



Caracterización morfométrica y molecular del ganado  
de doble propósito en la provincia de Santa Elena (Ecuador)

RONALD ROBERTO CABEZAS CONGO  
CECILIO JOSÉ BARBA CAPOTE  
ANA MARÍA GONZÁLEZ MARTÍNEZ



Caracterización morfométrica y  
molecular del ganado  
de doble propósito en la provincia  
de Santa Elena (Ecuador)

Caracterización morfométrica y  
molecular del ganado  
de doble propósito en la provincia  
de Santa Elena (Ecuador)

RONALD ROBERTO CABEZAS CONGO  
CECILIO JOSÉ BARBA CAPOTE  
ANA MARÍA GONZÁLEZ MARTÍNEZ



Caracterización morfométrica y  
molecular del ganado  
de doble propósito en la provincia  
de Santa Elena (Ecuador)

© RONALD ROBERTO CABEZAS CONGO  
CECILIO JOSÉ BARBA CAPOTE  
ANA MARÍA GONZÁLEZ MARTÍNEZ  
Universidad Técnica Estatal de Quevedo

2021,  
Publicado por acuerdo con los autores.  
© 2021, Editorial Grupo Compás  
Guayaquil-Ecuador

Grupo Compás apoya la protección del copyright, cada uno de sus textos han sido sometido a un proceso de evaluación por pares externos con base en la normativa del editorial.

El copyright estimula la creatividad, defiende la diversidad en el ámbito de las ideas y el conocimiento, promueve la libre expresión y favorece una cultura viva. Quedan rigurosamente prohibidas, bajo las sanciones en las leyes, la producción o almacenamiento total o parcial de la presente publicación, incluyendo el diseño de la portada, así como la transmisión de la misma por cualquiera de sus medios, tanto si es electrónico, como químico, mecánico, óptico, de grabación o bien de fotocopia, sin la autorización de los titulares del copyright.

Editado en Guayaquil - Ecuador  
Primera edición

ISBN: 978-9942-33-508-1



Cita.

Cevallos, O., Delgado, J., Barba, C. (2021) Caracterización morfológica y molecular del bovino criollo en la provincia de Manabí (ECUADOR). Editorial Grupo Compás.

## INTRODUCCIÓN

Las estadísticas demográficas señalan que la población humana alcanzará los 9.600 millones de habitantes en el mundo para el año 2050, uno de los retos más abrumadores a los que se enfrente nuestra sociedad en la actualidad (GAP, 2013). Esta nueva realidad sociológica impondrá una mayor presión sobre la explotación de los recursos naturales en los años venideros, pues se hará necesario incrementar la producción de alimentos empleando la misma o menor superficie agrícola, al mismo tiempo que se atiendan los nuevos desafíos que ha impuesto la sociedad como son garantizar la inocuidad de los productos alimenticios y la reducción de contaminantes, así como la preservación del bienestar animal. Adicionalmente, se prevé que las posibles consecuencias del cambio climático, como las variaciones en la intensidad y frecuencia de precipitaciones y temperaturas, conlleven efectos importantes en la producción de alimentos, tanto de origen vegetal como animal.

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 América Latina y el Caribe. 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 (Bishop S C, 2011).

La degradación ambiental y la pérdida de biodiversidad son dos problemas que repercuten directamente en el bienestar humano. De hecho, es reconocida la relación existente entre pérdida de biodiversidad y pobreza; incluso la FAO reconoce la conservación de los recursos zoogenéticos como pilar de esencial importancia para la seguridad y soberanía alimentaria. Esta biodiversidad puede ser valorada atendiendo a especies o biotipos animales posibles para la utilización sustentable y colección patrimonial, pero es importante significar que, son considerados intangibles y que requieren esfuerzos adicionales por considerarse en situación vulnerable o en peligro de extinción (Hick, 2016).

Se considera que cerca del 20% de las razas de animales de granja se encuentran en peligro de extinción, con una tasa de desaparición promedio de una raza al mes, de las 7.739 poblaciones registradas en la base de datos de la FAO, 591 se han extinguido en los últimos 15 años y otras 1 500 se consideran al borde de la extinción. Unas 60 razas de vacas, cabras, cerdos, caballos y aves de corral se han



perdido en los últimos cinco años, siendo “la globalización de la industria ganadera, la mayor amenaza para la diversidad genética”. Por otra parte, el 48 por ciento de los países del mundo no tienen programas de conservación *in vivo*, y el 63 por ciento programas *in vitro* (conservación de embriones, semen u otro material genético) para poder reproducir los animales vivos en fecha posterior (FAO, 2018).

La importancia de la conservación del ganado bovino criollo radica en que constituye un recurso genético generado en el ecosistema sudamericano y en su capacidad de adaptación a lugares de condiciones extremas, con forrajes pobres y con temperaturas y humedad donde la ganadería con las razas foráneas sería insostenible. El ganado bovino criollo constituye una base importante en el desarrollo de programas de cruzamientos ya que ofrece la capacidad de aportar sus cualidades y rusticidad, contribuyendo a forjar una ganadería sustentable en lugares de condiciones hostiles (Delgado, 2000). Dentro de este contexto, el conjunto de las razas bovinas criollas constituye un recurso de gran valor para las comunidades campesinas ya que, además de representar una fuente importante de alimentos y de ingresos económicos familiares, se erige como una alternativa para el desarrollo de las poblaciones de pequeños y medianos ganaderos, sin olvidar el valor socio-cultural e histórico que este ganado atesora (Delgado, 2000).

Ecuador es uno de los países con mayor índice de biodiversidad, aunque escasamente estudiada en el caso de los animales domésticos. Estos recursos resultan esenciales para garantizar la seguridad y la soberanía alimentaria de la población (MAE, 2017). No obstante, los últimos informes nacionales sobre el estado de la biodiversidad (MAE, 2015) y de la agrobiodiversidad (INIFAP, 2015) son recurrentes en mencionar a la deforestación, el cambio de uso de la tierra, la contaminación y la introducción de especies exóticas, como los principales factores que ponen en riesgo a la agrobiodiversidad. La incorporación de razas ganaderas foráneas es la principal causa que afecta a la conservación de los recursos genéticos animales de interés agroalimentario.

El Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (DAD-IS) recoge la existencia de 12 especies de interés agroalimentario en Ecuador, cuatro de ellas andinas: alpaca (1), cuy (1), llama (1), vicuña (1); otra de tipo precolombino: pavo (1); y el resto de origen foráneo: búfalo (1), bovino (37), caprino (5), ovino (8), porcino (5) y aviar (gallina (8) y pato (1)). El ganado bovino es la especie más importante en el contexto agropecuario ecuatoriano (FAO, 2018), donde se pueden encontrar doce poblaciones bovinas de tipo europeo (*Bos taurus*): Angus Negro, Angus Rojo; Ayrshire, Brown Swiss, Charolesa, Hereford, Holstein, Jersey, Montbeliarde, Normando,

Rojo Sueco y Simmental; otras cuatro poblaciones de tipo asiático (*Bos indicus*): Braham Gris, Brahman Rojo, Gir y Nelore; y trece poblaciones más de tipo criollo: Bravo de Páramo, Chusco, Criollo de la Amazonia, Criollo de la Costa, Criollo de la Península, Criollo de la Sierra, Criollo ecuatoriano, Esmeraldeño, Galapagueño, Jaspeado Manabita, Macabeo, Moro y Zarumeño; finalizando con una última tipología donde se agrupan las poblaciones sintéticas (Brangus, Charbray, Girolando, Pizán, Sahiwal, Santa Gertrudis y Senepol) así como una importante proporción de animales mestizos con distintos grados de cruzamiento.

En estudios realizados sobre razas criollas en Latinoamérica, se informa que los principales problemas reportados por los productores y asesores técnicos sobre el uso de dichas razas se fundamentan en la inexistencia de información sobre estas razas y la ausencia de estudios de caracterización y comportamiento productivo de estos animales (Villalobos et al, 2012). Este es el caso de la población de ganado bovino criollo de la Península de Santa Elena (GCSE), que constituye la actividad pecuaria más importante de la provincia y es desarrollada por medianos productores, tanto en número de productores como en cabezas de ganado, estando orientada principalmente a sistemas de doble propósito.

El Plan Nacional de Desarrollo para el periodo 2017-2021: *“Toda una Vida”* se organiza en tres ejes programáticos y nueve objetivos nacionales de desarrollo sobre la base de la sustentabilidad ambiental y el desarrollo territorial (PND, 2018). El primer eje del Plan *“Derechos para todos durante toda la vida”*, establece la protección de las personas más vulnerables, afirma la plurinacionalidad e interculturalidad, plantea el combate a la pobreza en todas sus dimensiones y todo tipo de discriminación y violencia, así como garantiza los derechos de la naturaleza. El segundo eje *“Economía al servicio de la sociedad”*, plantea consolidar el sistema económico social y solidario, ampliar la productividad y competitividad, generar empleo digno, defender la dolarización, y redistribuir equitativamente la riqueza; además de tratar de garantizar la soberanía alimentaria y el desarrollo rural integral. Finalmente, el tercer eje *“Más sociedad, mejor Estado”*, promueve la participación ciudadana y la construcción de una nueva ética social basada en la transparencia y la solidaridad, un Estado cercano con servicios de calidad y calidez, abierto al diálogo social permanente, así como la soberanía y la paz, posicionando estratégicamente a Ecuador en el mundo.

Asimismo, Ecuador, en términos productivos, se divide en cuatro espacios claramente diferenciados en función de los índices de producción primaria, secundaria y terciaria. En primer lugar, un *“Área de desarrollo industrial en*

*crecimiento con servicios terciarios especializados*” que se encuentra marcada por la bicefalia histórica entre las mayores ciudades del país –Quito y Guayaquil–, las cuales marcan el desarrollo en industria, manufactura y servicios especializados. La segunda categoría se denomina “*Área de desarrollo primario consolidado con enclaves industriales básicos y/o turísticos*”, la cual se caracteriza por tener un nivel de diversificación primaria productiva elevada y consolidada, lo cual permite incursionar en niveles básicos de industrialización, manufactura y/o turismo, dadas las facilidades logísticas y estructurales que ostenta, siendo el caso del espacio comprendido entre las tres principales ciudades del país: Quito, Guayaquil y Cuenca. En tercer lugar, se encuentra el “*Área de bajo desarrollo primario de mayor diversificación con puntales productivos*”. Se trata de la mayor superficie del territorio nacional con primaria de los cultivos de cacao, maíz y palma africana, entre otros, dentro del sector primario. Y, finalmente, como cuarta categoría el “*Área de bajo desarrollo primario poco diversificado*”, caracterizada por un débil impulso económico en los tres sectores, siendo el caso de la provincia de Santa Elena dadas las condiciones topográficas existentes en el norte de esta provincia (cordillera de Chongón Colonche) así como por la considerable cantidad de comunidades con sus orientaciones particulares de producción.

Por su parte, desde el punto de vista zootécnico, los bovinos criollos de Ecuador constituyen un subsector productivo que no ha sido debidamente estudiado hasta ahora, a excepción de algunos trabajos de investigación realizados recientemente, entre los que destaca la caracterización y descripción del ganado criollo de Manabí (Cevallos et al, 2016). Además, los censos de estas razas locales continúan disminuyendo paulatinamente con carácter general, puesto que, por haber sido desplazadas por razas comerciales de sus hábitats naturales, sólo se conservan en unos pocos lugares precisamente por sus capacidades que les permiten desarrollarse en lugares donde otras razas no lograrían hacerlo, donde demuestran una elevada rusticidad al vivir en zonas de altas temperaturas y mostrándose resistentes a muchas enfermedades (Aguilar et al., 2013).

FAO (2012) considera prioritario abordar estudios de caracterización racial como primera fase en la implantación de un programa de desarrollo ganadero que permita la sustentabilidad de los sistemas tradicionales de producción ligados a una correcta gestión territorial. En este sentido, FAO (2007) aborda la caracterización de los recursos zoogenéticos (AnGR) abarcando todas las actividades asociadas con la identificación, la descripción cuantitativa y cualitativa de las poblaciones de razas y el hábitat natural y los sistemas de producción a los que están o no adaptados.

Por todo lo anterior, el presente trabajo de investigación se plantea bajo los requerimientos sociales existentes en Ecuador y los ejes fundamentales implantados en el Plan Nacional de desarrollo 2017-2021: *“Toda una Vida”*. Asimismo, se evidencia dentro de los ejes estratégicos de la Universidad Técnica Estatal de Quevedo (Ecuador), con el objetivo de reactivar la productividad y la generación de empleo digno como prioridades de las políticas de desarrollo rural en las comunidades campesinas.

La relevancia de esta investigación se enfoca en el estudio de los recursos zoogenéticos, donde la caracterización propuesta en el ámbito del ganado criollo de Santa Elena puede representar una alternativa productiva que contribuya al desarrollo ganadero de la región desde una perspectiva local, así como puede servir para consolidar un modelo para la caracterización, conservación y estructuración de otras muchas poblaciones ganaderas ecuatorianas y, a nivel general, podría constituir la base de un reservorio de diversidad genética para Iberoamérica en general y, para Ecuador en particular.

### **ARQUETIPOS DE BOVINOS CRIOLLOS IBEROAMERICANOS.**

Según la FAO (2013), son tres los arquetipos de bovinos criollos desarrollados en el continente americano: elipométrico, eumétrico e hipermétrico. En

primer lugar, el Tipo Elipométrico, es decir, el de pequeño formato corporal, se asocia a ecosistemas de climas templados, implantado especialmente en las grandes llanuras; mientras que el Tipo Eumétrico, o formato medio de la especie, resulta más propio de las áreas andinas, incluyendo las montañas altas de Bolivia, Ecuador y Perú. Finalmente, el Tipo Hipermétrico, de gran formato corporal, es el más adaptado a las condiciones tropicales, encontrándose especialmente en los Chacos en Argentina, Bolivia y Paraguay, así como en Selva Peruana y en la Amazonia.

No obstante lo anterior, la influencia de determinadas poblaciones que han sido introducidas en el continente americano en los dos últimos siglos modificaron las dinámicas de cría de aquellas poblaciones bovinas conformadas a partir de los primeros animales llegados desde la Península Ibérica.

### **EL GANADO BOVINO CRIOLLO EN ECUADOR**

Históricamente, la expansión del ganado bovino español a los países conocidos hoy día como Colombia, Ecuador y Perú estuvo marcada por dos corrientes de entrada en la parte norte de América del Sur, según Aguilar et al. (2013). En Ecuador, la introducción de los primeros animales tuvo lugar en 1532, poblando inicialmente la sierra ecuatoriana, los cuales probablemente provenían de los



grupos de animales que ingresaron por Las Antillas, cubriendo Venezuela, Colombia y en último lugar la sierra del Ecuador. Por otra parte, la segunda vía de entrada de animales procedía de Panamá y que seguramente se extendieron por la costa del Ecuador, llegados por barco (Aguilar *et al*, 2013)

Atendiendo a la revisión de Cevallos (2017), *el ganado criollo ecuatoriano ha sido el resultado de varios cientos de años de selección natural sobre un abanico de poblaciones locales asentadas en diferentes regiones del país que contaban con un importante tamaño efectivo de la población fundadora. No obstante, hay que tener en cuenta que, a partir de las primeras décadas del siglo XX, en que se inició la introducción de bovinos extranjeros para la producción de carne y de leche (Barsky y Cosse, 1981). En ese sentido, del durante mucho tiempo se pensó que las razas exóticas eran la mejor alternativa para la implementación de programas de desarrollo ganadero al atribuir los resultados obtenidos inicialmente a las aptitudes productivas de las razas introducidas y no al vigor híbrido que produce el mestizaje. Sin embargo, con el transcurso del tiempo y los cruzamientos desordenados se han producido procesos de absorción de la base animal criolla y el número de estas poblaciones disminuyó drásticamente (SICA, 2001).*

La base de datos de la FAO sobre poblaciones animales (DADIS) refleja la existencia de 37 poblaciones bovinas en Ecuador (DADIS, 2018), de las cuales sólo 10 son razas locales o criollas, dos de ellas (Criollo de la Costa y Criollo de la Sierra) que se encuentran en una situación de no riesgo desde el punto de vista de la conservación, mientras que las ocho poblaciones restantes están catalogadas en situación “desconocida”: Bravo de Páramo, Criollo de la Amazonía, Criollo de la península de Santa Elena, Criollo ecuatoriano, Esmeraldeño, Galapaqueño, Jaspeado manabita, Macabea, Moro, Pizán y Zarumeño, reservándonos la duda que el ganado Pizán podría considerarse como de tipo sintético.

A continuación, se expone una pequeña semblanza de las principales características de dichas poblaciones criollas que figuran en [www.fao.org/dad-is](http://www.fao.org/dad-is) (FAO, 2018) y diversas fuentes:

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

**Criollo de la Sierra:** Raza adaptada a condiciones de gran altura, por encima de los 3500 msnm. Otras denominaciones: criollo de las sierras o serrano. Los

únicos datos descriptivos que figuran en DAD-IS son el peso vivo de 400 y 500 kg para hembras y machos, respectivamente; peso al nacimiento de 25 y 30 kg y producción de leche de 240 kg por lactación con 5% de grasa y una duración de 120 días.

Criollo de la península de Santa Elena: Otras denominaciones: criollo de la península. No se dispone de datos descriptivos específicos en DAD-IS.

Criollo ecuatoriano: No se dispone de datos descriptivos específicos en DAD-IS.

Esmeraldeño: Biotipo ubicado en la provincia del Carchi, en la Sierra ecuatoriana. No se dispone de datos descriptivos específicos en DAD-IS.

Galapagueño: Población bovina de origen ibérico, exclusiva y perfectamente adaptada a las condiciones de las Islas Galápagos. La población podría oscilar entre 5.000 y 10.000 cabezas y se encuentra en régimen feral, concretamente en las zonas más áridas de las islas Isabela, San Cristóbal, Santa María y Santa Cruz. Desde el punto de vista descriptivo, según Samandaroff (citado por Cevallos, 2107), los machos presentan cabeza larga, grande, frente ancha, ojos grandes y vivos, cuernos bien plantados, fuertes y dirigidos hacia los lados, pecho bien formado y musculoso, tronco profundo y amplio, anca bien formada, corta y ligeramente inclinada, cola bien

puesta con abundante mechón, la alzada a la cruz es de 120-140 centímetros según la edad y el individuo; todo lo cual les da un aspecto majestuoso y elegante, parecido al ganado de lidia. Por su parte, las hembras tienen cabeza fina y graciosa, cuernos bien plantados y dirigidos lateralmente, cuello delgado y bien proporcionado, tronco profundo y bien desarrollado, cola bien larga y con abundante mechón, ubres bien desarrolladas, esponjosas y bien irrigadas.

**Jaspeado Manabita:** Este ganado es conocido como con la denominación de manzanillo, cachudo o cholo por los pobladores de la provincia de Manabí, especialmente en los cantones de Montecristi, Rocafuerte, Puerto López, Portoviejo y Sucre. Estos animales son de aspecto musculoso los machos, las hembras bastante femeninas de manto suave y terso con pelo fino y corto, el color del manto es amarillo (bayo) en diferentes tonalidades con blanco, por lo que se le conoce como manzanillo castaño u oscuro, se pueden encontrar animales con manchas blancas en el vientre y extremidades oscuras hasta más arriba de los corvejones y rodilla, con cabeza y mucosas oscuras, hocico, morro, orejas, cascos, borla de cola y extremo del escroto pigmentado o negro. La lengua y los cuernos pueden no ser pigmentados. La cabeza bien proporcionada, primigénica de tamaño mediano y fina, con cuernos largos en forma de lira, media luna o corona, que pueden o no ser pigmentados. Perfil recto, cara magra

y expresiva, frente ancha y recta, ojos vivos con arrugas alrededor de las órbitas, morro puede o no ser pigmentado. Cuello fuerte y de longitud mediana (delgado).

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

Moro: Biotipo ubicado en la provincia del Carchi, en la Sierra ecuatoriana. No se dispone de datos descriptivos específicos en DAD-IS.

Zarumeño: Raza de origen ibérico de capa blanca o encerada cuya tendencia a la capa blanca podría explicarse como ventaja competitiva frente a los constantes azotes de la mosca *Dermatobia hominis* o Nuche. Esta población se desarrolló en zonas cercanas a la villa real de Zaruma, como Miranda y El Bosque, sitios ideales para la producción de leche. No es una raza armónica, con tendencia al tamaño excesivo de la cabeza, dorso ensillado,

anca caída, inserción alta de la cola, poca anchura del riñón, estrechez de isquiones, falta de refinamiento, poca capacidad abdominal y ubres defectuosas, siendo algunos "defectos" compensatorios, como la mayoría de razas criollas ibéricas, la inserción alta de la cola, aumenta el diámetro vertical y por tanto la capacidad de la pelvis, lo cual representa facilidades en el momento del parto; mientras que el anca caída y el lomo ensillado lo habilitaban para las grandes caminatas por terrenos abruptos y escarpados existentes en la zona. Por otra parte, son animales muy fértiles y longevos, de gran mansedumbre y con destacadas habilidades maternas.

### **GENERALIDADES DEL GANADO CRIOLLO BOVINO**

Según De Alba (1987), el bovino criollo es el resultado del proceso selectivo soportado durante cinco siglos por la descendencia del ganado llegado al continente americano procedente de la península Ibérica, bajo la presión de la selección natural, originando una población que se caracteriza por su adaptación y calidad biológica de estos animales a las zonas climáticas. Por su parte, Primo (1992) manifiesta que el ganado criollo es valioso por su rusticidad, por lo que puede ser utilizado como animal de triple propósito: leche, carne, trabajo. Desde esta perspectiva, sus índices productivos son aceptables bajo

las condiciones adversas de crianza con pastos pobres y sequías.

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

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

## **MEDIO FÍSICO**

### **Localización**

La provincia de Santa Elena cuenta con una superficie en torno a 3.690 km<sup>2</sup>, correspondiendo su ubicación

geográfica con las coordenadas 02° 23' 33" de latitud Sur y 80° 85'00" de longitud Oeste, presentado una altura máxima de 800 m.s.n.m. Asimismo, Santa Elena limita al norte con la provincia de Manabí, al este y sur con la provincia de Las Guayas y, por el oeste con el Océano Atlántico. Por otra parte, está compuesta por 3 cantones y 9 parroquias rurales, destacando el cantón de Santa Elena, con el 97% del territorio provincial y 7 parroquias, siendo uno de los cantones más extensos del país; seguido a muy larga distancia del cantón Salinas (2% del territorio y 2 parroquias) y, en último lugar, el cantón La Libertad (1% de superficie, sin parroquias).

### **El clima**

El clima de la provincia de Santa Elena es de tipo Tropical Seco debido a un ramo de la corriente de Humboldt, las corrientes cálidas de El Niño y el desplazamiento de la zona de convergencia intertropical que pasan por la península. Su promedio anual de precipitación es entre 125 a 150 mm, siendo uno de los territorios más secos de Ecuador. Existen dos temporadas claramente diferenciadas: la seca y la lluviosa. La primera de ellas comprende los meses de junio a noviembre y la lluviosa de diciembre a mayo, aunque en la actualidad las lluvias se han retrasado hasta febrero. Durante la temporada lluviosa, la precipitación que se registra es casi el 90% de



toda la pluviometría total anual. Por su parte, el rango de temperaturas oscila entre los 21 y 40° C (Rodríguez, 2014).

En cualquier caso, cabe mencionar la existencia de “*garúas*” en la provincia de Santa Elena, que no es otra cosa que la combinación de nubes, neblinas y lloviznas producidas por la corriente de Humboldt. En la parte noroccidental se detectan durante más de la mitad del año, desapareciendo durante las épocas lluviosas debido a la influencia de la corriente de El Niño que fluyen hacia el sur. Las “*garúas*” suponen un aporte de humedad para la vegetación.

### **Demografía**

Según el Censo de Población y Vivienda 2010 (CPV) realizado por el Instituto Nacional de Estadísticas y Censos (INEC, 2018), la provincia de Santa Elena tiene 308.693 habitantes, de los cuales el 55% se encuentra en el área urbana, en las cabeceras cantonales. La relación de población femenina y masculina en la provincia es bastante equilibrada, siendo la población masculina ligeramente mayor con el 50,8% de la población total, y la población femenina con el 49,2% (INEC, 2018). Se puede notar de igual manera, en el mismo cuadro, que el mayor porcentaje de población es joven, siendo el estrato de 5 a 20 años el de mayor número.

### **Régimen y territorios comunales**

La provincia de Santa Elena fue oficialmente reconocida en el año 2007, convirtiéndose en la más joven de las 24 provincias del territorio ecuatoriano. Actualmente, existen 69 comunas constituidas legalmente en esta provincia. Las comunas son la prolongación histórica de la sociedad Manteño-Huancavilca desde la era colonial. Se trata de una unidad socio-política muy identificada con un territorio particular (Espinel y Herrera, 2008). Álvarez (1991) menciona que la base fundamental de referencia de la Comuna la constituye la posesión de un territorio desde tiempos inmemoriales por parte de las familias que se reconocen como descendientes de los “antiguos”, y que hasta hoy día lo habitan generación tras generación. Durante la colonización española, los territorios que habitaban los nativos en la Península de Santa Elena se convirtieron en tierras llamadas reducciones de indios o resguardos, otorgados por la corona, lo cual implicaba, que estos grupos indígenas tenían bajo su posesión una legua a la redonda o en cuadro del sitio donde habitaban y en donde podían hacer uso de sus recursos naturales

### **Aspectos geológicos y geomorfológicos**

Producto de la intensa actividad de placas tectónicas ocurrida en la región durante los diferentes períodos geológicos, el territorio ha sufrido una importante afectación, la mayoría de rocas de las diferentes formaciones se encuentran falladas y con alto grado de

diaclasamiento, dependiendo básicamente de la composición litológica de las mismas (Rodríguez, 2014).

Las observaciones sobre el terreno y los estudios del suelo demuestran que la costa ecuatoriana está formada por dos regiones separadas por la cordillera de Chongón-Colonche. La cordillera de Chongón-Colonche, la cuenca Progreso y la península de Santa Elena son las unidades estructurales de la parte correspondiente a la región sur del litoral ecuatoriano. La península de Santa Elena, o más bien la plataforma continental de Santa Elena, se la considera como una estructura alta durante el desarrollo de la cuenca del progreso. Mapas de perforación y de superficie revelan que el área esta complicada estructuralmente por fallas en direcciones NS, NW-SE y NE-SW.

La cuenca Progreso se encuentra al este de la plataforma continental de Santa Elena y está separada de ésta por un complejo de fallas conocido como sistema de fallas La Cruz con dirección predominante NW-SE. Está limitada hacia el N y NE por la cordillera de Chongón-Colonche y hacia el S-SW por el sistema de fallas La Cruz. Las estructuras dentro de la cuenca del progreso son generalmente paralelas a dicho eje NW-SE y están comúnmente asociadas con fallas. Las Formaciones del periodo Eoceno-Oligoceno presentan una disposición caótica debido seguramente a la condición subsidente de la cuenca Progreso (Rodríguez, 2014).

La cordillera de Chongón-Colonche, que ha sido una estructura positiva desde el paleoceno, tiene vinculación directa con la orogenia neoandínica. La altura de esta cordillera ha sido fuente importante para el grupo Ancón primero y, posteriormente, para las formaciones de la cuenca Progreso y una fuente mayor para el Grupo Azúcar.

### **El suelo**

Como se puede observar en la Tabla 2, la provincia de Santa Elena tiene el 45% de la superficie apta para actividades agrícolas. El 23% de la superficie tiene aptitud para actividades pecuarias acompañadas de bosques y el 23% restante, tiene aptitud para la conservación.

### **Hidrografía**

La provincia de Santa Elena está conformada por 44 unidades hidrográficas, de las cuales 32 corresponden a cuencas y 12 a sub-cuencas. Como se observa estas 44 unidades, 36 tienen menos de 10.000 hectáreas y 6 entre 11.000 y 25.000 hectáreas. Las dos unidades restantes representan las cuencas más grandes de la provincia y corresponden a las cuencas de los ríos Javita y Zapotal, con 80.590 y 102.412 hectáreas respectivamente. Refiriéndonos a estas dos últimas, es importante decir que son las únicas cuencas que reciben agua del trasvase Chongón – Santa Elena. La cuenca del río Zapotal es la única que ha recibido el recurso hídrico por medio de un

único canal que abastece al embalse El Azúcar que se encuentra aguas abajo del río Grande de Sube y Baja, y cuya agua está destinada para riego, pero principalmente para agua de consumo humano urbano de la provincia. La cuenca del río Javita, aún no se encuentra conectada al trasvase, sin embargo, el proyecto Trasvase Chongón- San Vicente estará listo a finales de este año según SENAGUA. En estas dos cuencas se desarrolla la mayor superficie de actividad agrícola (Koupermann, 2014).

Desde la cuenca del río Valdivia hasta el río Ayampe, el norte del territorio provincial está constituido por cuencas relativamente pequeñas y por lo tanto sus cauces principales son de igual manera de corto recorrido, debido a la cercanía de la cordillera Chongón-Colonche y el Océano Pacífico. En estas cuencas, la oferta de recurso hídrico durante la mayor cantidad de meses del año está dada por los acuíferos, los cuales son aprovechados, tanto para consumo humano, como para actividades productivas mediante la perforación y gestión de pozos someros y profundos. Es importante decir que aquí, la cantidad y calidad del agua depende del manejo adecuado que se les dé a las cuencas.

Por otro lado, los ríos y drenajes en la provincia son generalmente de tipo intermitente, ya que no existe una afluencia superficial de estos en la mayor parte del año. En el norte, en el caso de algunos afluentes, se puede decir

que son permanentes debido a que, entre los meses de verano, se presenta la garúa, la cual alimenta los ríos, principalmente el río Valdivia, Manglaralto y Olón, que pueden mantener un caudal mínimo a lo largo del año, excepto en épocas más secas en donde la garúa no es importante. Los ríos de mayor recorrido son Zapotal, Asagmones, Tambo y Hondo con más de 30 kilómetros de longitud y otros también importantes como los ríos Las Balsas, Javita, Grande, Olón, Valdivia, entre otros (Koupermann, 2014).

## **MEDIO BIÓTICO**

### **La vegetación**

Según el Sistema de Clasificación de Ecosistemas del Ecuador Continental, elaborado por la Subsecretaría de Patrimonio Natural del Ministerio de Ambiente del Ecuador (MAE), en su proyecto “Mapa de Vegetación”, se identifican 11 ecosistemas principales para la provincia de Santa Elena.

Las principales tipologías pertenecen al Bosque Seco, como es el caso del Bosque Deciduo de Tierras Bajas de la Costa, Bosque Deciduo Piemontano de la Costa y Bosque Semi-deciduo de Tierras Bajas de la Costa.

### **La fauna**

Al referirnos a la fauna, se ha mencionar que existe una gran variedad de especies como: tigrillos, venados, monos del litoral, burricón, cuchuchu, conejo de monte, ardillas, ratas, murciélagos, zorros, oso mielero y armadillos. Asimismo, entre las aves, se puede señalar las siguientes: Gallinazos o pequeños buitres, gavilanes, lechuzas, y búhos

### **Uso y propiedad de la tierra**

Según los últimos datos oficiales publicados por el Instituto Nacional de Estadística y Censos (INEC, 2018), la superficie de pastos de Ecuador asciende al 58% del total nacional, el cual se segrega en un 42% de pastos cultivados y un 16% de pastos naturales. La distribución del uso del suelo ecuatoriano, según provincia, donde se informa del número de hectáreas existentes dedicadas a pastos cultivados, pastos naturales, cultivos permanentes, cultivos transitorios, superficie total y porcentaje total.

La provincia de Santa Elena cuenta con el 70% de su territorio destinado a pastos, de los cuales el 33% son pastos cultivados y el 37% son pastos naturales, lo que la convierte en la cuarta región en importancia en superficie de pastos naturales tras Loja (62%), Azuay (62%) y Carchi (53%).

En otro orden de cosas, Santa Elena ha desarrollado y configurado sus dinámicas socio-económicas a partir de;

en primer lugar, lo que el sistema ecológico permite en cuanto a la disponibilidad de recursos naturales, en segundo, en base a las estructuras culturales y psicológicas de su población, y la forma de entender y vincularse con el espacio que los rodea y tercero, a la intervención del Estado en proyectos que impulsen el desarrollo productivo del área rural. A partir de la cobertura de Sistemas Productivos (IEE, 2015) mediante su atributo de Uso del Suelo y la cobertura de Ecosistemas (MAE, 2013), principalmente para detallar lo concerniente a las áreas de cobertura natural – detalla las superficies y porcentaje de los usos de suelo en la Provincia.

Se puede observar cómo, aproximadamente, el 69% de la provincia tiene cobertura natural bajo algún grado de intervención (IEE, 2015). Los Bosques Secos en el Ecuador, y particularmente los que se encuentran dentro del territorio provincial, han tenido importancia a nivel ambiental, social, cultural y económico para diversos segmentos de la población, urbana y rural, que de alguna manera se han relacionado con ellos. Las razones de la intervención histórica de estos bosques se han dado debido a la cantidad y calidad de productos forestales maderables, productos forestales no maderables, su biodiversidad y los servicios ecosistémicos que posee (Aguirre, 2012). Las actividades más importantes que se desenvuelven en este ecosistema son; la extracción de madera para la elaboración de muebles y carbón vegetal, la



ganadería bovina y caprina, la cual en su mayoría es extensiva y no controlada, y también la cacería como medio de subsistencia.

La actividad agrícola en la provincia de Santa Elena ocupa alrededor del 6% del territorio, lo que equivale a 23.157 hectáreas aproximadamente. Las limitaciones principales para esta actividad, como se menciona antes, son principalmente la falta y dificultad del acceso al agua para riego, tanto por la condición climatológica, como por la falta de infraestructura para almacenamiento y conducción del recurso hídrico, y la calidad de los suelos, los cuales, en su mayoría, al tener un incipiente desarrollo pedogénico, requieren de un manejo intensivo con productos fertilizantes y otros agroquímicos.

### **CARACTERÍSTICAS DE LOS SISTEMAS DE PRODUCCIÓN DEL GANADO CRIOLLO DE SANTA ELENA**

En general la economía de la península de Santa Elena y de la zona de estudio se basa en la agricultura y la crianza de animales domésticos, sin embargo, salvo los meses de estación invernal, no ha habido una actividad agrícola de importancia dentro de la zona, originado por las escasas precipitaciones, lo que determina que los agricultores de la zona trabajen en otras actividades económica menos rentables. La actividad actual, se reduce al corte de árboles

para la elaboración de leña y carbón, con el consiguiente problema de deforestación.

La cría de ganado se realiza con dedicación y esmero pese a la adversidad y a la limitación que impone la falta de agua. En las zonas con bajos niveles de precipitación el ganado se ha adaptado forzosamente a alimentarse con cactus y gramíneas naturales que crecen en estos terrenos áridos; sin embargo, la sequía a veces es tan abrumadora que el ganado se enfrenta a grandes dificultades para sobrevivir.

### **CONCEPTO DE RAZA**

El concepto de raza es multidimensional, ya que la naturaleza de los caracteres comunes que definen a un determinado grupo animal, no residen solo en la forma, la estructura y la faneróptica, sino también en la fisiología, la nutrición, la reproducción, en la capacidad de adaptación, en aspectos patológicos, comportamentales o productivos, heredables, definidos, pero interactuados entre sí y con el medio que habitan. No es posible explicar el concepto de raza sólo desde una única dimensión, sea de base morfológica, faneróptica, morfoestructural o productiva, sino por la suma de todos estos aspectos (Sierra, 2001).

Herrera (2003) indica que la definición de la raza significa intervención humana, ya que “el grupo de animales es

creado a priori en la mente de los criadores en función de determinadas necesidades, incidiendo sobre ellos hasta que sus semejanzas respondan al modelo mental creado. Por lo tanto, la aplicación de la palabra raza a un grupo de animales implica intervención humana, la más directa, la de sus criadores: *“Ellos son los que fijarán los caracteres que les sean más útiles y provechosos”*.

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

### **CARACTERIZACIÓN ZOOMÉTRICA**

En este epígrafe, asumimos completamente la metodología planteada por Cevallos (2017) en su tesis doctoral sobre la

caracterización morfométrica del ganado criollo de Manabí, la cual derivó fundamentalmente de los postulados de Parés (2009), siendo la que sigue:

**Variables zoométricas:**

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

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

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

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

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

Alzada a la cruz (ACR). Distancia existente entre el punto más culminante de la cruz (entre tercera y cuarta apófisis espinosas de las vértebras torácicas) y el suelo. Denominada también alzada principal o talla. Tomada con bastón zoométrico.

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

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

Diámetro dorsoesternal (DDE). Distancia existente entre el punto más declive de la cruz y la cara inferior de la

región esternal por detrás del codo. Tomada con bastón zoométrico.

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

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

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

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

Longitud de la grupa (LG). Distancia comprendida entre la tuberosidad ilíaca externa (punta del anca) y la tuberosidad isquiática (punta de la nalga). También

denominada longitud ilio-isquiática Tomada con compás de brocas.

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

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

A modo de compendio, los valores promedio para las variables zoométricas observados razas en bovinas criollas, exóticas y sintéticas explotadas en Ecuador, así como razas criollas existentes en otros países iberoamericanos

### **Índices zoométricos:**

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

Así las cosas, se dividen en tres grupos claramente diferenciados, por un lado aquellos de interés etnológico que se utilizan para la diagnosis racial: índice cefálico, índice craneal, índice facial, índice corporal, índice

torácico, índice ilio-isquiático e índice de compacidad; por otro lado, aquellos otros de interés funcional: índice dáctilo-costal (aptitud lechera), índice de proporcionalidad, índice de proporcionalidad relativa del tórax, índice de peso relativo, índice de grueso relativo de la caña, índice de carga de la caña, índice dáctilo-torácico e índice podal posterior; y, finalmente, otros índices: índice de anamorfosis, coeficiente de proporcionalidad corporal, índice de gracilidad subesternal, índice auricular/tórax, índices de Alderson (índice de peso, índice de alzada inclinada, índice de longitud, índice de anchura inclinada, índice de longitud de equilibrio de la pata delantera, índice de balance, índice acumulado e índice de profundidad) e índices de Skorkowski (W1, W2, W3, W4, W5, W6).

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

Los principales índices son:



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

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

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

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

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

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

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

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

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

Índice de anamorfosis (IANA =  $PT^2/ACR$ ). Es la relación existente o cociente establecido entre el perímetro recto torácico (elevado a 2) y la alzada a la cruz. Un índice menor indica un tipo más alto de patas y más liviano, tendente a un tipo de velocidad; en caballos, un aumento en este índice indica una tendencia hacia un tipo de fuerza (Dowdall, 1987).

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

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

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

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

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

## **Caracterización morfológica**

Tradicionalmente, la caracterización morfológica ha sido implementada en numerosos estudios descriptivos de base racial por un nutrido elenco de etnólogos y zootecnistas, habiéndose planteado como una investigación adicional y complementaria a aquella de base zoométrica. Entre ellos cabe destacar las aportaciones de Herrera (2003), quien defendía el estudio de los caracteres cualitativos basado en la apreciación de la forma en determinadas regiones corporales de un individuo y que puede ser utilizado en un proceso de comparación con el ideal de la raza. En cualquier caso, las principales variables morfológicas se agrupan en tres grandes bloques; el primero de ellos, relativo a la región de la cabeza: perfil cefálico, tamaño de las orejas, orientación de las orejas y tipo de orbitas; un segundo, centrado en las regiones corporales, principalmente tronco y extremidades: Longitud del cuello, presencia/ausencia de giba, línea dorsolumbar, vientre, inclinación de la grupa, posición del nacimiento de la cola, forma de la nalga, finura de la cola y aplomos; y finalmente, un tercer grupo específico de las características de la ubre en el caso de las hembras: inserción de la ubre, simetría en la forma de las ubres, tamaño de los pezones, uniformidad de los pezones y presencia de pezones supernumerarios.

Las principales variables son:

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Aplomos: Líneas verticales que determinan la dirección que deben tener los miembros del animal para considerarse bien conformados, valorando si el ejemplar tiene buenos aplomos o presenta defectos ya sea en un par o en ambos pares.

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

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

Pezones supernumerarios: Pezones adicionales o extras, generalmente no funcionales, que se sitúan en posiciones

ectópicas en la ubre. Se determina la presencia o ausencia de dicho carácter en el animal.

### **Caracterización faneróptica**

Se trata de la tipología de variables más frecuentemente utilizadas en estudios zooetnológicos de índole descriptiva a lo largo de la historia, dada la aparente facilidad en la recogida de información en la mayor parte de los casos. Asimismo, estos atributos han sido determinantes en muchas ocasiones para establecer la diferenciación inicial entre distintas poblaciones, al menos desde el punto de vista administrativo.

Las variables fanerópticas se agrupan principalmente en tres bloques: a) De la capa: Extensión de la capa, color de la capa, pigmentación de las mucosas, pigmentación de las pezuñas y pigmentación ubre/escroto; b) De los cuernos: posición de los cuernos, forma de los cuernos, desarrollo de los cuernos, sección del cuerno, color de la pala, color del pitón; y, c) De la piel y el pelo: presencia/ausencia de papada; ausencia/presencia de pliegue umbilical, presencia/ausencia de morillo o giga, longitud del pelo, finura del pelo, presencia/ausencia de flequillo.

Las principales variables son:

Extensión de la capa: Esta variable mide la extensión de la coloración de la capa, valorando si el ejemplar presenta



capa uniforme por todo el cuerpo o, también denominada, monocolor (un solo color), o bien capa bicolor (dos colores) o, en su caso, tricolor (tres colores).

Color de la capa: Esta variable mide el color base de la capa y la presencia de aquellos otros colores complementarios, en su caso, valorando si el ejemplar presenta capa blanca, baya, colorada, castaña, negra, berrenda en colorado, berrendo en negro o jaspeada. En este sentido, los distintos pelajes se deben a dos pigmentos básicos, el negro y el castaño (colorado), que unidos al blanco (falta de pigmentación) y modificados por una serie de factores de extensión, restricción, distribución, intensidad y dilución determinan toda la gama de colores de capa (Rabasa *et al.*, 1976).

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

Pigmentación de las mucosas: Esta variable mide el tipo de pigmentación existente en las mucosas nasales, valorando si el ejemplar presenta pigmentación en negro, mixta o sonrosada. Las mucosas externas de los bovinos se ubican en el hocico o morro, en la región palpebral y en la región

perianal. El gen Ps en estado homocigoto determina pigmentación negra en las citadas regiones. El estado heterocigoto (Psp) da una pigmentación parcial de las mismas regiones y se denomina hocico pintado. El doble recesivo (psps) da un hocico de color pardo rosado que por oposición se llama hocico blanco (Rabasa *et al.*, 1976). Este gen forma parte de un grupo de ligamiento junto al gen Bs. asociado con fertilidad femenina en bovinos Criollos (Sal Paz *et al.*, 1976)

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Los animales que cambian o mudan su pelo antes, soportan mejor elevadas temperaturas y los animales de tamaño grande dentro de una misma raza tienen menos densidad de pelo que los de menor tamaño (Bavera, 2004). Asimismo, el pelo largo y abundante está presente en aquellas razas localizadas en zonas frías.

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

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

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

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

### **Análisis comparativos entre poblaciones**

Aunque el análisis zoométrico descriptivo ha sido la técnica más ampliamente utilizada para la caracterización racial por múltiples autores a lo largo de la historia, no cabe duda que el análisis de componentes principales resulta útil tanto en la determinación de la relación entre variables biométricas dentro de una población (Goyache et al, 2001) como en la diferenciación de poblaciones (Martínez et al, 2007).

Por su parte, el análisis discriminante canónico es un procedimiento estadístico multivariado que muestra relaciones entre dos o más conjuntos de variables correlacionados al máximo a través de combinaciones lineales que permiten el descubrimiento de gradientes dominantes de variación entre los grupos. La importancia técnica del enfoque discriminatorio canónico para las poblaciones animales no sólo es interesante para la extracción de características, sino también para explicar los complejos mecanismos involucrados en las variaciones morfológicas dentro de las poblaciones. Así las cosas, esta técnica se emplea principalmente para analizar las diferencias multivariadas entre grupos, así como para

determinar qué variables son las más útiles para discriminar entre grupos y la determinación de que grupos resultan similares y cuales diferentes.

Como ejemplo, puede citarse la utilización del análisis discriminante para estudios morfométricos comparativos en ganado bovino, concretamente en razas criollas argentinas (Martínez et al, 2007) y razas africanas (N'goran et al, 2018); así como en otras especies como el equino (Sobczuk et al, 2012), ovina (Boaheng y Kofi, 2016), caprina (Vera et al., 2013), porcino (Cabello et al, 2007), perros (González et al., 2014), e incluso patos (Oguntunji et al, 2012) y pavos (Adeyemi et al., 2018). Del mismo modo, se ha utilizado análisis discriminante canónico en caracteres productivos en ganado bovino de tipo cárnico (Piedrafita et al., 2013 y Albertí et al., 2003); y de aptitud láctea (Leota, 2004).

## **CARACTERIZACIÓN GENÉTICA**

### **Marcadores genéticos**

Según la FAO (2010), los estudios de genética molecular han proporcionado nuevas herramientas de gran eficacia, denominadas marcadores moleculares, para estudiar los orígenes de las especies de ganado y determinar la distribución geográfica de su diversidad. Los polimorfismos proteicos fueron los primeros marcadores moleculares que se emplearon en el ganado. Un gran

número de estudios, llevados a cabo sobre todo durante la década de los setenta, documentaron la caracterización de los grupos sanguíneos y los sistemas de aloenzimas. Sin embargo, el grado de polimorfismo observado en las proteínas suele ser bajo, lo cual reduce la aplicabilidad general del tipaje de proteínas en los estudios de diversidad. Hoy en día, los polimorfismos basados en el ADN son los marcadores de elección para realizar estudios moleculares sobre la diversidad genética.

Con relación a los marcadores genéticos de ADN más habituales, los polimorfismos por restricción de la longitud de los fragmentos (RFLP) se identifican usando enzimas de restricción que parten el ADN únicamente en «puntos o sitios de restricción» precisos (p. ej., EcoRI corta en el sitio definido por la secuencia palindrómica GAATTC). Actualmente, el uso más frecuente de los RFLP es en combinación con la PCR (PCR-RFLP), para detectar alelos que difieren en secuencia en un sitio de restricción concreto. Primero se amplifica un fragmento de gen con la PCR, y luego se expone a un enzima de restricción específico que corta solamente una de las formas alélicas. Los amplicones digeridos suelen resolverse mediante electroforesis.

Los microsatélites o SSR (Repeticiones de Secuencia Única) o STR (Repeticiones Simples en Tándem) consisten en un tramo de ADN de unos cuantos nucleótidos de

longitud – de 2 a 6 pares de bases (bp) – que se repiten varias veces en tándem (p. ej., CACACACACACACA). Están diseminados por todo el genoma de los eucariotas. Los microsatélites son de un tamaño relativamente pequeño y, por consiguiente, pueden ser fácilmente amplificados con la PCR usando ADN extraído de fuentes diversas, como la sangre, el pelo, la piel, e incluso las heces. Los polimorfismos se pueden visualizar en un gel secuenciador, y la disponibilidad de secuenciadores automáticos de ADN permite un análisis ultrarrápido de un gran número de muestras (Goldstein y Schlötterer, 1999; Jarne y Lagoda, 1996). Los microsatélites son hipervariables; muestran a menudo decenas de alelos en un locus que difieren entre sí en el número de repeticiones. Siguen siendo los marcadores de elección para estudios de diversidad, para análisis de parentesco y para el cartografiado de Loci de Caracteres Cuantitativos (QTL), pero esto podría cambiar en el futuro próximo con el desarrollo de métodos baratos para el análisis de los SNP. La FAO ha publicado recomendaciones para conjuntos de loci de microsatélites a utilizar en estudios de diversidad de las especies agropecuarias más importantes, que fueron desarrollados por el Grupo Asesor sobre Diversidad Genética Animal de la ISAG–FAO (véase la biblioteca DAD-IS en <http://www.fao.org/dad-is/>).

Los minisatélites comparten las mismas características que los microsatélites, pero la longitud de las repeticiones



es de entre diez y algunos centenares de pares de bases. Los micro y minisatélites también se denominan polimorfismos VNTR (Número Variable de Repeticiones en Tándem).

Los polimorfismos por ampliación de la longitud del fragmento (AFPL) son una técnica de identificación del ADN que detecta fragmentos de restricción de ADN mediante amplificación con PCR.

Los STS (Sitios con Marca de Secuencia) son secuencias de ADN que solo se dan una vez en un genoma, en una posición conocida. No tienen por qué ser polimórficos y se utilizan para construir mapas físicos.

Los SNP son variaciones en nucleótidos únicos que no cambian la longitud total de la secuencia de ADN en la región. Existen SNP en todo el genoma. Son muy abundantes en el genoma humano, a razón de un SNP por cada 1000 pares de bases (Sachinandam et al., 2001). La mayoría de SNP se localizan en las regiones no codificantes, y no tienen un impacto directo en el fenotipo de un individuo. No obstante, algunos introducen mutaciones en secuencias expresadas o en regiones que influyen en la expresión génica (promotores, potenciadores), y pueden inducir cambios en la estructura o regulación de las proteínas. Dichos SNP tienen el potencial de detectar la variación genética funcional.

### **Diversidad genética intra-racial**

En los estudios de diversidad genética, los marcadores más utilizados son los microsatélites. Son los marcadores más populares en los estudios de caracterización genética del ganado (Sunnucks, 2001). Su alta tasa de mutación y naturaleza codominante permiten la estimación de la diversidad genética dentro y entre razas, así como la mezcla genética entre razas incluso si están estrechamente emparentadas. Hay cierta polémica respecto a la elección de un modelo de mutación –el modelo de alelo continuo o infinito o el modelo de mutación discreto o por pasos (Goldstein et al., 1995)– para el análisis de los datos de microsatélites.

De todos modos, los estudios de simulación han demostrado que el modelo de mutación de alelo infinito suele ser generalmente válido para la evaluación de la diversidad dentro de una especie (Takezaki y Nei, 1996). El número medio de alelos (MNA) por población, y la heterocigosidad observada y esperada ( $H_o$  y  $H_e$ ), son los parámetros más usuales en la evaluación de la diversidad intrarracial.

#### **Número de alelos por *locus* ( $N_a$ ):**

Se trata de algo tan simple como el recuento de los alelos detectados en cada uno de los locus analizados para así poder calcular el promedio. Esta medida constituye una

información de gran utilidad que es complementaria a la que tenemos con el polimorfismo.

De entre los muchísimos valores de este índice que han sido aportados por la comunidad científica en las últimas décadas, resaltamos aquellos obtenidos para las razas criollas iberoamericanas: 4,29 en criollo Uruguayo, según Armstrong *et al.* (2006), así como los valores reportados por Avilés (2012) en el caso de Texas Longhorn (6,85); Criollo Mexicano (9,19); Criollo Colombiano (7,80); Criollo Uruguayo (5,41); Criollo Pilcomayo (7,85); y Criollo Argentino (5,81).

Del mismo modo, algunos resultados en razas autóctonas españolas fueron: Alistana Sanabresa  $6,9 \pm 0,8$ ; Asturiana de la Montaña  $6,6 \pm 0,7$ ; Asturiana de los Valles  $7,0 \pm 0,7$ ; Sayaguesa  $6,4 \pm 0,6$ ; Tudanca  $6,8 \pm 0,8$ ; Avileña Negra-Ibérica  $6,9 \pm 0,7$ ; Bruna del Pirineus  $7,1 \pm 0,7$ ; Morucha  $6,9 \pm 0,7$ ; Pirenaica  $5,8 \pm 0,4$ ; y Retinta  $6,8 \pm 0,6$ , según Cañón *et al.* (2001), o bien en las razas Marismeña (8,74); Berrenda en Colorado (7,38); Berrenda en Negro (4,89); Pajuna (7,16); Retinta (6,07); Negra Andaluza (5,96); Vaca Canaria (7,04) y Vaca Palmera (5,07), según Avilés (2012). De la misma manera, se encuentran valores de 9,8 en la raza de Lidia (Cortés, 2008).

Por su parte, en razas autóctona portuguesas: Alentejana  $5,8 \pm 0,5$ ; Barrosã  $6,7 \pm 0,6$ ; Maronesa  $6,1 \pm 0,6$ ; Mertolenga

5,9±0,5; y Mirandesa 5,5±0,4 (Cañón et al., 2001). Igualmente, estos mismos autores encontraron otros valores en razas francesas: Aubrac 6,2±0,6; Gasconne 7,2±0,6; y Salers 6,1±0,6; así como Dalvit et al. (2008) en razas italianas (8,2); y Brenneman et al. (2007) en la raza sintética Senepol (6,6). Finalmente, Avilés (2012) también menciona datos en razas cosmopolitas: Frisona (5,41) y Hereford (4,85).

### **Número efectivo de alelos (Ne):**

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

### **Frecuencias Alélicas:**

A la hora de abordar el cálculo de las frecuencias, éste se hace atendiendo al recuento de alelos presentes, como el cociente obtenido del número de alelos iguales en una población dividido entre el número total de alelos. En cualquier caso, se asume que la observación de un solo alelo se corresponde con la condición de homocigosis y por lo tanto que no hay alelos nulos, así como tampoco alelos no amplificados.

### **Heterocigosis:**

Se entiende por Heterocigosis aquella proporción o frecuencia promedio de individuos de una población que ostentan dos alelos diferentes en un *locus* concreto. De dicho concepto se segregan dos variantes claramente diferenciadas: Heterocigosis observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ). Así las cosas, la Heterocigosis observada ( $H_o$ ) se obtiene dividiendo el número de individuos heterocigotos para cada *locus* por el total de individuos analizados. La  $H_o$  media para varios *loci* es una buena medida del grado de variación genética. Por su parte, la Heterocigosis esperada ( $H_e$ ) es la probabilidad que dos alelos seleccionados aleatoriamente sean diferentes entre sí en una población en estado de equilibrio. La  $H_e$  se considera la medida más apropiada de la variación genética, conociéndose como índice de diversidad genética de Nei (Nei, 1977; Nei, 1987).

En el caso de razas criollas iberoamericanas, Avilés (2012) reportó datos de  $H_o$  en Texas Longhorn (0,6645); Criollo Mexicano (0,6951); Criollo Colombiano (0,7135); Criollo Uruguayo (0,6467); Criollo Pilcomayo (0,7412); Criollo Argentino (0,6685). De la misma forma, se han reportado una gran diversidad de valores de este índice en razas autóctonas españolas, pudiendo resaltar los valores siguientes: Alistana Sanabresa  $0,629 \pm 0,032$ ; Asturiana de la Montaña  $0,652 \pm 0,037$ ; Asturiana de los Valles

0,656±0,045; Sayaguesa 0,654±0,031; Tudanca 0,596±0,040; Avileña Negra-Ibérica 0,589±0,043; Bruna del Pirineus 0,619±0,033; Morucha 0,640±0,036; Pirenaica 0,543±0,052; y Retinta 0,614±0,040, según Cañón et al. (2001), o bien en las razas Marismeña (0,6921); Berrenda en Colorado (0,6897); Berrenda en Negro (0,5524); Pajuna (0,6812); Retinta (0,7100); Negra Andaluza (0,6323); Vaca Canaria (0,6662); y Vaca Palmera (0,5909), según Avilés (2012). Del mismo modo, se obtuvieron valores de 0,52 en la raza de Lidia (Cortés, 2008).

Por su parte, al considerar poblaciones bovinas geográfica e históricamente próximas a las razas españolas, los datos obtenidos en razas autóctonas portuguesas fueron: Alentejana 0,622±0,054; Barrosã 0,716±0,037; Maronesa 0,635±0,045; Mertolenga 0,626±0,039; y Mirandesa 0,625±0,037 (Cañón et al., 2001). Igualmente, estos mismos autores encontraron otros valores en razas francesas: Aubrac 0,569±0,043; Gasconne 0,630±0,039; y Salers 0,580±0,046; Por último, Avilés (2012) también menciona datos en razas cosmopolitas: Frisona (0,6726) y Hereford (0,6563).

Respecto a los valores de He, de nuevo mencionamos la recopilación de Avilés (2012) en razas criollas iberoamericanas, resultando: Texas Longhorn (0,7067); Criollo Mexicano (0,7639); Criollo Colombiano (0,7521);

Criollo Uruguayo (0,6642); Criollo Pilcomayo (0,7635); Criollo Argentino (0,6609). En ese mismo sentido, al considerar las razas autóctonas españolas encontramos los siguientes valores: Alistana Sanabresa  $0,681 \pm 0,027$ ; Asturiana de la Montaña  $0,705 \pm 0,034$ ; Asturiana de los Valles  $0,683 \pm 0,042$ ; Sayaguesa  $0,707 \pm 0,028$ ; Tudanca  $0,651 \pm 0,036$ ; Avileña Negra-Ibérica  $0,692 \pm 0,034$ ; Bruna del Pirineus  $0,672 \pm 0,030$ ; Morucha  $0,709 \pm 0,039$ ; Pirenaica  $0,628 \pm 0,037$ ; y Retinta  $0,693 \pm 0,033$ , según Cañón et al. (2001), o bien en las razas Marismeña (0,7207); Berrenda en Colorado (0,7494); Berrenda en Negro (0,6113); Pajuna (0,7160); Retinta (0,7268); Negra Andaluza (0,6844); Vaca Canaria (0,7042) y Vaca Palmera (0,5727), según Avilés (2012). De la misma manera, se encuentran valores de 0,72 en la raza de Lidia (Cortés, 2008).

Del mismo modo a lo expuesto anteriormente, al considerar las razas autóctonas portuguesas por su cercanía al patrimonio ganadero español, los valores encontrados fueron: Alentejana  $0,655 \pm 0,052$ ; Barrosã  $0,708 \pm 0,039$ ; Maronesa  $0,664 \pm 0,041$ ; Mertolenga  $0,671 \pm 0,035$ ; y Mirandesa  $0,635 \pm 0,026$  (Cañón et al., 2001). Igualmente, estos mismos autores encontraron otros valores en razas francesas: Aubrac  $0,611 \pm 0,036$ ; Gasconne  $0,708 \pm 0,023$ ; y Salers  $0,631 \pm 0,036$ ; Finalmente, Avilés (2012) también menciona datos en razas cosmopolitas: Frisona (0,6912); y Hereford (0,6748).

### **Contenido de Información Polimórfica (PIC):**

El Contenido de Información Polimórfica, más conocido como PIC, es uno de los parámetros más frecuentemente empleados para medir el poder discriminatorio de los loci. Con carácter general, el criterio más utilizado es que un *locus* se considera polimórfico si el alelo más común presenta una frecuencia menor al 99% en la población que se encuentra bajo estudio (Shete *et al.*, 2000), por cuanto cada uno de ellos debe contar al menos con dos alelos. El valor de PIC siempre oscila entre 0 y 1, si bien existen varias ecuaciones matemáticas que lo definen. En cualquier caso, la fórmula habitualmente utilizada es la de Botstein *et al.* (1980). Con dicho índice es posible determinar si un marcador es o no informativo, considerando los valores de PIC superiores a 0,5 como altamente informativos, mientras que los valores comprendidos entre 0,25 y 0,5 resultan medianamente informativos y, finalmente, se catalogan como poco o muy poco informativos los valores inferiores a 0,25.

### **Equilibrio Hardy-Weinberg:**

Con carácter general, en ausencia de los fenómenos de mutación, migración y selección en una población, las frecuencias alélicas y genotípicas no varían de generación en generación si se trata de una población infinita donde los cruzamientos se producen de manera aleatoria. Por



tanto, se considera que una población, donde se cumplen los preceptos anteriormente referidos, se encuentra en equilibrio Hardy-Weinberg (Hardy, 1908).

El procedimiento de cálculo más habitual para conocer si existen desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg es la comparación de genotipos observados respecto a los esperados dentro de una muestra. Para ello se emplea la prueba Chi-cuadrado ( $X^2$ ) con el fin de evidenciar la discordancia de las frecuencias genotípicas para cada combinación *locus*/población. No obstante, actualmente se usan métodos como el de Monte Carlo que unen alelos aleatoriamente en genotipos, repitiendo esta operación por ejemplo 1000 veces, con lo que se produce una serie de nuevas poblaciones que son evaluadas para el HWE haciendo una prueba de Chi-cuadrado ( $X^2$ ). Por ejemplo, con el programa informático Genepop (Raymond and Rousset, 1995) si hay más de cuatro alelos se utiliza la estimación no sesgada (Guo and Thompson, 1992).

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

### **Estadísticos F de Wright:**

La distribución de la variabilidad genética de una población se puede analizar mediante el cálculo de los estadísticos F de Wright (1965), posteriormente revisados por (Chakraborty y Danker-Hopfe, 1991). Existe una relación sencilla entre ellos, de manera que:  $1 - F_{IT} = (1 - F_{IS}) - (1 - F_{ST})$ .

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

El parámetro  $F_{IT}$  mide la desviación de las frecuencias esperadas de heterocigotos respecto de las observadas del conjunto de la población. Los parámetros  $F_{IS}$  y  $F_{IT}$  toman valores positivos cuando hay un déficit de heterocigotos y valores negativos cuando hay un exceso de heterocigotos. El estadístico  $F_{IT}$  es la correlación relativa a la población

total o índice de fijación de los individuos respecto al total de la población, o desviación de las frecuencias genotípicas observadas en la población total respecto a las esperadas considerando que existe equilibrio Hardy-Weinberg. Si la población total se encuentra en panmixia (individuos con igual probabilidad de cruzarse) el valor sería 0.

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

De compendio, los valores medios para  $H_e$ ,  $H_o$ ,  $NMA$ ,  $PIC$ ,  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  y  $F_{ST}$  en distintas razas bovinas criollas ecuatorianas y otras iberoamericanas, así como autóctonas españolas.

### **Diversidad genética inter-racial**

Los parámetros más simples para evaluar la diversidad interracial son los índices de diferenciación genética o de fijación. En este sentido, aunque se han propuesto varios estimadores ( $F_{ST}$  y  $G_{ST}$ ), el más ampliamente utilizado es  $F_{ST}$  (Weir y Basten, 1990), el cual mide el grado de diferenciación genética de las subpoblaciones calculando las varianzas estandarizadas de frecuencias alélicas entre poblaciones. Se puede calcular la significación estadística para los valores de  $F_{ST}$  entre pares de poblaciones (Weir y Cockerham, 1984) para comprobar la hipótesis nula de una falta de diferenciación genética entre poblaciones, y, por tanto, la división de la diversidad genética. Puede realizarse un análisis jerárquico de la varianza molecular (AMOVA) (Excoffier et al., 1992) para evaluar la distribución de diversidad dentro y entre grupos de razas.

### **Análisis multidimensionales**

El Análisis Factorial de correspondencia es el equivalente del procedimiento de Componentes Principales para

variables cualitativas, el cual intenta explicar una variable hipotética (factor) por medio de un modelo lineal en el que el factor (o varios factores) es función de un conjunto extenso de variables observables. Es una técnica descriptiva para representar tablas de contingencia, es decir, tablas en donde se recoge la frecuencia de aparición de dos o más variables cualitativas en un conjunto de elementos.

El Análisis Factorial de correspondencia (AFC) tiene como objetivo encontrar una estructura más simple reduciendo la dimensionalidad de las variables sin perder información. Para simplificar el análisis de los datos se reduce el número de variables a un pequeño número de índices o factores. Algunas diferencias entre estas dos técnicas son que los componentes principales están definidas como una combinación lineal de las variables originales y no están basadas en un modelo estadístico particular y por lo tanto no se requiere el cumplimiento de supuestos previos. El AFC se centra en el estudio en las relaciones entre las variables explicadas con las covarianzas o correlaciones. El AFC resulta apropiado cuando el objetivo consiste en encontrar un grupo de variables similares, altamente correlacionadas, y postular que esas similitudes provienen del hecho de que éstas son variables «latentes o factores» que actúan en forma particular sobre el proceso estudiado.

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

Con el programa computacional Genetix v.4.05 (Belkhir et al., 2003), se elabora un cuadro 0/1/2 que corresponde a una codificación más conveniente a los datos de la genética de los organismos diploides tal como fue propuesto por (She et al., 1987). Concretamente, los objetos analizados se ven como una nube de puntos en un hiperespacio que tiene tantas dimensiones como alelos. El algoritmo busca las direcciones independientes, en este hiperespacio la longitud de las cuales la inercia -tamaño que, por analogía con la física, representa la integral de la masa (aquí por ej. el número de individuos en un punto del hiperespacio) multiplicada por el cuadrado de la distancia en el centro de los datos del hiperespacio (aún llamado centro de gravedad) es máxima. Estas direcciones, que son definidas por los vectores propios de la matriz, determinan una serie de ejes factoriales. Por convenio, el

primer eje es el que tiene la más fuerte contribución a la inercia total. Para utilizar los datos genotípicos individuales, cada individuo está representado por su resultado para cada modalidad de cada variable (los alelos de distintos locus), lo que representa 0 para la ausencia, 1 para la presencia del alelo en el estado heterocigoto y 2 para el estado homocigoto. En otras palabras, el análisis de correspondencia puede condensar la información de un gran número de alelos y *loci* en pocas variables sintéticas. Con este método las frecuencias alélicas de las poblaciones en todos los *loci*, se usan como y el cluster de cada población se representa gráficamente (Li et al., 2005).

### **Distancias genéticas**

Habitualmente, los microsatélites se usan también para evaluar relaciones genéticas entre poblaciones e individuos mediante el cálculo de las distancias genéticas (p. ej., Beja-Pereira et al., 2003; Joshi et al., 2004; Ibeagha-Awemu et al., 2005; Sodhi et al., 2005; Tapio et al., 2005). Las distancias genéticas ayudan a entender las relaciones evolutivas entre poblaciones. La teoría matemática base de los programas, incluye aspectos gráficos, combinatorios, cadenas de Markov junto con estadísticos (de máxima verosimilitud y remuestreo), investigación de operaciones (optimización, investigación heurística) y ciencias de la computación. Afortunadamente, los conceptos son simples aun cuando el proceso matemático es complejo. Los

resultados se presentan como una matriz de valores entre cada población.

La medida más habitual de la distancia genética es la distancia genética estándar de Nei ( $D_S$ ) (Nei, 1973). Sin embargo, para poblaciones estrechamente emparentadas, en las que la deriva genética es el principal factor de diferenciación genética, como suele ocurrir en las razas agropecuarias, particularmente en el mundo en desarrollo, se recomienda la distancia Cavalli-Sforza modificada ( $D_A$ ) (Nei et al., 1983).

### **Árboles filogenéticos o estudios de vecindad.**

Los análisis filogenéticos, árboles filogenéticos o evolutivos son estructuras básicas que permiten identificar las diferencias entre poblaciones y poder analizarlas desde el punto de vista estadístico. Existen varios métodos estadísticos usados para la construcción de los árboles filogenéticos de datos moleculares. Los más comúnmente usados son los métodos de distancia, los de máxima parsimonia y los de verosimilitud.

Se suele visualizar la relación genética entre razas mediante la reconstrucción de una filogenia, utilizando habitualmente el método de adyacencia (NJ) (Saitou y Nei, 1987). No obstante, un inconveniente importante de la reconstrucción de árboles filogenéticos es que presupone que la evolución de los linajes no es reticular, es decir, que



los linajes pueden divergir, pero nunca ser resultado de cruces entre linajes. Este supuesto rara vez es aplicable al ganado, ya que a menudo las nuevas razas se originan por cruce entre dos o más razas ancestrales. La visualización de la evolución de las razas obtenida por reconstrucción filogenética debe interpretarse siempre con cautela.

El Método Neighbor-Joining (NJ), desarrollado por Saitou y Nei (1987), es una técnica muy eficiente, que está basada en el principio de mínima evolución. Este método no examina todas las posibles topologías, pero utiliza el principio de mínima evolución en cada grupo de poblaciones. Uno de los conceptos más importantes de este método es el de “vecino”, el cual se define como dos poblaciones que están conectadas por un nodo en un árbol sin raíz, es decir, los pares más próximos o “*vecinos*” de poblaciones o grupos de poblaciones (unidades taxonómicas), de forma que se minimice la longitud total de un árbol. Un par de vecinos son dos unidades conectadas por un simple nodo en un árbol sin raíz y con dos ramas que se unen en un nodo interior. En general, es posible definir la topología de un árbol por la unión sucesiva de pares de vecinos para formar nuevos pares de vecinos. Al principio, se obtiene una figura como una estrella en la que todas las ramas parten del mismo punto. Así las cosas, se consideran vecinos al par de grupos que, cuando se juntan, producen el árbol cuya longitud total es la más corta, y éstos se unen para formar una unidad

combinada. El procedimiento para identificar los vecinos entre un número reducido de unidades es repetido hasta que sólo quedan tres unidades.

Por otro lado, estos mismos autores defienden que con la utilización de esta metodología se obtiene el árbol correcto para datos puramente aditivos, donde la distancia entre cada par de unidades (unidades taxonómicas) es la suma de las longitudes de las ramas que las unen en el árbol. Estudios de simulación sugieren que este es el mejor método de los de matriz de distancia. En el caso aditivo el NJ sería el árbol de mínima evolución, es decir, que la suma de las desviaciones entre las distancias de pares de taxas y las longitudes de cada paso del árbol es mínima. Se elige la matriz de distancias DA para construir un árbol filogenético basado en el algoritmo Neighbour-Joining. Este método ha demostrado ser el más eficiente en la práctica cuando no todos los supuestos estadísticos se cumplen (Takahashi y Nei, 2000; Tatenó et al., 1994).

### **Estructura genética**

Aunque existen distintos métodos para la correcta asignación de individuos a poblaciones (Cornuet et al., 1999; Falush et al., 2003; Paetkau et al., 1995; Paetkau et al., 2004; Pritchard et al., 2000; Rannala y Mountain, 1997), son dos las principales tipologías: a) Métodos

basados en distancia genética; y b) Métodos basados en modelos probabilísticos.

Así las cosas, los métodos basados en distancias genéticas se fundamentan en el cálculo de la matriz de distancia entre cada par de individuos y se representa entonces de forma gráfica en forma de árbol y los clusters son identificados de manera visual. Los métodos basados en modelos probabilísticos asumen que cada cluster es tomado de algún modelo paramétrico, se infieren los parámetros de cada cluster y entonces se hace la inferencia del cluster de cada individuo. Los inconvenientes de estos métodos, son que suponen que las frecuencias alélicas se encuentran en equilibrio Hardy-Weinberg y que el ligamiento entre alelos también lo está; en un momento dado se deben corroborar estos supuestos.

En primera instancia, se consideran datos de un genotipo multilocus de individuos muestreados, colectados de una población con estructura desconocida. Pritchard et al. (2000) introdujeron un método para identificar poblaciones diferentes; donde posteriormente se estudia la ascendencia de los individuos muestreados. Se tienen en cuenta dos modelos para la ascendencia de los individuos, el primero de ellos, un modelo no-combinado, en el que se asume que los individuos son tomados de forma pura de una de las  $k$  poblaciones y el modelo combinado, en el que se permite la mezcla de los ancestros; es decir, una

fracción  $q_k$  del genoma de un individuo viene de la subpoblación K. En ambos modelos se supone que no existe ligamiento entre ellos y que proporcionan información independiente de los ancestros de los individuos en cuestión.

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

Los supuestos principales para estos modelos son que las frecuencias génicas están en equilibrio en el ligamiento y que existe equilibrio Hardy-Weinberg dentro de las poblaciones, por tanto, la similitud del genotipo del individuo  $i$  está condicionada por las frecuencias alélicas de su población de origen ( $Z_i$ ).  $Q$  es el vector multidimensional de la proporción de los ancestros para todos los miembros de la muestra. El valor de  $a$  representa el valor relativo de la población K al material genético de la muestra; cuando los valores de  $a$  son mayores a 1, cada individuo está tomando copias de alelos de las K

poblaciones en igual proporción. Para valores pequeños de  $a$  ( $<1$ ), cada individuo se origina sobre todo en una población, con cada una siendo igualmente probable. Conforme  $a$  tiende a 0, el modelo se va haciendo similar al no combinado.

### **VARIABLES ZOOMÉTRICAS**

La base animal seleccionada se valoró a partir del peso vivo del animal (PV) y 14 variables morfométricas de entre las recomendadas por Parés (2009): Anchura de la cabeza (ACF), Longitud de la cabeza (LCF), Longitud de la cara (LR), Longitud del cráneo (LCR), Alzada a la cruz (ACR), Diámetro bicostal (DBC), Distancia entre encuentros (DEE), Diámetro dorsoesternal (DDE), Perímetro torácico (PT), Perímetro de la caña (PC), Longitud occipital-isquial (LOI), Alzada entrada grupa (AEG), Longitud grupa (LG) y Anchura interilíaca (AII). Para su obtención en campo se utilizó la báscula Gallagher W210 (Uruguay) para el peso vivo, y el bastón zoométrico Hauptner, compás de brocas y cinta métrica inextensible para las variables zoométricas.

### **ÍNDICES ZOOMÉTRICOS**

Se obtuvieron cuatro índices zoométricos de interés etnológico: índice cefálico ( $ICEF = AC*100/LC$ ); índice torácico ( $ITOR = DBC*100/DDE$ ); índice pelviano ( $IPEL = AG*100/AII$ ) e índice peso relativo (compacidad) ( $IPR =$

PV\*100/ACR); seis índices de interés productivo: índice dátilo-costal ( $IDC = PC*100/DBC$ ); índice de profundidad relativa del tórax ( $IPRT = DDE*100/ACR$ ); índice de grueso relativo de la caña ( $IGRC = PC*100/ACR$ ); índice carga de la caña ( $ICC = PC*100/PV$ ); índice dátilo-torácico ( $IDT = PC*100/PT$ ); y otros seis índices: índice de anamorfosis ( $IANA = PT^2/ACR$ ); índice morfológico de Alderson sobre alzada inclinada ( $IALD1 = ACR-AEG$ ); índice morfológico de Alderson sobre longitud de equilibrio de la pata delantera ( $IALD2 = ACR-DDE$ ); índice Skorkowski W1 ( $W1 = AC*100/LR$ ); índice Skorkowski W5 ( $W5 = ACR*100/DDE$ ); e índice Skorkowski W6 ( $W6 = DDE*100/DE$ ). Los índices fueron calculados siguiendo la metodología expuesta por Parés (2009).

## **VARIABLES FANERÓPTICAS**

Se analizaron 10 variables cualitativas de tipo faneróptico como son: forma del cuerno (tipos proceros, ortoceros y opistoceros, es decir, cuernos con nacimiento delante de la línea de nuca, en la propia línea de la nuca y detrás de la línea de la nuca, respectivamente); extensión de la capa; color de la capa; pigmentación de las mucosas; pigmentación de las pezuñas; finura de pelo, longitud de pelo, presencia/ausencia de papada, presencia/ausencia pliegue umbilical, y tipo borla de la cola. Para la

observación y recopilación de la información de estas variables se siguió la metodología expuesta por Sánchez e Iglesias (2009).

### **VARIABLES MORFOLÓGICAS**

Se estudiaron 19 variables morfológicas de tipo cualitativo, 4 de ellas específicas de la cabeza: perfil cefálico; tamaño y orientación de las orejas; y órbitas; mientras que las 15 restantes estaban referidas al resto del cuerpo: presencia/ausencia de giba, longitud de cuello; inclinación de la línea dorsolumbar; inclinación de la grupa; posición del nacimiento de la cola; forma de la nalga; finura de cola; tipo de vientre, tipo de aplomos; tamaño de la ubre, simetría de la ubre, inserción de la ubre; tamaño de los pezones; uniformidad de los pezones y presencia/ausencia de pezones supernumerarios; y borla de la cola. Igualmente, para la observación y recopilación de la información de estas

### **VARIABLES ZOOMÉTRICAS, FANERÓPTICAS Y MORFOLÓGICAS.**

Inicialmente se realizó un análisis estadístico descriptivo de las variables cuantitativas estudiadas, así como un análisis de varianza univariante de los residuos de las variables zoométricas para comparar rasgos morfométricos entre machos y hembras utilizando el sexo

como único efecto fijo. De igual forma, se estimaron los coeficientes de correlación de Pearson de los residuos de las variables morfométricas y PV. Además, se llevó a cabo un análisis de componentes principales de los residuos de las variables con el fin de determinar el número de variables independientes que recogen la mayor parte de la varianza en los caracteres morfométricos estudiados. Asimismo, se realizó un análisis de varianza univariante entre sexos de las funciones lineales de los seis primeros componentes principales. Por último, se realizó un análisis discriminante canónico a partir de las variables morfométricas para establecer posibles relaciones existentes entre cuatro poblaciones bovinas de Ecuador (Lojano: 198; Manabí: 794; Santa Elena: 198; Tsachilas: 198), así como se calcularon las distancias de Mahalanobis para estimar el grado de diferenciación entre dichas poblaciones, utilizando para ello solo datos de hembras adultas.

En cuanto a las variables de naturaleza cualitativa, tanto en las de tipo faneróptico como en las variables morfológicas, se calculó la proporción media y el error estándar de la proporción media. Asimismo, se realizó un estudio comparativo de las 29 variables cualitativas entre el ganado criollo de Manabí (GCM: 818) y el ganado criollo de Santa Elena (GCSE: 216) mediante pruebas de Chi-cuadrado.



## MICROSATÉLITES DEL ADN

### **Diversidad genética intra-racial**

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

### **Diversidad genética inter-racial. Relaciones con otras razas**

Para este análisis, la población del GCSE de Ecuador se ha incluido en una base de datos que comprende otras 33 razas pertenecientes al Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de Animal Breeding Consulting S.L. y del Consorcio BioBovis (<http://biobovis.jimdo.com>), siendo éstas empleadas en el presente análisis sólo a título de

grupos de comparación. Del conjunto de razas analizadas, 14 eran criollas iberoamericanas (Sudamérica (10); Centroamérica (3); Ecuador (4)), otras 9 razas eran ibéricas, 5 razas eran internacionales, otras 5 eran cebuinas y otra más africana (Kenya). El tamaño de la muestra analizada fue de 1495 individuos y 19 microsatélites comunes a todas las poblaciones, empleándose el cálculo de distancia  $D_A$  (Nei et al., 1983).

### **Análisis multidimensionales**

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

### **Distancias genéticas**

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

### **Estudios de vecindad**

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

### **Estructura genética**

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

mezcla en el cual cada individuo podría contener en su genoma porcentajes variables de las poblaciones ancestrales de las que proviene.

## **ESTUDIO DE LAS VARIABLES ZOOMÉTRICAS O MORFOMÉTRICAS**

### **Caracterización del ganado de doble propósito en Santa Elena según las variables zoométricas.**

Los estadísticos descriptivos de las variables zoométricas analizadas en el GCSE, así como los resultados del análisis de varianza de dichas variables atendiendo al sexo como único factor de variación. La mayoría de las variables muestran la existencia de moderada variabilidad en la población, confirmando así una discreta uniformidad zoométrica, a excepción de los resultados encontrados para DDE, LCF, AII y LR en machos, ACF en hembras y DEE en ambos sexos. En cualquier caso, existe mayor variabilidad en el caso de los machos. Asimismo, la mayor parte de las variables zoométricas presentan diferencias altamente significativas entre machos y hembras ( $p < 0,001$ ), algunas otras variables ACF y AEG con diferencias moderadamente significativas ( $p < 0,05$ ) y las variables LCF, DEE, DDE, AG y AII que resultan no significativas ( $p > 0,05$ ).

La variabilidad fenotípica observada en el CGSE para las variables zoométricas fue superior a la reportada en otras poblaciones ecuatorianas: criollo lojano (Apolo y Chalco, 2012), criolla macabeo (Vargas et al, 2015), criollo manabita (Cevallos et al, 2016), criollo de Santo Domingo de los Tsáchilas (Cevallos et al, 2015); así como en otras razas criollas iberoamericanas: criollo patagónico (Martínez et al, 2007) en Argentina, criollo de Saavedra en Bolivia (Centellas et al, 2008), criollo pantanero en Brasil (Abreu et al, 2015), criollo Casanare en Colombia (Salamanca y Crosby, 2013), criollo barroso o salmeo en Guatemala (Jáuregui y Melgar, 2009), criollo de Chinampa y Mixteco en México (Espinoza et al, 2009; Méndez et al, 2002), criollo pampa chaqueño en Paraguay (Martínez et al, 2009), criollo limonero de Venezuela (Contreras et al, 2011) y criollo uruguayo (Rodríguez et al, 2001), entre otros, además de las razas berrenda en colorado y berrenda en negro (González, 2007); serrana de Teruel (Vijil et al, 2009), negra andaluza (Nogales et al, 2011), pallares (Jordana et al, 2010) y morucha (De la Fuente et al, 2018) en España.

Los resultados obtenidos confirman que la población criolla analizada presenta un formato corporal intermedio respecto al resto de razas criollas ecuatorianas en particular, y de las razas criollas iberoamericanas en general, donde resulta claramente superior al criollo uruguayo (Rodríguez et al, 2001), criollo mixteco (Méndez

et al, 2002) y criollo de Panamá (Villalobos et al, 2012), entre otros, así como muestra valores sensiblemente inferiores al criollo patagónico (Martínez et al, 2007), criollo barroso o salmeco de Guatemala (Jauregui y Melgal, 2009), o el criollo Manabita (Cevallos et al, 2016) entre las poblaciones que superan en tamaño a la estudiada.

De la misma forma, los resultados obtenidos son inferiores a los reportados para las razas autóctonas españolas: berrenda en colorado y berrenda en negro (González, 2007); serrana de Teruel (Vijil et al, 2009), pallaresa (Jordana et al, 2010), negra andaluza (Nogales et al, 2011) y morucha (De la Fuente et al, 2018) e intermedios si se compara con el conjunto de las razas autóctonas portuguesas (Carolino, 2010); lo que sitúa a este ganado como típicamente eumétrico, probablemente por la influencia de las razas ibéricas en su origen (Rodero et al, 1992) y como ventaja adaptativa a las condiciones ambientales tropicales (Cevallos et al, 2016).

### **Análisis comparativo entre sexos según las variables zoométricas**

Los resultados del análisis de varianza indican que la mayor parte de las variables zoométricas (7/15) son altamente significativas en machos respecto a hembras ( $P < 0,001$ ), mientras que dos variables tienen diferencias

significativas menores ( $P < 0,05$ ). Los machos presentan mayores valores que las hembras en la casi totalidad de las variables, a excepción de ACF y DBD, que son superiores en las hembras. Asimismo, no existen diferencias significativas ( $P > 0,05$ ) entre sexos en LCF, DEE, DDE, LG y AII, siendo las cinco únicas variables zoométricas donde no existen diferencias significativas entre ambos sexos.

Por tanto, se constata la existencia de un moderado a elevado dimorfismo sexual en GCSE, según los resultados del análisis de varianza en las variables zoométricas, en concordancia con el perfil de las poblaciones de ganado de tipo ambiental y poco seleccionadas, atendiendo a lo expuesto por Herrerra (2007), si bien no resulta tan acusado como en el caso del criollo uruguayo (Rodríguez et al, 2001), criollo macabeo (Vargas et al, 2015) y criollo Manabita (Cevallos et al, 2016). En cualquier caso, los estudios de dimorfismo sexual han sido escasamente estudiados anteriormente en el ámbito americano, como sería el caso de criollo Limonero (Chirinos et al. 2011), Criollo de Oaxaca (Fuentes et al, 2011) y criollo Casanare (Salamanca y Crosby, 2013), entre otros trabajos.

### **Caracterización del Ganado Criollo de Santa Elena según los índices zoométricos**

Los estadísticos descriptivos y el análisis de varianza entre sexos obtenidos para los índices zoométricos en el GCSE. En general, todos los índices zoométricos presentan un

grado de variabilidad de moderado a alto en machos, especialmente en IPRT, ALD2, W5 y ITOR, así como ALD1 y W6 en ambos sexos, resultando una menor variabilidad para el resto de índices en el caso de las hembras. Respecto a la comparación entre sexos, todos los índices resultan altamente significativos ( $p < 0,001$ ), a excepción de IRPT con menor grado de significación ( $p < 0,05$ ) y de IPEL, ALD1 y W6 que resultan no significativas ( $p > 0,05$ ).

Respecto a los índices zoométricos de interés etnológico, el valor promedio de ICEF sitúa a esta población como de tipo dolicocefalo con predominio de la LCF frente a ACF, en coincidencia a lo descrito en otras razas criollas iberoamericanas, como el criollo de Saavedra en Bolivia (Centellas et al, 2008), criollo barroso o salmeco en Guatemala (Jauregui y Melgal, 2009), criollo limonero de Venezuela (Contreras et al, 2011) o criollo Manabita en Ecuador (Cevallos et al, 2016) o bien en razas autóctonas españolas como las razas asturiana de los valles, bruna de los Pirineos, parda de montaña y pirenaica (Parés y Jordana, 2008) y serrana de Teruel (Vijil et al, 2009). No obstante, con carácter general, la dolicocefalia es mucho más acusada en machos que en hembras.

A partir de los valores de IDT e IDC obtenidos, el GCSE se encuadra dentro de las poblaciones con predisposición a la aptitud láctea, dado que dichos promedios informan sobre la finura del esqueleto de los animales y su asociación con la capacidad de producción lechera, especialmente en las



hembras. Asimismo, el valor del LOI/ACR indica que esta población presenta una proporción corporal sublongilínea como otro rasgo característico compatible con la aptitud lechera, relación más destacada en hembras. Por otra parte, coincidiendo con la mayoría de razas ambientales autóctonas españolas y criollas iberoamericanas, este ganado presenta una línea dorsolumbar con inclinación caudal ascendente, lo que favorece la gimnástica funcional de los animales en terrenos de relieve accidentado.

### **Análisis comparativo entre sexos según los índices zoométricos**

Asimismo, en el caso de los índices zoométricos, aquellos de interés etnológico ICEF, ITOR e IPR son significativamente diferentes entre sexos ( $p < 0,001$ ), lo que unido a las diferencias estadísticas halladas en el resto de índices productivos confirma una escasa uniformidad morfoestructural entre machos y hembras en esta población. Esta situación sugiere que el GCSE podría estar siendo sometido a un proceso de mejora por cruzamiento mediante el empleo de sementales que habrían recibido influencia de razas exóticas o, lo que es lo mismo, una gestión genética diferente para machos y hembras como dos subpoblaciones distintas, lo que justifica las diferencias halladas entre sexos para los índices zoométricos de tipo etnológico y productivo y la mayor

variabilidad intrínseca existente en el grupo de los machos.

Por otro lado, IPEL, IALD1 y W6 muestran homogeneidad estadística en ambos sexos en consonancia con los caracteres de tipo adaptativo que representan, dada la importancia de la inclinación caudal ascendente de la línea dorsolumbar al favorecer la gimnástica funcional de los animales en terrenos de difícil orografía, así como la relación de la anchura de la pelvis con la facilidad del parto, respectivamente.

### **Estudio de la armonicidad del modelo morfoestructural**

Los coeficientes de correlación de Pearson obtenidos para los residuos de las variables analizadas ofrecen un grado de armonía moderado en esta población donde se obtiene el 55,24% de los coeficientes significativos ( $p < 0,05$ ). Las correlaciones en las variables LCR y PT se consideran altas y, en menor proporción, ACR, AEG, LOI, LG y AII. Los valores del coeficiente de correlación fenotípica más elevados son entre DBC y LCR y entre LG y AII ( $r = 0,86$ ), y en menor medida entre PC y LR (0,75), ACR y AEG (0,71) y LCR y LR (0,70).

Asimismo, el bajo nivel de correlación encontrado entre las variables analizadas muestra la alta variabilidad subyacente en esta población, confirmando lo esperado en

este tipo de poblaciones que históricamente han sido seleccionadas de forma masal por los ganaderos con criterios no coincidentes y que en la actualidad carecen de programas de cría correctamente estructurados, así como se evidencia la completa ausencia de implementación de criterios de selección uniformes por parte de los productores (Herrera, 2007). Resultados similares han sido obtenidos en el ganado criollo de Manabí dentro de Ecuador (Cevallos et al, 2016) así como en el caso de la raza autóctona española serrana de Teruel (Vijil et al, 2009). Además, también habría que tener en cuenta como otra posible consecuencia el efecto que provoca la utilización de sementales con influencia de razas exóticas mejorantes.

Por otra parte, los seis primeros componentes principales explicaron el 85% de la variación total. De todos los componentes principales (14), ocho (57,0%) presentaron autovalor menor que 0,7. Se han seleccionado los factores que recogen el 73,42% de la varianza total.

El CP1 se identificó con LCR el cual se caracterizó por correlaciones negativas frente a PT (-0,89), LOI (-0,82), ACR (-0,75), AEG (-0,75), LG (-0,74) y AII (-0,70), es decir, el formato corporal de los animales disminuye conforme se incrementa LCR. Este primer factor recoge el 33,46% de la variación en las variables originales.

El CP2 se asoció a DBC, donde un incremento de dicha variable se correspondió con el aumento del tamaño de la grupa (LG, AII) y una disminución PC. Este factor explica el 21,82% de la variación total. Asimismo, y con menor importancia, el CP3 da el mayor peso a DEE y el CP4 a ACF, explicando ambos, respectivamente, solo el 10,92 y 7,22% de la variación. Asimismo, el análisis de varianza de las funciones lineales de los seis primeros CP reveló que solo existen diferencias significativas entre sexos para CP1 y CP2, mientras que se constata homogeneidad estadística en el resto de los casos.

A efectos prácticos, se constata que el CP1 explicó más de la tercera parte de la varianza observada, el cual definió la estructura cefálica respecto a la morfoestructura general de los animales de manera que a mayor LCR los animales reducen su formato corporal en alzadas, longitudes y perímetros, mientras que, el CP2 se asoció a la capacidad corporal, de forma que un incremento de DBC mejora la morfoestructura de la grupa, lo que se vincula con un canal pélvico de suficiente anchura en las hembras, según AII y LG. Por tanto, se deduce la importancia de LCR como variable definitoria de la selección intuitiva de la morfoestructura de los animales, así como la importancia de DBC relacionado con la capacidad corporal y tamaño de la grupa como ventaja adaptativa a la facilidad de parto en

las hembras, como sendos criterios de selección de los reproductores de mayor interés para los ganaderos.

### **Estudio comparativo entre poblaciones bovinas ecuatorianas**

La Tabla 26 muestra las funciones discriminantes canónicas. La significancia de las dos funciones discriminantes obtenidas fue probada por Wilk's Lambda ( $\lambda$ ), siendo 0,03 y 0,22, respectivamente, así como la prueba de Chi cuadrado ( $\chi^2$ ), que obtuvo un valor de 2.457,67 y 1.008,03 ( $p \leq 0.001$ ), respectivamente. Asimismo, las funciones 1 y 2 explicaron el 72,33% y 25,68% de la variación total, respectivamente, quedando la función 3 como testimonial dado que la varianza explicada es inferior al 2%. Estos resultados proporcionaron validez para el análisis discriminante, destacando que la función 1 tiene la mejor combinación lineal de rasgos que permite discriminar entre las cuatro poblaciones.

Los coeficientes canónicos estandarizados y la variación total explicada por estos coeficientes canónicos. Para todas las variables, cada valor correspondiente indica la contribución original de cada rasgo a la variación general entre la población, que es un reflejo de su poder discriminatorio.

En general, cualquier variable con una carga de 0,30 (o superior) se considera que contribuye significativamente

como una variable discriminatoria. Por lo tanto, en CAN 1 con la mejor contribución lineal de rasgos, LC, ACR, LR, PC, LOI y AII son las variables más discriminantes para las cuatro poblaciones bovinas, mientras que en CAN 2, además de las variables anteriores encontramos AEG, DB, DDE y AG con valores de 0,30 y superiores.

Las distancias de Mahalanobis (diagonal superior) y las distancias euclidianas (diagonal inferior) entre poblaciones, donde se evidencia desde la proximidad entre GCM y GCSTCh (2,09) hasta el mayor distanciamiento hallado entre GCSE y GCSTCh (47,56), teniendo en cuenta que todos los valores resultan estadísticamente significativos ( $p < 0,05$ ). Por su parte, las distancias euclidianas individuales obtenidas confirman la proximidad existente entre GCM y GCSTCh y entre GCSE y GCL y el distanciamiento de sendos grupos entre sí.

Un gráfico bidimensional de las variables CAN 1 y CAN 2 que demuestra las relaciones existentes entre las cuatro poblaciones, con una superposición significativa entre el GCM y GCSTCh, mientras que la GCL y GSE se diferencian claramente del resto conformando agrupamientos separados, no presentando superposición de ningún tipo.

El análisis discriminante canónico entre las hembras demostró que cada una de las razas tiene un patrón zoométrico diferente, lo que implica la clara diferenciación morfométrica entre las cuatro poblaciones posiblemente

debida al aislamiento reproductivo existente entre las mismas, así como a diferentes criterios de selección masal aplicados en cada caso, todo ello debido al distanciamiento geográfico existente entre dichas poblaciones. No obstante, estos resultados fueron corroborados por las diferencias significativas obtenidas para las distancias de Mahalanobis para las cuatro poblaciones, siendo GCM y GCSTCh las más cercanas entre sí, mientras que GCSE la que se encuentra más alejada del resto y GCL es la población que ocupa posiciones intermedia.

Como conclusión de este apartado, podríamos afirmar que el GCSE se encuadra dentro de un formato corporal mediano, de tendencia geométrica, de proporciones corporales sublongilíneas y de tipo dolicocefalo, con esqueleto fino en las hembras, lo que confirma su predisposición hacia la producción lechera. Las elevadas diferencias significativas entre sexos tanto para variables como para los índices zoométricos confirman la existencia de un moderado a elevado dimorfismo sexual en la población, lo que sugiere incluso la coexistencia de machos y hembras como dos subpoblaciones que han sido sometidas a diferente gestión genética. Esta situación se justifica por la utilización de sementales con influencia de otras razas mejorantes en comparación al conjunto de hembras en mayor concordancia con las características del ganado criollo.

El uso del análisis discriminante contribuyó a la diferenciación entre las cuatro poblaciones bovinas ecuatorianas, confirmando que el GCSE conforma una población con características zoométricas específicas. Por todo ello, el GCSE podría encuadrarse dentro del conjunto del bovino criollo tropical de doble propósito, proponiendo al sector productor el desarrollo de las actuaciones necesarias para la implementación de un programa de cría moderno en raza pura. Entre ellas, se recomienda abordar la caracterización genética de la población mediante polimorfismos del ADN, lo que permitiría eliminar los ejemplares no compatibles con el prototipo racial con el fin de conformar la base animal con la que se inicie el control genealógico y productivo de la población para así optar al reconocimiento oficial como raza criolla por parte de las administraciones públicas y la puesta en funcionamiento de un programa de desarrollo ganadero que eleve el nivel de competitividad de las explotaciones ganaderas de la raza.

### **ESTUDIO DE LOS CARACTERES MORFOLÓGICOS Y FANERÓPTICOS**

Los resultados obtenidos sobre las características fanerópticas en el GCSE, donde se observa el predominio de cuernos de tipo proceros (tipo gancho) con una proporción del  $87,10 \pm 2,38\%$ , seguido de los animales con cuernos de tipo opistoceros (tipo espiral) con el  $6,95 \pm$



1,80% de los casos. De igual forma esta población se caracteriza por presentar mayoritariamente capas monocolors (80,50%), seguidas del conjunto de capas bicolors (17,00%) y, en menor porcentaje, se presenta la existencia de capas de tipo tricolor (2,50%). Sin embargo, es el color rojo el predominante en la pigmentación base de la capa, con más del 60% de los registros, al sumar los tipos castaño ( $37,79 \pm 3,29\%$ ), bayo ( $5,07 \pm 1,49\%$ ), berrendo en colorado ( $5,53 \pm 1,55\%$ ) y colorado ( $11,98 \pm 2,20\%$ ), mientras que, las capas con color base en blanco, en negro y en jaspeado muestran unas frecuencias de presentación comprendidas entre el 7 y 16% del total. Además, estos animales presentan pigmentación negra intensa en mucosas y pezuñas en una proporción superior al 87% de los casos, seguido a muy larga distancia de los animales con mucosas y pezuñas rosadas ( $12,50 \pm 2,34\%$  y  $5,50 \pm 1,54$ ).

Por otra parte, se aprecia la existencia de pelo corto y fino con un porcentaje del 100%, así como también ausencia de morrillo o giba y de pliegue umbilical en todos los ejemplares analizados, lo que confirma la escasa influencia de genotipos de origen *bos indicus* en esta población. Por su parte, se confirma la presencia de papada en la totalidad de los animales, aunque ésta es de tipo discontinuo en el 77,21% de los casos, a semejanza de la mayor parte de las razas autóctonas ibéricas adaptadas a climas cálidos, frente a las de tipo continuo que se

observan con una frecuencia del 21,86%. Por último, la borla de la cola es generalmente de tipo mediano (87,50%) y en menor medida de tipo pequeño (11,50%).

Al contrastar las variables fanerópticas del GCSE respecto a otras razas criollas iberoamericanas se observa una clara coincidencia en el color rojo como base predominante del pelaje, tanto en el Criollo Manabita (Cevallos, 2017) como raza bovina ecuatoriana de cierta proximidad geográfica, como en otras poblaciones iberoamericanas como el Criollo Patagónico (Martínez et al., 2007), como en el Criollo Uruguayo (Fernández et al., 2001), Criollo Chinampo (Espinoza et al., 2009), Criollo Casanare (Sastre et al., 2010), Criollo de la Sierra de Tarahumara (Rubio-Tabárez y Pérez-Eguía, 2015), o Criollo Colombiano Costeño con Cuernos (Ossa et al., 2011).

De igual manera, la pigmentación de mucosas y pezuñas, el pelo corto y liso, la presencia mayoritaria de papada y la ausencia de giba son también caracteres comunes a las razas anteriormente citadas.

Todos estos caracteres pueden asociarse a la capacidad de adaptación y resistencia que esta población animal presenta en ambientes con altas temperaturas y elevado número de horas anuales de exposición a la luz solar.

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

### **CARACTERIZACIÓN Y VARIACIÓN FENOTÍPICA PARA VARIABLES MORFOLÓGICAS DE LA CABEZA.**

Según los resultados expuestos, el perfil cefálico recto es el más frecuente con  $85,00 \pm 2,52\%$  de los casos, mientras que, en menor medida encontramos animales con perfil cóncavo ( $12,00 \pm 2,12\%$ ) y perfil subconvexo ( $5,00 \pm 1,54\%$ ). El tamaño de las orejas es mediano ( $82,50 \pm 2,69\%$ ), con una orientación mayoritaria de tipo horizontal ( $64,50 \pm 3,38\%$ ). De igual manera, el 87,50% de los animales presenta orbitas marcadas, y el 12,00 % se corresponde con individuos con orbitas poco marcadas.

Desde el punto de vista comparativo, encontramos resultados análogos a los referidos para la raza Casanare en Colombia por Sastre et al (2010), así como para la raza criolla Manabita (Cevallos, 2017), a excepción del tamaño de las orejas dado que el ganado manabita presenta orejas de tamaño mediano.

### **CARACTERIZACIÓN Y VARIACIÓN FENOTÍPICA PARA VARIABLES MORFOLÓGICAS DEL CUERPO.**

En cuanto al resto de variables morfológicas del tronco y extremidades, esta población presenta un cuello de mediana a corta longitud ( $83,50 \pm 2,62\%$  y  $14,00 \pm 2,45\%$  respectivamente), ausencia de giba en el 100% de los casos, así como una línea dorsolumbar con tendencia a la rectitud ( $85,00 \pm 2,45\%$ ), con un vientre algo recogido y ventrudo ( $89,00 \pm 2,21\%$  y  $6,00 \pm 1,68\%$  respectivamente) y una grupa algo inclinada (87,00%). De la misma forma, la posición del nacimiento de la cola se halla en línea en el 88,00% de los casos, mientras que la nalga presenta forma recta en el 79% de los individuos en estudio, así como un 85% de los animales presentan finura de la cola. Además, la población presenta buenos aplomos en el 100% de los casos, con inserción de la ubre normal y firme (97,50%). El tamaño de los pezones ofrece algo más de variabilidad, con pezones de tipo medianos en el 88% de los casos y pezones pequeños en el 7%. Asimismo, se evidencia la uniformidad de pezones en el 100% y ausencia de pezones supernumerarios en un 95%.

Al tratar de realizar un análisis comparativo con otras razas bovinas iberoamericanas, se constata la existencia de escasos trabajos de investigación sobre variables morfológicas de naturaleza cualitativa. De hecho, solo disponemos del estudio de Sastre et al. (2010) para la raza Casanare en Colombia, donde confirmamos la existencia de resultados similares entre ambas poblaciones, a excepción de las variables tamaño del pezón y presencia de

pezones supernumerarios donde se constatan importantes diferencias entre dichas razas , y por otra parte, la investigación de Cevallos et al (2017) en el ganado criollo de Manabí (GCM), teniendo en cuenta que en la presente memoria de tesis doctoral se ha realizado un análisis comparativo entre el GCSE y GCM el cual es objeto de un epígrafe específico que será expuesto más adelante.

### **ESTUDIO FANERÓPTICO COMPARATIVO ENTRE POBLACIONES BOVINAS ECUATORIANAS**

Se muestran los resultados obtenidos en la prueba de Chi-cuadrado para las variables cualitativas entre las poblaciones bovinas de GCSE y Criollo Manabita.

El análisis comparativo de las variables fanerópticas entre el GCSE y el GCM informa de la existencia de diferencias significativas solo en dos de las diez variables analizadas entre ambas razas, es decir, en la forma de la cuerna y en el color de la capa, siendo éstas diferencias altamente significativas, mientras que se constata no significación u homogeneidad estadística en las variables presencia de la cuerna, papada, pliegue umbilical, giba, longitud del pelo, finura del pelo, pigmentación de las mucosas y pigmentación de las pezuñas.

Asimismo, también se evidencian diferencias estadísticas en la mayor parte de las variables morfológicas de la cabeza, siendo más acusadas en el tamaño y dirección de las orejas, como valores  $p < 0,001$ , mientras que la

variable del perfil cefálico es la única donde se manifiesta la homogeneidad estadística.

Por su parte, en relación a las variables morfológicas de la cabeza, se observa que en siete de ellas existen diferencias significativas entre ambas poblaciones, excepto en dos de las variables como es el caso de la presencia/ausencia de giba y tipo de aplomos.

Finalmente, al comparar las variables específicas de la ubre, se evidencia que cuatro de estas variables se muestran no significativas entre dichas razas, resultando diferencias estadísticamente significativas sólo para las variables relativas al tamaño de la ubre y el tamaño de los pezones.

Por todo lo anterior, se concluye una clara diferenciación entre ambas razas al encontrar diferencias significativas en la mayor parte de las variables (16), especialmente en el caso de la morfología de la cabeza como región corporal que informa de la definición racial.

Los microsatélites estudiados mostraron un alto grado de polimorfismo genético, detectándose 246 alelos en los 28 *loci* de los 53 animales estudiados, lo que corresponde a un promedio de 8,78 alelos por locus, parámetro que indica, en cierta manera, la variabilidad genética de la población y, en este caso, se considera un valor elevado. El número de alelos por locus varió desde un mínimo de 4 alelos, correspondiente al locus INRA63, hasta un máximo de 13

alelos hallados para los loci BM1314 y TGLA053. Por su parte, más del 64% de los loci (18 de 28) presentó 8 o más alelos. Por su parte, el número efectivo de alelos (4,33) se mostró sensiblemente inferior al número medio de alelos de dicha población.

Recientemente, la caracterización genética del ganado criollo de Manabí en Ecuador (Cevallos, 2017) reportó una elevada variabilidad genética en dicha población, si bien no alcanzó cotas tan altas como el GCSE, dado que presentó un promedio de 8,18 alelos por locus, así como un 60% de los loci con 8 o más alelos. Sin embargo, el número efectivo de alelos (4,48) tuvo un comportamiento ligeramente mejor.

El número promedio de alelos en GCSE es superior al valor de 8,2 de la raza Criolla de Brasil (Steigleder *et al.* 2004), al valor de 8,14 reportado para la raza Limonero de Venezuela (Villasmil *et al.*, 2008) y a los 8,11 alelos descritos para el Pampa Chaqueño en Paraguay (Delgado *et al.*, 2011). De la misma forma, nuestros resultados son claramente superiores a los valores reportados para las otras razas criollas: Texas Longhorn (8,05) en Estados Unidos; Siboney (8,05) en Cuba; Casanareño (8,00) en Colombia; Criollo de Chiapas (7,84) en México; Guaymí (7,79) en Panamá; Hartón del Valle (7,74) en Colombia; Criollo de Nayarit (7,74) en México; Criollo Cubano (7,58); Caqueteño (7,58) en Colombia; Pilcomayo en Paraguay

(7,53); Chino Santandereano (7,32) en Colombia; Criollo de Baja California (7,05) en México; Velásquez (6,79) en Colombia; Cararú (6,74) en Brasil; Criollo de Chihuahua (6,68) en México; Lucerna (6,63) en Colombia; Criollo ecuatoriano (6,63); Sanmartienero (6,37) en Colombia; Criollo Argentino (6,26) en Argentina; Guabalá (5,79) en Panamá; Blanco Orejinegro (5,74) en Colombia; Criollo Uruguayo (5,63) en el país del que recibe el nombre Criollo Patagónico (5,32) en Argentina; Costeño con Cuernos (5,26) y Romosinuano (5,11) en Colombia; de acuerdo a los resultados expuestos por Delgado et al. (2011).

De igual forma, este valor del número promedio de alelos en GCSE también es superior a los 5,63 reportados para la raza panameña Guabalá en otros estudios (Villalobos *et al.* 2009), además a otros valores entre 6,6 y 7,8 reportados para las razas criolla Argentina y otras poblaciones criollas bolivianas (Lirón *et al.* 2006). Por su parte, también muestra mayor número promedio de alelos respecto al Criollo Patagónico (7,60) de Chile (Piñeira et al, 2011); al Criollo Lechero (8,09) de República Dominicana (Bethancourt y Toribio, 2013), así como al Criollo Poblano (8,37) y Criollo Lechero Tropical (7,37) de México (Canales et al, 2014).

Por otro lado, las únicas poblaciones con una riqueza alélica mayor al GCSE se encuentran en poblaciones criollas costarricenses, según se desprende de un estudio



sobre diversidad genética entre 16 subpoblaciones raciales bovinas de Costa Rica, utilizando como base el análisis de 18 marcadores microsatélites 1.412 muestras de ADN bovino de todo el país. El número promedio de alelos por locus dentro de las poblaciones criollas fue de 9, 10 y 11 para Criolla para leche, para carne y de doble propósito, respectivamente (Martínez et al, 2015).

En un análisis comparativo de nuestros resultados respecto a las razas bovinas autóctonas españolas, la población GCSE muestra valores superiores a los reportados por Cañón et al (2011) para las razas: Sanabresa (6,9); Asturiana de la Montaña (6,6); Asturiana de los Valles (7,0); Avileña Negra-Ibérica (6,9); Bruna de los Pirineos (7,1); Sayaguesa (6,4; y Tudanca (6,8); así como a los recopilados por Avilés (2012) en las razas Berrenda en Colorado (7,38), Berrenda en Negro (4,89), Canaria (7,04), Negra Andaluza (5,96), Pajuna (7,16), Palmera (5,07) y Retinta (6,07). Del mismo modo, los valores de GCSE se muestran ligeramente superiores a los publicados para la raza Marismeña (8,74) por Martínez et al. (2005). Por el contrario, el ganado de lidia (9,8) es la única raza autóctona española con más variabilidad genética que GCSE, según Cortés (2008).

En otro orden de cosas, el GCSE muestra mayor variabilidad en número promedio de alelos en comparación con las razas europeas, ya sean las

poblaciones Aubrac, Gasconne y Salers, en Francia; así como las poblaciones Alentejana, Barrosa, Maronesa, Mertolenga y Mirandesa en Portugal, según el estudio de Cañón et al. (2001), al presentar valores comprendidos entre 5,5 y 7,2. Por su parte, Avilés (2012), refiere también valores muy bajos para poblaciones cosmopolitas como las razas Frisona (5,41) y Hereford (4,85).

El promedio de alelos hallado indica que los bovinos criollos de la provincia de Santa Elena de Ecuador muestran una diversidad genética alta. Esto confirma que los todos los microsatélites utilizados en nuestro estudio muestran una importante utilidad para la realización de estudios de caracterización genética de poblaciones bovinas, y que es de gran interés para detectar variabilidad genética dentro de poblaciones, dado el adecuado comportamiento en GCSE, en consonancia con las recomendaciones de los organismos internacionales, dadas sus expectativas en términos de información polimórfica.

**HETEROCIGOSIDAD ESPERADA (HE),  
HETEROCIGOSIDAD OBSERVADA (HO) Y  
CONTENIDO DE INFORMACIÓN POLIMÓRFICA  
(PIC).**

Los valores obtenidos de Heterocigosidad esperada (He), Heterocigosidad observada (Ho), Contenido de

Información Polimórfica (PIC), los valores del estadístico  $F_{IS}$  con sus desviaciones estándar y los marcadores desviados del equilibrio Hardy-Weinberg.

El rango de valores de Heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) osciló entre 0,586 a 0,858, siendo el valor más bajo para el microsatélite INRA37 y el más alto para el microsatélite CSSM66. El valor promedio en la población ascendió a 0,760. Así las cosas, al comparar nuestros resultados de  $H_e$  con los valores publicados en otras razas criollas iberoamericanas, encontramos que nuestros datos son superiores en algunos casos: Guaymí (0,756) en Panamá; Texas Longhorn (0,740) en Estados Unidos; Sanmartinero (0,721) y Lucerna (0,717) en Colombia; Cararú (0,711) en Brasil; Blanco Orejinegro (0,697) en Colombia; Criollo Argentino (0,678) en Argentina; Criollo Uruguayo (0,674) en el país del que recibe el nombre; Costeño con Cuernos (0,671) en Colombia; Criollo Patagónico (0,670) en Argentina; Romosinuano (0,669) en Colombia; y Guabalá (0,660) en Panamá, según los resultados de Delgado et al. (2011).

De la misma forma, las razas criollas que muestran valores de  $H_e$  superiores a los nuestros son: Criollo de Nayarit (0,788) en México; Caqueteño (0,787) y Hartón del Valle (0,783) en Colombia; Criollo de Chiapas (0,782) y Criollo de Chihuahua (0,777) en México; Chino Santandereano (0,776) en Colombia; Criollo Poblano (0,774) en México;

Criollo ecuatoriano (0,772) en el país del que recibe el nombre; Pampa Chaqueño (0,771) y Pilcomayo (0,769) en Paraguay; Velasquez (0,769) y Casanareño (0,766) en Colombia; Siboney (0,762) y Criollo Cubano (0,761) en Cuba, según los datos de Delgado et al. (2011).

Asimismo, encontramos idéntico valor de  $H_e$  en el caso del Criollo de Baja California en México (0,760), según los datos publicados por Delgado et al. (2011).

En cuanto al rango de valores de Heterocigosidad observada ( $H_o$ ), éste varió entre 0,472 a 0,854, siendo el valor más bajo para el microsatélite *INRA37* y el más alto para el microsatélite *CSSM66*. El valor promedio en la población ascendió a 0,671. Este resultado se muestra claramente inferior al reportado por Cevallos (2017) para el GCM (0,728) como raza ecuatoriana geográficamente muy próxima

En cualquier caso, si comparamos nuestros resultados de  $H_o$  con los valores publicados en otras razas criollas iberoamericanas, encontramos que nuestros datos son inferiores a buena parte de dichas poblaciones: Pilcomayo (0,764) y Pampa Chaqueño (0,750) en Paraguay; Criollo de Nayarit (0,749) en México, Siboney (0,746) en Cuba; Criollo de Baja California (0,742) y Criollo de Chiapas (0,741) en México; Guaymí (0,735) en Panamá; Cararú (0,733) en Brasil; Casanareño (0,739) y Blanco Orejinegro

(0,737) en Colombia; Criollo ecuatoriano (0,732); Velasquez (0,730) y Chino Santandereano (0,726) en Colombia; Criollo de Chihuahua (0,719) en México; Texas Longhorn (0,707) en Estados Unidos; Criollo Poblano (0,693) en México; Costeño con Cuernos (0,692), Sanmartinero (0,692) y Lucerna (0,673) en Colombia; Criollo Argentino (0,673) en Argentina. Del mismo modo, las razas Criollo Cubano (0,793), así como Caqueteño (0,780) y Hartón del Valle (0,783) en Colombia, muestran mayores valores de Ho respecto al GCSE.

Por su parte, encontramos que nuestros resultados son superiores a las siguientes razas del ámbito iberoamericano: Criollo Uruguayo (0,668) en el país del que recibe el nombre, Romosinuano (0,651) en Colombia; Criollo Patagónico (0,629) en Argentina; y Guabalá (0,629) en Panamá, según los resultados de Delgado et al. (2011).

De igual forma, observamos que nuestros resultados de Ho son superiores a los de gran parte de razas autóctonas españolas: Asturiana de los Valles (0,656); Sayaguesa (0,654); Asturiana de la Montaña (0,652); Morucha (0,640); Alistana Sanabresa (0,629); Bruna del Pirineus (0,619); Retinta (0,614); Tudanca (0,596); Avileña Negra-Ibérica (0,589) y Pirenaica (0,543); según Cañón et al. (2001), o bien en las razas Vaca Canaria (0,6662); Negra Andaluza (0,6323), Vaca Palmera (0,5909) y Berrenda en

Negro (0,5524); según datos referidos por Avilés (2012). Por el contrario, nuestros resultados son inferiores a los de las siguientes razas: Retinta (0,7100); Marismeña (0,6921); Berrenda en Colorado (0,6897); Pajuna (0,6812); según los datos reportados por Avilés (2012). En la misma situación hallamos valores en la raza de Lidia (0,52), según Cortés (2008), así como en razas autóctonas portuguesas: Alentejana (0,622); Barrosã (0,716); Maronesa (0,635); Mertolenga (0,626); y Mirandesa (0,625±0.037), atendiendo a Cañón et al. (2001). Igualmente, estos mismos autores también encontraron valores menores al GCSE en razas francesas: Aubrac (0,569); Gasconne (0,630); y Salers (0,580). Por último, esta misma situación se constata también en razas cosmopolitas como la Hereford (0,6563), según Avilés (2012).

La proporción de individuos heterocigotos presentes o heterocigosidad es otra manera de apreciar la diversidad genética y, en el caso del GCSE, los valores de He y Ho indican la existencia de una diversidad genética alta en esta población.

Por todo lo anterior, se puede concluir que el GCSE presenta una elevada diversidad genética intraracial, con valores de diversidad genética superiores a los de otras razas bovinas criollas iberoamericanas, autóctonas españolas, razas europeas y otras razas cosmopolitas. Todo

ello conduce a considerar que el perfil genético del GCSE es compatible con una raza en fase de consolidación, con una gran dinámica fundacional, la cual se encuentra libre de cruzamientos recientes, y sometida a cierta deriva genética y a una escasa selección artificial.

### **Equilibrio Hardy –Weinberg**

El valor de  $F_{IS}$  con un intervalo de confianza al 95% con 1000 remuestreos es de 0,118 (0,06823-0,14942), lo que indica que la población muestra una desviación significativa del equilibrio Hardy-Weinberg producida por un exceso significativo de homocigotos. Este resultado podría indicar cierta inestabilidad genética, pudiendo admitir que las fuerzas responsables de la desviación del equilibrio obedecen a la existencia de ciertos cruzamientos, probablemente derivados de la introducción de sementales “mejorantes” con el fin de alcanzar una mejora productiva por la vía rápida del cruzamiento sin esperar a la organización del sustrato de la mejora de la población desde el punto de vista del diseño, desarrollo e implantación de un programa de mejora genética en raza pura.

A la vista de los resultados encontrados, se puede concluir que los bovinos GCSE presentan una elevada diversidad genética intra-racial, con valores de diversidad genética en relación a otras investigaciones realizadas por Cañón et al.

(2001), Quiroz (2008), Cortés (2008), Delgado et al. (2011), Ginja et al. (2013) y Martínez et al. (2015), entre otros.

### **DIVERSIDAD GENÉTICA INTERRACIAL, RELACIONES CON OTRAS RAZAS**

#### **5.3.2.1.- Análisis multidimensionales.**

Los resultados del Análisis Factorial de Correspondencia muestran que GCSE se posiciona más próximo a las razas criollas y europeas que a las poblaciones cebuinas (rodeadas por una línea azul). Por otra parte, cuando se eliminan las razas cebuínas para apreciar mejor la distribución del resto de las razas del estudio, se observa que GCSE se posiciona más próxima a las otras razas criollas que a las europeas. En ese sentido, llama la atención la gran dispersión mostrada por las poblaciones de las cuatro provincias de Ecuador analizadas, a pesar de mantener unas distancias genéticas muy próximas entre ellas. En cualquier caso, se constata el paralelismo de nuestros resultados a los obtenidos para GCM por Cevallos (2017).

#### **Distancias genéticas**

La matriz de distancias genéticas  $D_A$  y los valores de  $F_{ST}$  entre pares de poblaciones están recogidos en la Tabla 36, de manera que los valores  $D_A$  se muestran por debajo de la



diagonal, así como los valores de FST se sitúan por encima de la diagonal. En cualquier caso, cabe indicar que los valores del GCSE están resaltados en negrita respecto al resto de poblaciones. En líneas generales se constata la mayor proximidad del GCSE con el resto de poblaciones bovinas criollas ecuatorianas y demás razas criollas de países limítrofes como Colombia y Panamá, lo que se justificaría con la hipótesis sobre la entrada de la especie bovina en Ecuador a través de la línea migratoria procedente de Puerto Colón en Panamá y Cartagena de Indias en Colombia, es decir, el solar geográfico donde partieron las expediciones que poblaron las regiones de costa del Pacífico. Este patrón de distancias genéticas presenta un recorrido paralelo al reflejado por Cevallos (2017) para el ganado criollo manabita (GCM), lo que podría orientar a este criterio geovoluntivo como un modelo común para las razas bovinas de esta región iberoamericana, dado que la distancia más baja encontrada (0,052) es la existente entre el GCSE y el GCM. Esta hipótesis podría ser confirmada mediante la aplicación de un estudio comparativo a todas las poblaciones bovinas criollas existentes en esta área.

Del mismo modo, en un segundo nivel se sitúan los valores de las distancias genéticas obtenidas con las razas autóctonas españolas, lo que resulta evidente teniendo en cuenta que dichas poblaciones ancestrales participaron en

la colonización bovina de América, destacando la menor distancia encontrada con la raza Berrenda en Colorado.

Por otro lado, podría considerarse que la influencia ejercida por el resto de razas bovinas europeas sobre el GCSE es insignificante, al apreciar los elevados valores de distancias genéticas halladas, lo que conlleva el escaso aporte genético de dichos grupos raciales al GCSE.

Finalmente, los resultados obtenidos también nos indican que la introducción de distintas poblaciones cebuínas a las regiones tropicales iberoamericanas, especialmente en los dos últimos siglos, no ha afectado a la población del GCSE, dado que no se ha detectado incorporación de genes por su especialización cárnica o láctea en la población estudiada.

### **Estudios de vecindad**

Las distancias genéticas del dendograma Neighbor-Joining obtenido. En este sentido, se pone de manifiesto la conformación de tres grandes clusters en el árbol, el primero de ellos, más distante y disperso, es el formado por todas las poblaciones cebuínas. El segundo grupo, muy separado del primero, está formado por las razas europeas y, un tercer clúster, formado por todas las razas criollas, ocupa una posición intermedia entre los dos anteriores. Esta misma situación ya fue evidenciada en el análisis de diversidad genética del GCM (Cevallos, 2017).

Por su parte, dentro del grupo de razas criollas, destaca la proximidad existente entre GCSE y CGM, donde ambos aparecen, muy distantes de las otras poblaciones bovinas ecuatorianas consideradas, tanto la de Loja como la Macabea, rompiéndose así la proximidad observada en análisis anteriores entre los criollos ecuatorianos. De igual modo, algo así ocurre en cuanto a la distancia entre el GCSE y los criollos colombianos y panameños, de los que aleja considerablemente en el árbol de vecindad. Asimismo, también llama la atención el distanciamiento resultante respecto a la raza autóctona española Berrenda en Colorado, dada la corta distancia según el valor de  $D_A$ .

De igual forma a lo descrito por Cevallos (2016), la aparente proximidad existente entre GCSE y GCM respecto a la raza cebuína no es más que un efecto óptico, ya que el recorrido del brazo que une dichas razas con la rama del *Bos indicus* es muy largo, mucho mayor que con respecto a cualquier raza criolla e incluso europea.

### **Estructura genética**

Se ha realizado un análisis de la estructura de la población con el programa STRUCTURE v. 2.1 (Pritchard et al. 2000). Se ha utilizado un algoritmo bayesiano del programa que calcula la distribución *a posteriori* de cada coeficiente de mezcla de cada individuo ( $q$ ). La media de esta distribución representa una estimación de la

proporción que el genoma de cada individuo tiene de las poblaciones parentales. Con este programa se hace un análisis de agrupamiento de los individuos estudiados en un diferente número de clusters (K) que representarían el número de poblaciones asumidas utilizando un modelo de mezcla en el cual cada individuo podría contener en su genoma porcentajes variables de las poblaciones ancestrales de las que proviene.

La estructura poblacional de las 34 poblaciones utilizando el programa informático Structure v.2.1. Se ha realizado con 50000 iteraciones de Burn-in y con número de iteraciones de Cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC) de 100000. Cada individuo se muestra en una barra vertical y cada color representa la proporción del clúster correspondiente (raza en este caso) en forma proporcional. Cuando el número de poblaciones estimadas es 2 (K=2), se separan dos clústeres, uno formado por las razas cebuínas (en rojo) y otro formado por el resto de las razas (en verde). El GCSE se encuentra en el clúster verde junto con todas las demás razas, aunque se observa una clara influencia de las poblaciones cebuínas. En ninguno de los K analizados existe separación entre GCSE y GCM, aunque sí se encuentran diferencias con los bovinos de las otras dos provincias de Ecuador. El GCSE aparece como una población homogénea, aunque algunos individuos muestran un cierto grado de mezcla. El número óptimo de poblaciones es K=23, cuando los bovinos de GCSE y GCM

se agrupan en el mismo clúster, agrupamiento que se mantiene en K sucesivos hasta K=34 (número real de poblaciones analizadas).

La reciente publicación de la normativa zootécnica en Ecuador, relativa a la ordenación del Registro Oficial de Asociaciones de Criadores y Registros Zootécnicos de Razas Bovinas Puras y/o Sintéticas (MAGAP, 2016), puede considerarse la primera fase de la organización de los programas de cría de razas puras en el ámbito estatal, guardando dicha iniciativa una gran semejanza con el tradicional marco zootécnico español, el cual fue compendiado en el Real Decreto 2129/2008, de 26 de diciembre, por el que se establece del programa nacional de conservación, mejora y fomento de razas ganaderas (BOE, 2009). En este sentido, la caracterización de las razas bovinas en general y, del ganado criollo de Santa Elena en particular, constituye el primer paso para la consolidación del conocimiento de los recursos genéticos locales en Ecuador, lo que serviría de base para abordar los pasos subsiguientes como es el caso de la creación de la reglamentación específica para la gestión del libro genealógico de la raza, la aprobación de normativa sobre control de rendimiento del ganado, así como el diseño y desarrollo de un esquema de conservación o selección, según sea necesario en cada caso.

De cualquier manera, los resultados derivados de la presente investigación permitirán dar soporte técnico-científico a la redacción del patrón racial del ganado bovino criollo de Santa Elena, lo que contribuirá a la consecución de su reconocimiento oficial como raza por parte de la Administración ecuatoriana.

Así las cosas, las siguientes acciones a desarrollar por parte del MAGAP deberían estar encaminadas a la elevación de esta información zotécnica a las instancias oficiales internacionales, destacando entre ellas a la FAO y, más concretamente, la base de datos *Domestical Animal Diversity Information System "DAD-IS"*, como herramienta clave para la monitorización de las poblaciones de razas nacionales con el fin de llevar a como la toma de decisiones informadas sobre el manejo de los recursos zoogenéticos.

## BIBLIOGRAFIA

- Abreu, U.G.P.; S.A. Santos; J.R.B. Sereno; J.A. Comastri-Filho; M.S. Ravanelli. 2005. Caracterización morfométrica de los bovinos pantaneiros del núcleo de conservación in situ de Nhumirim. Arch. Zootec. 54: 211-216.
- Adeyemi M.A., Oseni, S.O. 2018. Canonical discriminant analysis applied to biometric data of nigerian indigenous turkeys. Arch. Zootec. Vol. 67(257):7-12.
- Aguilar, J.; Cevallos, O. y Vivas, R. 2013. Razas de bovinos criollos de la costa ecuatoriana. Universidad Técnica Estatal de Quevedo. Quevedo, Ecuador.
- Aguirre, Z. 2012. Guía Dendrológica. Especies Forestales de los Bosques Secos del Ecuador. Quito: Ministerio del Ambiente
- Albertí P, Sañudo C, Mendizabal J.A, Ripoll G, Olleta J.L, Panea B, Alzón M, Indurain G. 2003. Caracterización de siete razas bovinas españolas por análisis multivariante a partir de medidas de análisis químico, instrumental, sensorial y desarrollo del tejido graso. Itea Vol. 24(L):70-72.
- Alvarado, M.J. y Rodas, C.A. 2016. Caracterización morfométrica e índices zoométricos de los grupos raciales bovinos existentes en el cantón Cuenca. Tesis de Grado. Universidad de Cuenca. Ecuador. 164p.
- Álvarez, S. 1991. Los Comuneros de Santa Elena: tierra, familia y propiedad. Biblioteca de Ciencias Sociales. Vol. 34. Quito: Abya-Ayala
- Alvear, F.F. 2008. Valoración biotipología y caracterización zoométrica del grupo genético

autóctono bovino Pizán. Tesis de Grado. Escuela Superior Politécnica de Chimborazo. Ecuador. 75 p.

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

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

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

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

Avilés, D. 2012. Estudio de la influencia de los bovinos andaluces en la formación de las razas bovinas criollas de Latinoamérica. Trabajo Fin de Master. Universidad de Córdoba. Disponible en [www.uco.es/zootecniaygestion/img/pictorex/16\\_12\\_21\\_tfm\\_diana\\_final.pdf](http://www.uco.es/zootecniaygestion/img/pictorex/16_12_21_tfm_diana_final.pdf).

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



- Bavera, G. 2004. Clasificación de los pelajes. El pelaje del bovino y su importancia en la producción. Ed. Bavera, Rio Cuarto, pp 27-39.
- Beja-Pereira, A.; Alexandrino, P.; Bessa, I.; Carretero, Y.; Dunner, S.; Ferrand, N., Fornada, J.; Laloe, D.; Moazami-Guodarzi, K.; Sánchez, A. y Cañón, J. 2003. Genetic characterization of South Western European bovine breeds: an historical and biogeographical reassessment with a set of 16 microsatellites. *Journal of Heredity*, 94: 243-250.
- Belkhir, K., P. Borsa, L. Chikhi, N. Raufaste y F. Bonhomme. 2003. Genetix: 4.05 Logiciel sous Windows™ pour la genétique des populations. In: U. d. Montpellier (ed.). *Laboratoire Genoma Populations, Interactions, Adaptations*, Montpellier, France.
- Benavides, O.P. 2015. Estudio morfoestructural de una población de bovinos naturalizados en la provincia de Esmeraldas, Ecuador. Tesis de Grado. Universidad Técnica Estatal de Quevedo. Ecuador. 73 p.
- Bethancourt, H. y Toribio, B. 2013. Caracterización genética del ganado Criollo Lechero Dominicano utilizando microsatélites. *Revista Agropecuaria y Forestal APF* 2(1): 43-48.
- Bishop S.C, 2012. Possibilities to breed for resistance to nematode parasite infections in small ruminants in tropical production systems. *Animal*. Vol. 6(5):741-7.
- Boaheng M. and Kofi SE. 2016. Morphological characterization of breeds of sheep: a discriminant analysis approach. *Asamoah-Boaheng and Sam*. SpringerPlus. 5(69):1-12
- Botstein D, White R L, Skolnick H y R W Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using

restriction fragment length polymorphism. *American Journal of Human Genetics*. 32 314-331.

Bouzat, J.; G. Giovambattista; C. Golijow; M. Lojo; y M. Dulout. 1998. Genética de la conservación de razas autóctonas: El ganado criollo argentino. *Interciencia*. 23(3): 151-157.

Brenneman, R. A., Chase, C. C., Olson, T. A., Riley, D. G. and Coleman, S. W. 2007. Genetic diversity among Angus, American Brahman, Senepol and Romosinuano cattle breeds. *Animal Genetics* 38(1):50-53.

Cabello, A.; León, J.M.; Barba, C.J. 2007. Contribución a la diferenciación morfológica de las variedades del cerdo Ibérico como base para su conservación. En: Dip. Córdoba editor. *El cerdo Ibérico. Caracterización de sus variedades*. 1st ed. Diputación de Córdoba. Córdoba, España. pp:31-87

Canales, A.M; Cervantes, P.; Hernández, A.; Martínez, A.; Landi, V.; Delgado, J.V.; López, B.A.; Domínguez, B.; Olmos, A.; Valdés, M. 2014. Caracterización genética de vacas de la raza criollo lechero tropical en Veracruz, México, AICA. Vol, 4:74-76.

Cañón, J., P. Alexandrino, I. Bessa, C. Carleos, Y. Carretero, S. Dunner, N. Ferran, D. Garcia, J. Jordana, D. Laloe, A. Pereira, A. Sanchez y K. Moazami-Goudarzi. 2001. Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genetics Selection Evolution* 33: 311-332.

Carolino, N. 2010. Caracterização fenotípica de raças bovinas autóctones portuguesas. *Proceeding XI Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos*. Joao Pessoa-Paraíba, 17-19 noviembre. Brasil. Pp 298-302.

- Centellas, P.D.; R.J.L. Vaca; A.J.N. Joaquin; C.R. Peña; R.J.A., Pereira. 2008. Caracterización morfométrica del bovino de Saavedra. Proceeding IX Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos. Buenos Aires, 10-12 diciembre. Argentina. Pp 145-152.
- Cevallos, O.; Barba, C.; J.V. Delgado; A. González; J. Perea; E. Angón; A. García. 2016. Caracterización zoométrica y morfológica del ganado criollo de Manabí (Ecuador). Revista Científica, FCV-LUZ / Vol. XXVI, N° 5, 313-323.
- Cevallos, O.; K. Estupiñán; L. Rizzo; D. Merizalde; A. González; J.V. Delgado; C. Barba. 2015. Caracterización morfoestructural y faneróptica del bovino doble propósito de la provincia de Santo Domingo de los Tsáchilas. Proceeding III Congreso Internacional de Ciencia Tecnología, Innovación y Emprendimiento. Bolívar. 10-12 noviembre. Ecuador. Pp 111-116.
- Chakraborty, R y L. Jin. 1993 Determination of relatedness between individuals using DNA fingerprinting. Human Biology 65: 875-895
- Contreras, G.; Z. Chirinos; S. Zambrano; E. Molero. A. Paéz. 2011. Morphological characterization and zoometric indexes of Criollo Limonero Cows of Venezuela. Rev. Fac. Agron. LUZ. 28: 91-103.
- Cornuet, J. M., S. Piry, G. Luikart, A. Estoup y M. Solignac. 1999. New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. Genetics 153: 1989-2000.
- Cortes, O. 2008. Análisis de la variabilidad genética en la raza bovina de lidia utilizando información molecular. Universidad Complutense de Madrid. Tesis Doctoral.

- Dalvit, C.; M. De Marchi; R. Dal Zotto; E. Zanetti; T. Meuwissen; M. Cassandro. 2008. Genetic characterization of the Burlina cattle breed using microsatellites markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. Vol. 125(2): 137-144.
- De Alba, J. 1987. Criollo cattle of Latin American. In: Hogdes, J. (Ed). *Proceeding of the 2nd Meeting of the FAO/UCEP*. Warsaw, 13-18 junio. Poland. Pp 17-39. 1987
- De Alba, J. 2011. Los Criollos Lecheros Tropicales. In: *El libro de los Bovinos Criollos de América*, J. de Alba Martínez. Biblioteca Básica de Agricultura (Colegio de Postgraduados). Ediciones Papiro Omega S.A. de C.V. México, D.F. pp. 92-98.
- De la Fuente LF, Sánchez RJM, Rodríguez LE. 2018. Características morfológicas de la raza Morucha actual. <http://www.morucha.com>. Acceso: Marzo 07, 2018.
- Delgado, J.V. 2000. La conservación de la biodiversidad de los animales domésticos locales para el desarrollo rural sostenible. *Arch. Zoot.* 49: 317-326.
- Delgado, J.V.; A. M. Martínez; A. Acosta; L.A. Álvarez; E. Armstrong; M.E. Camacho; J. Cañón; O. Cortés; S. Dunner; V. Landi; J.R. Marques; I. MartínBurriel; O.R. Martínez; R.D. Martínez; L. Melucci; J.E. Muñoz; M.C.T. Penedo; A. Postiglioni; J. Quiroz; C. Rodellar; P. Sponenberg; O. Uffo; R. Ulloa-Arvizu; J.L. Vega-Pla; A. Villalobos; D. Zambrano; P. Zaragoza; L. T. Gama; and C. Ginja. 2011. Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers. *Animal Genetics*, 43, 2-10.
- Dowdall, R.C. 1987. *Criando Criollos*. Hemisferio Sur. Buenos Aires.

- Escobar, C.; Villalobos, A. y Nuñez, J. 2014. Medidas zoométricas del ganado bovino criollo de Panamá. *Invest. pens. crit.* Vol. 2, No. 5: 26-33
- Espinoza, J.L.; Guevara, J.A. y Palacios, .A. 2009. Caracterización morfométrica y faneróptica del bovino criollo Chinampo de México. *Arch. Zootec.* 58: 277-279.
- Excoffier, L. 2007. Arlequín ver 3.11 Computational and molecular population genetic lab. CMPL. University of Berne <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3/>
- 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.* Vol. 131(2):479-91.
- Falush, D., M. Stephens y J. K. Pritchard. 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164: 1567-1587.
- FAO, 2018. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS). <http://www.fao.org/dad-is/>. 28/04/2016. Consultado 10 marzo 2018
- FAO. 2007. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). Plan de acción mundial sobre los recursos zoogenéticos y la Declaración de Interlaken. Comisión de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura. Roma, Italia. Pp 1-4.
- FAO. 2010. La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura, editado por Barbara Rischkowsky y Dafydd Pilling. Roma (disponible en <http://www>.

fao.org/docrep/011/a1250s/a1250s00.htm)  
(traducción de la versión original en inglés, 2007).

- FAO. 2012. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Directrices FAO: Producción y sanidad animal. Roma, Italia. N° 7, Pp 3-7.
- FAO. 2013. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). *In vivo* conservation of animal genetic resources. FAO Animal Production and health guidelines. Rome, Italy. N° 14, Pp 157-188.
- FAO. 2015. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by B.D. Scherf & D. Pilling. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments. Rome, Italy. Pp 25-42.
- Fernández, G.; M. Rodríguez; C. Silveira; C. Barba. 2001. Estudio étnico de los bovinos criollos del Uruguay: II. Análisis de las faneras. Arch. Zootec. 50: 119-124.
- Fuentes, M. G., M. M. A. Carmona, V. E. Pérez y Z. Chirinos. 2011. Caracterización del dimorfismo sexual en ganado criollo de Oaxaca, mediante medidas corporales. *AICA 1*: 94-96.
- GAP, 2013, Global Agriculture Productivity. Report. Sustainable pathways to sufficient nutritious and affordable food. Global Harvest Initiative. En línea: <https://www.globalharvestinitiative.org/agricultural-value-chains-sustainable-pathways-to-food-and-nutrition-security/>
- Ginja, C.; Gama, L.T.; Cortés, O.; Delgado, J.V.; Dunner, S.; García, D.; Landi, V.; Martín-Burriel, I.; Martínez, A.; Penedo, C.; Rodellar, C.; Zaragoza, P.; Cañón, J. y BioBovis Consortium. 2013. Analysis of conservation

- priorities of Iberoamerican cattle based on autosomal microsatellite markers. *Genet Sel Evol.* Vol. 45(1):35.
- Goldstein, D.B. and Schlotterer, C. 1999. *Microsatellites: Evolution and applications.* Oxford University Press, Oxford.
- Goldstein, D.B.; A Ruiz Linares, L L Cavalli-Sforza, and M W Feldman. 1995. *PNAS Proc. Natl. Acad. Sci.* Vol 92(15):6723-6727.
- González, .A.; Luque, M.; Herrera, M.; González, C.; Angón, E.; Rodero, E. 2014. Usefulness of discriminant analysis in the morphofunctional classification of Spanish dog breeds. *Archiv Tierzucht.* Vol. 57(2):1-16
- González, A. 2007. *Caracterización de las razas bovinas Berrendas en el área de Despeñaperros como base para su conservación.* Universidad de Córdoba. España. Tesis Doctoral. 503 pp.
- Goyache F, Gutierrez JP, Alvarez I. 2001. Analisis de componentes principales sobre los caracteres de tipo en reproductoras de raza Asturiana de los Valles. ITEA. 127-129. [http://www.aida-itea.org/aida-itea/files/jornadas/2001/comunicaciones/2001\\_Gen\\_42.pdf](http://www.aida-itea.org/aida-itea/files/jornadas/2001/comunicaciones/2001_Gen_42.pdf). Consultado 26 Feb 2018
- Guo, S. W. y E. A. Thompson. 1992. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics* 48: 361-372.
- Herrera, M. 2003. Criterios etnozootécnicos para la definición de poblaciones. V Congreso de SERGA y III Congreso de SPREGA Madrid Libro de Actas 41-48.
- Herrera, M. 2007. Metodología de caracterización zooetnológica. En: Rodero, E.; M. Valera. (Eds). La

ganadería andaluza en el siglo XXI. Patrimonio ganadero andaluza. Vol I: Pp 435-448.

Herrera, P. y Espinel, R. Acumulación perversa: Comuneros, agua y tierra en la Península Santa Elena. Pp: 49-64. En: Reforma Agraria en el Ecuador? Viejos temas nuevos argumentos. Brassel, F.; Herrera, S. y Laforge, M. (Eds.). SIPAE, Quito. Ecuador.

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

Hick; H.M.V., 2016 Etnozootecnia y conservación de recursos zoogenéticos. [Proyecto de proyección social]. En línea: <http://pa.bibdigital.uccor.edu.ar/1145/1/Etnozootecnia%20y%20conservaci%C3%B3n%20de%20recursos%20zoogen%C3%A9ticos.pdf>

Ibeagha-Awemu E. M., Erhardt G. 2005. Genetic structure and differentiation of 12 African *Bos indicus* and *Bos Taurus* cattle breeds, inferred from protein and microsatellite polymorphisms. *J. Anim. Breed. Genet.* 122:12-20

INEC, 2018. Instituto Nacional de Estadística y Censos. Censo de Población y Vivienda 2010. En línea: <http://www.ecuadorencifras.gob.ec/estadisticas-agropecuarias-2/>. 19/04/2016.

INEC, 2018. Instituto Nacional de Estadística y Censos. Encuesta de Superficie y Producción Agropecuaria 2014. Ecuador. En línea: <http://www.ecuadorencifras.gob.ec/estadisticas-agropecuarias-2/>. Acceso: Marzo 03, 2018.

INIAP. 2015. Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias. Informe Técnico sobre Estado de la



Biodiversidad para la Alimentación y la Agricultura en el Ecuador. Quito.

IEE, 2015. Instituto Espacial Ecuatoriano. Proyecto para la generación de geoinformación para la gestión del territorio a nivel nacional. En línea: <http://www.institutoespacial.gob.ec/proyecto-nacional/> 13/07/2018

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

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

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

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

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

- Joshi, B.K.; Mudwari, A.; Bhatta, M.R.; Ferrara, G.O. 2004. Genetic diversity in Nepalese wheat cultivars based on agromorphological traits and coefficients of parentage. *Nep Agric Res J* 5: 7-17.
- Koupermann, J.I. 2014. Determinación y mapeo de las áreas potencialmente incorporables al desarrollo sustentable, a partir de la implementación del plan hidráulico en la provincia de Santa Elena. Trabajo Fin de Grado. Pontificia Universidad Católica del Ecuador.
- Langella, O. 1999. Populations 1.2.28 CNRS UPR9034 <http://www.cnrs-gif.fr/pge/bioinfo/populations/index.php>.
- Leota R. 2004. Use of linear discriminant analysis to characterise three dairy cattle breeds on the basis of several milk characteristics. *Ital J Anim Sci*. Vol. 3(4):377-383.
- Lirón J.P., Ripoli M.V., De Luca J.C., Peral-García P. and Giovambattista G. 2002. Analysis of genetic diversity and populations structure in Argentine and Bolivian Creole cattle using five loci related to milk production. *Genetics and Molecular Biology*. 25, 4, 413-419.
- MAE, 2015. Ministerio del Ambiente. Quinto Informe Nacional sobre Biodiversidad para el Convenio sobre la Diversidad Biológica. Quito. Ecuador.
- MAE, 2017. Ministerio del Ambiente. Agrobiodiversidad, su integración en la gestión de las políticas públicas y su abordaje en la estrategia nacional de biodiversidad 2030. *Agroambiente 2035*. Aportes al debate de la política ambiental.
- MARM. 2009. Real Decreto 2129/2008, de 26 de diciembre, por el que se establece el Programa nacional de conservación, mejora y fomento de las

razas ganaderas. Ministerio de Medio Ambiente, y Medio Rural y Marino. Boletín Oficial del Estado, num. 23 de 27.01.2009. pp. 9211-9242.

Martínez D. Fernández, E. Brócoli, A. Delgado, J. 2005. Variabilidad genética del ganado bovino criollo argentino de origen patagónico. España, Arch Zootec 54: 415-421.

Martínez, A. M., J. Calderón, E. Camacho, C. Rico, J. L. Vega-Pla y J. V. Delgado. 2005. Caracterización genética de la raza bovina mostrenca con microsatélites. Archivos de Zootecnia 54: 357-361.

Martínez, M; Vargas, B; Cordero, J; Chacón, I y León, B. 2015. Diversidad genética entre subpoblaciones raciales bovinas de Costa Rica. Agronomía Costarricense 39(2): 33-45.

Martínez, R.; E. Fernández; N. Abbiati; A Broccoli. 2007. Caracterización zoométrica de bovinos criollos: patagónicos vs. noroeste argentino. Rev. MVZ Cordoba. 12 (2): 1042-1049.

Martínez, R; García, D; Gallego, L, Onofre, G; Pérez, J; and Cañón, J. 2008. Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. Journal of Animal Science 86: 545–552.

Martínez-López, O.R.; V. Lamas-Sosa; W.E. Pereira; A.R. Macchi-Silveira; A. Zayas; O. Niedhammer; G. Serrati. 2009. Estudio descriptivo de variables morfométricas de bovinos Pampa Chaqueño de Paraguay. Proceeding X Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos. Palmira Valle, 11-13 noviembre. Colombia. Pp 226-230.

Mateus, J. C., M. C. Penedo, V. C. Alves, M. Ramos y T. Rangel-Figueiredo. 2004. Genetic diversity and

differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. *Animal Genetics* 35: 106-113.

Mazza, M.C.M.; Mazza, C.A.; Sereno, J.R.B.; Santos, S.A.L. y Mariante, A.S. 1992. Phenotypical characterization of Pantaneiro cattle in Brazil. *Arch. Zootec.* Vol. 41 (154): 477-484.

Méndez, M.; J. Serrano; R. Ávila; M. Rosas; N. Méndez. 2002. Morfometric characterisation of Mixteco creole cattle. *Arch. Zootec.* 51: 217-221.

Moazami-Goudarzi, K., D. Laloe, J. P. Furet y F. Grosclaude. 1997. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Animal Genetics* 28: 338-345.

N'goran, K.E.; Kouassi, N.C.; Loukou, N.E.; Dayo, G.S.M.; Yapi-Gnaore, C.V. 2018. Multivariate analysis for morphological characteristics of N'Dama cattle breed in two agro-ecological zones of Côte d'Ivoire. *European Scientific Journal* January. 14(3):602-621

Nei, M. 1973. Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 70:3321-3323.

Nei, M. 1977. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Annales of Human Genetics* 41: 225-233.

Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.

Nei, M. y S. Kumar. 2000. *Molecular evolution and phylogenetics*. Oxford University Press, Inc., New York, U.S.A.

Nei, M.; F. Tajima; Y. Tateno. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Mol. Evol.* Vol. 19:153-170.

- Nijman, I. J., M. Otsen, E. L. Verkaar, C. de Ruijter, E. Hanekamp, J. W. Ochieng, S. Shamshad, J. E. Rege, O. Hanotte, M. W. Barwegen, T. Sulawati y J. A. Lenstra. 2003. Hybridization of banteng (*Bos javanicus*) and zebu (*Bos indicus*) revealed by mitochondrial DNA, satellite DNA, AFLP and microsatellites. *Heredity* 90: 10-16.
- Nogales, S.; Albaronedo, D.; Recio, J.M.; Delgado, J.V., Camacho, M.E. 2011. Primeros resultados en el estudio del estado actual de la morfología en la raza bovina negra andaluza. *Arch. Zootec. Vol. 60 (231):397-399.*
- Oguntunji, A.O.; Ayorinde, K.L. 2014. Multivariate analysis of morphological traits of the Nigerian Muscovy ducks (*Cairina moschata*). *Arch. Zootec. 63(243):483-493.*
- Ossa, G.; Y. Abuabara; J.E. Pérez-García; G. Martínez. 2011. El ganado criollo colombiano Costeño con Cuernos, CCC. *Anim. Gen. Res. 48: 101-107.*
- Paetkau, D., S. Slade, M. Burden y A. Estoup. 2004. Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology* 13: 55-65.
- Paetkau, D., W. Calvert, I. Stirling y C. Strobeck. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* 4: 347-354.
- Parés, P.M. 2009. Zoometría. En: Sañudo, C. (Ed). *Valoración morfológica de los animales domésticos.* Ministerio de Medio Ambiente, Medio Rural y Marino. Madrid. Pp 167-198.
- Park, S. D. E. 2001. Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of

- Selection. Tesis doctoral, University of Dublin, Dublin.
- Piedrafita J, Quintanilla R, Sañudo C, Olleta JL, Campo MM, Panea B, Renand G, Turin F, Jabet S, Osoro K, Oliván MC, Noval G, García, P, García MD, Oliver MA, Gispert M, Serra X, Espejo M, García S, López M, Izquierdo M. 2013. Carcass quality of 10 beef cattle breeds of the Southwest of Europe in their typical production Systems. *Livest Prod Sc.* Vol. 82(1):1-13
- Pilling, D. 2010. Threats to animal genetic resources for food and agriculture – approaches to recording, description, classification and analysis. *Anim. Genet. Resour.* 47: 11-22.
- PND, 2018. Plan Nacional de Desarrollo 2017-2021. Toda una Vida. En línea: [http://www.planificacion.gob.ec/wp-content/uploads/downloads/2017/10/PNBV-26-OCT-FINAL\\_oK.compressed1.pdf](http://www.planificacion.gob.ec/wp-content/uploads/downloads/2017/10/PNBV-26-OCT-FINAL_oK.compressed1.pdf). 19/11/2018.
- Primo, AT. El ganado bovino iberico en las américas: 500 años después. 1992. *Arch. Zootec.* 41 (154): 421-432.
- Pritchard, J. K., M. Stephens y P. Donnelly. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* 155: 945-959.
- Quiroz, J. 2008. Caracterización genética de los bovinos criollos mexicanos y su relación con otras poblaciones bovinas. Tesis Doctoral. Universidad de Córdoba.
- Rabasa, C., A. Sal Paz, F. Sal Paz, F. Bergmann and S.L. Rabasa. 1976. Genética de pelajes en bovinos Criollos. *Mendeliana*, 1: 81-90.
- Rannala, B. y J. L. Mountain. 1997. Detecting immigration by using multilocus genotypes. In: *Proceedings of*

National Academy of Sciences of USA, USA. pp 9197-9221

Raymond, M. y F. Rousset. 1995. GENEPOP (version 1.2): A population genetics software for exact test and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86: 248-249.

MAGAP, 2016. REGISTRO OFICIAL, NUM. 748. Resolución 059. Expídese la Normativa técnica aplicable para el Registro Oficial de Asociaciones de Criadores y Registros Zootécnicos de Razas Bovinas Puras y/o Sintéticas. En línea 13/01/2017: <http://www.derechoecuador.com/productos/producto/catalogo/registros-oficiales/2016/mayo/code/RegistroOficialNo748-Jueves05Mayode2016/registro-oficial-no-748---jueves-05-de-mayo-de-2016#No059>.

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

Rodríguez, C. M. 2014. Caracterización hidrogeológica de las cuencas de los rios Javita y Zapotal de la península de Santa Elena. Trabajo Fin de Grado. Universidad Central de Ecuador. Pp 1-20.

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

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

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

- Sachidanandam, R.; Weissman, D.; Schmidt, S.C.; Kakol, J.M.; Stein, L.D.; Marth, G. & International Snp Map Working Group., 2001. A map of human genome sequence variation containing 1.42 million single nucleotide polymorphisms. *Nature*, 409: 928-933.
- Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4:406-425.
- Sal Paz, A., F. Sal Paz, F. Bergmann and S.I. Rabasa. 1976. Asociación de la fertilidad femenina con genes mendelianos mayores en bovinos criollos. *Mendeliana* 1: 91-96
- Salamanca, A. and R. Crosby. 2013. Phenotypic study of bovine creole biotype Casanare Araucano. Zoometric analysis. *Zoot. Trop.* 31(3): 201-208.
- Sanchez, L; P. Iglesias. 2009. Valoración morfológica en bovino de aptitud cárnica y razas rústicas. En: Sañudo, C. (Ed). Valoración morfológica de los animales domésticos. Ministerio de Medio Ambiente, Medio Rural y Marino. Madrid. Pp 271-308.
- Sastre, H. J., E. Rodero, A. Rodero, P. J. Azor, N. G. Sepúlveda, M. Herrera y A. Molina. 2003. Caracterización genética de la raza bovina colombiana criolla Casanare mediante análisis de microsatélites. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias* 16 (supl.): 49.
- Sastre, H.J.; E. Rodero; A. Rodero; M. Herrera; F. Peña. 2010. Caracterización etnológica y propuesta del estándar para la raza bovina colombiana Criolla Casanare. *Anim. Genet Resour.* 46: 73-79.
- She, J. X., M. Autem, G. Kotoulas, N. Pasteur y F. Bonhomme. 1987. Multivariate analysis of genetic exchanges between *Solea aegyptiaca* and *Solea*



- senegalensis (Teleosts, Soleidae). *Biological Journal of the Linnean Society* 32: 357-371.
- Shete, S., Tiwari, H. and Elston, R. C. 2000. On estimating the heterozygosity and polymorphism information content value. *Theoretical Population Biology* 57: 265-271
- SICA. 2001. Servicio de información y censo agropecuario. Sistema de información Nacional de agricultura, ganadería, acuicultura y pesca del Ecuador. Ministerio de Agricultura y ganadería del Ecuador.
- Sierra, I. 2001. El concepto de raza: evolución y realidad. *Arch. Zootec.* 50: 547-564.
- Sobczuk D, Komosa M. 2012. Morphological differentiation of polish Arabian horses - multivariate analysis. *Bull Vet Inst Pulawy.* Vol. 56(4):623-629.
- Sodhi, M.; Mukesh, M.; Mishra, B. P.; Prakash, B.; Ahlawat, S. P. S. and Mitkari, K. R. 2005. 'Evaluation of Genetic Differentiation in Bos indicus Cattle Breeds from Marathwada Region of India Using Microsatellite Polymorphism', *Animal Biotechnology*, 16: 2, 127 – 137
- Statistica for windows. Stat Soft. Inc. Tulsa. USA. 2010.
- Steigleder, C.S.; Almeida, E.A.; Weimer, T.A. 2004. Genetic diversity of a Brazilian creole cattle based on fourteen microsatellite loci. *Arch. Zootec.* Vol. 53:3-11.
- Sunnucks, P. 2001. Efficient genetic markers for population biology. *Trends in ecology & evolution* 15 (5), 199-203
- Takahashi, K. y M. Nei. 2000. Efficiencies of fast algorithms of phylogenetic inference under the criteria of maximum parsimony, minimum evolution, and maximum likelihood when a large number of

sequences are used. *Molecular Biology and Evolution* 17: 1251-1258.

Takezaki, N. and Nei, M. 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*. 144(1):389-99.

Tapio, M.; Tapio, I.; Grislis, Z.; Holm, L.E.; Jeppsson, S.; Kantanen, J.; Miceikiene, I.; Olsaker, I.; Viinalass, H.; Eythorsdottir, E. 2005. Native breeds demonstrate high contributions to the molecular variation in northern European sheep. *Mol Ecol*. Vol. 14(13):3951-63

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

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

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

Vera TA, Ricarte AR; Díaz R, Arriba PN, Vélez, J. A. 2013. Caracterización fenotípica de diferentes biotipos de razas presentes en la población caprina de La Rioja, Argentina. *Actas de resúmenes de XXIII Reunión de ALPA y IV Congreso Internacional de Producción Animal Tropical*. La Habana. Cuba. 13.

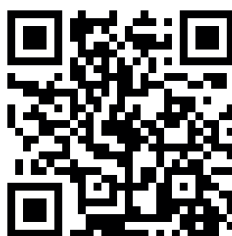
Vijil, E.; A. Picot; M. Hernández; F. Pastor; F. Quintín.; E. Sevilla; F. Abril; A. Sanz. 2009. The Serrana de

- Teruel cattle breed: phaneroptical, morphological and morphostructural characterization. Arch. Zootec. 58 (Supl. 1): 517-520.
- Villalobos, A.; A. Martínez; J.L. Vega-Pla; V. Landi; J. Quiroz; R. Martínez; R. P. Sponenberg; E. Armstrong; D. Zambrano; J. Ribamar y J.V. Delgado. 2012. Relationships between Panamanians and some creole cattle landraces in Latin America. Pesq. Agrop. Bras. 47: 1637-1646.
- Villalobos, A; Martínez, A; Vega-Pla, L y Delgado, J. 2009. Caracterización genética de la población bovina Guabalá mediante microsatélites. Arch. Zootec. 58 (Supl.1):485-488.
- Villasmil, Y., Román, R., Yáñez, L., Contreras, G., Jordana, J. y Aranguren, A. 2008. Diversidad genética de la raza Criollo Limonero utilizando marcadores de ADN microsatelites. Revista Científica FCV - LUZ. XVIII N° 4 pp: 415 - 423.
- Weir, B.; Basten, C. 1990. Sampling strategies for distances between DNA sequences. Biometrics 46(3):551-82
- Weir, B.; Cockerham, C. 1984 Estimating F-statistics for the analysis of population structure. Evolution, vol. 38, no. 6, p. 1358-1370.
- Wright, S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. Evolution 19: 395-420.
- Wright, S., 1969, The Theory of gene frequencies, In: Evolution and genetics of populations. pp. 291-293.
- Yeh F.C., Boyle T.J.B. 1997. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. Belg J Bot. 29:157.

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

# Descubre tu próxima lectura

Si quieres formar parte de nuestra comunidad,  
regístrate en <https://www.grupocompas.org/suscribirse>  
y recibirás recomendaciones y capacitación



   @grupocompas.ec  
compasacademico@icloud.com

compAs  
Grupo de capacitación e investigación pedagógica



@grupocompas.ec  
compasacademico@icloud.com

ISBN: 978-9942-33-508-1



@grupocompas.ec  
compasacademico@icloud.com

**compas**  
Grupo de capacitación e investigación pedagógica