto para las parroquias. Para la variable presencia de plumas en el cuello el grado de asociación lineal entre las provincias y parroquias es medio **Tabla I**.

En Bolívar se obtuvo los mayores valores de la mediana para la parroquia Chimbo referente a color de plumas, tipo de cresta, color de piel y presencia de plumas en el cuello 6,50; 1,00; 1,00; 1,00 respectivamente; así también en Chimborazo la parroquia Pallatanga con 11,00; 1,00; 3,00; 1,00; en Bucay que pertenece a Guayas 7,00; 1,00; 2,00; 1,00; Tisaleo - Tungurahua 11,00; 1,00; 3,00; 1,00; Cotopaxi localidad Pujilí con 7,00; 1,00; 1,50; 1,00 y Morona Santiago - Sinaf con 10,00; 1,00; 2,00; 1,00 respectivamente, **Tabla II**.

Las variables fanerópticas estudiadas no presentaron diferencias significativas entre macho y hembra, por lo que las frecuencias se describen de manera general para ambos sexos. El color de plumaje es muy variado (**Tabla III**). El marrón café es el más común

Tabla I. Características fanerópticas en gallinas criollas del Ecuador (Morphometric characteristics in Creole chickens of Ecuador).

	Variable	Chi-Square Tests Value	df	Asymptotic Significance (2-sided)	Cramer's V Value	Approximate Significance
Provincia	Color de plumas	322,357 ^a	90	0,000	0,514	0,000
	Tipo de cresta	95,021 ^a	15	0,000	0,360	0,000
	Color de piel	115,133 ^a	20	0,000	0,343	0,000
	Presencia de plumas en cuello	31,345 ^a	5	0,000	0,358	0,000
Parroquia	Color de plumas	853,536 ^a	432	0,000	0,441	0,000
	Tipo de cresta	165,549 ^a	72	0,000	0,503	0,000
	Color de piel	456,763 ^a	96	0,000	0,654	0,000
	Presencia de plumas en cuello	46,924 ^a	24	0,003	0,439	0,003

Tabla II. Valores de la mediada para las características fanerópticas en gallinas criollas del Ecuador (Morphometric characteristics in Creole chickens of Ecuador).

Provincia	Parroquia	Color de plumas	Tipo de cresta	Color de piel	Presencia de plumas en cuello
Bolívar	Echeandía	4,00	2,00	1,00	1,00
	San Pablo	5,50	1,00	1,00	1,00
	Chimbo	6,50	1,00	1,00	1,00
Chimborazo	Columbe	6,00	1,00	1,00	1,00
	Nabuzo	6,00	1,00	1,00	1,00
	Pallatanga	11,00	1,00	3,00	1,00
	Licto	10,00	1,00	2,00	1,00
	Chambo	6,00	1,00	3,00	1,00
	Guano	7,00	1,00	4,00	1,00
Guayas	Bucay	7,00	1,00	2,00	1,00
	San Vicente	3,00	1,00	3,00	1,00
Tungurahua	Pellileo	6,50	1,00	1,00	1,00
	Tisaleo	11,00	1,00	3,00	1,00
	Ambato	7,00	1,00	1,00	1,00
	Baños	7,00	1,00	3,00	1,00
	Santa Cecilia	7,00	1,00	1,00	1,00
Cotopaxi	Pujilí	7,00	1,00	1,50	1,00
	Paolo	6,00	1,00	1,00	1,00
	Salcedo	4,50	1,00	2,00	1,00
	Saguasillí	7,00	1,00	3,00	1,00
Morona Santiago	Sevilla Don Bosco	6,00	1,00	3,00	1,00
	Morona	3,00	1,00	3,00	1,00
	Sinal	10,00	1,00	2,00	1,00
	Tres marías	15,00	1,00	1,00	1,00
	Sevilla de Oro	6,00	4,00	2,00	1,00

(17,21%), seguido del jaspeado con (16,80%), negro con (14,34%) y por último barrado con (10,25%). Otros colores frecuentes que se presentan en menor cantidad son amarillo entero, colores combinados amarillo-negro-verde; café-negro, negro-amarillo, amarillo-café, blanco, marrón negro, negro rojizo, gris, multicolor, negro verdoso, pardo, blanco con gris, amarillo-gris, negro-naranja, blanco con negro, anaranjado negro. La forma más frecuente de las crestas fue la sencilla con (76,74%), seguida de la tipo nuez (8,20%). La piel de las aves presentó una coloración amarilla en la mayoría de los casos (52,46%), la presencia blanca y rosada también fueron registradas con (27,87%) y (13,11%) respectivamente y en menor frecuencia la blanca-amarilla (6,15%) y negra (0,41%). El mayor porcentaje de los animales presenta emplumado de tipo normal (94,26%), y (5,74 %) de cuello desnudo.

DISCUSIÓN

El color del plumaje de las gallinas criollas del Ecuador, presentan una alta variabilidad fenotípica que caracteriza a las aves locales (McAinsh et al. 2004), por la manifestación de diferentes tipos de tonalidades e innumerables combinaciones de colores que deriva de la presencia de genes multialélicos (Tadelle, D., Alemu & Peters 2000), (Jauregui et al. 2012), con diferentes

efectos e interacciones entre ellos (Periquet 1997), que las diferencian de las líneas comerciales y razas. En el presente estudio, el color marrón predomina de forma similar a lo observado con las aves de Bostwana (Badubi, Rakereng & Marumo 2006), seguido del color negro (14%) producto de la expresión del gen "E" y sus alelos con dominancias relativas (Smith 1990), lo que difiere a lo observado por (Zaragoza et al. 2013) en poblaciones de gallinas en México que presentaron 35% plumaje negro; 35,6% jaspeado; pero coincide con las aves de Ecuador en coloraciones como el barrado y blanco; además la variedad de coloraciones se deben a la presencia de las eumelaninas responsables del color negro y azul-grisáceo, y las feomelaninas del rojo, pardo y leonado que son producto de la expresión de diversos genes (Smith 1990), (Jauregui et al. 2012), los cuales son visibles en las aves analizadas, en frecuencias relativamente bajas de 6 a 0,42% (Crawford 1990). Es por ello que los productores prefieren gallinas de diferentes matices que pueden estar afines con una dilución entre los genes locales con los establecidos mediante razas comerciales (Juárez 1995), (Tadelle, Dessie & Ogle 1996), (TEKETEL 1986), (Dana, Nigussie et al. 2010), (Kingori, Wachira & Tuitoek 2010).

Las gallinas de campo en el Ecuador han pasado a ser un acervo cultural, religioso y social que juegan un

EFECTO SOCIOECONÓMICO SOBRE LAS CARACTERÍSTICAS FANERÓPTICAS DE GALLINAS AUTÓCTONAS DE ECUADOR

rol importante dentro de la economía de los productores de traspatio; la demanda insatisfecha que existe en el mercado nacional de carne y huevos (proteína de alto valor biológico) con características organolépticas diferentes, al que presentan las líneas comerciales producidas bajo sistemas intensivos; brindan la pauta para solventarla, mediante la producción animal a pequeña escala, con el uso de insumos ecológicos locales. Desde el punto de vista cultural, las mejores aves son comercializadas para la alimentación en diferentes celebraciones que se ofrecen en los sectores rurales; así como los huevos de campo, llamados huevos de "gallo y gallina", son cotizados para el uso en medicina tradicional (saberes ancestrales) como para el consumo fuera y dentro de la ciudad. Por lo que la producción de aves de traspatio, es una alternativa factible para producir proteína asequible de origen animal, debido al tamaño que facilita el manejo de las aves, así como la adaptación al medio ambiente en el cual se explota, lo que da paso a una alta variabilidad genética y por ende faneróptica.

La actividad pecuaria de traspatio es ejecutada en un 90% por el matriarcado, es decir madres de familia, que a más de ejercer las gestiones del hogar "amas de casa", generan ingresos económicos emergentes, ya que cada unidad es vendida a 0,25 centavos de dólar, mientras que un huevo de gallina comercial oscila entre 0,12 a 0,15 según la oferta y demanda; las dos actividades avícolas presentan excelentes rendimientos económicos, más aun las gallinas de traspatio, cuyo

sistema de producción es sostenido con especies forrajeras y alimentos alternativos y un manejo con bajo riesgo; por lo tanto desarrollan un papel fundamental en la seguridad y soberanía alimentaria del Ecuador.

Las entidades de gobierno y ONG's como parte del incentivo a la producción pecuaria, con el fin de evitar el abandono del campo, han fomentado aproximadamente hace más de 7 años, dicha actividad mediante la ejecución de programas Asociativos con productores zonales; quienes son acreedores a un número determinado de aves de líneas comerciales como la Lohmann Brown e Isa Brown (huevos), Campero INTA (Pío pío - finquero), etc; así como también razas introducidas como la Araucana y otras más, que son producidas bajo un sistema extensivo en cada hogar; todos éstos procesos se han realizado sustituyendo los genotipos avícolas locales.

El censo avícola del 2006 realizado por el MAGAP, AGROCALIDAD y CONAVE, identificó cerca de 1570 entre pequeños, medianos y grandes avicultores, sin considerar la avicultura familiar o de traspatio (El Agro 2013). Por otro lado se registraron 10 millones de gallinas en planteles avícolas durante el 2012, mientras que las criadas en campo registraron una existencia de 4,7 millones, (Censos 2012); lo que significa, que la información sobre la avicultura de traspatio es muy escasa, impidiendo de esta manera conocer las características y el manejo de estas aves en las distintas regiones del país (Enríquez Torres 2015).

La presencia de plumaje en el cuello que se encuentra en la mayoría de las aves muestreadas, está relacionada a la interacción genotipo x ambiente descrita por (Santoni et al. 2000), (Ali, Ahmed & Aly 2003), ya que las bajas temperaturas provocarían la presencia de plumas a nivel de cuello para conservar el calor. Mientras que la ausencia de plumaje estaría asociado al gen Na, siendo el resultado de los procesos de adaptación a pisos climáticos bajos con temperatura ambiental y humedad relativa superior, la fisiología del animal debe adaptarse, por lo que las frecuencias genéticas variarían, según el medio ambiente en el que se encuentre, como medida a mantener la temperatura corporal (termorregulación) (Hill, Hill & McGraw 2006), (Protas & Patel 2008), (Horst & Mathur), tal como describe (Zaragoza et al. 2013) en las regiones altas de Chiapas de México.

En las gallinas de campo del Ecuador se observó la presencia de tipo de la cresta en su mayoría sencilla (rrpp) que coincide con los estudios realizados en la gallina de cuello desnudo en Guatemala y (Zaragoza et al. 2013) en México, así como también en las gallinas de Nigeria (Apuno, Mbap & Ibrahim 2011). La cresta es importante, por ser una vía para la pérdida de calor en las aves (Van Kampen 1974) e>, (Ibe 1993), por lo que a mayor tamaño se garantiza un medio eficiente para la disipación del calor.

La manifestación de la piel amarilla en las aves de Ecuador se presentó en mayor frecuencia, lo que difiere con aves de Guatemala (Jauregui et al. 2012) y también con aves México (Zaragoza et al. 2013); desde el punto de vista genético el color amarillo de la piel viene determinado por el gen "piel amarilla" -w-. El

Tabla III. Color del plumaje de la gallina gallinas criollas del Ecuador (Colour of the plumage in Creole chickens of Ecuador).

Pluma	Frecuencia
Amarilla	2.87
Amarillo, Negro, Verde	0.41
Negro	14.34
Café, Negro	6.56
Negro Amarillo	3.69
Marrón Café	17.21
Jaspeado	16.00
Barrado	10.25
Amarillo Café	0.41
Blanco	6.15
Marrón Negro	4.10
Negro Rojizo	4.51
Gris	1.23
Multicolor	0.82
Negro Verdoso	1.23
Pardo	4.10
Blanco Con Gris	1.23
Amarillo Con Gris	0.82
Negro Con Naranja	0.41
Blanco Con Negro	0.82
Anaranjado Negro	2.05
Total	100

homocigoto recesivo (ww) provoca piel amarilla, mientras que el homocigoto dominante (WW) da lugar a gallinas de piel blanca, con efectos sobre pico y tarsos (Jauregui et al. 2012). Como efecto medio ambiental la coloración de la piel puede ser producto de la alimentación suministrada (manejo), a base de pastos y forrajes principalmente de alfalfa (*Medicago sativa*) que contiene de 400-500 mg/kg de materia seca de xantofilas, con efecto colorante en los tejidos, piel, músculo y tarsos (RAGHAVAN 2002); también existen otros factores que pueden influir en el color de la piel como el grado de penetración de genes diferentes provenientes de aves que fueron introducidas (Ca, Aja & Segura 2000).

CONCLUSION

Las aves de Ecuador estudiadas son poblaciones heterogéneas con gran variabilidad en características fenotípicas. Los rasgos que predominan son: el plumaje color marrón, posiblemente por la influencia de líneas comerciales; el color negro puede estar asociado a las preferencias culturales tanto de los productores como de los consumidores; además las diferentes tonalidades presentadas, son características que sirven como medio de camuflaje contra los depredadores. Se manifiesta en su mayoría cresta simple, presencia de plumaje en todo el cuerpo (termorregulación) y piel amarilla, lo que favorece el consumo de carne, ya que los consumidores relacionan calidad con color amarillo. El precio de huevo de "gallo y gallina", tiene un costo en el mercado que a pesar de ser mayor al de la gallina comercial, sigue siendo accesible y con excelente aceptación en el mercado, constituyendo una oportunidad para fomentar e incrementar la producción de traspatio y por ende favorece la conservación de los recursos genéticos, cuyos animales presentan cualidades de resistencia a condiciones ambientales, eficiencia productiva, que forman parte de la biodiversidad mundial, que hoy día se ve afectada.

AGRADECIMIENTOS

A la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo, Carrera de Zootecnia, así como también al grupo AGR18 Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba. Y de manera especial a todos los productores de traspatio del Ecuador, que nos permitieron realizar varias visitas a sus explotaciones.

BIBLIOGRAFÍA

- Alemu, Y & Tadelle, D 1997, 'The status of poultry research and development in Ethiopia, research bulletin No. 4, poultry commodity research program Debrezeit Agricultural research center', Alemaya University of agriculture, Ethiopia, vol. 62.
- Ali, BA, Ahmed, MMM & Aly, OM 2003, 'Relationship between genetic similarity and some productive traits in local chicken strains', *African Journal of Biotechnology*, vol. 2, no. 2, pp. 46-7.
- Apuno, AA, Mbap, ST & Ibrahim, T 2011, 'Characterization of local chickens (*Gallus gallus domesticus*) in shelling and song local government areas of Adamawa State, Nigeria', *Agriculture and Biology Journal of North America*, vol. 2, no. 1, pp. 6-14.
- Badubi, SS, Rakereng, M & Marumo, M 2006, 'Morphological characteristics and feed resources available for indigenous chickens in Botswana', *Livestock Research for Rural Development*, vol. 18, no. 1, pp. 203-11.
- Besbes, B 2009, 'Genotype evaluation and breeding of poultry for performance under sub-optimal village conditions', *World's Poultry Science Journal*, vol. 63, no. 2, pp. 260-71.
- Besbes, O & Zeevi, A 2009, 'Dynamic pricing without knowing the demand function: Risk bounds and near-optimal algorithms', *Operations Research*, vol. 57, no. 6, pp. 1407-20.
- Ca, J, Aja, M & Segura, CJ 2000, 'Rasgos de apariencia fenotípica en la avicultura rural de los municipios de la Ribera del Lago de Patzcuaro, Michoacan, Mexico', *Livestock Research for Rural Development*, vol. 12, p. 1.
- Cabarrés, JC, Lambio, AL, Vega, SA, Capitan, SS & Mendioro, MS 2012, 'Distinct morphological features of traditional chickens (*Gallus gallus domesticus* L.) in Western Visayas, Philippines', *Animal Genetic Resources/Recursos genéticos animales/Recursos genéticos animales*, vol. 31, pp. 73-87.
- Censos, INDEY 2012 'Encuesta de Superficie y Producción Agropecuaria Continua'.
- Crawford, RD 1990, *Poultry breeding and genetics*.
- Dana, N, Dessie, T, van der Waaij, LH & van Arendonk, JA 2010, 'Morphological features of indigenous chicken populations of Ethiopia', *Animal Genetic Resources/Recursos genéticos animales/Recursos genéticos animales*, vol. 46, pp. 11-23.
- Dana, N, Megens, HJ, Crooijmans, RP, Hanotte, O, Mwacharo, J, Groenen, MA & van Arendonk, JA 2011, 'East Asian contributions to Dutch traditional and western commercial chickens inferred from mtDNA analysis', *Anim Genet*, vol. 42, no. 2, pp. 125-33.
- El Agro, R 2013, 'Análisis de la avicultura ecuatoriana', *Revista ElAgro*.
- Enriquez Torres, MR 2013, 'Evaluación de dos sistemas de alimentación de tres tipos de alimentos en aves de traspatio Caupechú III, Pichincha 2013'.
- FAO 2006, 'A Strategic Approach for Conservation and Continued Use of Animal Genetic Resources', *Fourth Session of ITWG for Animal GRFA*, FAO, Rome.
- FAOSTAT (2007), 'Statistical database. Accessible online at, FAOSTAT, no. <http://faostat.fao.org>.
- Hill, GE, Hill, GE & McGraw, KJ 2006, *Bird coloration: mechanisms and measurements*, vol. 1, Harvard University Press.
- Horst, P & Mathur, PK 'Feathering and adaptation to tropical climates', in vol. 2, pp. 79-82.
- Ibe, SN 1993, 'Growth performance of normal frizzle and naked-neck chickens in a tropical environment', *Nigerian Journal of Animal Production*, vol. 20, no. 1, pp. 25-31.
- Jauregui, R, Flores, H, Sagastume, L, Vasquez, L, Oliva, M & Sandoval, R 2012, 'Caracterización de la Gallina del Cuello Desnudo (*Gallus domesticus nudicollis*), en la Región Chorti de Guatemala', *Universidad de San Carlos de Guatemala*.
- Juárez, CA 1995, 'Producción de huevo, calidad de cascarón y balance de calcio en gallinas criollas de cuello desnudo (Na)', *Rev. Los Avicultores y su Entorno*, México, vol. 1, no. 1, pp. 20-2.
- Kingori, AM, Wachira, AM & Tuitok, JK 2010, 'Indigenous chicken production in Kenya: A review', *International Journal of Poultry Science*, vol. 9, no. 4, pp. 309-16.
- McAinsh, CV, Kusina, J, Madsen, J & Nyoni, O 2004, 'Traditional chicken production in Zimbabwe', *World's Poultry Science Journal*, vol. 60, no. 2, pp. 233-46.
- Moula, N, Philippe, F-X, Moussiaux, NA, Leroy, P & Michaux, C 2014, 'Estimation of inbreeding rates and extinction risk of forty one belgian chicken breeds in 2005 and 2010', *Archivos de Zootecnia*, vol. 63, no. 242, pp. 389-92.
- Periquet, JC 1997, 'Races de poulets, de l'élevage, produits d'hygiène et de santé', *Edition Broché*.
- Protas, ME & Patel, NH 2008, 'Evolution of coloration patterns', *Annual review of cell and developmental biology*, vol. 24, pp. 425-46.
- RAGHAVAN, V 2002, 'Avicultura Profesional', vol. Volumen no. 20 págs., pp. 14-6.

EFECTO SOCIOECONÓMICO SOBRE LAS CARACTERÍSTICAS FANERÓPTICAS DE GALLINAS AUTÓCTONAS DE ECUADOR

- Santoni, S, Faivre-Rampant, P, Prado, E & Prat, D 2000, 'Resources génétiques', *Cahiers Agricultures*, vol. 9, pp. 311-27.
- Smith, AJ 1990, *Poultry-Tropical Agriculturist series*. CTA, Macmillan Publishers, London.
- Tadelle, D, Alemu, Y & Peters, KJ 2000, 'Indigenous chickens in Ethiopia: genetic potential and attempts at improvement', *World's Poultry Science Journal*, vol. 56, no. 1, pp. 45-54.
- Tadelle, D & Ogle, B 1996, 'Studies on scavenging poultry production system in Central Highlands of Ethiopia', *MS cThesis*, presented Swedish University of Agricultural Sciences, Sweden.
- TEKETEL, F 1986, 'Studies on the meat production potential of some local strains of chickens in Ethiopia', *Ph.D. Thesis*, J.L. University of Giessen, 210 pp.
- Van Kampen, M 1974, 'Physical factors affecting energy expenditure', *Energy requirements of Poultry*, pp. 47-59.
- Zaragoza, ML, Rodríguez, H, Hernández, Z, Perezgravas, GR, Martínez, C & Méndez, E 2013, 'Characterization of hens Batsi Alak in the highlands of southeast Mexico', *Archivos de Zootecnia*, vol. 62, no. 239, pp. 321-32.



1 Article

2 **Deciphering the patterns of genetic admixture and**
3 **diversity in the Ecuadorian creole chicken**4 **Paula Alexandra Toalombo Vargas¹, José Manuel León³, Luis Rafael Fiallos Ortega⁵, Amparo**
5 **Martínez^{2,4}, Alex Arturo Villafuerte Gavilanes¹, Juan Vicente Delgado² and Vincenzo Landi^{2,4*}**6 ¹ Escuela Superior Politécnica de Chimborazo, Panamericana Sur Km 1 ½, Riobamba, Ecuador;7 paulasol37@yahoo.es, luisfior@yahoo.es; dralexvillafuerte@hotmail.com8 ² Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, 14071 Córdoba, Spain;9 jomalejur@yahoo.es; amparomartinezuco@gmail.com; jdidebejuco@landivincenzoahoo.it10 ³ Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14071 Córdoba, Spain.11 jomalejur@yahoo.es.12 ⁴ Animal Breeding Consulting sl., C/ Astrónoma Cecilia Payne, ID-1, 8 – PE, Rabanales 21, 14014 Córdoba,13 Spain; amparomartinezuco@gmail.com; landivincenzoahoo.it

14

15 * Correspondence: landivincenzo@yahoo.it; Tel.: (+34-630639439)

16 Received: date; Accepted: date; Published: date

17 **Simple Summary:** In Ecuador, the production of Creole chicken is of crucial importance in the
18 economy and nutrition of families. These chickens represent a focal point in scientific research for
19 three main reasons: 1) they are an unknown genetic resource derived from 500 years of
20 environmental and human selection and represent an important reservoir of genetic variability and
21 adaptability; 2) Creole chicken production is normally familiar, in a marginal dimension, and it is
22 an important source of economic input for medium-low income communities; and 3) being a local
23 genetic resource, is available to local communities without intermediary international enterprises
24 and represents the starting point for food sovereignty. We aimed to measure the level of genetic
25 diversity and its phylogenetic position compared with other outgroup breeds using information
26 from microsatellite and mitochondrial markers. Our results showed that these chicken populations
27 represent a great reservoir of genetic variability; however, the genetic fragmentation owing to the
28 high geographical diversity of the country could compromise the conservation status and therefore,
29 the establishment of an official breeding program is needed for the conservation and valuation of
30 these avian populations with this genetic characterization being a first step.

31 **Abstract:** Latin American creole chickens are generally not characterized; this is the case in Ecuador,
32 where the lack of scientific information is contributing to their extinction. Here, we developed a
33 characterization of the genetic resources of Ecuadorian chickens located in three continental
34 agroecosystems (Pacific coastal, Andean, and Amazonian). Blood samples of 234 unrelated animals
35 were collected in six provinces across Ecuador: Bolívar, Chimborazo, Cotopaxi, Guayas, Morona
36 Santiago, and Tungurahua to perform a genetic characterization and population structure
37 assessment using the AVIANDIV project microsatellites panel (30 loci) and D-loop sequences of
38 mitochondrial DNA and comparing with reference data from other breeds or genetic lines. Results
39 indicate that Ecuadorian creole chickens are the result of the admixture of different genetic groups
40 which occurred during the last five centuries. While the influence of South Spanish breeds is
41 demonstrated in the colonial age, genetic relationships with other breeds cannot be discarded
42 (Leghorn, Spanish fighter cock). The geographical configuration of the country and extreme climate
43 variability has influenced the genetic isolation of groups constituting a homogeneous genetic status
44 into the whole population. This is not only a source of genetic variation, but also a critical point
45 because genetic drift produces a loss of genetic variants.

46 **Keywords:** Creole chicken; Microsatellites markers, D-loop, conservation

47

48 1. Introduction

49 In Ecuador, the creole chicken is an important genetic resource utilized in backyard productions
50 being part of the traditional diet and an important economic resource for families. The meat and eggs
51 of these birds have a high nutritional value accessible to the entire population owing to its low
52 purchasing power. According to the National Finance Corporation, in 2016, after conducting an
53 economic analysis of poultry production in Ecuador, it was indicated that between 2013 and 2016 the
54 raising of field poultry decreased by 27% while an increase in the industrial rearing system was
55 observed [1] drawing attention to the need for the study and characterization of the creole chicken
56 population.

57 The origin of the Creole chicken in the American continent is still controversial; current Creole
58 chickens derive from the introduction of European animals during the Spanish colonization in the
59 15th century [2]. According to other authors however, the chicken already existed in pre-Columbian
60 civilization. This theory would be confirmed by one record in which Francisco Pizarro [3] describes
61 the presence of the chicken in previously unknown indigenous settlements and by the presence, in
62 all the South American continent, of animals producing blue colored eggs, typical of the Asian
63 germplasm [4].

64 The arrival of chickens from Polynesia is supported by different hypotheses. According to some
65 authors, the relative geographic proximity between Chile and the archipelagos of the Pacific, could
66 justify some type of commerce [5-7].

67 Probably the current population is therefore, the result of different admixture events, including
68 the introduction of the industrial genetic types in recent times as can be observed by the extreme
69 phenotypic variability.

70 These populations represent an important example of adaptation to different climates. In fact,
71 Ecuador presents drastically changing climatic and orographic conditions (Alpine in the Andean
72 region, tropical in the eastern region, and subtropical in the coastal area) within a few kilometers
73 ranging from a few meters above sea level with very high levels of temperature and moisture to the
74 central region at more than 4000 meters above sea level with a cold and dry environment.

75 The adaptation of the local populations of chickens to these extreme environmental conditions
76 on the one hand ensures a source of protein in the nutrition of the family, and on the other, offers a
77 source of genetic richness to develop the new trends in sustainable free-range avian production
78 systems respecting the welfare of animals.

79 Currently, these animals are at a permanent risk of extinction because of the lack of serious
80 scientific studies regarding their characterization which could support their general recognition.
81 According to Alderson [8], the knowledge of the characteristics of populations is the first step in
82 conservation programs. The absence of information about the status of genetic variability along with
83 the absence of governmental or private breeding plans, and the introduction of industrial genetic
84 types in the country are critical factors that threaten these traditional populations. This situation is
85 similar to that described in other countries in the region [9]. In the present study, we used two genetic
86 tools widely employed [10-14] in the methodology of investigating the genetic variability and the
87 genetic relationship among populations in several species. First, 30 microsatellite markers were used
88 to determine the population structure and variability and then, the sequence of the D-loop region of
89 mitochondrial DNA was used to identify different lineages that could demonstrate the hypothesis of
90 multiple origins of the Ecuadorian chickens with a view to develop the basic framework for the
91 conservation, valuation, and general recognition of these populations.

92

93 2. Materials and Methods**94 2.1 Ethics Statement**

Gjhgjhgh

ANEXO: Muestras de Gallinas de Ecuador analizadas en el Laboratorio de Genética Molecular Aplicada.

NLAB	Nombre	Identificación	SEXO	Muestra	Observaciones	Estado de Análisis (microsatélites)	Estado de Análisis (mitocondrial)
917706	ECHEANDIA	P1#1	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917707	ECHEANDIA	P1#2	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917708	ECHEANDIA	P1#3	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917709	ECHEANDIA	P1#4	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917710	ECHEANDIA	P1#5	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917711	ECHEANDIA	P1#7	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917712	ECHEANDIA	P1#8	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917713	ECHEANDIA	P1#9	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917714	ECHEANDIA	P1#10	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917715	ECHEANDIA	P2#1	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917716	ECHEANDIA	P2#2	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917717	ECHEANDIA	P2#3	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917718	ECHEANDIA	P2#4	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917719	ECHEANDIA	P2#5	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917720	ECHEANDIA	P2#6	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917721	ECHEANDIA	P2#7	M	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917722	ECHEANDIA	P2#8	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917723	ECHEANDIA	P2#9	M	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917724	ECHEANDIA	P2#10	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917725	ECHEANDIA	P2#11	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917726	ECHEANDIA	P2#12	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917727	SAN PABLO	3.4.1	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917728	SAN PABLO	3.5 UNICA	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917729	SAN PABLO	2.1 NEGRA	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917730	SAN PABLO	2.2 NEGRA	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917731	SAN PABLO	3.1 NEGRA	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917732	SAN PABLO	3.4.2	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917733	SAN PABLO	SAN PABLO	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917734	SAN PABLO	3.2	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917735	CHIMBO	2.1 NEGRA	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917736	CHIMBO	#2 NEGRA	M	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917737	CHIMBO	#CHIMBO	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917738	CHIMBO	2.2	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917739	CHIMBO	#3	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917740	CHIMBO	2.3	H	Sangre/Papel	BOLIVAR (1)	Entregado	Entregado
917741	COLUMBE	#1 SANTA FE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917742	COLUMBE	#2 SANTA FE	M	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917743	COLUMBE	#3 SANTA FE	M	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917744	COLUMBE	#4 SANTA FE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917745	COLUMBE	#5 SANTA FE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917746	COLUMBE	#6 SANTA FE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917747	COLUMBE	#7 SANTA FE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917748	COLUMBE	#8 SANTA FE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917749	COLUMBE	#1 PUCARA	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917750	COLUMBE	#2 PUCARA	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917751	COLUMBE	#3 PUCARA	M	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917752	COLUMBE	#4 PUCARA	M	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917753	COLUMBE	#5 PUCARA	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado

NLAB	Nombre	Identificación	SEXO	Muestra	Observaciones	Estado de Análisis (microsatélites)	Estado de Análisis (mitocondrial)
917754	COLUMBE	#6 PUCARA	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917755	COLUMBE	#7 PUCARA	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917756	COLUMBE	#8 PUCARA	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917757	COLUMBE	#9 PUCARA	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917758	COLUMBE	#1 COLUMBE CENTRO	M	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917759	COLUMBE	#2 COLUMBE CENTRO	M	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917760	COLUMBE	#3 COLUMBE CENTRO	M	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917761	COLUMBE	#4 COLUMBE CENTRO	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917762	COLUMBE	#5 COLUMBE CENTRO	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917763	NABUZO-PENIPE	GALLINA #1	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917764	NABUZO-PENIPE	GALLINA #2	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917765	NABUZO-PENIPE	GALLINA #3	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917766	NABUZO-PENIPE	GALLINA #4	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917767	NABUZO-PENIPE	GALLINA #5	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917768	NABUZO-PENIPE	GALLINA #6	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917769	NABUZO-PENIPE	GALLINA #7	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917770	NABUZO-PENIPE	GALLINA #8	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917771	NABUZO-PENIPE	GALLINA #9	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917772	NABUZO-PENIPE	GALLINA #10	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917773	NABUZO-PENIPE	GALLINA #11	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917774	NABUZO-PENIPE	GALLINA #12	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917775	NABUZO-PENIPE	GALLINA #13	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917776	NABUZO-PENIPE	GALLINA #14	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917777	NABUZO-PENIPE	GALLINA #15	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917778	NABUZO-PENIPE	GALLINA #16	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917779	NABUZO-PENIPE	GALLINA #17	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917780	NABUZO-PENIPE	GALLINA #18	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (2)	Entregado	Entregado
917781	BUCA Y	#7	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917782	BUCA Y	#18	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917783	BUCA Y	#23	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917784	BUCA Y	#29	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917785	BUCA Y	#29	M	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917786	BUCA Y	#34	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917787	BUCA Y	#42	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917788	BUCA Y	#43	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917789	BUCA Y	#46	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917790	BUCA Y	#49	M	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917791	BUCA Y	#50	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917792	SAN VICENTE-CUMANDA	#5/N 1	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917793	SAN VICENTE-CUMANDA	#5/N 2	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917794	SAN VICENTE-CUMANDA	#5/N 3	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917795	SAN VICENTE-CUMANDA	#5	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917796	SAN VICENTE-CUMANDA	#6	M	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917797	SAN VICENTE-CUMANDA	#22	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917798	SAN VICENTE-CUMANDA	#25	M	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917799	SAN VICENTE-CUMANDA	#27	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917800	SAN VICENTE-CUMANDA	#31	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917801	SAN VICENTE-CUMANDA	#34	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917802	SAN VICENTE-CUMANDA	#43	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado

NLAB	Nombre	Identificación	SEXO	Muestra	Observaciones	Estado de Análisis (microsatélites)	Estado de Análisis (mitocondrial)
917803	SAN VICENTE-CUMANDA	#51	M	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917804	SAN VICENTE-CUMANDA	#56	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917805	PALLATANGA	#2	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917806	PALLATANGA	#4	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917807	PALLATANGA	#12	M	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917808	PALLATANGA	#20	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917809	PALLATANGA	#48	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917810	PALLATANGA	#52	H	Sangre/Papel	GUAYAS (3)	Entregado	Entregado
917811	PENIPE-NABUZO	#01 NAGOZO-PENIPE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917812	PENIPE-NABUZO	#04 NAGOZO-PENIPE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917813	PENIPE-NABUZO	#06 NAGOZO-PENIPE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917814	PENIPE-NABUZO	#07 NAGOZO-PENIPE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917815	PENIPE-NABUZO	#10 NAGOZO-PENIPE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917816	PENIPE-NABUZO	#03 NABUZO-PENIPE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917817	PENIPE-NABUZO	#08 NABUZO-PENIPE	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917818	UCTO	GALLO 1	M	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917819	UCTO	2	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917820	UCTO	5	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917821	UCTO	6	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917822	UCTO	7	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917823	UCTO	8	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917824	UCTO	9	M	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917825	UCTO	10	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917826	UCTO	23	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917827	UCTO	24	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917828	CHAMBO	#1	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917829	CHAMBO	#2	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917830	CHAMBO	#3	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917831	CHAMBO	#4	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917832	CHAMBO	#5	M	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917833	CHAMBO	#6	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917834	CHAMBO	#7	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917835	CHAMBO	#8	M	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917836	GUANO	#1	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917837	GUANO	#2	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917838	GUANO	#3	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917839	GUANO	#4	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917840	GUANO	#5	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917841	GUANO	#6	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917842	GUANO	#7	H	Sangre/Papel	CHIMBORAZO (4)	Entregado	Entregado
917843	PELILEO	ZH1	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917844	PELILEO	ZH2	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917845	PELILEO	ZH3	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917846	PELILEO	ZH8	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917847	PELILEO	ZH16	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917848	PELILEO	ZH21	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917849	PELILEO	ZH36	M	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917850	PELILEO	ZH55	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917851	PELILEO	ZH80	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado

NLAB	Nombre	Identificación	SEXO	Muestra	Observaciones	Estado de Análisis (microsatélites)	Estado de Análisis (mitocondrial)
917852	PELILEO	S/N	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917853	TISALEO	ZH8	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917854	TISALEO	ZH9	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917855	TISALEO	ZH20	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917856	TISALEO	ZH23	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917857	TISALEO	ZH31	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917858	TISALEO	ZH34	M	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917859	TISALEO	ZH37	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917860	TISALEO	ZH60	M	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917861	AMBATO	S/N	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917862	AMBATO	ZH19	M	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917863	AMBATO	ZH29	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917864	AMBATO	ZH39	M	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917865	AMBATO	ZH39	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917866	AMBATO	ZH64	M	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917867	AMBATO	ZH68	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917868	BAÑOS	NEGRA AMARILLA	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917869	BAÑOS	NEGRA MAMA	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917870	BAÑOS	COLORADO ARISCO	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917871	BAÑOS	PICO DE LORO	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917872	BAÑOS	ZH7	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917873	BAÑOS	ZH22	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917874	BAÑOS	ZH25	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917875	BAÑOS	ZH26	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917876	BAÑOS	ZH36	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917877	SANTA CECILIA	ZH3	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917878	SANTA CECILIA	S/N	H	Sangre/Papel	TUNGURAHUA (5)	Entregado	Entregado
917879	FUJILI	#1	M	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917880	FUJILI	#2	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917881	FUJILI	#3	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917882	FUJILI	#4	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917883	FUJILI	#5	M	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917884	FUJILI	#6	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917885	FUJILI	#7	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917886	FUJILI	#8	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917887	FUJILI	#9	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917888	FUJILI	#10	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917889	FUJILI	#11	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917890	FUJILI	#13	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917891	FUJILI	#14	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917892	FUJILI	#15	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917893	POALO	#2	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917894	POALO	#3	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917895	POALO	#4	M	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917896	POALO	#5	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917897	POALO	#7	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917898	POALO	#8	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917899	POALO	#9	M	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917900	BELISARIO	N.2	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado

NLAB	Nombre	Identificación	SEXO	Muestra	Observaciones	Estado de Análisis (microsatélites)	Estado de Análisis (mitocondrial)
917901	SALCEDO	#3	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917902	SALCEDO	N#4	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917903	SALCEDO	#6	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917904	SALCEDO	7C	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917905	SALCEDO	8C	M	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917906	SALCEDO	10C	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917907	SALCEDO	5/N	M	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917908	SAQUISILI	#1	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917909	SAQUISILI	#4	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917910	SAQUISILI	3CQ	H	Sangre/Papel	COTOPAXI (6)	Entregado	Entregado
917911	SEVILLA DON BOSCO	51	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917912	SEVILLA DON BOSCO	56	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917913	SEVILLA DON BOSCO	58	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917914	SEVILLA DON BOSCO	58 NEGRA	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917915	SEVILLA DON BOSCO	510	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917916	SEVILLA DON BOSCO	511	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917917	SEVILLA DON BOSCO	513	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917918	MORONA SANTIAGO	54	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917919	SINAI	32	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917920	SINAI	52	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917921	SINAI	53	M	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917922	SINAI	54	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917923	SINAI	57	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917924	SINAI	59	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917925	SINAI	514	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917926	SINAI	515	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917927	SINAI	516	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917928	SINAI	5121	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917929	3 MARIAS	3.8	M	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917930	3 MARIAS	3.9	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917931	3 MARIAS	5.1	M	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917932	3 MARIAS	58	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917933	3 MARIAS	513	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917934	3 MARIAS	517	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917935	3 MARIAS	518	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917936	3 MARIAS	519	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917937	3 MARIAS	520	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917938	3 MARIAS	1210	M	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917939	SEVILLA DE ORO	52	M	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917940	SEVILLA DE ORO	53	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917941	SEVILLA DE ORO	54	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917942	SEVILLA DE ORO	59	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917943	SEVILLA DE ORO	59 PEQUEÑA	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917944	SEVILLA DE ORO	513	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917945	SEVILLA DE ORO	514	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917946	SEVILLA DE ORO	515	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917947	SEVILLA DE ORO	516	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917948	SEVILLA DE ORO	519	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado
917949	SEVILLA DE ORO	520	H	Sangre/Papel	MORONA SANTIAGO (7)	Entregado	Entregado



Córdoba, 2019