

UNIVERSIDAD POLITÉCNICA DE VALENCIA
DEPARTAMENTO DE CIENCIA ANIMAL



**CARACTERIZACIÓN GENÉTICA Y MORFOLÓGICA DEL BOVINO CRIOLLO
ARGENTINO DE ORIGEN PATAGÓNICO**

TESIS DOCTORAL

Rubén Darío Martínez

Director: Juan Vicente Delgado Bermejo

Codirectora: Amparo Martínez Martínez

Tutor de Tesis UPV: Manuel Baselga Izquierdo

Valencia, 2008

Esta tesis ha sido escrita y presentada como uno de los requisitos para optar al grado de Doctor por la Universidad Politécnica de Valencia.

El doctorando

Fdo. Rubén Darío Martínez

El director de la Tesis

Fdo. Juan Vicente Delgado Bermejo

La Codirectora de la Tesis

Fdo. Amparo Martínez Martínez

Dedicado a:

Sol L. Rabasa
C. Alejandro Rodríguez
Horacio E. Echeverría

AGRADECIMIENTOS

A la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Lomas de Zamora, a las autoridades, al personal docente, no docente y a los estudiantes, porque siempre he encontrado en ellos apoyo y estímulo para continuar con este trabajo. A mis compañeros de cátedra, Fernando y Quique por compartir tantos años de trabajo y especialmente a Eduardo por su nobleza y actitud solidaria quien ha sabido comprender mis debilidades y fortalezas.

A todas las instituciones y personas que hicieron posible y colaboraron con la implementación del plan de recuperación y conservación del bovino criollo patagónico desde su inicio hasta la fecha. A la Asociación de Criadores de Ganado Bovino Criollo Argentino y a su secretario general Ing. Agr. Gonzalo Ruiz Sempere, por valorar y creer en las ventajas productivas de este recurso genético animal y mantenerlo frente a las modas circunstanciales.

A Martín Garcíarena y a toda su familia por su siempre desinteresada colaboración y participación en el conocimiento de la raza bovina criolla, por su hospitalidad y generosidad.

A todos los integrantes de la Red XII-H sobre la Conservación de la Biodiversidad de los Animales Domésticos Locales para el Desarrollo Rural Sostenible del Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED), porque con ellos he podido compartir la pasión por la conservación de los recursos genéticos animales y ampliar mi conocimiento acerca de los mismos.

A Juan Vicente Delgado Bermejo (Juanvi) quién me aportó su claridad conceptual y logró contagiarme su permanente optimismo a favor de la conservación de los recursos genéticos animales. También a él y a Esperanza Camacho por su entrañable hospitalidad, generosidad y compañerismo. A Amparo Martínez, por sus correcciones y dedicación al trabajo y porque sin ella hubiese sido imposible. A José Luis Vega-Pla, porque me dio confianza y me animó a escribir. A Jorge Quiroz, por su afecto y su ayuda informática. A Manolo Baselga por su espíritu constructivo y sus siempre acertadas contribuciones.

Al recuerdo de mi mamá que siempre quizo que yo estudiara, a mi viejo porque siempre está y nunca falla y a mis hijos Darío, Diana, Viviana y Valentina, que sin comprender bien de que se trata este asunto, me ayudaron a crecer personal y profesionalmente.

RESUMEN EN ESPAÑOL

En 1989, docentes de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Lomas de Zamora (UNLZ), descubrieron una población asilvestrada de bovinos Criollos puros en el Parque Nacional Los Glaciares (50° 20' Latitud Sur y 72° 18' de Longitud Oeste), en el SO de la Patagonia argentina cuyo número se estima en 1000 ejemplares y que se denominó "Patagónico" (PAT). En aquel momento, el único reservorio genético de bovinos Criollos argentinos reconocido por la Asociación de Criadores y el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), se encontraba en el noroeste argentino (NOA) con una población estimada de 200.000 cabezas. Ambas poblaciones han tenido un origen común (los bovinos que introdujeron los colonizadores españoles), pero han tenido una distinta experiencia evolutiva y viven en ambientes completamente diferentes, pues mientras los PAT habitan desde hace 250 años en una zona fría, los NOA se han desarrollado en una zona subtropical. El objetivo de éste trabajo ha sido caracterizar morfológica y genéticamente el bovino Criollo de origen patagónico (PAT), comparándolo con el del NOA. Para la caracterización morfológica se ha utilizado una muestra de 259 bovinos adultos distribuidos de la siguiente forma: Hembras NOA (NH=80), Machos NOA (NM=33), Hembras PAT (PH=115) y Machos PAT (PM=31). Se han descrito los pelajes y se han medido trece variables zoométricas (seis de la cabeza y siete del tronco), que han sido ajustadas por edad según el sexo. Las medidas registradas han sido: Ancho de Cabeza (AC), Largo de Cabeza (LC), Ancho de Oreja (AO), Largo de Oreja (LO), Base del Cuerno (BC), Tamaño del Cuerno (TC), Perímetro Torácico (PT), Largo del Cuerpo (LT), Alzada a la Cruz (ACr), Alzada a la Grupa (AG), Ancho anterior de la Grupa (AAG), Ancho posterior de la Grupa (APG) y Largo de la Grupa (LG). Con éstas medidas se han construido cinco índices zoométricos: Índice Cefálico (ICEF), Índice Corporal Lateral (ICL), Índice Corporal (IC), Índice de Anamorfosis (IA) e Índice Pelviano (IPE). Para el análisis de los datos morfológicos se ha utilizado el programa informático SAS. La caracterización genética se ha realizado analizando 36 animales PAT y 45 NOA con 27 marcadores microsatélites recomendados por FAO para estudios de biodiversidad bovina (BM8125, BM1314, BM1818, CSSM66, ETH10, INRA32, MM12, TGLA122, BM2113, CRSM60, ETH185, HAUT27, HEL13, HEL9, ILSTS06, INRA23, INRA37, INRA63, SPS115, TGLA227, BM1824, ETH225, ETH3, HAUT24, ILSTS11, INRA35 y TGLA53). Para los estudios de diferenciación y distancia genética se han utilizado como referencia otras ocho razas bovinas: Pajuna (PAJ=43), Palmera (PAL=40), Canaria (CAN=40), Berrenda en Colorado (BCOL=44), Berrenda en Negro (BNEG=40), Marismeña (MAR=32), Holstein (HOL=28) y Hereford (HER=25). Para el análisis de los datos genéticos, se han utilizado

varios métodos y programas estadísticos: GENEPOP versión 3.1c, GENETIX V. 4.05, MICROSATELLITE TOOLKIT MS Excel, POPULATIONS 1.2.28 y STRUCTURE v.2.1. Para los datos morfológicos se utilizó el programa SAS. Los resultados de la comparación morfológica cualitativa mostraron diferencias estadísticas altamente significativas en las frecuencias de los colores de capa mayoritarios (Hosco y Colorado) y de la pigmentación entre PAT y NOA. En cuanto a las características zoométricas, los Criollos PAT en general han resultado mas pequeños, longilíneos y de mayor variabilidad que los Criollos del NOA que presentan mayores dimensiones y mayor uniformidad. El dimorfismo sexual es marcado en ambas poblaciones, aunque un poco mas en los Criollos del NOA. La variabilidad genética observada en PAT ha resultado moderada ($N_a = 5.04$; $H_o = 0.5795$), y menor que en NOA ($N_a = 5.93$; $H_o = 0.6663$). De las 179 variantes alélicas totales encontradas, PAT y NOA no comparten el 35 % de ellas. El Criollo PAT ha presentado mayor homocigosis que el NOA (F_{is} multilocus PAT = 0.06579 y NOA = -0.00913). El F_{st} Multilocus (0.1175), encontrado muestra una diferenciación genética de moderada a alta entre los Criollos PAT y los del NOA. El Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples ha agrupado a los individuos de ambas poblaciones en dos clusters totalmente separados por el primer eje factorial. En el estudio de la estructura de las poblaciones, la asignación de individuos a 2 clusters, el 97 % de los PAT se ha agrupado en un Cluster y el 97 % del NOA en el otro. Cuando la asignación se ha realizado considerando 3 y 4 clusters se ha observado que los PAT han mantenido su homogeneidad, mientras que los NOA se han mostrado más heterogéneos. En los estudios de distancia genética la raza más distante de PAT ha sido HER, mientras que la raza más distante de NOA ha sido PAL. La distancia genética entre PAT-NOA, ha sido similar a la existente entre el PAT y otras razas bovinas puras (PAT-BCOL, PAT-CAN y PAT- HOL). La diferenciación genética observada entre PAT y NOA refleja y explica el proceso histórico y la distinta evolución que han sufrido ambas poblaciones. El origen pampeano del PAT, su aislamiento reproductivo y la permanencia durante más de veinte generaciones en un clima frío favoreció la diferenciación genética con el Criollo del NOA que ha permanecido en climas subtropicales. Si bien es difícil determinar el límite para catalogar a los PAT como una variedad dentro de la raza e incluso como una raza independiente, teniendo en cuenta los criterios internacionales actuales, se sugiere en todo caso, mantener registros genealógicos separados para asegurar la conservación de la mayor diversidad genética posible.

SUMMARY

In 1989 academics of the Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Facultad de Ciencias Agrarias (National University Lomas de Zamora-Agrarian Academy) discovered a wild population of pure Creole bovines. These animals were located in the National Park Los Glaciares (50° 20' S Latitude and 72° 18' W Longitude), in the very end of the patagonic area of Argentina. This population (considered in 1000 units) was denominated "Patagónico" (PAT). Until this discovery the only genetic reservoir of Argentine Creole bovines recognized by the Breeders Association and the National Institute of Agro-Farming Technology (INTA), was located in the northwest area of Argentina (NOA) with a considered population of 200.000 heads. Both populations have had the same origin (introduced by Spanish colonists), but have had a different evolutionary experience. While the PAT has been living for 250 years in a cold zone, the NOA has been developed in a subtropical zone. The objective of this work has been to describe both genetic and morphologically the Creole bovine of Patagonic origin, and to compare it with the NOA population. The morphological characterization has been carried out on a 259 adult bovine's sample distributed in the following way: females NOA (NH=80), males NOA (NM=33), Patagonic PAT (PH=115) and Patagonic PAT (PM=31). The coat colour has been described and thirteen zoometric variables have been measured up (six of head and seven of the trunk), that have been fit by age according to sex. Recorded measures have been: Wide of Head (AC), Length of Head (LC), Wide of Ear (AO), Length of Ear (LO), Base of the Horn (BC), Size of the Horn (TC), Thoracic Perimeter (PT), Length of Body (LT), Withers Height (ACr), Rump Height (AG), Wide previous of Rump (AAG), Wide later of Rump (APG) and Length of Rump (LG). With these measures five zoometrics indices have been constructed: Cephalic Index (ICEF), Lateral Corporal Index (ICL), Corporal Index (IC), Index of Anamorphosis (IA) and Pelvian Index (IPE). To analyse the morphologic data we have used the SAS package. The genetic characterization has been done analysing 36 PAT animals and 45 NOA animals with 27 microsatellites (BM8125, BM1314, BM1818, CSSM66, ETH10, INRA32, MM12, TGLA122, BM2113, CRSM60, ETH185, HAUT27, HEL13, HEL9, ILSTS06, INRA23, INRA37, INRA63, SPS115, TGLA227, BM1824, ETH225, ETH3, HAUT24, ILSTS11, INRA35 and TGLA53) recommended by FAO in bovine biodiversity studies. Eight additional breeds were used as reference populations in genetic distance studies: Pajuna (PAJ=43), Palm (PAL=40), Canary (CAN=40), Mottled Red (BCOL=44), Mottled Black (BNEG=40), Marismeña (MAR=32), Holstein (HOL=28) and Hereford (HER=25). To analyse the genetic data, we used several statistical methods and programs: GENEPOP v.3.1c, GENETIX

v.4.05, MICROSATELLITE TOOLKIT MS Excel, POPULATIONS v.1.2.28 and STRUCTURE v.2.1. The results of the morphologic qualitative comparison have shown differences in the frequencies of the coat colour (Red and Hosco) and of the pigmentation between PAT and NOA. As far as the zoometrics characteristics, PAT creoles, in general have been smaller, long lines and of greater variability than the creoles than the NOA, that have shown greater dimensions and uniformity. The sexual dimorphism has been marked in the two populations. The observed genetic variability in PAT has been moderate ($N_a = 5.04$; $H_o = 0.5795$), and smaller than in NOA ($N_a = 5.93$; $H_o = 0.6663$). From the total 179 total allelic variants found, PAT and NOA did not share 62 that are 35%. PAT Creole has displayed greater homocigosis than the NOA (F_{is} multilocus PAT = 0.06579 and NOA = -0.00913). F_{st} Multilocus (0.1175) has shown moderate to high genetic differentiation between the PAT creoles and those of the NOA creoles. The Factorial Analysis of Multiple Correspondences has shown the individuals of both populations separated in two clusters divided by the first factorial axis. In the study of the genetic structure, the assignment of individuals to two clusters has grouped 97 % of the PAT in a cluster and 97% of the NOA in the other. When the assignment has been carried out considering 3 and 4 clusters, it has been observed that the PAT has maintained their homogeneity, whereas the NOA has been more heterogeneous. In the genetic distance studies the most distant breed from PAT has been HER, whereas the most distant breed from NOA has been PAL. The genetic distance obtained between PAT-NOA, has been similar to the distance found between PAT and other pure breeds (PAT-BCOL, PAT-CAN and PAT- HOL) The observed genetic differentiation between PAT and NOA reflects and explains the historical process and the different evolution that both populations have undergone. The pampean origin of the PAT, your reproductive isolation and the permanency during more than twenty generations in a cold climate favored the genetic differentiation with the Creole of the NOA who has remained in subtropical climates. Though it is difficult to determine the limit to catalogue the PAT as a variety inside the breed and even as an independent race, having in it counts the international current criteria, is suggested in any case, to keep genealogical records separated to assure the conservation of the major genetic possible diversity.

RESUMEN EN VALENCIANO

En 1989, docents de la Facultat de Ciències Agràries de la Universitat Nacional de Lomas de Zamora (UNLZ), van descobrir una població assilvestrada de bovins Criolls purs en el Parc Nacional Els Glaceres (50e 20' Latitud Sud i 72e 18' de Longitud Oest), en el SO de la Patagònia argentina el nombre dels quals s'estima en 1000 exemplars i que és va denominar "Patagònic" (PAT). En aquell moment, l'únic reservori genètic de bovins Criolls argentins reconegut per l'Associació de Criadors i l'Institut Nacional de Tecnologia Agropecuària (INTA), es trobava en el nord-oest argentí (NOA) amb una població estimada de 200.000 caps. Ambdós poblacions han tingut un origen comú (els bovins que van introduir els colonitzadors espanyols), però han tingut una distinta experiència evolutiva i viuen en ambients completament diferents, ja que mentres els PAT habiten des de fa 250 anys en una zona freda, els NOA s'han desenvolupat en una zona subtropical. L'objectiu d'este treball ha sigut caracteritzar morfològicament i genèticament el boví Crioll d'origen patagònic (PAT), comparant-ho amb el del NOA. Per a la caracterització morfològica s'ha utilitzat una mostra de 259 bovins adults distribuïts de la forma següent: Femelles NOA (NH=80), Mascles NOA (NM=33), Femelles PAT (PH=115) i Mascles PAT (PM=31). S'han descrit els pelatges i s'han mesurat tretze variables zoomètriques (sis del cap i set del tronc), que han sigut ajustades per edat segons el sexe. Les mesures registrades han sigut: Ample de Cap (AC), Llarg de Cap (LC), Ample d'Orella (AO), Llarg d'Orella (EL), Base de la Banya (BC), Grandària de la Banya (TC), Perímetre Toràcic (PT), Llarg del Cos (LT), Alçada a la Creu (ACr), Alçada a la Gropa (AG), Ample anterior de la Gropa (AAG), Ample posterior de la Gropa (APG) i Llarg de la Gropa (LG). Amb estes mesures s'han construït cinc índexs zoomètrics: Índex Cefàlic (ICEF), Índex Corporal Lateral (ICL), Índex Corporal (IC), Índex d'Anamorfosi (IA) i Índex Pelvià (IPE). Per a l'anàlisi de les dades morfològiques s'ha utilitzat el programa informàtic SAS. La caracterització genètica s'ha realitzat analitzant 36 animals PAT i 45 NOA amb 27 marcadors microsatèl·lits recomanats per FAO per a estudis de biodiversitat bovina (BM8125, BM1314, BM1818, CSSM66, ETH10, INRA32, MM12, TGLA122, BM2113, CRSM60, ETH185, HAUT27, HEL13, HEL9, ILSTS06, INRA23, INRA37, INRA63, SPS115, TGLA227, BM1824, ETH225, ETH3, HAUT24, ILSTS11, INRA35 i TGLA53). Per als estudis de diferenciació i distància genètica s'han utilitzat com a referència altres huit races bovines: Pajuna (PAJ=43), Palmera (PAL=40), Canària (CAN=40), Florejada en Roig (BCOL=44), Florejada en Negre (BNEG=40), Marismeña (MAR=32), Holstein (HOL=28) i Hereford (HER=25). Per a l'anàlisi de les dades genètiques, s'han utilitzat diversos mètodes i programes estadístics: GENEPOP versió 3.1c,

GENETIX V. 4.05, MICROSATELLITE TOOLKIT MS Excel, POPULATIONS 1.2.28 i STRUCTURE v.2.1. Per a les dades morfològiques es va utilitzar el programa SAS. Els resultats de la comparació morfològica qualitativa van mostrar diferències estadístiques altament significatives en les freqüències dels colors de capa majoritaris (Esquerp i Roig) i de la pigmentació entre PAT i NOA. Quant a les característiques zoométricas, els Criolls PAT en general han resultat més xicotets, longilinis i de major variabilitat que els Criolls del NOA que presenten majors dimensions i major uniformitat. El dimorfisme sexual és marcat en ambdós poblacions, encara que un poc més en els Criolls del NOA. La variabilitat genètica observada en PAT ha resultat moderada ($N_a = 5.04$; $H_o = 0.5795$), i menor que en NOA ($N_a = 5.93$; $H_o = 0.6663$). De les 179 variants alélicas totals trobades, PAT i NOA no compartixen el 35 % d'elles. El Crioll PAT ha presentat major homozigosis que el NOA (FIS multilocus PAT = 0.06579 i NOA = -0.00913). El *Fst* Multilocus (0.1175) trobat mostra una diferenciació genètica de moderada a alta entre els Criolls PAT i els del NOA. L'Anàlisi Factorial de Correspondències Múltiples ha agrupat els individus d'ambdós poblacions en dos clusters totalment separats pel primer eix factorial. En l'estudi de l'estructura de les poblacions, l'assignació d'individus a 2 clusters, el 97 % dels PAT s'ha agrupat en un *Cluster* i el 97 % del NOA en l'altre. Quan l'assignació s'ha realitzat considerant 3 i 4 clusters s'ha observat que els PAT han mantingut la seua homogeneïtat, mentres que els NOA s'han mostrat més heterogenis. En els estudis de distància genètica la raça més distant de PAT ha sigut HER, mentres que la raça més distant de NOA ha sigut PAL. La distància genètica entre PAT-NOA, ha sigut semblant a l'existent entre el PAT i altres races bovines pures (PAT-BCOL, PAT-CAN-CA i PAT- HOL). La diferenciació genètica observada entre PAT i NOA reflexa i explica el procés històric i la distinta evolució que han patit ambdós poblacions. L'origen pampeà del PAT, el seu aïllament reproductiu i la permanència durant més de vint generacions en un clima fred va afavorir la diferenciació genètica amb el Crioll del NOA que ha romàs en climes subtropicals. Si bé és difícil determinar el límit per a catalogar els PAT com una varietat dins de la raça i inclús com una raça independent, tenint en compte els criteris internacionals actuals, se suggerix en tot cas, mantindre registres genealògics separats per a assegurar la conservació de la major diversitat genètica possible.

ÍNDICE

I. INTRODUCCIÓN	17
II. OBJETIVOS.....	19
III. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA.....	20
1. Biodiversidad de los animales domésticos (DAD)	20
1.1 Componentes de la diversidad de los animales domésticos (DAD).....	20
1.2 Pérdida de diversidad en los animales domésticos.....	22
2. Conservación de recursos genéticos animales (RGA)	23
2.1 Estado de riesgo de los RGA.....	24
2.2 Objetivos de la conservación de los RGA.....	25
2.3 Métodos de conservación de los RGA	27
2.4 Prioridades en la utilización de los métodos de conservación	28
2.5 Elección de razas a conservar.....	29
3. Origen y difusión del ganado bovino Criollo de América	29
3.1 Distribución y razas bovinas Criollas en América	31
4. El Bovino Criollo Argentino	32
4.1 Llegada de los primeros ejemplares. Difusión y distribución (1549-1850).....	32
4.2 Mestización y absorción por razas europeas e índicas (1850-1970)	33
4.3 El Bovino Criollo del Noroeste Argentino (NOA): Revalorización y desarrollo actual (Desde 1970)	34
5. El bovino Criollo de Origen Patagónico	38
5.1 Período Tehuelche.....	38
5.2 Difusión de los bovinos en la Patagonia	38
5.2.1 Desarrollo de la ganadería bovina en la provincia de Santa Cruz.....	39
5.3 Recuperación y conservación del bovino Criollo Patagónico.....	40
6. Caracterización de la Diversidad Animal.....	43
6.1 Caracterización morfológica de los recursos bovinos.....	43
6.1.1 Componentes morfológicos de la caracterización.....	45
6.1.1.1 Componente Faneróptico	45
6.1.1.1.1 Pelaje en los bovinos	45
6.1.1.1.1.1 Color del Pelaje	46

6.1.1.1.1.2 Tipo de Pelaje.....	46
6.1.1.1.1.3 Pelajes en los bovinos Criollos Argentinos.....	47
6.1.1.1.2 Mucosas Externas y Cuernos	48
6.1.1.2 Componente Zoométrico.....	48
6.1.1.2.1 Medidas zoométricas utilizadas	49
6.1.1.2.2 Índices Zoométricos	49
6.1.2 Análisis Estadístico	50
6.2 Caracterización genética	50
6.2.1 Marcadores genéticos.....	52
6.2.1.1 Los microsatélites como marcadores genéticos	52
6.2.1.1.1 Mecanismos de mutación de los microsatélites	54
6.2.1.2 Modelos de Mutación.....	55
6.2.1.3 Selección de microsatélites para caracterizar genéticamente poblaciones bovinas.....	55
6.2.1.4 Técnicas para la caracterización alélica de microsatélites	56
6.2.1.5 Errores en la tipificación de microsatélites	58
6.2.2 Análisis estadístico de los resultados	60
6.2.3 Cálculo de frecuencias alélicas	60
6.2.4 Equilibrio Hardy –Weinberg.....	61
6.2.5. Pruebas para calcular la desviación del Equilibrio Hardy-Weinberg	62
6.2.5.1. Test χ^2	62
6.2.5.2 Probabilidad de verosimilitud	63
6.2.5.3 Test exacto o de probabilidad de Fisher.....	63
6.2.6 Heterocigosis.....	63
6.2.6.1 Heterocigosidad Observada (H_o).....	64
6.2.6.2 Heterocigosidad Esperada o Diversidad Genética (H_e)	64
6.2.7 Contenido de Información Polimórfica (PIC).....	64
6.2.8 Índices de Fijación o Estadísticos F	65
6.2.9 El coeficiente de diferenciación genética G_{ST}	67
6.2.10 Distancias Genéticas	68
6.2.10.1 Modelo clásico de mutación-deriva	69
6.2.10.2 Modelo de deriva puro.	70
6.2.10.3 Fórmulas de algunas distancias.....	71
6.2.10.4 Medidas de distancia genética utilizadas para comparar poblaciones	71
6.2.10.4.3 F_{ST} como distancia genética	72

6.2.10.5 Consideraciones prácticas en estudios de distancia genética.....	73
6.2.10.5.1 Muestreo.....	73
6.2.10.5.2 Modelos y realidad.....	74
6.2.10.5.3 Árboles de distancia genética.....	75
6.2.10.6 Métodos para construcción de árboles de distancia genética.....	76
6.2.10.6.1 Método Neighbor-Joining (NJ).....	76
6.2.10.6.2 UPGMA.....	77
6.2.10.6.3 Algoritmo Fitch-Margoliash.....	77
6.2.10.7 Métodos de remuestreo.....	78
6.2.10.7.1 Bootstrapping.....	78
6.2.10.7.2 Jackknife.....	79
6.2.10.7.3 Permutación de caracteres.....	79
6.2.11 Análisis Multivariado.....	79
6.2.11.1 Análisis Factorial de Correspondencia (AFC).....	80
6.2.12 Asignación de individuos a poblaciones.....	82
6.2.12.1 Consideraciones sobre los métodos de asignación.....	83
IV. MATERIALES Y MÉTODOS.....	85
1. Introducción.....	85
2. Obtención del material animal.....	85
2.1 Bovino Criollo Patagónico.....	85
2.2 Bovino Criollo del NOA.....	85
2.3 Otras Agrupaciones Raciales.....	86
2.3.1 Razas Españolas.....	86
2.3.2 Razas internacionales.....	87
3. Descripción de caracteres productivos y/o funcionales en el bovino criollo patagónico.....	88
3.1 Temperamento.....	88
3.2 Facilidad de parto y cuidado de las crías.....	89
3.3 Peso a distintas edades.....	89
3.4 Reproducción y Longevidad.....	89
4. Caracterización Morfológica.....	90
4.1 Material Animal y Muestreo.....	90
4.2 Metodología para la obtención de los datos.....	91
4.3 Variables Cualitativas.....	91
4.3.1 Características del manto- Pelajes.....	91

4.3.2 Color de hocico	92
4.3.3 Color de la punta de los cuernos	93
4.4 Variables Cuantitativas	93
4.4.1 Mediciones de la Cabeza.....	93
4.4.2 Mediciones del Tronco.....	93
4.5 Índices Zoométricos	93
4.6 Análisis Estadístico	94
4.6.1 Variables Cualitativas	94
4.6.2 Variables Cuantitativas	95
4.6.2.1 Análisis Descriptivo	95
4.6.2.2 Análisis Comparativo.....	95
5. Caracterización Genética.....	96
5.1 Muestras de cada población	96
5.2 Metodología de extracción de DNA de las muestras	97
5.3 Microsatélites Estudiados.....	98
5.3.1 Amplificación de los microsatélites	98
5.3.2 Condiciones de amplificación de los microsatélites	101
5.3.2.1 Materiales	101
5.3.2.2 Método	101
5.3.3 Detección del polimorfismo mediante geles de poliacrilamida	102
5.3.3.1 Elaboración del gel.....	102
5.3.3.2 Electroforesis y tipificación de las muestras	102
5.4 Análisis Estadístico y Software Utilizado	103
V. RESULTADOS.....	105
1. Descripción de caracteres productivos y/o funcionales del bovino Criollo Patagónico.....	105
1.1 Temperamento.....	105
1.2 Facilidad de parto y cuidado de las crías.....	105
1.3 Peso a distintas edades	107
1.4 Reproducción y Longevidad	107
1.4.1 Ciclo Estral.....	107
1.4.2 Inseminación a Tiempo Fijo.....	108
1.4.3 Longevidad.....	108
2. Descripción Morfológica del Bovino Criollo Patagónico.....	109
2.1 Descripción Cualitativa	109

2.1.1 Pelajes.....	109
2.1.2 Color de hocico	112
2.1.3 Color de la punta de los cuernos	112
2.2.2 Tronco	115
3.2.1 Cabeza	122
3.2.2 Tronco	124
4. Comparación morfológica del criollo (Patagónico vs. NOA).....	129
4.1 Comparación Cualitativa.....	129
4.1.1 Pelajes.....	129
4.1.2 Color de hocico	131
4.1.3 Color de la punta de los cuernos	132
4.2 Comparación Cuantitativa.....	133
4.2.1 Variables zoométricas	133
4.2.1.2 Análisis Multivariado.....	144
4.2.1.2.1 Análisis Factorial.....	144
4.2.1.2.2 Análisis de Conglomerados.....	145
4.2.2 Índices Zoométricos	147
5. Descripción Genética del Bovino Criollo Patagónico.....	152
5.1 Frecuencias Alélicas.....	152
5.2 Equilibrio Hardy-Weinberg.....	152
5.3 Medidas de Diversidad Genética.....	154
5.3.1 Heterocigosidad.....	154
5.3.2 Número de Alelos por loci (N_a) y Contenido de Información Polimórfica (PIC)	155
5.4 Estadístico F_{is}	156
6. Comparación genética del criollo (Patagónico vs. NOA)	157
6.1 Frecuencias Alélicas.....	157
6.2 Equilibrio Hardy-Weinberg.....	160
6.3 Diversidad genética comparada	161
6.3.1 Heterocigosis.....	161
6.3.2 Número de alelos por loci (N_a) y PIC para ambas poblaciones	163
6.4 Estadísticos F en ambas poblaciones	165
6.5 Distancia Genética.....	167
6.6 Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples.....	169
6.7 Asignación de individuos	169

7. Comparación genética del PAT y el NOA con ocho agrupaciones raciales de referencia	171
7.1 Número medio de alelos y Heterocigosis.....	171
7.2 Estadísticos F	171
7.3 Distancias Genéticas	172
7.3.1 Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples.....	175
7.3.2. Asignación de individuos a Clustes	177
VI. DISCUSIÓN	181
1. Descripción Productiva y/o Funcional	181
2. Caracterización Morfológica.....	181
2.1 Cualitativa	181
2.2 Cuantitativa	183
2.2.1 Variables Zoométricas.....	183
2.2.2 Índices Zoométricos	185
3. Caracterización Genética.....	186
3.1 Variabilidad Genética.....	186
3.2 Análisis de la estructura poblacional (Estadísticos F)	187
3.3 Diferenciación Genética	189
VII. CONCLUSIONES	193
1. Descripción Productiva/Funcional:	193
2. Caracterización Morfológica del Criollo Patagónico y diferenciación con el Criollo NOA	193
2.1 Variables Cualitativas	193
2.2 Variables Cuantitativas	193
3. Caracterización Genética del Criollo Patagónico y diferenciación con el Criollo NOA.....	194
3.1 Variabilidad Genética.....	194
3.2 Diferenciación Genética	194
4. Relaciones Genéticas entre el Bovino Criollo Argentino (PAT y NOA) y otras razas europeas.....	195
VIII. BIBLIOGRAFÍA	197
IX. ANEXO I: “Situación y Distribución de los Bovinos Criollos en los distintos países de América”	221
Bolivia.....	221
Brasil	221

Colombia.....	223
Chile	224
Ecuador.....	225
Estados Unidos.....	225
México.....	227
Perú.....	228
Uruguay.....	229
Venezuela.....	229
Criollo Lechero Tropical.....	231

X. ANEXO II: “Relato del Hallazgo, Recuperación y Conservación del ganado bovino criollo patagónico Argentino”..... 234

1. Historia.....	234
2. Ejecución del Plan.....	237
2.1 Breve descripción de los trabajos.....	238
3. Extracciones con Financiación Privada.....	239
3.1 La Olla.....	239
3.2 Primera Extracción con Embarcación: Bahía Onelli (Norte y Sur).....	240
3.3 Segunda Extracción con Embarcación: Bahía Onelli Norte y Sur.....	241
4. Extracciones Financiadas por la Facultad y la Universidad.....	242
4.1 Tercera Extracción con Embarcación: Bahía Onelli Norte y Sur.....	242
4.2 Cuarta Extracción con Embarcación: Bahía Onelli Norte y Sur.....	242
5. Actualidad del Plan de Conservación.....	243
5.1 “In-situ”.....	243
5.2 “Ex –situ”.....	243
5.3 Banco de Germoplasma.....	243

I. INTRODUCCIÓN

Debe tenerse presente que solo nos ocuparemos de nuestras haciendas criollas, sin mezclar para nada en nuestro estudio de hoy otras razas y cruzamientos, que pueden ser objeto de otro libro, muy distinto del que damos hoy a publicidad. Con estas mismas haciendas criollas, tan fáciles de domesticarse, que adquieren tan buen engorde, que necesitan tan poco alimento, que viven a la intemperie y que completan su crecimiento en tan poco tiempo, presentándose a la concurrencia en los grandes mercados del mundo.....”

“Instrucción del estanciero” José Hernández (1882)

A mediados del siglo XVI todo el ganado bovino existente en América era de reciente introducción y de origen similar ya que los conquistadores españoles no trajeron un tipo de ganado específico para cada zona o clima existente en América (el desierto de baja California en México, las montañas de Colombia, la Pampa Argentina, la Patagonia, etc.). Actualmente existen bovinos Criollos en toda América adaptados a diferentes climas (tropicales, templados, secos, húmedos, fríos, etc.) y a zonas geográficas diversas. Las características del bovino Criollo en América son consecuencia de su historia y al mismo tiempo estos vacunos han contribuido de una forma fundamental a la construcción de esa historia, que hubiese sido imposible sin su presencia. Las poblaciones españolas se instalaban, subsistían y se desarrollaban a partir de los rodeos bovinos. De ellos obtenían leche, carne, cuero, trabajo y además los utilizaban como bien de intercambio comercial con las poblaciones indígenas, afirmando de esta manera su dominio sobre el terreno. La evolución del bovino Criollo ha sido similar en todos los países de América en donde se ha desarrollado libremente y no ha sufrido prácticamente ninguna selección artificial, salvo en algunos países donde se ha diferenciado en distintos grupos raciales por alguna adaptación en particular o por selección artificial como el caso del Criollo Lechero Tropical.

Los bovinos que llegaron a América procedentes de España tuvieron dos orígenes, los primeros, fueron animales de tronco Mediterráneo y Africano que vivían cerca de los puertos del sur de la Península Ibérica desde donde se embarcaban hacia América. Estos se caracterizaban por sus patas largas adaptadas a la explotación extensiva y a los grandes desplazamientos en busca de pastos estacionales. Con ellos se poblaron las islas del Caribe y la mayor parte de Iberoamérica, sufriendo al menos dos cuellos de botella; desde su salida de la Península Ibérica hasta Las Islas Canarias y desde aquí, hasta las Islas del Caribe. En una segunda etapa llegaron animales de origen celta que

ingresaron desde los puertos del norte de España. Estos bovinos estaban más adaptados al frío, a la humedad y a la explotación familiar de subsistencia. Hoy la mayor parte de los bovinos Criollos conocidos en Iberoamérica pertenecen a los patilargos, pero se encuentran algunos con marcado origen celta como el Criollo Pantaneiro brasileño y algunos Criollos caribeños. Aunque hay autores que consideran al bovino Criollo de América como una sola raza debido que todos ellos tienen un origen ibérico, el hecho es que por los años transcurridos desde su introducción en América, por los ambientes tan distintos a los que se ha adaptado y por las diferentes funciones para las que ha sido utilizado (trabajo, cuero, leche, carne, etc.), puede considerarse que bajo la “sombra” del término Criollo nos podemos encontrar con una gran diversidad genética en forma de múltiples razas y poblaciones que aún hoy no han sido caracterizadas con criterios científicos modernos.

En general, en todos los países de América el desarrollo de los bovinos fue muy importante y dinámico durante los primeros trescientos años desde su introducción, después sufrió una etapa de mestización y absorción con razas definidas de origen europeo o índico que provocó, en algunos casos, la extinción definitiva de algunos biotipos (como el caso del Criollo Pampeano) y en otros la permanencia en lugares marginales, en grupos de escaso tamaño. En Argentina, el reservorio más importante del ganado bovino Criollo ha sido y es actualmente, el noroeste argentino (NOA), lo que ha llevado a que se considere una raza particularmente adaptada a esa región y a que su destino más lógico fuese poblar adecuadamente esa área. Sin embargo, existe en la Patagonia argentina, en el sudoeste de la provincia de Santa Cruz en el Parque Nacional Los Glaciares, una población de bovinos Criollos asilvestrados en riesgo de extinción, con cien años de aislamiento, adaptado a un clima frío y cuyos antecesores históricos fueron los Criollos de la región pampeana. Este trabajo pretende caracterizar genética y morfológicamente a esta población de bovinos Criollos de origen patagónico, comparándolo con el Criollo del noroeste argentino y determinar si existen diferencias entre ambas poblaciones que nos permitan clasificarlas adecuadamente.

II. OBJETIVOS

En este trabajo nos planteamos como objetivo general, la caracterización morfológica y genética del Bovino Criollo Patagónico Argentino (PAT), definiéndolo en primer lugar frente al Criollo del Noroeste Argentino (NOA) y después con respecto al contexto bovino internacional con especial mención a las razas españolas que pudieron intervenir en su formación en el siglo XVI. Para ello nos planteamos los siguientes objetivos específicos:

- 1.** Describir algunos caracteres funcionales/productivos del Bovino Criollo Patagónico circunscritos a las condiciones de manejo en que se ha tenido que desarrollar el plan de conservación. No se pretende realizar comparaciones o análisis estadísticos de los datos sino aportar información de interés para el momento en el cual se pueda plantear un estudio en mejores condiciones de trabajo.
- 2.** Caracterización morfológica del Criollo Patagónico y diferenciación frente al Criollo del NOA.
- 3.** Caracterización genética del Criollo Patagónico y diferenciación frente al Criollo NOA.
- 4.** Relaciones genéticas entre el Bovino Criollo Argentino (PAT y NOA) y otras razas europeas utilizadas como referencia.

III. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

1. Biodiversidad de los animales domésticos (DAD)

De acuerdo con la Convención sobre Biodiversidad (CBD), que fue firmada por la mayoría de los países del mundo en Río de Janeiro en 1992, biodiversidad es el conjunto de ecosistemas, especies y variedades genéticas existentes en un país y, si bien cada país posee la soberanía y la responsabilidad sobre sus propios recursos genéticos, estos deben ser considerados como un bien de la humanidad. Según la citada convención, las principales causas de la pérdida de biodiversidad son la aceleración del crecimiento de la población humana, el incremento del consumo de los recursos naturales y su explotación no planificada.

La biodiversidad de los animales domésticos (DAD), contribuye de forma esencial a la biodiversidad en general y a la producción alimenticia en particular, proveyendo directa o indirectamente el 30 al 40 % del valor total mundial de la producción agrícola y de alimentos (FAO 1998). La DAD se define como las diferencias entre individuos que son heredables y por lo tanto permanentes y pueden encontrarse entre clases taxonómicas, familias, especies, razas, poblaciones y entre individuos (Loftus y col 1993).

1.1 Componentes de la diversidad de los animales domésticos (DAD)

La DAD, está compuesta por los recursos genéticos animales (RGA), que comprenden todas las especies, razas y estirpes que revisten interés económico, científico y cultural para la agricultura, tanto ahora como en el futuro. Las especies comunes comprenden ovejas, cabras, bovinos, caballos, cerdos, búfalos y aves de corral (FAO 1998). (Hodges 1990) considera (RGA) a todas las poblaciones que tengan rasgos genéticos particulares y únicos, con base en el valor de uso que tengan. En este sentido es importante considerar el concepto de raza como el componente principal de la diversidad de los animales domésticos (DAD), ya que las razas son el resultado de la diversificación genética dentro de las distintas especies durante el proceso evolutivo y por lo tanto toda la diversidad de la especie está representada por sus razas.

Rodero y Herrera (1998), conciben la raza como una categoría taxonómica de orden subespecífico en cuya formación intervienen dos procesos, uno biológico y otro antropológico, que determinan las siguientes etapas en su desarrollo:

- a) Subespecies geográficas, previas a la domesticación.
- b) Razas primitivas, con limitada intervención del hombre.
- c) Razas naturales, etapa de transición a las actuales.
- d) Razas actuales, intensa intervención humana pero conservando el carácter regional.
- e) Razas mejoradas, que tienen proyección internacional.

Sostienen además que los mecanismos que intervienen en la diferenciación de las razas son: el efecto de las mutaciones, el aislamiento reproductivo, la deriva genética, la selección natural y la artificial. También estos mecanismos intervienen en la formación de distintos grupos subraciales:

Subrazas: Se forman principalmente por el efecto de la selección natural.

Variedades: Se forman principalmente por el efecto de la selección artificial.

Estirpes: Son poblaciones de una raza aisladas reproductivamente por algunos ganaderos, con apareamientos consanguíneos, sin introducción de material externo al menos durante cinco generaciones.

Líneas: Son una subdivisión de la estirpe, originadas por métodos de cruzamientos reproductivos idóneos que exigen un aislamiento de un menor número de generaciones que la estirpe.

Por último, definen raza como: “poblaciones que se distinguen por un conjunto de caracteres visibles exteriormente, que están determinados genéticamente y que se han diferenciado de otras de la misma especie a lo largo de proceso histórico, teniendo en cuenta que se han originado y localizado en un área determinada con un ambiente común”.

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

Existen otras definiciones como la de Alderson (1974): “Grupo de animales de características similares que reproduciéndose entre si dan una progenie del mismo tipo, dentro de los estándares publicados por la organización de registro”, o la de Scherf (2000): “Grupo subespecífico de animales domésticos con características externas definidas e identificables que le permite ser diferenciado por apreciación visual de otros grupos definidos de la misma especie”, a la cual añade una variante “Grupo de animales para el cual la separación geográfica y/o cultural de otros fenotípicamente similares, le ha permitido que se acepte para ellos una identidad distinta, en este sentido la raza es a menudo aceptada mas como un concepto cultural que técnico”. Esta definición es la propuesta oficialmente por FAO y siendo éste un organismo sufragado por la mayor parte de los países de nuestro contexto iberoamericano, incluidos Argentina y España, ésta es sin duda la definición a la que nos debemos referir oficialmente.

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

Queda claro que el concepto de raza está sustentado en la diversidad biológica de la especie, marcando diferencias mayores o menores dentro de la especie, o como expresa Sierra (2001): “El concepto y el hecho diferenciador de diversos grupos animales dentro de la misma especie seguirá existiendo, aunque podamos llamar a estos subconjuntos dentro del conjunto especie de la forma que queramos acordar (subespecie, raza, subraza, variedad, etc.)”. Lo que es difícil de determinar es cuales son los límites de los ganaderos que la proponen y de los técnicos que la reconocen, ya que encontramos diferentes magnitudes de identidad entre grupos de animales a distintos niveles dentro de una misma especie. Por otra parte es importante resaltar la conveniencia de mantener la mayor diversidad posible en los animales domésticos a efectos de contar con suficiente fuente de variación para ser aprovechada en planes de mejora y obtención de mayor cantidad y calidad de productos. Además muchas razas son portadoras de genes únicos o combinaciones únicas de genes y su pérdida puede comprometer la existencia de líneas, familias o razas únicas. Una vez perdidas no pueden ser regeneradas nuevamente, por lo que su desaparición, si ocurriese, sería permanente. Teniendo en cuenta todo lo expuesto, en la práctica podemos admitir que una raza es aquella población de animales domésticos que la entidad administrativa competente estima como tal. En tal sentido, cada país se organiza de acuerdo a su propia legislación para reconocer oficialmente sus razas, generalmente apoyándose en criterios técnicos, pero también administrativos y políticos. Quizás sería necesario alcanzar un consenso internacional en tal sentido, ya que lo que es indiscutible, especialmente desde el punto de vista genético es que las razas son una realidad biológica que probablemente suponga un punto de arranque en la especiación.

1.2 Pérdida de diversidad en los animales domésticos

La diversidad de las razas de animales domésticos permite seleccionar poblaciones u obtener nuevas razas que respondan a los cambios del medio ambiente, a los nuevos conocimientos sobre las necesidades de nutrición humana, a las amenazas de enfermedades, a la situación del mercado y a las necesidades sociales, factores todos ellos en gran parte imprevisibles (FAO, 1998). A pesar de la necesidad de mantener la diversidad de los animales domésticos existente, existen factores que provocan la disminución de la misma, de hecho según los registros de FAO, en Europa la mitad de las razas que existían a principios del siglo XX se han perdido; el 41 % de las 1500 razas restantes

corren peligro de desaparición en los próximos 20 años. En América del Norte más de un tercio de las razas de ganado y de aves de corral muestran poblaciones de tamaño insignificante o que se encuentran en franca regresión (FAO 1998).

La mayor amenaza para la diversidad zoogenética es la especialización de la producción animal moderna. La ganadería comercial en el mundo desarrollado, se basa en la explotación de muy pocas razas altamente seleccionadas para producir carne, leche o huevos en gran cantidad y bajo condiciones ambientales muy reguladas (FAO, 1998). Esta situación produce los siguientes efectos: a) la disminución de la variabilidad dentro de las razas o líneas altamente productivas; b) el progresivo reemplazo de las razas locales por razas o líneas especializadas c) la desaparición o el riesgo de extinción de un número creciente de razas adaptadas a ambientes locales. En síntesis, los sistemas productivos de altos insumos se caracterizan por ser poco diversos pero altamente productivos, mientras que los de bajos insumos suelen ser genéticamente diversos pero poco productivos. La difusión de estos sistemas de producción intensivos en el mundo en desarrollo pone en riesgo a millares de razas locales y además las pocas razas comerciales que se utilizan en la producción intensiva no ofrecen una reserva genética suficiente para el futuro (FAO 1998).

Planteado de esta forma puede parecer que la mejora genética moderna y la aplicación de nuevas biotecnologías a los programas de mejora son los máximos responsables de la pérdida de la biodiversidad animal. Sin embargo, es importante destacar que la mejora genética moderna y las nuevas biotecnologías aplicadas son un conjunto de herramientas y técnicas que dependiendo de cómo se utilicen, pueden incrementar, mantener o disminuir la biodiversidad y al mismo tiempo producir un aumento de la productividad (Nuez y col 1997).

Otras razones que provocan la pérdida de razas o variedades o las sitúa al borde de la extinción son: a) demanda cambiante de los mercados, b) los cruzamientos absorbentes con otras razas, c) la degradación de los ecosistemas donde habitan, d) desastres naturales como sequías muy prolongadas e) políticas ganaderas equivocadas que promueven soluciones inmediatas y no sostenibles a largo plazo (FAO 1998) f) globalización de los mercados internacionales (Delgado J V 2006).

2. Conservación de recursos genéticos animales (RGA)

La necesidad de caracterizar y conservar los recursos genéticos animales se ha convertido en una prioridad a escala nacional e internacional (FAO, Convenio de Diversidad Biológica, Cumbre de Río de Janeiro, AGENDA 21, U.E., etc.) y todos los estamentos coinciden en que ésta conservación debe estar unida a un desarrollo sostenible de dichos recursos y a una utilización racional y

adecuada a su entorno medio-ambiental con fines a un reparto justo de los beneficios. Actualmente la conservación y utilización sostenible de los RGA, es considerada una actividad legítima y de beneficio público (Hodges J. 2002).

2.1 Estado de riesgo de los RGA

Se han propuesto distintas clasificaciones a efectos de definir el estado de riesgo de los RGA. Brooke y Ryder (1978) establecieron cinco categorías para las especies silvestres, teniendo en cuenta los censos actuales y las tasas de declinación I: En Peligro, II: Vulnerable, III: Rara, IV: No amenazada momentáneamente, V: Indeterminada, con datos insuficientes. Maijala y col (1984), estableció el término “Amenazada” para referirse al estado de una población animal que le impide mantener un número de individuos suficientes para preservar sus características distintivas de las de otras poblaciones y establece criterios para considerar una raza como amenazada según el siguiente cuadro:

ESPECIE	HEMBRAS	MACHOS
Bovinos	Menos de 1000 o entre 1000-5000 y declinando	Menos de 20
Ovinos	Menos de 500 o entre 500-1000 y declinando	Menos de 20
Caprinos	Menos de 500 o entre 500-1000 y declinando	Menos de 20
Porcinos	Menos de 200 o entre 200-500 y declinando	Menos de 20

El grado de amenaza depende del tamaño actual de la población, de la tendencia del cambio de tamaño de la misma, del riesgo de sufrir cruzamientos con otras razas, de que los ganaderos estén organizados o no en una Asociación de Criadores y del patrón de distribución de animales en rebaños.

La FAO (1998) establece siete categorías de riesgo en función del número de reproductores machos, hembras y totales:

Extinta: Cuando no hay machos (o semen) ni hembras reproductoras (u ovocitos), ni embriones. No es posible recuperar la población.

Crítica: Cuando hay menos de 100 reproductoras, menos de 5 reproductores, o el número de reproductores totales está en descenso y por debajo de 120, y menos del 80% de ellos son criados en pureza.

Crítica-mantenida: Es una población crítica, pero existen programas activos de conservación o de mejora de la población.

En Peligro: Cuando hay menos de 1000 reproductoras, o menos de 20 reproductores, o el número de reproductores totales se encuentra en ascenso y entre 80 y 100, con más del 80% de ellos de criados en pureza, o bien esta cifra está descendiendo desde unos valores de entre 1000 y 2000 y menos de un 80% de ellos son criados en pureza.

En Peligro-mantenida: Cuando la población está en peligro pero existe un programa de conservación o mejora de la misma.

Fuera de peligro: Cuando el número de reproductoras es superior a 1000, el de reproductores superior a 20 o el número total de reproductores está por encima de 1200 y en aumento.

Desconocida: No hay información disponible que permita evaluar la situación de la población.

La EAAP (Asociación Europea de Producción Animal), en función del incremento de la consanguinidad en 50 años (ΔF), establece cinco categorías:

En peligro crítico: ΔF superior al 40%

En peligro: ΔF entre un 26 y un 40%

Ligeramente en peligro: ΔF entre un 16 y un 25%

Posiblemente en peligro: ΔF entre un 5 y un 15%

Fuera de peligro: ΔF por debajo del 5%

La EAAP establece además unos criterios adicionales como son la proporción de registros en el libro genealógico, el cambio en el número de reproductores, el porcentaje de animales puros y el número de rebaños.

La Unión Europea, establece el número de animales criados en pureza por debajo del cual una raza se considera en “riesgo de abandono”. Esta cifra es 7500 en bovinos, 10000 en ovinos y caprinos, 5000 en equinos, 15000 en porcinos y 25000 en aves (Reglamento CE de la Comisión 445/2002).

Como se ve por lo anteriormente expuesto, no solo no existe un criterio común para establecer el estado de riesgo de una población sino que además son muchos los factores que pueden influir para definir su situación de riesgo (sanitarios, sociales, políticos, económicos, culturales o genéticos)

2.2 Objetivos de la conservación de los RGA

Oldenbroek J K (1999), propone seis objetivos por los cuales es necesario conservar los RGA:

1) Como una oportunidad para futuras demandas del mercado: En los países desarrollados la demanda de alimentos especializados de origen animal es creciente, lo cual resulta en una diversificación de los sistemas de producción y de los productos animales. Por otro lado, ha aumentado el empleo de animales para actividades de recreo y deportivas. Es posible que las razas

utilizadas en los sistemas productivos intensivos actuales no puedan satisfacer todas las demandas futuras, que ahora son desconocidas.

2) Como seguro frente a los cambios productivos futuros: Los sistemas intensivos de producción se caracterizan por necesitar alto consumo de fertilizantes, piensos y tratamientos veterinarios. La respuesta de los animales a estos productos podría cambiar y sería necesario realizar cambios productivos por lo que es muy importante contar con variación genética.

3) Por el valor socio-económico actual: Algunas razas autóctonas son usadas por un grupo de ganaderos por distintas razones como son el aprovechamiento de ambientes marginales, la obtención de productos regionales, etc. La ausencia de programas de mejora atenta contra la existencia de esas razas, pero el valor socio-económico presente, que genera ingresos para dichos productores, justifica establecer un programa de conservación.

4) Oportunidad para investigación: Muchas líneas de investigación estudian la relación de algunos genes con la producción, la calidad de los productos, la resistencia a enfermedades, los aspectos reproductivos, etc. En estos casos, los cruzamientos entre razas con características muy diferentes juegan un rol importante.

5) Razones históricas y culturales: Muchas razas son el resultado de largos procesos de domesticación y prolongados períodos de adaptación a circunstancias locales. Ellas reflejan una larga historia de simbiosis entre la humanidad y los animales de granja. Los animales son parte integrante de ceremonias y de costumbres de grupos étnicos.

6) Valor Ecológico: Para una comunidad, la interacción con animales autóctonos constituye un elemento clave en la evolución de su ecosistema. Las razas locales contribuyen con el desarrollo de productos locales con imagen ecológica. Además pueden presentar características particulares como resistencia a ciertas enfermedades endémicas que le permiten permanecer en ambientes donde otras razas no pueden subsistir.

Otros autores sostienen que no necesariamente se debe establecer un objetivo para la conservación de los RGA, sino que estos deber ser mantenidos per-se. Tanto en el caso de fijar objetivos de conservación como en el caso de no hacerlo, queda claro que la conservación de los RGA es de fundamental importancia, debido a nuestra incapacidad para predecir las necesidades futuras y de nuestra ignorancia en relación con el valor productivo real de la mayoría de las razas en peligro. De cualquier manera, en los países en vías de desarrollo siempre debemos unir los conceptos de utilización a los fundamentos de la conservación. No se puede justificar la conservación “per se” en países en los que la población está bajo el umbral de la pobreza.

2.3 Métodos de conservación de los RGA

A - Conservación *in situ*

En este método, la población a conservar se mantiene dentro de su sistema de producción. Es el método prioritario o más recomendado por la FAO, puesto que la recuperación y el mantenimiento de las especies o de las razas involucradas se realiza en el ambiente en el cuál se han originado y desarrollado. La conservación *in situ* permite a la población animal y al ambiente evolucionar juntos y, en un enfoque más amplio, la conservación *in situ* también incluye el manejo del ecosistema para la producción sostenible de alimento (Hammond K 1994). El principal problema de este método de conservación es el riesgo de consanguinidad y los efectos de deriva genética presentes en el mantenimiento de poblaciones con un censo reducido. A pesar de estos posibles problemas, es el método recomendado por la FAO para un uso sostenible de zonas rurales. La mejor opción para reducir el efecto de la consanguinidad parece ser el esquema de mínima consanguinidad en el cual cada macho y cada hembra contribuyen con una cría a la siguiente generación y en el que se evita el apareamiento entre parientes (Folch P y Jordana J 1998).

B - Conservación *ex situ*

Es aquella que se lleva a cabo fuera del entorno natural de los animales. Puede ser *in vitro* o *in vivo*.

B 1 - Conservación *ex situ in vitro*: En este caso no se conservan animales vivos, sino que se almacenan gametos (óvulos o espermatozoides) o embriones congelados en nitrógeno líquido (crioconservación). La crioconservación permite por un lado salvaguardar la línea celular de su posible contaminación biológica preservando su valor genético y por otro lado disociar el momento de su obtención del momento de su utilización. La congelación basa sus posibilidades de éxito en la inactivación reversible del metabolismo manteniendo la integridad celular (Vicente Antón 2001). Aunque las técnicas de crioconservación de material genético están ampliamente desarrolladas, todavía deben perfeccionarse las técnicas para regenerar una población a partir de material genético crioconservado. Según FAO (1998), la prioridad de la crioconservación debiera ser para razas que no tienen programas de conservación *in vivo* viables y por orden de prioridad: 1) muestran una adaptación fenotípica al ambiente o producen productos nuevos; 2) tienen una importancia social o cultural y 3) son razas genéticamente distantes de las otras razas conservadas según los estudios realizados con marcadores moleculares. Es un método complementario para programas de

conservación *in situ* o *ex situ in vivo*, siendo una medida de seguridad recomendable para casos de catástrofe.

B 2- Conservación *ex situ in vivo*: En éste método de conservación se mantienen animales vivos fuera de las condiciones naturales donde se han desarrollado, ya sea en establecimientos destinados a su producción o en lugares destinados específicamente a la conservación como son las reservas animales, las granjas parque o los zoológicos. Las granjas parque nacieron con dos objetivos: a) como ayuda a los programas de conservación de razas en peligro y b) como centros de recreo y educación para el público en general y se han desarrollado principalmente en Gran Bretaña, Alemania, Canadá y Brasil (Camacho Vallejo y col. 1998; Mariante 1999).

El número de animales conservados es muy variable, aunque generalmente es menor al número de animales conservados *in situ*, por lo que existe riesgo de un aumento de la consanguinidad y el efecto de la deriva genética. El mantenimiento de la población fuera de su entorno condiciona su adaptabilidad futura a cambios en el mismo, además de no proporcionarle ningún beneficio en términos de sostenibilidad y desarrollo rural.

2.4 Prioridades en la utilización de los métodos de conservación

La Convención sobre la Diversidad Biológica hace énfasis en la importancia de la conservación *in situ* y recomienda (artículo 9) la conservación *ex situ* como una actividad esencial complementaria a las medidas *in situ*. Las técnicas *ex situ* siguen siendo herramientas seguras y poderosas para la conservación de recursos genéticos animales y puede ser interesante planear una estrategia de trabajo que integre las técnicas *in situ* y *ex situ*, siendo éstas últimas complementarias de las primeras. La crioconservación como único medio de conservación debe ser considerada como el método que tiene la menor prioridad. La elección de la metodología de conservación *in situ* o *ex situ* estará determinada por la población y por la presión y condiciones ambientales que generen las necesidades de producción (García y col. 2000). Independientemente de lo sofisticado del método de conservación, lo esencial es la disponibilidad del material genético a conservar como amortiguador frente a los cambios climáticos, presencia de nuevas enfermedades o modificaciones en el mercado (Segura-Correa 2001).

2.5 Elección de razas a conservar

Existen diversos criterios que pueden ayudar a la hora de tomar una decisión sobre las poblaciones que se van a conservar (grado de amenaza de la población, adaptación de la misma al medio, que posea caracteres de interés económico, caracteres únicos o que posean un valor cultural o histórico). (Thaon D'Arnoldi y col 1998) propusieron seleccionar las razas a conservar en función de la diversidad genética que se obtiene a partir de una matriz de distancias genéticas, entendiendo que cuanto más distante sea una raza de las demás con las que se está comparando, mayor diversidad genética tendrá esta raza. Esta propuesta ha sido criticada por (Caballero y col. 2002), por no tener en cuenta la diversidad genética dentro de las razas. Recientemente a partir de los datos obtenidos en proyectos europeos coordinados de bovino, ovino, caprino y porcino, se puede afirmar que la distancia genética no es un criterio fiable para determinar el valor genético de una raza pues refleja más el grado de aislamiento genético de la misma que sus características singulares. En principio, aunque la información obtenida con los marcadores moleculares es fundamental para seleccionar una raza para conservación, es muy arriesgado condenar a otra a su no-conservación basándose sólo en esta información. (Simianer 2002). El mismo autor (Simianer 2005), recomienda combinar la diversidad genética con otros criterios como presencia de caracteres genéticos especiales (p.ej. resistencia a enfermedades, caracteres productivos, valor cultural, etc.) Piyasatian and Kinghorn (2003) proponen elegir las razas o poblaciones que deben introducirse en un programa de conservación teniendo en cuenta la diversidad genética, el mérito genético y la viabilidad de las poblaciones conservadas.

3. Origen y difusión del ganado bovino Criollo de América

En el período prehispánico no existían bovinos en América. Los primeros bovinos fueron introducidos por los colonizadores españoles durante los primeros años de la conquista (Rouse 1977). A partir de este hecho, se estableció una relación muy estrecha entre los acontecimientos de la conquista y colonización americana y la formación de las razas de bovinos Criollos de América. Los vientos alisios del Norte, tuvieron una gran importancia en el descubrimiento de América. Colón sabía que este viento era el camino y después del descubrimiento, el alisio marcó la derrota invariable para el viaje de ida. La desviación de estos vientos hacia el Oeste es debido al efecto de la rotación de la Tierra y ha tenido un efecto favorable para la navegación a vela en dirección Este/Oeste, ya que la embarcación recibe el viento por la aleta. Los vientos alisios llevan

directamente al Caribe, lo cual determinó el destino final de las naves colonizadoras. Para la vuelta, la ruta no era la misma, porque los vientos eran en contra y ya desde el primer viaje de Colón, el retorno fue por el Norte, aprovechando los incómodos vientos variables que soplan por esa zona. Al espacio que separa la Península Ibérica y las Islas Canarias se lo conocía como el “Golfo de las Yeguas” debido al número elevado de estos animales que perecían en ese trayecto por no soportar las adversidades de la travesía y que eran arrojadas al mar. Debido a las dificultades que ofrecía este primer tramo, las Islas Canarias resultaron una parada imprescindible para las naves, allí podían reabastecerse y descargar o cargar todo tipo de animales para transportarlos a América. Como consecuencia de la baja prolificidad del ganado mayor y la escasez de praderas pastables en las Islas Canarias, los equinos y vacunos no abundaban en el archipiélago durante los primeros viajes a América. La denominación del “Golfo de las Yeguas” es una prueba del continuo transporte de esta especie a las islas desde el continente (Capote y Tejera 2001).

Los primeros embarques de bovinos hacia el Nuevo Mundo se realizaron a partir del segundo viaje de Cristóbal Colón (Cádiz, 25 de septiembre de 1493). Por problemas de espacio en aquellas naves, se embarcaban bovinos pequeños (terneros y terneras), que en ésta travesía fueron acompañados de cerdos y ovejas con destino a la isla de Santo Domingo, llamada por Colón La Española. En el tercer viaje (30 de mayo de 1498), desde Sanlúcar de Barrameda se mandó un mayor número de animales, especialmente caballos, muy necesarios para la conquista, y parejas de bovinos y de asnos a fin de promover su cría. La introducción del ganado bovino en el América fue muy lenta y bastante difícil debido a diversos factores, principalmente por la dificultad que implicaba la salud y la nutrición de los terneros de corta edad y la casi imposibilidad de manejar y alimentar animales adultos, poco mansos, en aquellos barcos tan rudimentarios. Por estas circunstancias, las autoridades y/o el Gobernador de La Española impidieron la salida de este tipo de ganado de la isla y permanentemente solicitaban a la Corona nuevos envíos de bovinos pequeños y caballos para la conquista; sin embargo, en los envíos posteriores se prefirieron los cerdos y las ovejas por su fácil embarque y transporte (Beteta Ortiz 2003). Rodrigo de Bastidas en 1524 obtuvo la primera autorización Real para trasladar 200 vacas desde La Española a Santa Marta, Colombia que podrá concretar en 1425 (Beteta Ortiz 2003). Otra corriente llevó bovinos a Venezuela y hacia el sur, Lima constituyó el foco principal de dispersión. Desde allí atravesaron Bolivia, Paraguay y Chile hasta alcanzar la República Argentina y Uruguay. Los bovinos llegaron a todos los sistemas ecológicos americanos y en 1550 ya estaban presentes en todos los países de América del Sur (Rabasa 1993).

En España, los embarques de bovinos se hacían principalmente desde el puerto fluvial de Sevilla sobre el Guadalquivir o desde Cádiz, Palos y Sanlúcar de Barrameda sobre la costa y también en las Islas Canarias adonde fueron llevados desde Andalucía veinte años antes del segundo viaje de Colón. Rouse (1977), indica que las razas españolas actuales que podrían ser descendientes de las mismas poblaciones de bovinos de los cuales provienen los Criollos de América, son las razas Retinta, Berrenda, Blanca Cacereña y Negra Andaluza, mientras que (Rodero y col. 1992) destacan que podría tratarse de las razas actuales Palmera, Canaria, Retinta, Asturiana y Rubia Gallega. Estas dos últimas, debido a que una vez terminado el monopolio de los puertos del sur, se generó un comercio intenso también desde los puertos del norte (Gallegos y Vascos principalmente) iniciándose la exportación de bovinos de tipo celta más cualificados para ser explotados en regiones frías y húmedas de montaña, ligados al minifundio colonial y la explotación familiar agrícola por tratarse de animales de triple función.

3.1 Distribución y razas bovinas Criollas en América

El ganado bovino introducido por los conquistadores españoles se distribuyó paulatinamente en América, poblando toda la variedad de climas y regiones del continente. Esta capacidad de adaptación a tan diversos climas es considerada como una verdadera “maravilla biológica” (De Alba 1978). Los bovinos Criollos de América y el Caribe se encuentran distribuidos en diferentes regiones y países, sosteniendo sistemas de producción tanto para leche como para carne. En general, se encuentran distribuidos desde zonas muy bajas como es el trópico húmedo hasta los ecosistemas andinos, indicando evoluciones diferentes en cada caso (Tewolde 1997). En general, el recorrido de los animales era el siguiente: desde la isla La Española llegaban a Portobelo, Panamá, (descubierto por Colón en su cuarto viaje funcionó como “puerto único”) y desde allí se distribuían por la costa oriental, o llegaban por el océano Pacífico hasta el puerto del Callao en Perú. De Callao iban por tierra a Lima y posteriormente se redistribuían hacia el sur (SALVAT, 1990). En el Anexo I, se realiza una descripción detallada de la situación actual y la distribución del bovino criollo en los distintos países de América.

4. El Bovino Criollo Argentino

El Bovino Criollo Argentino se define como un descendiente puro y directo de los vacunos que trajeron los españoles en la época de la colonización americana (Sal Paz 1986).

4.1 Llegada de los primeros ejemplares. Difusión y distribución (1549-1850)

La difusión del ganado vacuno antes y durante el Virreinato del Río de La Plata, fue una consecuencia de los actos fundacionales de las ciudades (después provincias argentinas) por sus descubridores y colonizadores. Los primeros ejemplares fueron siete vacas y un toro que se introdujeron en 1549, traídos por los hermanos Gois desde San Vicente en Brasil hasta Asunción, hoy capital de Paraguay (Montoya 1984). El primer hábitat que pobló fue la región del Gran Chaco que se extiende por Argentina, Bolivia, Brasil y Paraguay (Hansen 1994). Las vías de entrada fueron cuatro: por el Noroeste (desde Perú por Bolivia o Chile), por el norte (por Paraguay) por el Este (Brasil) y por el Río de la Plata (Giberti 1970). La propagación dentro de los límites del actual territorio argentino se produjo de manera gradual y simultáneamente a la formación de las primeras ciudades: Santiago del Estero (1553), Tucumán (1565), Córdoba (1573), Santa Fe (1573), Buenos Aires (1580), Salta (1582), Corrientes (1588), La Rioja (1591) y Jujuy (1593) (Hansen 1994). No existe un censo de la cantidad de bovinos que se llevaron a cada una de las ciudades mencionadas, aunque sí se puede hacer una estimación teniendo en cuenta los relatos históricos, como por ejemplo: “Cuando Garay fundó Santa Fe, arreó desde Asunción una importante cantidad de ganado bovino; más tarde, al repoblar Buenos Aires, trajo de Santa Fe y de Asunción alrededor de quinientas cabezas. Años más tarde, Juan Torres de Vera y Aragón llevó, al fundar Corrientes, unos 1500 vacunos provenientes de Asunción (Carrazzoni 1997).

De estos animales, algunos se quedaron y se reprodujeron alrededor de las ciudades bajo el manejo de los habitantes de las mismas, pero otros se hicieron “cimarrones”, es decir que se alejaron de las ciudades y se reprodujeron de forma libre (sin limitaciones en su tamaño efectivo), en diferentes ambientes y bajo selección natural, estos factores le permitieron desarrollar una gran variabilidad genética, que se refleja a simple vista en la diversidad de sus pelajes (Rabasa S 1993). Estas manadas cimarronas pronto fueron utilizadas por los indígenas, aunque se conoce que en una primera etapa los indios pampeanos se interesaron menos por las vacas que por los caballos y que

estas no fueron importantes hasta mediados del siglo XVII. En 1611 el procurador de la ciudad de Buenos Aires en un documento afirma que los indígenas “Pampas” cercanos a la ciudad de Buenos Aires, “se sustentan de vacas y yeguas cimarronas que hay muchas en los campos”. En 1628 Pehuenches y Puelches cordilleranos aparecen manejando vacunos, quienes se llevan un gran rodeo de vacas de estancias de Chillán y las cruzan al actual territorio argentino. Un año después, en 1629 según el gobernador Céspedes aparecen en Buenos Aires unos quinientos serranos del Oeste o Tehuelches septentrionales portando coletos defensivos (especie de armadura) confeccionadas con cuero de vaca. Un poco después en 1640, los Puelches de Neuquén hacen uso cotidiano del vacuno, según Ovalle, sus toldos eran de cuero de vaca, caballo o animales silvestres y hacían las sogas de sus boleadoras con tendones de toro. Con esta arma, no solo derribaban un hombre sino también un potro, un caballo y un toro de los muchos que se criaban en aquellos campos al oriente de la cordillera. Mientras que los Tehuelches del norte adoptaron la vaca casi al mismo tiempo que los Pampas, los Tehuelches del sur en la Patagonia austral lo hicieron unos 150 años después.

Las vacas tuvieron una importancia crucial como proveedoras de carne y cuero, pero fundamentalmente como bien de cambio (el grueso del comercio, especialmente a partir del siglo XVIII, gira alrededor de las vacas). Los indios pampeanos y norpatagónicos, aprendieron e incluso inventaron técnicas para el manejo del caballo, pero también lo hicieron para el manejo y cría de vacunos y lanares, observándose la construcción de corrales para vacas y ovejas en algunos casos (Bustos J. A 1993). Hacia 1850, el 90 % de la población bovina criolla del país se ubicaba en la región pampeana, donde existían en esa fecha unos 20.000.000 de cabezas (Lebedinsky M 1967).

4.2 Mestización y absorción por razas europeas e índicas (1850-1970)

Durante las primeras décadas de ésta etapa se introdujeron reproductores de las razas británicas Shorthorn, Hereford y Aberdeen Angus con el objeto de obtener animales con mayor tendencia a la gordura, que es lo que requería el mercado de exportación en aquel momento. Los animales importados se cruzaron con los Criollos existentes en la zona pampeana y debido a ello se redujo paulatinamente el número de bovinos Criollos en estado de pureza racial y se incrementó la cantidad de animales cruzados (cuarterones). Con el tiempo las vacas Criollas existentes en la zona pampeana se transformaron en Shorthorn, Hereford o Aberdeen Angus puras por absorción. Poco a poco se fue desvalorizando a la raza Criolla con relación a las razas introducidas y solo se conservó en estado de pureza racial en ambientes donde las razas introducidas no eran productivas.

Desde 1880 hasta 1920 (8 generaciones), el proceso de mestización con razas británicas, fue muy importante en la Pampa húmeda, debido a que el clima templado de la región fue aceptado por las

razas introducidas. La absorción definitiva (extinción del bovino Criollo Pampeano), se produjo alrededor de 1920-1930 (Rabasa Com. Pers.), siendo totalmente reemplazado por las razas británicas puras por cruza. Según el censo ganadero nacional de 1937, la existencia total de bovinos Criollos era de 6.664.403 animales difundidos en su gran mayoría en el norte del país, donde se adaptaron por su rusticidad y resistencia a las enfermedades parasitarias e infectocontagiosas (Inchausti y Tagle 1980). En 1938, Pereyra Iraola, por iniciativa personal, formó un pequeño rodeo de bovinos criollos en la localidad de Tandil, provincia de Buenos Aires (Pampa húmeda), con animales procedentes de la provincia de Salta (NOA), (Pereyra Iraola Martín Com. Pers.).

En 1950, cien años después del comienzo de la mestización en la zona pampeana, se produjeron las primeras introducciones de razas índicas al NEA (Noreste Argentino) y al NOA (Noroeste Argentino). Se intentó reemplazar al bovino Criollo existente en estas regiones por otras razas exóticas (Brahman, Nelore, etc.), pero ésta iniciativa no tuvo éxito y comenzaron a desarrollarse razas sintéticas (Brangus y Bradford), combinando la tolerancia al calor de las razas índicas y la calidad carnicera de las razas británicas. Con éste movimiento se produce un nuevo retroceso del bovino Criollo, que en este caso afectó más al NEA, donde actualmente es muy difícil encontrar rebaños de Criollo puro (Solana M. com. pers.). Como consecuencia de este proceso, la población más numerosa de bovinos Criollos en estado de pureza quedó en el Noroeste argentino (NOA), donde no hay censos actualizados, pero se calcula que existen aproximadamente 200.000 ejemplares (Sal Paz F. 1986), ya que hasta la fecha no se han producido cambios que indiquen posibles variaciones en la composición racial de la ganadería bovina de la región.

4.3 El Bovino Criollo del Noroeste Argentino (NOA): Revalorización y desarrollo actual (Desde 1970)

La recuperación del bovino Criollo en Argentina se inició en el actual Campo Experimental Regional INTA Leales Tucumán en 1959, donde se formó el primer plantel experimental, con animales adquiridos en distintas localidades del Noroeste Argentino (Figura 2) (Rabasa y col. 2002). Este plantel se formó principalmente con el objetivo de contrastar la productividad de las razas índicas y sus cruces de reciente introducción en esa región del país. En las décadas de 1970 y 1980 se publicaron los resultados de esta investigación, observándose que la población utilizada como testigo (raza Criolla), en algunos aspectos llegaba a superar a las otras razas. Por ejemplo, cuando se midió producción de carne por hectárea (Sal Paz 1986), superó a las razas Hereford y Nelore (Tabla 1). Los componentes de producción considerados fueron: porcentaje de parición, porcentaje de mortalidad, porcentaje de marcación, peso al destete (PD), peso de vaca (PV) y la

relación peso de destete sobre peso de vaca (PD/PV). Los kilos de carne por hectárea y por año se calcularon como % de marcación/100 x PD/PV x carga animal. La carga animal para las condiciones del experimento fueron 1 UG=1.5 ha, es decir 280 Kg. de vaca mantenida por hectárea. Los tres genotipos tuvieron un nivel de fertilidad similar, pero los valores de mortandad difirieron significativamente, a favor del ganado Criollo, siendo en producción de carne por hectárea la raza más productiva de las tres evaluadas.

Tabla 1: Producción en cría de las razas Hereford, Criollo y Nelore.

Raza	N	%Par.	%Mor	%Marc	PD(Kg.)	PV(Kg.)	PD/PV	Kg/ha/año
Heref.	626	77	10.8	68	146	401	0.36	68.5
Criollo	2109	75	2.0	74	174	383	0.45	93.2
Nelore	653	76	6.4	71	179	394	0.45	89.5

N = Número de animales; **%Par** = Porcentaje de Parición; **%Mor**= Porcentaje de mortandad **%Marc**= Porcentaje de Marcación; **PD**=Peso al destete; **PV**= Peso de Vaca; **PD/PV**= Peso al destete sobre Peso de Vaca; **Kg/ha/año**= Producción de Kg de carne por hectárea por año.

Después de los resultados de esta primera experiencia, en el NOA se trasladaron algunos ejemplares desde Leales a la estación experimental del INTA Balcarce (Figura 1), en la provincia de Buenos Aires. Allí, Melucci y Miquel (1986), evaluaron las características del crecimiento pre y post destete en cruzamientos de Criollo x Aberdeen Angus vs. Aberdeen Angus puro. En la Tabla 2 se observan los promedios de mínimos cuadrados para crecimiento post-destete obtenidos. Se registró, una superioridad del 9 % para ganancia absoluta y peso ajustado a los 20 meses a favor de los novillos cruzados. Si esta superioridad es debida a heterosis, su magnitud es similar o superior a la que se espera en cruzamientos entre razas británicas.

Tabla 2: Promedios de mínimos cuadrados para crecimiento post-destete de novillos A.Angus y cruzas Criollo x A. Angus.

	Aberdeen Angus	Criollo x A. Angus
Número de terneros	43	134
Ganancia diaria absoluta (kg)	0.475 ± 0.009	0.506 ± 0.006
Ganancia diaria relativa (x 100)	0.203 ± 0.005	0.202 ± 0.003
Peso ajustado a los 20 meses	354.1 ± 3.2	378.1 ± 4.7

Melucci y Miquel (1986)

En INTA Castelar, (Garriz y col 1993) estudiaron el rendimiento carnicero y la composición de la res de novillos Criollos comparados con A. Angus y sus cruces (Tabla 3). Allí se constata que la raza Criolla tiene menor cantidad de grasa y mayor proporción de músculo y de hueso que el resto de los genotipos evaluados. La raza Criolla no deposita excesos de grasa y presenta mayor proporción de porciones comestibles. La menor cantidad de grasa aparece como una característica racial destacable y adecuada para satisfacer la actual demanda de carne magra. Por otra parte, las características organolépticas de la carne (terneza, jugosidad, sabor, aroma y aceptabilidad) no difieren de las de las razas británicas y sus cruces (Garriz y col. 1986).

Tabla 3: Rendimiento de la res de diferentes biotipos

Medida	Criollo	A.Angus	Criollo x Angus	Nelore x Angus
Kg. de músculo	72.3	66.8	69.1	70.2
Kg. de grasa	17.6	25.8	26.2	29.6
Kg. de hueso	19.9	17.1	18.0	18.1
Kg. SG PRC (*)	4.0	4.5	5.7	5.2
Músculo/Hueso	3.6	3.9	3.8	3.8
Grasa/Hueso	0.9	1.5	1.4	1.1
Músculo/Grasa	4.1	2.5	2.6	3.4

(*) Sumatoria de Grasa Pélvica, Riñonada y Capadura

En 1985, y debido al interés que generó el bovino Criollo, se formó la Asociación Argentina de Criadores de Ganado Bovino Criollo Argentino (AACGBCA), institución privada que por medio de jornadas técnicas y su participación en exposiciones y otros eventos, realiza la difusión de la raza. Curiosamente, el mayor desarrollo de la raza bovina Criolla se produjo en la zona pampeana, donde de no existir, ha llegado a tener en la actualidad 15 planteles de animales puros registrados con animales procedentes del NOA y uno solo con animales procedentes de la Patagonia. En la actualidad la raza cuenta con Herd Book en la Sociedad Rural Argentina y un registro de la Asociación de Criadores con 4500 vientres inscritos (Rabasa y col 2002).

Figura 1: Ubicación de regiones y Estaciones Experimentales



- Region del Noroeste Argentino (NOA)
- INTA LEALES Pcia de Tucuman
- INTA Balcarce Pcia de Buenos Aires Zona Pampeana

5. El bovino Criollo de Origen Patagónico

5.1 Período Tehuelche

Ninguna de las embarcaciones que llegaron desde el continente europeo directamente a la Patagonia trajeron caballos y vacunos, estos entraron desde el norte por vía terrestre (Lafuente 1981). En 1741 Bulkeley y Cummins, marinos ingleses sobrevivientes del buque Wager, observaron la presencia de Tehuelches a caballo cerca del Cabo Vírgenes arreando ganado vacuno. En 1781 también son observados en el Puerto San Julián (Palermo 1989). Aunque no hay constancia histórica, es posible que ya a principios del siglo XVIII existieran bovinos en la Patagonia austral.

Los primitivos habitantes de la Patagonia argentina, los Tehuelches, no desarrollaron una marcada vocación ganadera. Utilizaron el ganado vacuno principalmente como bien de cambio, para obtener caballos y otros productos que les proveían las tribus vecinas (Gotta 1993). No fueron grandes consumidores de carne vacuna, aunque desarrollaron algunos subproductos con el cuero y otras partes de los bovinos como tapices y otros utensilios. Hay muestras de ello en el Museo de Ciencias Naturales de la Universidad Nacional de La Plata.

A finales del siglo XIX se afianzó el predominio del hombre blanco, por lo que el desarrollo de la actividad bovina patagónica hasta entonces estuvo a cargo de los habitantes nativos exclusivamente. Los indios se destacaron en la invención de técnicas para el manejo de los caballos, también incorporaron técnicas de manejo y cría para los vacunos y fue así como a partir de manadas de vacas cimarronas los indios Pampas y los norpatagónicos poco a poco fueron logrando rodeos propios de animales mansos para comercializar o consumir y para ello se valieron de la construcción de corrales (Palermo 1988).

Este primer período en la formación del bovino Criollo Patagónico se caracterizó por la reproducción libre, donde tuvo gran importancia la selección natural para determinar qué animales dejaban descendencia. No obstante los indígenas le otorgaron gran importancia al comportamiento y a la facilidad de manejo, por lo cual realizaron una selección artificial a favor de la mansedumbre ya que a finales del siglo XIX mantenían algunos grupos de vacunos mansos cerca de las viviendas, que eran manejados por las mujeres y los niños (Palermo 1988).

5.2 Difusión de los bovinos en la Patagonia

La fundación de las poblaciones de Carmen de Patagones en la provincia de Río Negro (1779) y de la Colonia Floridablanca, en San Julián, provincia de Santa Cruz, favorecieron la llegada y la

difusión del ganado bovino en la Patagonia, pero el mayor desarrollo se produjo casi un siglo después con la colonización galesa de la provincia de Chubut (1865), con la Colonia Pastoril de Santa Cruz (1868) y con la implementación de un plan de fomento ganadero que establece Carlos M. Moyano, el primer gobernador de la provincia de Santa Cruz.

5.2.1 Desarrollo de la ganadería bovina en la provincia de Santa Cruz

La provincia de Santa Cruz se pobló definitivamente en el periodo que abarca desde 1880 hasta 1914 (Lafuente 1981). El centro dinámico de la región austral en ese momento fue la localidad chilena de Punta Arenas, que extendió su zona de influencia a un vasto territorio que posibilitaba la radicación de los “pioneros” que llegaban de las distintas zonas de Europa con espíritu emprendedor. En 1884 se crea la gobernación de Santa Cruz, designándose al capitán Moyano como primer gobernador, este hecho es fundamental para establecer un ordenamiento administrativo y favorecer el desarrollo ganadero. A partir de entonces la entrada de bovinos se llevó a cabo por tres vías: a) Vía Marítima; por la costa atlántica desde los puertos del norte, que no fue relevante, debido al alto grado de dificultad y a los elevados costos que ello implicaba; b) Vía Chile: por diversos pasos a través de la Cordillera de los Andes, aunque también el número fue reducido y c) Vía Terrestre que fue la más utilizada (Veniart 1993). La introducción de animales vía terrestre se realizaba desde la zona pampeana a través de la Ruta de los Tehuelches o Camino de los Arreos (Camino precordillerano que unía Río Negro con Santa Cruz). Este trayecto era empleado por los indios para efectuar intercambios comerciales de caballos, pieles y algunas vacas (Moyano 1968). Esta vía de ingreso fue la más utilizada a partir del año 1884. El entonces gobernador Carlos M. Moyano recorrió él mismo el trayecto en 1883. Como resultado de su expedición afirma que ésta es una vía adecuada para transportar entre 4.000 y 5.000 cabezas de ganado sin ninguna dificultad (Moyano 1968).

Durante éste período en el Departamento Lago Argentino (zona apta para la producción bovina) ubicado al Suroeste de la provincia, se constituyen establecimientos importantes entre los cuales pueden citarse Cerro Buenos Aires, La Jerónima (actualmente Nibepo Aike), Anita, Lago Roca, La Cristina etc. En todas estas estancias se utilizaba el vacuno Criollo como animal de triple propósito carne-leche-trabajo, destacándose por su mansedumbre, rusticidad y resistencia (Morrison 1917).

Además de ser una de las principales fuentes de alimentos, el vacuno era por entonces un elemento fundamental para el transporte de cargas (lana, madera, etc.), que se realizaba en carretones tirados por bueyes. El desarrollo de la ganadería bovina se verifica en los datos de los censos oficiales de la

provincia, que experimentaron un incremento sostenido del número de bovinos (963 en 1884; 11.000 en 1895 y 44.000 en 1914). Estos bovinos eran de raza Criolla, pues las razas británicas habían ingresando recientemente en la Pampa húmeda y estaban desplazando a la Criolla a regiones marginales para la producción ganadera.

A partir de 1914 comienza otra etapa en la cual ocurren dos cosas: 1) Disminuye el número de bovinos en la provincia y 2) Comienza a cambiar la composición racial. La disminución del número obedeció principalmente a la generalización del transporte de cargas por medios mecánicos y a que Punta Arenas pierde su hegemonía comercial (Lafuente 1981). El cambio de la composición racial se fue produciendo lentamente a partir de la introducción de animales de razas británicas (principalmente Hereford), con las cuales se realizaron cruzamientos absorbentes sobre el ganado Criollo de la zona. Este proceso de mestización fue similar al ocurrido en la zona pampeana con la diferencia que se realizó más tarde en el tiempo y que la raza británica que más se adaptó a la zona fue la Hereford. De esta manera, el número de bovinos Criollos puros en la provincia fueron disminuyendo paulatinamente hasta quedar reducido a un grupo de animales aislados y asilvestrados en el Parque Nacional Los Glaciares.

5.3 Recuperación y conservación del bovino Criollo Patagónico

El Parque Nacional Los Glaciares fue creado en el año 1937 por Ley N° 13.895, está ubicado en el Suroeste de la Provincia de Santa Cruz a 50° 20' Latitud Sur y a 72° 18' Longitud Oeste, en el Departamento Lago Argentino (Figura 2). Tiene una extensión de 600.000 hectáreas, de las cuales 154.100 son Reserva Nacional. El clima predominante es frío y húmedo, típico de la Cordillera Patagónica, sujeto a régimen de nieves en las altas cumbres. La temperatura mínima media es de 3° C y una mínima absoluta de -22° C. La temperatura máxima media es de 12° C y la máxima absoluta de 25° C. Se registran aproximadamente 100 heladas anuales. Las precipitaciones oscilan entre los 400 y 900 mm. anuales aumentando en las áreas más cercanas a la Cordillera, la distribución es marcadamente estacional, registrándose el 60-70 % de las mismas desde marzo a mayo. Las nevadas son muy frecuentes en invierno y en ocasiones la nieve caída puede llegar a un metro ó más de altura. Son frecuentes las ráfagas de viento de 100-120 km/hora, variando su dirección e intensidad de forma muy brusca. El relieve es propio de los bosques Andino-Patagónicos, con cerros y depresiones muy variables. Los cerros y lomas bajas enmarcan valles y planicies de origen glacial. Entre los paralelos 48° 15' y 51° 25' Sur se extiende un manto muy extenso de hielo continental (330 km.), del que se desprenden 47 formaciones mayores, de las

cuales 13 glaciares pertenecen a la cuenca atlántica. En el Parque se introducen las cabeceras occidentales de dos grandes lagos, El Viedma y El Argentino.

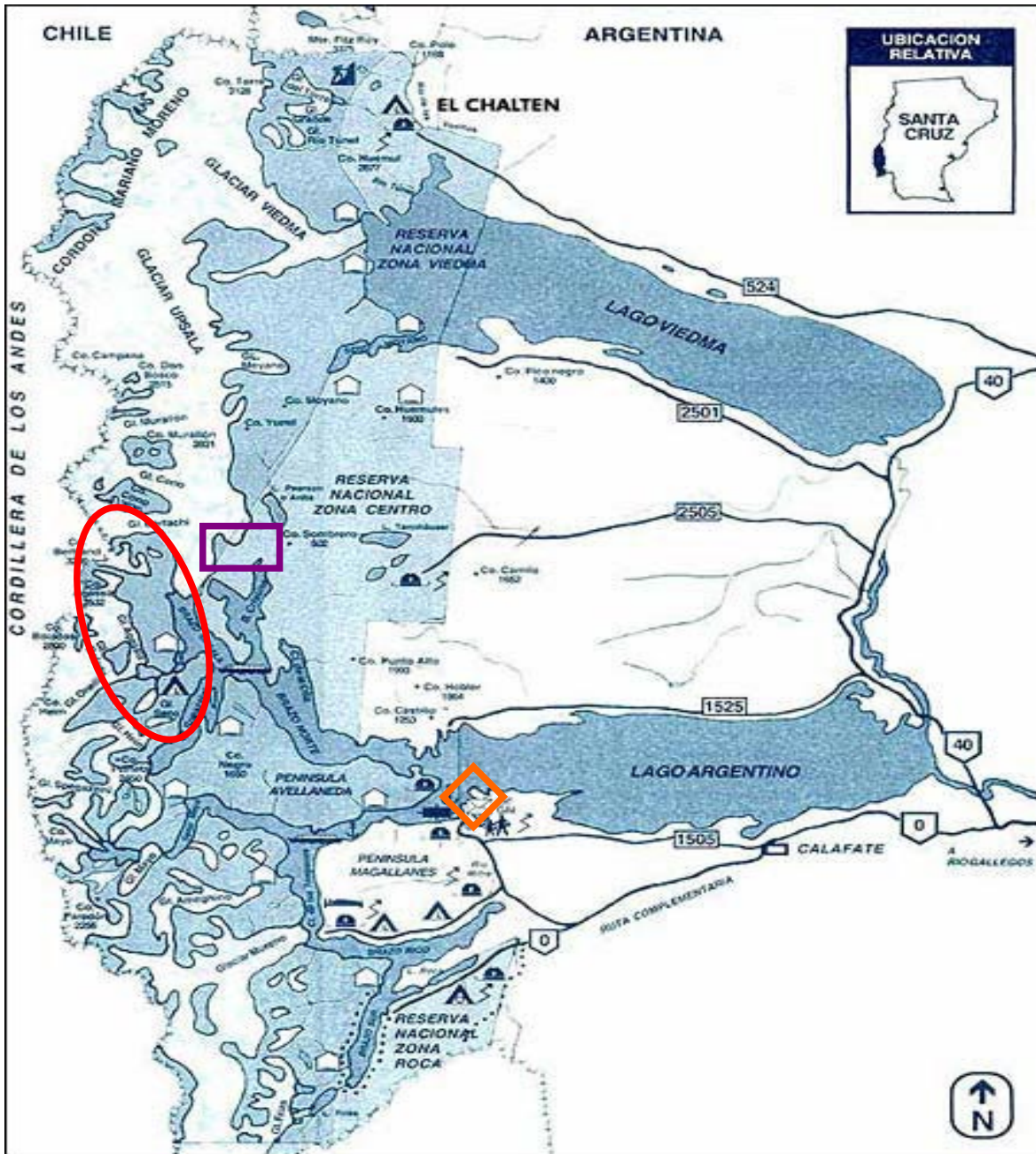
La vegetación es típica de los bosques Andino-Patagónicos, donde predominan especies arbóreas como la lenga, el coihue, el ñire, el canelo y el ciprés de las guaytecas. Hay abundante presencia de especies forrajeras durante la época estival en el sotobosque y en pequeñas “pampas” que forman claros en el tupido bosque. Las gramíneas que se observan con mas frecuencia son: *Dactylis glomerata*, *Lolium spp.*, *Poa annua*, *Bromus unioides* y *Bromus mollis*. Las leguminosas predominantes son *Trifolium repens* y *Trifolium pratense*. El Calafate es un arbusto de flor amarilla y fruto violáceo de un metro de altura, muy abundante en la zona.




Entre fines del siglo XIX y principios del XX, algunos de los sectores que hoy forman parte del Parque Nacional fueron colonizados por pobladores provenientes de distintos orígenes (principalmente inmigrantes) con una mentalidad progresista.

Esta gente le dio al lugar un importante impulso productivo, formándose en esos sectores algunas estancias muy importantes que se destacaron por su producción ovina, bovina y de madera. La Estancia “La Cristina”, ubicada sobre la Cordillera (Figura 2), fue construida por Percybal Masters, quien al parecer fue quien introdujo por primera vez vacunos Criollos en la zona entre 1900 y 1910. Un movimiento de vacunos importante se produjo en el año 1935 (2 años antes de la formación del Parque Nacional). En ese momento fueron trasladados en barco un grupo de ochenta vacunos desde la Estancia “La Cristina” hasta el sector de Bahía Onelli (Tierra de Nadie) (Echeverría Horacio padre, com. pers.).

Al crearse el Parque Nacional en 1937, los pobladores que ocupaban aquella zona, fueron emplazados a retirarse con sus pertenencias en un tiempo determinado. Vencido el plazo establecido algunos pobladores no pudieron retirar toda su hacienda, que se quedó en territorio del Parque Nacional, convirtiéndose en animales asilvestrados. Estos se multiplicaron libremente adaptándose perfectamente a las condiciones del medio ambiente, conformando una población totalmente cerrada y bajo selección natural hasta la actualidad. En el Anexo II, se detallan cronológicamente las actividades realizadas para llevar adelante el plan de conservación y caracterización de ésta población.

Figura 2: Parque Nacional Los Glaciares



-  Bahía Onelli Norte (Tierra de Nadie) y Bahía Onelli Sur
-  Estancia “La Cristina”
-  Puerto Bandera

6. Caracterización de la Diversidad Animal

La biodiversidad se define como la variabilidad genética de los diferentes tipos de recursos genéticos animales a nivel de poblaciones y genes, de los que se deben conservar tantos alelos o variantes como sea posible (Henson 1992), (Crossa y col 1993), (Smith 1984). La principal razón para la conservación es que sin una intervención apropiada, especies enteras podrían perder la flexibilidad para adaptarse a circunstancias cambiantes (enfermedades, demandas del mercado, etc.) y resentirse sus niveles de producción. La FAO destaca que la variación genética en caracteres, tanto conocidos como desconocidos, puede ser útil para mantener los caracteres productivos a pesar de los posibles cambios en el entorno. Esto implica que los esfuerzos de conservación se enfocarán hacia la diversidad de una especie en conjunto, sin preferencias de ciertos caracteres sobre otros.

Para caracterizar la diversidad animal se trabaja con dos tipos de variabilidad: la fenotípica, que se observa y se puede medir directamente sobre los individuos y la genética, que se mide utilizando marcadores genéticos. Para ambos casos hay herramientas matemáticas que nos permiten caracterizar adecuadamente la variabilidad existente dentro y entre poblaciones y de esta forma pueden cuantificarse las diferencias entre y dentro de las poblaciones animales.

Existen diversas metodologías para medir la diversidad genética que proporcionan resultados a veces contrapuestos, y se discute sobre el peso que debe tener la diversidad genética entre y dentro de razas o poblaciones. No existe un consenso acerca de si debe darse más importancia a la diversidad entre razas o a la diversidad dentro de las mismas. Desde un punto de vista práctico, favorecer la diversidad dentro de razas es útil en procesos de selección y adaptación, mientras que dar más importancia a la diversidad entre razas sería más razonable cuando lo que se pretende es explotar el resultado de cruzamientos (García y Cañón 2007)

Recientemente ha habido numerosos trabajos que describen la diversidad genética de las poblaciones bovinas locales, las cuales son caracterizadas fenotípica y genéticamente para priorizar su conservación (Van Marle-Koster y Nel 2003; Talle y col 2005).

6.1 Caracterización morfológica de los recursos bovinos

La diversidad de una raza puede ser observada y medida directamente a partir de su fenotipo (Eding y col 1999). Hay características fenotípicas poco influenciadas por el ambiente y que pueden aportar importantes evidencias de la diversidad animal como por ejemplo la conformación y el

tamaño de la cabeza y de los cuernos (Alderson 1992). Las diferencias fenotípicas entre razas sirven para priorizar las razas con un criterio de adaptación y funcionalidad (Eding y col 1999) y las distancias basadas en caracteres fenotípicos cuantitativos son indicativas de la adaptación a factores ambientales (Van Hintum 1994).

Un animal adecuadamente adaptado a determinado ambiente a menudo posee características fenotípicas distintivas de su raza que indican su adaptabilidad. Conociendo estas cualidades el criador podrá seleccionar en función de ellas, evitando el peligro de introducir tipos no adaptados (Bonsma 1976). Dada la importancia que tiene la variabilidad fenotípica para el desarrollo de las razas, la conservación de razas en peligro de extinción requiere de la caracterización morfológica de las mismas (Alderson L 1992).

Según Van Hintum (1994) las distancias basadas en caracteres cuantitativos son indicativas de la adaptación a factores medioambientales. En un estudio realizado por (Burstin y Charcosset 1997) encontraron que distancias genéticas cortas se asocian con distancias fenotípicas cortas, pero distancias genéticas grandes se asocian con un amplio rango de distancias fenotípicas, lo que significa que dos poblaciones distantes genéticamente no necesitan ser fenotípicamente diferentes. En otras palabras, dos razas pueden mostrar las mismas características fenotípicas sin estar muy relacionadas genéticamente, lo que significa que las razas pueden llegar a un fenotipo similar por diferentes rutas genéticas.

La diversidad fenotípica puede decirse que es una “diversidad genética expresada”, es decir, una diversidad genética de los genes codificantes, mientras que la “diversidad genética neutral” se mide mediante *loci* no codificantes como microsatélites u otros marcadores moleculares. La mayor parte de la bibliografía relacionada con el tema se refiere a diversidad genética neutral o simplemente diversidad genética.

Dada la distinción entre la variabilidad fenotípica y la genética, la distancia también podría ser dividida en distancia fenotípica y genotípica, dependiendo del objetivo previsto (Eding y Laval 1999). Las medidas de distancia fenotípica no necesariamente tienen que obtener los mismos resultados de la distancia genética porque son medidas básicamente diferentes. El fenotipo es determinado por el genotipo y el medio ambiente (y su interacción) y uno de los posibles usos de la distancia fenotípica sería la planificación de cruzamientos utilizando criterios de adaptación.

La conformación corporal en los animales de interés zootécnico se considera habitualmente como un carácter subjetivo (Dalton 1980), pero la zoometría permite estudiar las formas de los animales mediante mediciones corporales concretas (Torrent 1982). De esta manera la zoometría adquiere gran importancia porque nos permite cuantificar la conformación corporal, estableciendo medidas concretas y su variación normal para una determinada raza o población.

La variabilidad entre poblaciones como especies y razas puede ser medida usando modelos matemáticos, los cuales traducen las diferencias en una medida de distancia entre un par de poblaciones. Cada vez se valora más la adaptación de las razas al medio ambiente, puesto que los actuales sistemas de agricultura sostenible exigen la utilización de animales bien adaptados.

6.1.1 Componentes morfológicos de la caracterización

A las formas externas de la conformación del cuerpo de los bovinos se les denomina exterior, esta relacionado íntimamente con el estado fisiológico del organismo y es la expresión externa de la constitución del animal (Bobilev y col 1979). El estudio de la morfología exterior de los bovinos permite agruparlos según distintos objetivos. Por ejemplo, pueden asociarse algunas formas y dimensiones con determinadas funciones de los animales lo cual permite clasificar a los bovinos según su aptitud como bovino de carne, de leche o de trabajo (Inchausti y Tagle 1980), o también para diseñar distintos métodos de juzgamiento (Gottschalk 1993). Además, el exterior de los bovinos es el factor determinante para la clasificación de los animales en los distintos certámenes y exposiciones que revisten gran importancia comercial y donde se castigan los defectos y se premia la belleza (Inchausti y Tagle 1980).

Para la caracterización morfológica de las razas se utilizan dos componentes externos: el faneróptico, relacionado con el pelaje, determinado por variables de tipo cualitativo y el zoométrico que corresponde a distintas medidas e índices determinado por variables de tipo cuantitativo (Herrera 2003).

6.1.1.1 Componente Faneróptico

Se entiende por faneros al conjunto de formaciones epidérmicas con expresión propia y manifestación independiente, de posible apreciación externa. Para los bovinos tienen especial significado las de naturaleza córnea, pilosa y cromática, siendo la coloración pilosa el carácter étnico fundamental, por lo que cada raza cuenta con expresiones propias (Sánchez-Belda 2002).

6.1.1.1.1 Pelaje en los bovinos

El pelaje es el factor principal en la diferenciación de las razas y sus cruces, ya que cada raza tiene una característica propia de pelaje dentro del estándar que ha sido fijado por selección y en general, es supervisado por las Asociaciones de Criadores. Las numerosas variantes de color observadas en

las distintas razas bovinas actuales se deben a la acción de la domesticación y la selección, con su componente natural debido al ambiente en que viven y su componente artificial realizado por el hombre. Como resultado de las diferencias entre razas y los distintos biotipos dentro de una misma raza de bovinos, estas agrupaciones reaccionan en forma diferente a los estímulos ambientales (Bavera 2004)

6.1.1.1.1 Color del Pelaje

Valle (1988) en un clima tropical observó que las vacas Holstein con menos de 50 % de color negro presentaban mejor comportamiento reproductivo y mayor producción de leche. (Lemus-Flores y col. 2002), también encontraron que el mayor porcentaje de color blanco del pelaje en el ganado Holstein se relacionaba con menor intervalo entre partos y mejoraba la producción de leche en climas templado seco y cálido húmedo con alta radiación solar. (Finch 1984), en condiciones de fuerte radiación solar encontró que el color tuvo efectos significativos sobre el crecimiento. Estos efectos fueron mayores en los novillos Shorthorn blancos con respecto al Brahman y cruces, ya que ganaron 0.130 Kg/día más que los colorados oscuros. En las regiones cálidas con intensa luz solar, los pelajes claros como blancos o crema absorben 40 a 50 % menos calor y reflejan una mayor proporción de las longitudes de onda infrarrojas incidentes de efectos calóricos que las capas negras u oscuras, lo que contribuye a mantener y regular la temperatura corporal (Bavera 2004).

Bonsma (1976), sostiene que en zonas muy forestadas es preferible el vacuno de pelo negro, porque se desarrollará mejor en un ambiente donde la luz disminuye al filtrarse entre las hojas de la arboleda.

6.1.1.1.2 Tipo de Pelaje

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). Por el contrario, en las zonas donde se producen largas temporadas de temperaturas por debajo de los -10° C, o donde al estrés del frío se le añade viento, lluvia o nieve, los animales desarrollan estructuras de protección especializadas y otras reacciones adaptativas (Yeates 1967), como el bovino Criollo de origen Patagónico que en temporada invernal

mantiene un largo de pelo de entre 7 y 10 cm. (Martínez y Rodríguez 1995). (Finch 1984), observó que el pelaje de tipo largo o lanudo tuvo efectos negativos sobre el crecimiento y el tiempo de pastoreo en bovinos.

Los animales que cambian o mudan su pelo antes, soportan mejor elevadas temperaturas y los animales de tamaño grande dentro de una misma raza tienen menos densidad de pelos que los de menor tamaño (Bavera 2004).

6.1.1.1.3 Pelajes en los bovinos Criollos Argentinos

La raza bovina Criolla Argentina es quizás la raza que posee la máxima riqueza genética en materia de pelajes entre las distintas razas bovinas (Rabasa y col 1976). Se caracteriza por poseer todos los colores de capa de *Bos taurus* (policromía) y por ser sus frecuencias fruto de la selección natural para facilitar el mimetismo y la adaptación (Rabasa 1993). 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 y col 1976).

El pigmento castaño o colorado puede presentar distintas tonalidades que van desde el bayo (el más claro), el rubio, el castaño, el tostado y el colorado. Estas diferencias se deben probablemente a una serie de alelos del gen principal R. El negro se debe a un gen denominado B, es epistático sobre R. El blanco se debe al gen N y en dosis única es coepistático con B y R, en homocigosis (NN) el animal es casi blanco. Los animales heterocigotos para N, cuyos pelos pigmentados son negros, tienen capas conocidas como moras o azulejas, mientras que aquellos cuyos pelos pigmentados con castaños, el color de capa es rosado o rosillo. Se conocen como hoscas a los animales de capas castañas modificadas por un oscurecimiento distal que se manifiesta en cabeza, cuello, miembros, tronco y cola y que se debe al gen Bs. que actúa como recesivo. El azotado o chorreado (bandas negras verticales sobre una capa castaña), es un hosco que se modifica por la interacción entre los genes Bs y Ps (Rabasa y col 1976).

La policromía del pelaje de los bovinos Criollos Argentinos (Figura 3), va de castaño a yaguané, a azotado, negro, barroso, bayo, blanco, tucú, moro, azulejo, rosillo y una infinidad de tonalidades que le dan una mayor identificación con el medio. Las combinaciones de colores que dan los frontinos, pampas, porotillos, overos, salpicados pueden hacer pensar al profano en cruzamientos indiscriminados entre distintas razas, pero sin embargo se trata de variaciones en el pelaje que responden al proceso de domesticación, conservando la pureza de la raza a través de los siglos (Hansen 1994). Algunas crónicas reflejan las ventajas selectivas de algunos pelajes para

determinadas producciones como por ejemplo en el noroeste argentino donde algunos criadores afirman que las vacas con pelaje cheschillo o salpicado son muy buenas lecheras y blandas para ordeñar (Hansen 1994), o en la zona pampeana donde nuestros antiguos antecesores opinaban que el bayo, el colorado y el barroso engordaban perfectamente (Hernández 1882).

6.1.1.1.2 Mucosas Externas y Cuernos

Las mucosas externas de los bovinos se ubican en el hocico o morro, en la región palpebral y en la región perianal. El gen Ps en estado homocigoto determina pigmentación negra en las citadas regiones. Al estado heterocigoto (Psps) 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 y col 1976). Este gen forma parte de un grupo de ligamiento junto al gen Bs. asociado con fertilidad femenina en bovinos Criollos (Sal Paz y col 1976) y con la resistencia genética al cáncer de ojo en distintas razas y cruza (Sal y col 1995).

El vacuno Criollo Argentino constituye en la actualidad una población de animales predominantemente con cuernos, aunque existe cierta frecuencia de animales sin cuernos (mochos). La herencia del carácter presencia-ausencia de cuernos en los bovinos Criollos se debe a un gen dominante con penetrancia incompleta (Holgado y col 2001). Los cuernos son voluminosos nacen en la misma línea de prolongación de la nuca, están dirigidos horizontalmente en la base, después hacia adelante y arriba, en general tienen las puntas pigmentadas (Sal Paz 1986).

Figura 3: Distintos pelajes en el bovino criollo del NOA



6.1.1.2 Componente Zoométrico

La zoometría, permite establecer patrones raciales a partir de la obtención de diferentes medidas corporales y analizar sus relaciones. Es una herramienta útil que contribuye a la caracterización y

diferenciación racial (Pere-Miquel 2006). Para ello es necesario realizar el estudio de la conformación del animal o morfología, que aporta una idea sobre la aptitud del mismo o del biotipo que se está tratando. La zoometría, abarca una serie de medidas e índices corporales, siendo una herramienta valiosa para la clasificación de los animales en un grupo determinado (Alía 1996). Similar conclusión fue establecida en el I Encuentro de Zooetnólogos Españoles donde se expresa que “Se acepta a la zoometría como una herramienta útil en la caracterización y diferenciación racial. Constituye el soporte de la caracterización y diferenciación morfoestructural de las razas, siendo imprescindible que los resultados estén avalados por el estudio estadístico correspondiente y la aplicación de una metodología técnica contrastada”. (Herrera 2003).

6.1.1.2.1 Medidas zoométricas utilizadas

El número de medidas corporales que toman la mayoría de los autores para caracterizar el ganado bovino, fluctúa entre seis y catorce. Por ejemplo para el bovino Criollo Uruguayo se tomaron ocho medidas (Rodríguez y col 2002), para la caracterización de la vaca Cebú en Colombia, seis (Manrique 2001), para el bovino Criollo Pantaneiro, ocho (Abreu y col 2005), para la raza bovina Pirenaica, catorce (Pastor F y col 2000) y para el Criollo Mixteco, trece (Hernández y col 2006). Si se utilizan menos medidas, generalmente se eligen la alzada a la grupa, el perímetro torácico y la longitud corporal (Mahecha y col 2002).

6.1.1.2.2 Índices Zoométricos

Entre las diferentes regiones que constituyen el cuerpo de un bovino existe una relación más o menos armónica (Inchausti y Tagle 1980). Los índices zoométricos son relaciones entre distintas variables morfológicas cuantitativas (Torrent 1982). Se han establecido como patrones de los diferentes tipos en que se pueden clasificar los animales según su productividad. Para la definición racial, los índices más usuales son: índice corporal, índice torácico, índice cefálico, índice pelviano e índice de proporcionalidad (Real y col 2001). Además de esta aplicación también se utilizan para establecer comparaciones fenotípicas entre animales de distintas razas como por ejemplo entre el bovino Criollo Uruguayo, Hereford y Holstein (Rodríguez y col 2001) o para explicar el desarrollo corporal de la raza portuguesa Minhota (Araujo y col 2006).

6.1.2 Análisis Estadístico

En general los trabajos de caracterización zoométrica de las razas bovinas consisten en realizar un análisis estadístico descriptivo de las variables medidas, considerando la edad y el sexo de los animales (Mahecha y col 2002); (Méndez Mendoza y col 2002); (Hernández y col 2006). Cuando se trata de comparar varias poblaciones o razas para variables cuantitativas, se utiliza el test t de Student para la comparación de medias (Pastor y col 2000), o análisis de varianza con test de Tuckey a posteriori (Martínez y col 2006). Cuando se comparan datos cualitativos en base a frecuencias se utiliza el test Chi Cuadrado para homogeneidad de proporciones (Devore 1992). Para establecer diferencias entre grupos o poblaciones se utiliza la taxonomía numérica (Sobral y col 2002) y también técnicas de análisis multivariado de componentes principales y clusters (Abreu U G P de y col 2005).

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

6.2 Caracterización genética

Los marcadores moleculares se han utilizado para calcular una serie de parámetros relacionados tanto con la diversidad dentro de poblaciones (heterocigosidad, número de alelos, estadístico Fis) como con la diversidad entre poblaciones (distancia genética, estadístico Fst).

Bajo la coordinación de la FAO, se puso en marcha la iniciativa denominada MoDAD (Measurement of Domestic Animal Diversity), con objeto de elaborar una serie de recomendaciones técnicas para realizar estudios de diversidad genética con marcadores moleculares, concretamente microsatélites, en animales de granja (dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/marker.pdf y dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/ISAG_2004_Poster_markerlists.pdf). (Baumung y col 2004) hicieron una revisión de la metodología empleada en los estudios de diversidad genética en todas las especies de animales domésticos realizados por diferentes grupos de investigación en el mundo. Los marcadores moleculares se han empleado en trabajos muy diversos como para la caracterización racial y relaciones genéticas entre diversas razas bovinas (Cañon y col 2001; Freeman y col 2006; Jordana y col 2003; Machugh y col 1994; Machugh y col 1998; Moazami-Goudarzi y col 1994; Moazami-Goudarzi y col 1997). Además se han utilizado para detectar situaciones de “cuello de botella” (Ramey y col 2000; Spencer y col 2000), consanguinidad (Pariset y col 2003; Chikhi y col 2004), migración (Hanotte y col 2002; Wilson y Rannala 2003), filogenia (Machugh y col 1997; Mommens y col 1999; Ritz y col 2000), hibridación entre poblaciones (Kumar y col 2003; Freeman y col 2006) o, tamaño efectivo de las poblaciones (Hayes y col 2003). También han resultado muy útiles en la selección asistida por marcadores y la generación de mapas cromosómicos, (Zhang y col 2004; Shackell y col 2005). En los esquemas de selección son de gran ayuda en los análisis de paternidad y parentesco (Vankan y Faddy 1999; Weller y col 2004; Werner y col 2004), en la fiscalización de la trazabilidad de los productos animales (San Cristobal-Gaudy y col 2000; Vázquez y col 2004; Shackell y col 2005). Como herramientas para seleccionar poblaciones que deben ser conservadas también son de gran utilidad (Gandini y col 2004; Hanotte y Jianlin 2005). En algunos casos forenses los microsatélites se utilizan para detectar individuos cazados en poblaciones protegidas, donde han resultado de gran utilidad (Manel y col 2002). Además de estas aplicaciones, la caracterización genética de las poblaciones tiene importancia para la producción animal en sistemas de cruzamientos (Calvo y col 2000).

Algunos autores indican que la variabilidad genética intraracial es mucho mas importante que la variabilidad genética interracial; por ejemplo un análisis de las razas bovinas portuguesas mediante microsatélites muestra que el 93 % de la variabilidad es de origen intrarracial, de ahí que para mantener la variabilidad genética en el largo plazo es imprescindible conservar las razas y evitar la erosión de la variabilidad dentro de cada raza (Telo Da Gama 2002)

6.2.1 Marcadores genéticos

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

6.2.1.1 Los microsatélites como marcadores genéticos

Los microsatélites o STRs (short tandem repeat) son secuencias simples (de 1 a 6 pares de bases), repetidas en tándem entre 10 y 30 veces e intercaladas al azar en el genoma de todos los organismos eucariotas. Se ha visto que estos elementos muestran una variación en cuanto a su longitud que se hereda de una forma estable mediante el modelo mendeliano. Las secuencias microsatélites se han observado en todos los genomas eucariotas y, en muy poca medida, en los procariontes (Hamada y col 1982; Weber y May 1989). Se ha calculado que existen al menos 35.000 secuencias de este tipo en el genoma haploide humano distribuidos al azar, por lo que se cree que se encuentran cada 100.000 pb aproximadamente (Weber 1990). En los individuos eucariotas se puede encontrar, al menos una secuencia microsatélite cada 10.000 pb (Tautz 1989). Parece ser que se encuentran uniformemente distribuidos en los cromosomas (Litt y Luty 1989), aunque se ha observado que están poco representados en las regiones teloméricas y centroméricas, tanto en el hombre (Stalling y col 1991) como en animales domésticos (Winter y col 1992).

La frecuencia de las distintas secuencias microsatélites es diferente según el genoma estudiado, aunque se ha observado que en todos ellos las más comunes son las repeticiones dinucleotídicas, seguidas de las mononucleotídicas, trinucleotídicas y del resto en menor medida (Tautz y Renz 1984; Beckmann y Saller 1990). Las repeticiones (CA)_n son las más estudiadas hasta ahora ya que son las más abundantes en el genoma de mamíferos. En todos los genomas eucarióticos analizados

se ha observado una muy escasa presencia, o incluso total ausencia, de repeticiones tipo $(GC)_n$, (Tautz y col. 1986), aunque se encuentran algunas secuencias con repeticiones $(GC)_n$ como es el caso de un microsatélite formado por $(GC)_{15}(TG)_{19}$ encontrado en el genoma del caballo (Vega-Pla 1996).

Los microsatélites, de acuerdo a su estructura, pueden ser de tres tipos: perfectos, que contienen únicamente un motivo nucleotídico repetido n veces, imperfectos, que contienen una secuencia no repetitiva intercalada entre las repeticiones, y compuestos, que están constituidos por dos o más tramos de motivos repetitivos diferentes (Weber 1990).

Se han formulado muchas hipótesis sobre la función de los microsatélites, una de ellas es que pueden tener una función en el mantenimiento de la estructura de los cromosomas, principalmente por la capacidad que tienen algunas secuencias del tipo $(CA)_n$ de tomar una conformación de Z-DNA (Nordheim y Rich 1983) y, aunque la función de este DNA no se ha elucidado completamente, se cree que podría facilitar el empaquetamiento del DNA durante la condensación cromosómica en la meiosis (Gross y Garrad 1988). Se han asociado con la regulación génica, tanto con un incremento en la velocidad de la transcripción de un gen (Hamada y col. 1984), como con una reducción en la misma (Clark A G 1990). También se han relacionado con puntos de alta frecuencia de recombinación ("hot spots") (Murphy y Stringer 1986). Por otro lado, aunque es posible que los microsatélites no tengan una función común sin embargo si tienen un mecanismo común de evolución (Tautz 1989).

Los microsatélites están muy conservados entre especies próximas (Stalling y col 1991) e incluso los cebadores utilizados para amplificar una determinada secuencia en una especie, sirven para la amplificación de una secuencia análoga en una especie cercana (Moore y col 1991). La amplificación de microsatélites dinucleotídicos en chimpancés usando cebadores humanos indica que los microsatélites están muy conservados en cuanto a su localización cromosómica y esta conservación podría sugerir una conservación funcional. Pépin y col (1995) tipifican un panel de 70 microsatélites bovinos en la especie caprina y otras especies próximas y encuentran un total de 41 que pueden ser susceptibles de amplificar en ellas. Cuando se comparan especies distantes desde el punto de vista evolutivo, la conservación es baja. Entre primates, artiodáctilos, roedores y lagomorfos no se alcanza el 30% de secuencias microsatélites conservadas (Stallings y col 1991).

El polimorfismo de los microsatélites se debe a la variación en el número de unidades repetidas. Se caracterizan por estar distribuidos por todo el genoma y ser muy abundantes; además, son muy polimórficos por lo que se utilizan ampliamente como marcadores genéticos. Fueron descritos por primera vez como marcadores de DNA polimórficos en 1989 (Tautz 1989), y desde entonces, han probado ser una herramienta excelente para hacer mapeo genético en varios organismos (Vaiman y

col 1994; Ashwell y col 1996; Thieven y col 1997; Solignac y col 2004), estudios forenses (Huang y col 2003), estudios genéticos de manejo y conservación de poblaciones (Cañon y col 2001; Dorji y col 2003; Halbert y col 2005). Se utilizan para control de paternidad en especies domésticas (Bredbacka y Koskinen 1999; Baron y col 2002; Radko y col 2004), para detectar poblaciones consanguíneas (Chikhi y col 2004), en estudios filogenéticos (Mommens y col 1999), para examinar el ligamiento entre la distribución geográfica y genética de las poblaciones (Manel y col 2003) y para la asignación de individuos a poblaciones (Maudet y col 2002; Baudouin y col 2004), entre otras.

Los microsatélites son marcadores neutros con respecto a la selección, ya que no se ven modificadas sus frecuencias como consecuencia de la selección llevada a cabo en una población (FAO 1999c). Para un marcador neutral, el grado de polimorfismo está en función de la tasa de mutación. La tasa y la dirección de la mutación constituyen dos factores básicos en la estimación de distancias genéticas, particularmente cuando se tiene en cuenta el tiempo de divergencia entre dos poblaciones.

6.2.1.1.1 Mecanismos de mutación de los microsatélites

Los marcadores microsatélites han tenido gran impacto en la genética de poblaciones; se han convertido en los marcadores co-dominantes de elección. Mutan a una tasa extremadamente alta y se piensa que evolucionan bajo el modelo de mutación por pasos (Stepwise Mutation Model), caracterizado por la adición o supresión de uno o más grupos de bases (Xu y col 2000), aunque los dinucleotídicos, tienen un modelo de mutación más parecido al modelo de alelos infinitos (IAM) (Shriver y col 1995). Se ha observado que los microsatélites más largos tienden a acortarse cuando ocurre una mutación (Calabrese y col 2001). La alta tasa de mutación conduce a varios problemas: la probabilidad de diferenciar dos alelos idénticos por descendencia o por estado decrece conforme la tasa de mutación se incrementa (Rousset 1996); las inferencias tomadas a partir del valor de F_{st} , como detectar el número de migrantes, pueden resultar sesgadas por la imposibilidad de separar los efectos de mutación y migración (Balloux y col 2000).

Afortunadamente, se ha demostrado que cuando el proceso de mutación es con el modelo por pasos, la migración puede ser diferenciada del proceso de mutación (Rousset 1996). Desafortunadamente, no se puede aplicar con la misma eficacia en los microsatélites dinucleotídicos donde la similitud no debida al parentesco (homoplasia) es frecuente. La homoplasia causa una subestimación de la variación entre poblaciones y por ende de las distancias genéticas y por tanto se produce una sobreestimación de las similitudes entre las poblaciones (Aranguren-Méndez 2005).

La tasa de mutación de los microsatélites está en el orden de 10^{-3} a 10^{-5} por locus/generación. En humanos se ha estimado una tasa de 10^{-3} y en ratones de 10^{-3} a 10^{-4} por locus por generación (Dallas 1992).

6.2.1.2 Modelos de Mutación

La mutación de los microsatélites generalmente implica un cambio en el tamaño de una repetición, pero a veces, involucra varias unidades de repetición (Beckmann y Weber 1992).

Los modelos de mutación son necesarios si las frecuencias alélicas de dos grupos de individuos van a ser utilizadas para calcular distancias genéticas entre ellas. La utilización de un modelo de mutación específico es esencial para la estimación de parámetros de las poblaciones (diferenciación genética, número de migrantes por generación, etc.) que son dependientes del modelo de mutación propuesto para los marcadores (Goldstein y Schlotterer 1999). Clásicamente se han propuesto para microsatélites dos modelos de mutación opuestos, el modelo infinitesimal (IAM) (Kimura y Crow 1964) y el modelo de mutación por pasos (SMM) (Kimura y Ohta 1978). El SMM describe la mutación de los alelos de los microsatélites por la pérdida o ganancia de una unidad de repetición de la serie y que puede mutar y convertirse en algún alelo ya existente en la población. En contraste, bajo el IAM, una mutación involucra cualquier número de repeticiones y siempre resulta en un alelo que no existía en la población.

Se han propuesto métodos de SMM intermedios y más complejos y los resultados de los parámetros de los modelos matemáticos estimados por máxima verosimilitud (Whittaker y col 2003) son comparados con mediciones de variabilidad (heterocigosidad, varianza del número de repeticiones, asimetría de la distribución) observadas dentro de las poblaciones y más recientemente con la distribución de los microsatélites en bases de datos de genómica (Ellegren 2004).

6.2.1.3 Selección de microsatélites para caracterizar genéticamente poblaciones bovinas

La FAO (1993), a través de un grupo de expertos de la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG), estableció una serie de recomendaciones acerca de las propiedades que deben reunir los microsatélites para el análisis de distancia genética y la caracterización de las distintas especies de interés zootécnico, ellas son:

- a. Deben ser de dominio público.
- b. Es importante conocer su situación en los mapas genéticos de la especie y no presentar relaciones de ligamiento entre ellos.

- c. Las variantes alélicas deben tener una herencia mendeliana simple.
- d. Cada microsatélite debe tener al menos cuatro alelos, aunque los marcadores con un alto grado de mutación no siempre son los más idóneos pues pueden dar lugar a desajustes en la segregación y no ser adecuados para los análisis de distancia genética.
- e. Cuando sea posible siempre es mejor utilizar marcadores interespecíficos (comunes a varias especies)

Siguiendo estos criterios, la FAO (FAO, 1998) recomendó una lista de 30 microsatélites para estudios de biodiversidad bovina. En el año 2004 se publicaron los resultados de una encuesta realizada por la FAO sobre estudios de diversidad genética en animales domésticos (Baumung 2004) que mostraban que esta lista no era muy utilizada en estudios de bovinos, lo que condujo a que la FAO recomendase una nueva lista de microsatélites para bovinos (<http://www.user.gwdg.de/FAO/cattle.htm>).

6.2.1.4 Técnicas para la caracterización alélica de microsatélites

Existen tres etapas para la caracterización de microsatélites de DNA: la extracción del DNA, la reacción de amplificación mediante la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) y la electroforesis del producto de la reacción.

Los protocolos de extracción de DNA o RNA dependen del material biológico utilizado (sangre, semen, pelo, orina, heces, saliva, etc.) y la utilización posterior del ácido nucleico obtenido.

En general, los protocolos de extracción de DNA constan de dos partes, en una primera se pretende lisar las células y solubilizar el DNA y, en la segunda, eliminar por métodos enzimáticos y/o químicos, las proteínas, el RNA y otras macromoléculas. Con estas técnicas se obtienen grandes cantidades de DNA de alto peso molecular a partir de pequeñas muestras de tejido fresco o congelado, así como la posibilidad de mantener conservado durante largos periodos de tiempo el material obtenido.

El DNA eucariótico purificado se ha obtenido clásicamente sometiendo muestras de tejidos a una digestión con proteinasa K en presencia de SDS y EDTA, varias extracciones con fenol y cloroformo y finalmente precipitación alcohólica en presencia de sales (Blin and Stafford 1976; Maniatis y col 1982; David y col 1986). A partir de este protocolo inicial han surgido otros que intentan reducir el riesgo al manipulador, el tiempo empleado para obtener el DNA purificado y por último, los costos (Miller y col 1988), (Grobet y col 1991). En el caso de utilizar el DNA obtenido exclusivamente para amplificar secuencias microsatélites mediante la PCR, las exigencias de

purificación disminuyen enormemente habiéndose diseñado estrategias realmente sencillas para preparar la muestra.

Una vez obtenido el DNA molde a ser amplificado la siguiente etapa consiste en la reacción de amplificación. La duplicación del DNA in vitro ocurre de forma semejante a lo que ocurre dentro de la célula exigiendo básicamente los mismos componentes: DNA molde, desoxinucleótidos trifosfatados (dATP, dCTP, dTTP, dGTP), DNA polimerasa y cebadores oligonucleotídos. La PCR consiste en ciclos repetidos de amplificación, de 30 a 45, con tres etapas en cada ciclo: desnaturalización del DNA a temperaturas entre 90 y 95°C, anillamiento de los cebadores a una temperatura entre 50 y 60°C y la elongación de la cadena por la polimerasa a 72°C (Fisher y col 2000). Con el objeto de ahorrar tiempo y esfuerzo, se pueden amplificar simultáneamente diferentes secuencias en una única reacción, proceso conocido como PCR múltiplex.

Un factor importante en la PCR es la correcta elección de los cebadores, que deben asegurar la especificidad y eficiencia de la amplificación, utilizándose cebadores con la mínima longitud y evitando que los oligonucleotídos sean complementarios entre sí (Rychlik y col 1993).

La electroforesis en gel es una de las técnicas más utilizadas para la detección de variantes de microsatélites. Generalmente se efectúa la electroforesis en geles de poliacrilamida que permiten una resolución de un sólo nucleótido. Para localizar las bandas de migración del DNA en los geles clásicamente se revelaban los mismos con soluciones de bromuro de etidio, mediante la impresión de placas radiográficas por la emisión de isótopos radiactivos o la tinción con plata como un método alternativo por su sencillez y seguridad (Budowle 1991). La detección de las bandas se hace cada vez más utilizando cebadores marcados con sustancias fluorescentes, emisores de rayos láser y fotodetectores de fluorescencia. La introducción de estas técnicas lleva consigo el disponer de un secuenciador automático, con lo que está supeditada a las posibilidades del laboratorio en el que se realice la investigación. Los secuenciadores automáticos son sistemas capaces de determinar las secuencias y tamaños de fragmentos cuantificando la fluorescencia emitida por oligonucleotídos o dNTPs marcados con fluorocromos.

Para calcular el tamaño de un fragmento de DNA desconocido se utiliza un patrón o estándar formado por fragmentos de DNA marcados de diversas longitudes conocidas, evitando que se solapen dichos fragmentos con los que se están estudiando. Se genera, de esta forma una curva de ajuste de tamaños mediante un análisis de regresión. Esta curva está basada en el tiempo en el que el secuenciador detecta los fragmentos del estándar en la ventana de detección. Así, cuando se someten a electroforesis fragmentos desconocidos junto al estándar se puede determinar con precisión la longitud molecular de los mismos.

Se pueden emplear diferentes fluorocromos de manera que el número de fragmentos de igual tamaño que se analicen juntos puede ser tan grande como fluorocromos se utilicen. Los resultados obtenidos se recogen en un electroferograma y mediante programas informáticos se analizan los datos recogidos por el secuenciador.

6.2.1.5 Errores en la tipificación de microsatélites

En la década pasada la optimización de las técnicas de análisis de marcadores moleculares condujo a la aparición de grandes bancos de datos de una amplia variedad de organismos. Desafortunadamente el número de errores en el genotipado también se ha incrementado (Sobel y col. 2002; Hoffman y Amos 2005). Un error de genotipado se produce cuando el genotipo de un individuo determinado después de un análisis molecular no corresponde al genotipo real (Bonin y col. 2004), sin embargo, el verdadero genotipo es inaccesible directamente, por lo que ha de ser adjudicado por medio de análisis moleculares. Estudios recientes han demostrado que aún cuando se mantenga una tasa pequeña de error, se pueden distorsionar seriamente los resultados y la inferencia que se haga con ellos en trabajos relacionados con diversidad genética, tamaño efectivo y estructura de poblaciones, tasas de migración y relaciones de parentesco (Hoffman y Amos 2005). A pesar de esto, muy pocos estudios reportan la tasa de error. Para ilustrar el caso, Bonin y col. (2004), revisaron todos los estudios publicados en la revista *Molecular Ecology* durante el año 2003 que utilizaron microsatélites y solo el 6% de 125 trabajos, mencionan la tasa de error o al menos el porcentaje de alelos no amplificados o “dropout” o amplificaciones falsas.

Los errores de genotipado pueden generarse en cada paso del proceso (muestreo, extracción de DNA, análisis molecular, calificación, análisis de los datos) y por varios factores (casualidad, errores humanos, equipo utilizado, técnica de laboratorio). Virtualmente todos los bancos de datos para genotipado contienen errores que no se deben despreciar a la hora de sacar conclusiones.

Cuando la cantidad de DNA es baja y/o de baja calidad, como es normal en estudios empleando muestras de tejido no invasivo, la amplificación por PCR puede ser poco fiable (Hoffman y Amos 2005). Un problema común es la falta estocástica de la amplificación de un alelo llevando a que los individuos heterocigotos aparezcan como homocigotos. Esto se ve más frecuentemente en *loci* con alelos de tamaño muy diferente, y el efecto se produce debido a que un alelo (frecuentemente el más pequeño) inicia su amplificación primero en la PCR, en detrimento del alelo más grande y si la cantidad de DNA es pequeña, el alelo más grande podría no ser visible. Este efecto se conoce como alelo no amplificado o “dropout” (Bjorklund 2005).

Otra fuente de error son las amplificaciones inespecíficas, que pueden ser malinterpretadas como alelos verdaderos, como sucedió en un estudio hecho con heces de gorila en el que hubo amplificación cruzada de un microsatélite con bacterias *Clostridium perfringens* y *Escherichia coli*, que también están en el intestino de los animales domésticos (Bradley y Vigilant 2002). Aunque el fenómeno no es muy común, sí representa una fuente potencial de error.

A consecuencia de lo anterior, se han desarrollado numerosos protocolos para controlar la calidad de los proyectos; entre las recomendaciones más comunes están: amplificaciones múltiples de una misma muestra, comparación de resultados con muestras de sangre o tejido, reamplificación estratégica de algunos loci, cuantificación del DNA, estudios piloto y simulación (Hoffman y Amos 2005). Aun cuando se espera que el DNA extraído de sangre y tejidos sea de la calidad y cantidad adecuadas, los errores de tipificación también ocurren. Los más usuales pueden ser: mutación del sitio de unión del cebador (alelos nulos), errores debidos al equipo de electroforesis, designación errónea de los alelos y errores en la captura de datos. De estos, quizá el más común es la designación errónea de los alelos, en particular se dificulta por las bandas “tartamudas” generadas por el deslizamiento de la polimerasa durante la PCR y también por la adición de nucleótidos no presentes en la cadena molde, usualmente adenina en el extremo 3’ de los productos de la PCR (Johansson y col 2003). Estos problemas son más pronunciados en los microsatélites dinucleotídicos, cuando los individuos heterocigotos pueden diferir en solo una unidad de repetición (dos nucleótidos en este caso).

Aunque las tasas de error sean pequeñas, los efectos pueden ser considerables. Una tasa de error de 1% en la designación de los alelos, genotipando 12 loci, conduce a tener al menos un error en el 25% de los loci. Peor aún, con un error del 2% la probabilidad de obtener el mismo genotipo del mismo individuo dos veces, es inferior al 40% (Hoffman y Amos 2005). En estudios de genética de poblaciones, los errores de genotipado afectan tanto a las frecuencias alélicas como a la de los genotipos. Se obtienen falsas frecuencias alélicas que pueden generar un exceso de homocigotos o una falsa desviación del equilibrio Hardy-Weinberg, sobreestimación de la consanguinidad o una inferencia errónea sobre la estructura de las poblaciones (Bonin y col 2004).

Existen algunas técnicas para identificar los errores de genotipado. La más sencilla es el genotipado repetido de algunos individuos, aunque esto implica un gasto y esfuerzo extra. Lo más económico es hacer pruebas estadísticas de los resultados obtenidos como determinar si existe una desviación del equilibrio Hardy-Weinberg que revelaría el exceso de homocigosis debido a los alelos nulos o los dropout (Gomes y col 1999). Las pruebas de equilibrio son menos efectivas cuando la diversidad alélica es alta y la muestra es pequeña (Guo y Thompson 1992).

Paradójicamente, aunque los microsatélites se utilizan para hacer pruebas de paternidad, la forma más efectiva para detectar los errores de tipificación es la utilización de las pruebas de paternidad. Algunos alelos que no se amplifican correctamente, se ponen de manifiesto al realizar las pruebas de paternidad.

6.2.2 Análisis estadístico de los resultados

Los parámetros estadísticos más empleados para cuantificar la variabilidad genética son: porcentaje de loci polimórficos, el número medio de alelos por locus, la heterocigosis esperada (H_e) y observada (H_o) y el Contenido de Información Polimórfica (PIC) (Aranguren y col 2002).

El tamaño de muestra óptimo es muy variable pues depende del número de loci y de los alelos por locus. Un trabajo teórico de Kalinowski (2002), sugiere que la precisión es similar al estimar el F_{st} entre un locus con 11 alelos y 10 loci con dos alelos, para poblaciones aisladas y en equilibrio HW. Sin embargo, para obtener mayor precisión se requiere hacer un muestreo adecuado del genoma y disminuir la probabilidad de utilizar marcadores sujetos a selección.

6.2.3 Cálculo de frecuencias alélicas

Una población en sentido genético es no sólo un grupo de individuos, sino un grupo reproductivo, de forma que la constitución genética de los individuos se transmite de una generación a la siguiente (Falconer y Mackay 1996). Durante dicha transmisión los genotipos de los padres se disocian y un nuevo grupo de genotipos se constituye en la progenie. Los genes transmitidos en la población de esta forma tienen continuidad de generación en generación.

Se puede definir la frecuencia alélica o génica como el cociente resultante de dividir el número de alelos iguales en una población por el número total de alelos. El cálculo de las frecuencias alélicas se hace por recuento directo de los alelos presentes, asumiendo que la observación de un solo alelo se corresponde con la condición de homocigosis, por lo tanto que no hay alelos nulos. Asumiendo que existe (HWE), la varianza de una frecuencia alélica puede describirse mediante la expresión binomial:

$$\sigma_x^2 = \frac{x(1-x)}{2n}$$

x : frecuencia alélica y n : número de individuos de la muestra.

El error estándar (SE) de la frecuencia alélica se obtiene mediante la raíz cuadrada de la varianza (Nei 1987). Para una frecuencia dada, el error estándar disminuye a medida que aumenta el tamaño

de la muestra, pero se acerca a cero asintóticamente a partir de unos 30 individuos. Se puede considerar, por tanto, que un tamaño óptimo de muestra sería de 30 a 60 individuos.

6.2.4 Equilibrio Hardy –Weinberg

Para describir la constitución genética de una población tendríamos que determinar sus genotipos y decir cuántos individuos existen de cada uno de ellos, pero la genética de una población no solo se refiere a la constitución genética de los individuos, sino también a la transmisión de los alelos de una generación a la siguiente. En dicha transmisión los genotipos de los padres se disocian y un nuevo grupo de genotipos se constituye en los hijos con los alelos transmitidos por los gametos, de esta forma los alelos tienen continuidad de generación en generación, pero no los genotipos portadores. La constitución genética de una población referida a los alelos se describe por el conjunto de frecuencias alélicas es decir por la especificación de los alelos presentes en cada *locus* y el número o proporción de los diferentes alelos en cada *locus* (Falconer y Mackay 1996).

Una población diploide se considera que está en equilibrio Hardy-Weinberg (HWE) para un *locus* genético polimórfico si la proporción de genotipos observados en la población puede ser completamente definida por las frecuencias alélicas del *locus* en cuestión. En otras palabras, los alelos del *locus* están distribuidos al azar en la población y no existe asociación entre el par de alelos que un hijo recibe de sus padres.

Las desviaciones del HWE pueden producirse debido a varios factores:

- a. Los apareamientos no se producen al azar
- b. Existen subdivisiones dentro de la población (Principio de Wahlund)
- c. Coancestros, antepasados comunes
- d. Selección natural (ventaja de los heterocigotos)
- e. Migración o flujo de genes desde una población externa
- f. Diferencias sexo-específicas en las frecuencias alélicas
- g. Técnica de muestreo incorrecta
- e. Presencia de alelos nulos no detectables experimentalmente

En un estudio sobre variación genética debe determinarse si hay desviaciones significativas del HWE en los *loci* estudiados. Si la proporción de genotipos para un solo *locus* no está en HWE, se puede atribuir a que ha habido selección que ha afectado dicho *locus* o a la existencia de alelos nulos, pero si son varios *loci* independientes los que se desvían significativamente del HWE, este fenómeno puede deberse a que dentro de la población existen subdivisiones, a que existe migración

o flujo de genes desde una fuente externa o se están produciendo apareamientos dirigidos (no aleatorios) (Bjorklund 2005).

La diferencia entre la heterocigosidad observada y la heterocigosidad esperada calculada a partir de las frecuencias alélicas bajo la asunción de equilibrio Hardy-Weinberg (HWE) puede usarse como un método muy básico para detectar desequilibrios en la estructura de una población. No obstante, un método mucho más exacto es comparar la distribución de genotipos observados con la distribución esperada si la población estuviera en HWE. Cualquier desviación significativa indicará que la población está subdividida, que existe una consanguinidad significativa o que existe un flujo de genes de otra población. Estas circunstancias pueden ser estudiadas usando tests exactos o procedimientos de proporción de verosimilitud. Estos análisis son necesarios debido al gran número de alelos de los microsatélites y al elevado número de posibles genotipos.

6.2.5. Pruebas para calcular la desviación del Equilibrio Hardy-Weinberg

Una forma clásica de comprobar la existencia de desviaciones del equilibrio HW consiste en la comparación de los genotipos observados con los esperados dentro de una muestra. Este sistema es adecuado para polimorfismos que se caracterizan por tener pocos alelos, como es el caso de las proteínas. Pero en el caso de los microsatélites, que poseen gran número de alelos, el número de genotipos es tan elevado que algunas frecuencias genotípicas son cero, sobre todo cuando las frecuencias alélicas son muy bajas. Este fenómeno es una de las limitaciones de la prueba χ^2 para probar el equilibrio y aunque la base para medir el equilibrio sigue siendo la prueba de χ^2 , se han desarrollado algunos algoritmos que tratan de ser más precisos cuando se utilizan genotipos multilocus muy grandes (Wellek 2004). En estas circunstancias se utilizan tests exactos o procedimientos de proporción de verosimilitud mediante aplicaciones informáticas que realizan la importante cantidad de cálculos que las probabilidades exactas requieren.

6.2.5.1. Test χ^2

Se usa el estadístico χ^2 para detectar la discordancia de las frecuencias genotípicas para cada combinación locus/población. Se construye una tabla de contingencia de genotipos y se hace un cálculo de χ^2 con los datos de los genotipos observados frente a los esperados. Con este procedimiento se obtienen resultados aceptables cuando el tamaño de la muestra es grande y el número de alelos de cada *locus* es pequeño. Cuando el tamaño de la muestra es pequeño y el

número de alelos grande los valores de χ^2 no son fiables. Una regla a seguir para que el valor χ^2 fuera fiable sería que cada elemento de la tabla de contingencia tuviera al menos 5 observaciones (Gomes y col. 1999).

Estos inconvenientes se evitan utilizando programas informáticos que generan una distribución sintética de la población a partir de los genotipos observados. Se usan métodos como el Monte Carlo que unen alelos aleatoriamente en genotipos, repitiendo esta operación por ejemplo 1.000 veces, con lo que se produce una serie de nuevas poblaciones que son testadas para el HWE haciendo un cálculo de χ^2 . La proporción de veces que estos χ^2 exceden el valor observado verifica la probabilidad de equivocarse al rechazar la hipótesis nula (no desviación del HWE). Como alternativa se pueden usar algoritmos en cadena de Markov para un cálculo no sesgado de la probabilidad exacta (Raymond y Rousset 1995). A pesar del uso de estos potentes programas informáticos, desviaciones sutiles del HWE pueden no ser detectadas a menos que se usen tamaños de muestra adecuados.

6.2.5.2 Probabilidad de verosimilitud

Se basa en el uso de un test de proporción de verosimilitud que detecta la discordancia de cada frecuencia genotípica con el valor esperado y el significado empírico de cada test L se calcula con el mismo método de permutación de flujo de alelos descrito en el apartado anterior (Weir 1990).

6.2.5.3 Test exacto o de probabilidad de Fisher

Consiste en observar todos los posibles lotes de frecuencias genotípicas para un determinado lote de frecuencias alélicas y rechazar la hipótesis de HWE si las frecuencias genotípicas resultan ser inusuales. Si hay más de cuatro alelos para un *locus*, se realiza un cálculo no sesgado de la probabilidad de HWE usando el método de Monte Carlo basado en cadenas de Markov, con miles de iteraciones (Guo y Thompson 1992).

6.2.6 Heterocigosis

Se acepta generalmente que un *locus* es polimórfico cuando el alelo más común tiene una frecuencia inferior a 0.95. Una medida de la variación genética es la proporción de *loci* polimórficos, o simplemente polimorfismo, en una población. No obstante, dado que no siempre se utiliza el mismo criterio de polimorfismo, una mejor valoración de la variación genética es la

heterocigosidad de la población medida como la frecuencia media de individuos heterocigotos por *locus locus* (Aranguren Méndez y col 2005).

Los términos heterocigosidad y diversidad genética suelen usarse indiscriminadamente en la bibliografía. Generalmente se usa el término heterocigosidad para referirse a heterocigosidad observada (H_o), y el de diversidad genética para referirse a la heterocigosidad esperada (H_e).

6.2.6.1 Heterocigosidad Observada (H_o)

Es la proporción de individuos heterocigotos observada en una muestra de la población. Si se calcula directamente a partir de los genotipos encontrados en la población para todos los *loci*, se trata de la heterocigosidad media observada (\hat{H}_o). La H_o se calcula por recuento directo.

6.2.6.2 Heterocigosidad Esperada o Diversidad Genética (H_e)

La H_e , desde el punto de vista matemático, es la probabilidad de que dos alelos tomados al azar de la población sean diferentes (Crow y Kimura 1970). En una población en equilibrio HW, la frecuencia de los heterocigotos viene dada por la ecuación $2pq$

Se calcula como (Nei 1973):

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

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

Este estadístico es equivalente a la heterocigosidad observada (H_o) cuando las poblaciones están en (HWE).

6.2.7 Contenido de Información Polimórfica (PIC)

El contenido de información polimórfica (PIC) es un parámetro introducido por Botstein y col en 1980, como un indicador de la calidad de un marcador en estudios de cartografía génica. Su valor depende del número de alelos y de la distribución de frecuencias de tal forma que se expresa como:

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

donde k es el número de alelos, x_i , x_j : frecuencia de los alelos i y j respectivamente.

Los marcadores con valores de PIC superiores a 0.5 se consideran muy informativos, los que tienen valores entre 0.25 y 0.5 medianamente informativos y los que muestran valores inferiores a 0.25 poco informativos (Botstein y col 1980)

En los últimos años se ha popularizado su cálculo a fin de obtener una valoración de la calidad de un marcador para estudios genéticos (de segregación, de identificación y control de paternidad, de población) pues refleja el polimorfismo detectado. No obstante, dada su dependencia del número de alelos y de sus frecuencias, la información que aporta no es suficiente para basar en ella la elección de un marcador u otro (Moazami-Goudarzi y col 1994).

6.2.8 Índices de Fijación o Estadísticos F

La teoría de los índices de fijación o estadísticos F fue concebida inicialmente por Sewall Wright y posteriormente desarrollada por otros autores (Chakraborty y Danker-Hopfe 1991). Wright propone medir las desviaciones de frecuencias genotípicas en poblaciones subdivididas por medio de tres parámetros: F_{IS} , F_{IT} y F_{ST} . F_{IS} es la correlación entre dos alelos, relativa a la subpoblación, F_{IT} es la correlación relativa a la población total. F_{ST} es la correlación entre dos alelos tomando al azar uno de cada subpoblación. Los tres parámetros están relacionados mediante la siguiente ecuación:

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

También se definen como: F_{IT} , 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. F_{IS} , índice de fijación de los individuos respecto a las subpoblaciones o desviación de las frecuencias genotípicas observadas en las subpoblaciones respecto a las esperadas considerando el equilibrio Hardy-Weinberg. F_{ST} indica del grado de diferenciación genética entre las subpoblaciones.

El cálculo de los estadísticos F para comparar poblaciones es muy común y frecuente. Para un conjunto de t poblaciones con frecuencias alélicas para cada alelo x_i ($i= 1, 2, 3, \dots k$), el estadístico F_{ST} puede definirse como:

$$F_{ST} = \frac{\sum_i (x_i - \bar{x})^2 / (t-1)}{\bar{x}(1 - \bar{x})} = \frac{\sigma^2}{\bar{x}(1 - \bar{x})}$$

donde $\bar{x} = \sum_i x_i / t$ es la frecuencia media en la muestra de todos los alelos y todas las muestras, y σ^2 es la varianza de la muestra. En el caso de que las muestras tengan tamaños diferentes n_i , hay que tener en cuenta las medias y varianzas con lo cual la ecuación quedaría:

$$F_{ST} = \frac{\sum_i (x_i - \bar{x})^2 / (t-1)\bar{n}}{\bar{x}(1-\bar{x})}$$

$$\bar{x} = \frac{\sum_i n_i x_i}{\sum_i n_i}$$

$$\bar{n} = \frac{\sum_i n_i}{t}$$

Este valor aumenta cuando las frecuencias alélicas divergen, pero es difícil cuantificar la significación de la divergencia (Weir 1996).

Nei redefinió los índices de fijación y mostró que los tres estadísticos F pueden calcularse usando la heterocigosidad observada y esperada (Nei 1977).

$$F_{IS} = 1 - \frac{\bar{H}}{\bar{H}e_S}, \quad F_{IT} = 1 - \frac{\bar{H}}{\bar{H}e_T} \quad \text{y} \quad F_{ST} = 1 - \frac{\bar{H}e_S}{\bar{H}e_T}$$

donde \bar{H} es la frecuencia observada de heterocigotos, $\bar{H}e_S$ y $\bar{H}e_T$ son la heterocigosidad esperada en equilibrio Hardy-Weinberg o la medida de la diversidad genética en las subpoblaciones y población total respectivamente.

Con los estadísticos F se puede conocer la estructura poblacional tanto en situaciones en las que exista selección como en aquellas en que no haya porque los términos se encuentran definidos por las frecuencias alélicas y genotípicas de la población en un momento concreto (Nei 1977).

En el supuesto de individuos diploides muestreados de una serie de poblaciones, Cockerham (1969, 1973) definió tres parámetros equivalentes a los F de Wright: el coeficiente de consanguinidad F que representa la correlación de alelos dentro de los individuos de todas las poblaciones y se corresponde con el F_{IT} de Wright; θ , que es equivalente al F_{ST} de Wright, que es la correlación de alelos de diferentes individuos en la misma población o coeficiente de parentesco, y el f equivalente al F_{IS} de Wright que es la correlación de los alelos dentro de individuos y dentro de las subpoblaciones. $F = F_{IT}$; $\theta = F_{ST}$; $f = F_{IS}$

Estos tres parámetros se relacionan entre sí mediante la siguiente expresión:

$$f = \frac{(F-\theta)}{(1-\theta)}$$

El cálculo se realiza mediante un análisis de componentes de la varianza, existiendo tres fuentes de variación: poblaciones, individuos dentro de poblaciones y alelos dentro de los individuos. El análisis de componentes de varianza para datos de genotipo en poblaciones genéticas se construye con las frecuencias alélicas y genotípicas (Weir 1996).

Estrictamente hablando, la medida F_{ST} estándar no puede considerarse como una medida de distancia genética ya que F_{ST} se define para varias poblaciones y la distancia genética se definiría para un par de poblaciones. Nei propone una versión modificada de F_{ST} que puede ser usada como medida de distancia genética cuando se consideran sólo dos poblaciones (Nei 1987).

Para dos poblaciones, F_{ST} se define como F_{STi} :

$$F_{STi} = \frac{(x_i - y_i)^2}{2z_i(1 - z_i)}$$

x_i, y_i : frecuencias de un alelo dado de un *locus* en dos poblaciones

z_i : media de x_i y y_i

F_{STi} puede ser calculado para cada alelo, hacer la media para cada *locus* y después para todos los *loci*.

El error estándar de F_{STi} es:

$$\sigma_{F_{STi}} = \sqrt{\left(\frac{2}{rk}\right)\left(F_{STi} + \frac{1}{n}\right)}$$

r : número de *loci* estudiados

k : media del número de alelos en cada *locus*

n : número de individuos estudiados

Observando la ecuación puede verse que el error estándar está más influenciado por el número de *loci* empleados que por el tamaño de la muestra. Además, cuando el tamaño de la muestra es de 20 individuos o más, su efecto sobre el error estándar es irrelevante.

6.2.9 El coeficiente de diferenciación genética G_{ST}

Nei (1973), propuso una metodología alternativa para analizar la subdivisión de poblaciones en la que no es necesario conocer las frecuencias genotípicas, ya que se trabaja directamente con frecuencias alélicas en términos de heterocigosidades esperadas (diversidad genética) dentro y entre poblaciones. En otras palabras, no se tiene en cuenta la distribución de frecuencias genotípicas dentro de una población, sino la variación genómica intra e interpoblacional (Nei 1987). Este

método tiene la ventaja de que no está influenciado por el número de alelos por *locus*, ni por el modelo de evolución (diseñado teniendo en cuenta la mutación, selección y migración) ni por el sistema de reproducción del organismo en cuestión. La magnitud relativa de la diferenciación genética entre subpoblaciones puede ser medida por el coeficiente de diferenciación genética:

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

$\overline{H_{eS}}$: diversidad genética media dentro de las subpoblaciones.

$\overline{H_{eT}}$: diversidad genética media en la población total.

6.2.10 Distancias Genéticas

El grado en que dos poblaciones difieren en sus frecuencias alélicas recibe el nombre de distancia genética. Si dos poblaciones con el mismo origen tienen distinto desarrollo histórico, pueden diferenciarse y cuanto más tiempo dure la divergencia, mayor será la diferencia entre sus frecuencias génicas (Nei 1987). Las distancias genéticas ayudan a entender las relaciones evolutivas entre poblaciones y permiten obtener información para la caracterización de razas (Nagamine y Higuchi 2001).

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

Las distancias genéticas pueden dividirse en dos grupos:

a) Basadas en la distribución de frecuencias: Nei (1972; 1973; 1977), Reynolds (1983), Cavalli-Sforza y Edwards (1967).

b) Basadas en la distribución del tamaño de los alelos: Goldstein D B y col (1995a), Shriver M D y col (1993).

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

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

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

6.2.10.1 Modelo clásico de mutación-deriva

En este modelo se asume que la población está en equilibrio con respecto a la deriva genética y a la mutación y después de muchas generaciones, el coeficiente de consanguinidad F alcanza un estado de equilibrio dado por la expresión:

$$F_{\infty} = \frac{1}{1 + 4N\mu}$$

N es el tamaño de la población y μ la tasa de mutación expresada como el número de mutaciones por individuo por *locus* y por generación. Esto significa que la divergencia entre dos poblaciones depende de las mutaciones ocurridas en muchas generaciones.

En estudios previos de distancia genética entre poblaciones la medida más utilizada era la distancia genética estándar de Nei (D_S) (Nei 1972). Una medida alternativa para poblaciones muy relacionadas entre sí donde la deriva genética es el determinante principal de la diferenciación evolutiva, es la distancia de Cavalli-Sforza modificada (D_A) (Nei y col 1983). Se ha demostrado que

usando la D_A se pueden construir árboles filogenéticos de poblaciones muy relacionadas entre sí más fiables que con otras medidas de distancia. La medida de Cavalli-Sforza original (D_C) (Cavalli Sforza 1969), está influenciada por la existencia de alelos raros y disminuye a medida que aumenta el tamaño de la muestra. Nei y col 1983, modificaron esta medida para corregir esta deficiencia e introdujeron la citada D_A . Desde el punto de vista de la evolución, en periodos de tiempo cortos la D_A es lineal con el tiempo astronómico, pero esta relación se rompe a medida que aumenta la distancia genética por encima de un determinado nivel. Este problema es particularmente agudo con datos de microsatélites de poblaciones divergentes debido a una alta tasa de mutación y un elevado número de alelos.

Recientemente se han propuesto nuevas medidas de distancia para ser utilizadas específicamente con variaciones de frecuencias alélicas de microsatélites que se supone que evolucionan siguiendo un modelo de mutación paso a paso (SSM) o cercano a él (Goldstein y col 1995a), (Goldstein y col 1995b), (Shriver y col 1995). Una de estas medidas es la distancia genética "stepwise-weighted" (D_{SW}). Estas medidas han demostrado, mediante simulaciones con ordenador, que son lineales para periodos de tiempo más largos que las medidas de distancia estándar.

6.2.10.2 Modelo de deriva puro.

Cuando los tiempos de divergencia son cortos la cantidad de mutaciones aparecidas es insignificante. Cuando se quieren comparar poblaciones muy relacionadas, el principal factor para describir variabilidad genética es la deriva genética.

En este modelo el coeficiente de consanguinidad F no alcanza un estado de equilibrio, y su dinámica viene dada por la expresión:

$$F_t = 1 - \left(1 - \frac{1}{2N}\right)^t$$

donde t es el número de generaciones.

En este modelo, las distancias genéticas habituales, como la distancia estándar (D_S) de Nei, son una función de (F_1+F_2) , es decir, del coeficiente de consanguinidad de las poblaciones 1 y 2. Este tipo de distancias miden consanguinidad, un ejemplo es la distancia mínima de (Nei 1973).

Reynolds introdujo una medida de distancia genética que es la distancia mínima de Nei normalizada con una valoración de la heterocigosidad en la población fundadora $(1 - \sum_i [x_i y_i])$ (Reynolds 1983). Si se asume el modelo de deriva puro, los valores de distancia no reflejan la filogenia exacta de las poblaciones estudiadas, ya que las distancias están influenciadas por el número de generaciones y por el tamaño de la población.

6.2.10.3 Fórmulas de algunas distancias

En general, x_i e y_i son las frecuencias del alelo i en las poblaciones X e Y respectivamente. Para simplificar, las fórmulas se dan para un solo *locus*. Para ampliar a más *loci*, se deben sumar todas las distancias para cada *locus* y dividir por el número de *loci* cuyos alelos aparecen en las expresiones.

$$\text{Distancia Estándar de Nei (D}_S\text{): } D = -\ln \left(\frac{\sum_i x_i y_i}{\sqrt{\sum_i x_i^2 \sum_i y_i^2}} \right)$$

Distancia de Goldstein: $(\delta\mu)^2 = (\mu_X - \mu_Y)^2$ donde: $\mu_X = \sum_i i x_i$ y donde $\mu_Y = \sum_i i y_i$ son los tamaños medios de los alelos de cada población.

Distancia media al cuadrado (ASD): $ASD = \sum_{i,i'} (i - i')^2 x_i y_{i'}$ i, i' son los tamaños de los alelos de un *locus*.

Distancia de Shriver (D_{SW}): $D_{SW} = W_{XY} - (W_X + W_Y)/2$ donde: $W_X = \sum_{i \neq i'} |i - i'| x_i x_{i'}$,

$$W_Y = \sum_{i \neq i'} |i - i'| y_i y_{i'}, \quad W_{XY} = \sum_{i \neq i'} |i - i'| x_i y_{i'}$$

$$\text{Distancia de Cavalli-Sforza (D}_C\text{): } D_C = (2/\pi) \sqrt{2 \left(1 - \sum_i \sqrt{x_i y_i} \right)}$$

$$\text{Distancia de Nei (D}_A\text{): } D_A = 1 - \sum_i \sqrt{x_i y_i}$$

$$\text{Distancia mínima de Nei (D}_m\text{): } D_m = \frac{1}{2} \sum_i (x_i - y_i)^2$$

$$\text{Distancia de Reynolds (D}_{\text{Reynolds}}\text{): } D_{\text{Reynolds}} = \frac{1}{2} \frac{\sum_i (x_i - y_i)^2}{1 - \sum_i x_i y_i}$$

6.2.10.4 Medidas de distancia genética utilizadas para comparar poblaciones

No existe un consenso general sobre cual de las distintas medidas de distancia genética es la más apropiada para analizar poblaciones dentro de especies, como es el caso de razas de animales domésticos y menos aún entre variedades dentro de las razas. No obstante, las correlaciones entre varias medidas de distancia son, generalmente, bastante altas (Nei 1983), particularmente cuando se aplican a poblaciones locales como es el caso de poblaciones ganaderas. La distancia estándar de

Nei ha sido la más usada en estudios de evolución genética de poblaciones naturales. Medidas de distancia basadas en el estadístico F_{ST} de Wright (Reynolds 1983) son más apropiadas para procesos evolutivos a corto plazo como es el caso de divergencia entre poblaciones ganaderas, especialmente si el tamaño efectivo de las poblaciones varía en el tiempo y entre razas.

Se han desarrollado medidas de distancia genética para estudios de subdivisión de poblaciones, que incorporan los mecanismos mutacionales que rigen la evolución de los alelos de los microsatélites como el SMM. Se ha visto que estas distancias son más apropiadas, en general, para *loci* microsatélites (Goldstein y col 1995b).

Puesto que las propiedades matemáticas y las bases biológicas de las distintas medidas de distancia genética difieren, es comprensible que el uso de las mismas pueda conducir a diferentes interpretaciones de las relaciones filogenéticas entre varias razas, sin poder determinar cual es la mejor “filogenia”, es decir, cual de ellas se acerca más a la realidad. Cada método hace asunciones acerca de los datos y de los procesos evolutivos que los genera, y a veces es imposible saber si las poblaciones muestreadas cumplen estas asunciones y si no lo hacen, cuánto se desvían de ellas.

En la práctica, se aconseja calcular dos o más distancias genéticas y examinar las similitudes y las diferencias entre ellas para determinar en qué grado las conclusiones obtenidas dependen de la elección de la distancia genética y saber si estas conclusiones son robustas.

En el siguiente cuadro se recoge el uso de distancias genéticas recomendado según el tiempo de divergencia de las poblaciones estudiadas (Eding y Laval 1999).

Tiempo de divergencia	Corto	Intermedio	Largo
	(Razas en Europa)	(Razas en el mundo)	(Especies)
Modelo aplicado	Deriva genética	Mutación y deriva	Mutación y deriva
DC	-	+	+
DA	-	+	+
DS	-	+	+
(dm) ²	-	+	+
Dm	+/-	-	-
DReynolds	+	-	-

6.2.10.4.3 F_{ST} como distancia genética

El estadístico F_{ST} (Wright 1969), es la consanguinidad dentro de una subpoblación respecto a la población total, es una medida de diversidad genética muy utilizada en producción animal. Aquí las

razas son consideradas subpoblaciones de una gran población que comprende todas las razas estudiadas. F_{ST} se puede expresar en términos de heterocigosidad, (Nagylaki 1998):

$$F_{ST} = 1 - H = 1 - \sum_{i \neq j} x_i x_j$$

x_i es la frecuencia del alelo x de un *locus* i en la población estudiada.

Si subpoblaciones finitas están aisladas unas de otras, cada una de ellas puede sufrir consanguinidad, con fijación de alelos. Los alelos fijados pueden ser diferentes en cada población. Si la consanguinidad continúa, aumenta la diversidad entre razas.

Nagylaki dice que F_{ST} es una medida adecuada de divergencia entre poblaciones si la diversidad genética es baja en un principio (Nagylaki 1998). Excepto para poblaciones completamente consanguíneas, F_{ST} siempre es menor de 1, incluso para poblaciones completamente diferenciadas. Si tenemos K poblaciones fijadas para un *locus* con L ($<K$) alelos, la heterocigosidad media dentro de las poblaciones será 0, $F_{ST}=1$. F_{ST} indicará una diferenciación total entre líneas. En estos casos F_{ST} no sirve como medida de diversidad genética.

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

6.2.10.5 Consideraciones prácticas en estudios de distancia genética

6.2.10.5.1 Muestreo

Ya que el cálculo de la distancia genética un método estadístico, el proceso de muestreo es muy importante. Este debe realizarse de una forma jerárquica: primero se muestrean los individuos y luego los *loci*. El grupo de *loci* seleccionado debe ser igual para todas las poblaciones estudiadas.

Los individuos muestreados deben elegirse al azar para reflejar la composición actual de la población. Generalmente, es un requerimiento mínimo que $N=25$ (FAO 1998), que producen

2N=50 alelos por cada *locus* estudiado. Esto dará una idea razonable de las frecuencias alélicas. En el caso de poblaciones muy pequeñas podría ser necesario estudiar toda la población, en cuyo caso se conocerían las frecuencias alélicas reales.

Los *loci* elegidos no deben estar ligados unos a otros y si dos *loci* están en el mismo cromosoma, deben estar separados al menos 50 cM. Los *loci* deben ser informativos y mostrar suficiente polimorfismo. Las distancias genéticas dependen de la consanguinidad, entendiendo por consanguinidad la probabilidad de que dos individuos que poseen dos copias de un alelo descendan del mismo ancestro: estos alelos son idénticos por descendencia. No obstante, los alelos pueden ser también indistinguibles unos de otros sin descender del mismo individuo, para realizar un cálculo correcto de distancias genéticas es importante que la probabilidad de que esto ocurra sea mínima. Esto se puede conseguir usando *loci* con el máximo polimorfismo posible, aunque los marcadores muy polimórficos pueden tener otros tipos de inconvenientes (pruebas de equilibrio difíciles de realizar y problemas técnicos para la caracterización alélica). En los paneles de microsatélites seleccionados por la FAO, la regla adoptada es que los *loci* deben tener al menos 4 alelos diferentes. Uno de los requisitos de los marcadores usados para cálculos de distancia genética es que deben seguir una herencia mendeliana simple (Bretting y Widrechner 1995). Se debe evitar el uso de marcadores ligados al sexo y, si no es posible, utilizarlos con precaución.

6.2.10.5.2 Modelos y realidad

En la práctica existe intercambio de material genético entre razas mediante migración o cruce de razas. Los modelos que asumen aislamiento y la evolución independiente de las poblaciones después de la divergencia son válidos, por definición, para especies. En el caso de razas, la representación real de las relaciones entre ellas se parecerá más a una red que a un árbol binario simple. En el caso de razas híbridas en las que dos poblaciones se combinan para originar el híbrido, el desarrollo es contrario al asumido en los modelos donde una población actúa como fundadora de dos poblaciones hijas.

Estas circunstancias, que pueden disminuir la diversidad genética entre razas también hacen que disminuya la distancia genética. Razas muy relacionadas, independientemente de su relación, pueden ser reconocidas como tales. Con fines de conservación no es necesario prestar mucha atención a la migración, pero se puede calcular la tasa de migración entre poblaciones usando el F_{ST} .

6.2.10.5.3 Árboles de distancia genética

Las matrices de distancia genética contienen toda la información que proporcionan los marcadores genéticos estudiados acerca de las relaciones entre las razas estudiadas, pero ésta es difícil de interpretar sin análisis adicionales. Los datos de distancia obtenidos se utilizan en análisis de agrupamiento y se realizan representaciones gráficas para facilitar la interpretación de los mismos.

Los árboles de distancia son representaciones gráficas o mapas de la matriz de distancias entre poblaciones y pueden ser considerados en algunos casos como una representación de la filogenia.

Existen dos métodos para construir árboles filogenéticos: fenético y cladístico. Las relaciones fenéticas son similitudes basadas en un grupo de caracteres fenotípicos de los objetos bajo estudio, mientras que las relaciones cladísticas contienen información acerca de la ascendencia y por tanto pueden usarse para estudiar comportamientos evolutivos. Los dos tipos de relaciones se representan en dendrogramas.

Mediante el método "fenético" se construyen árboles filogenéticos considerando el conjunto de similitudes fenotípicas entre especies sin tratar de entender la historia evolutiva de las mismas. En estos árboles se clasifican organismos basándose solamente en el número absoluto de caracteres que comparten.

Los programas informáticos basados en este modelo utilizan para construir los árboles filogenéticos una matriz de distancias y algoritmos de agrupamiento simples como el UPGMA (unweighted pair group method using arithmetic averages) (Sneath y Sokal 1973) y el NJ (neighbor-joining) (Saitou y Nei 1987). Estos árboles se construyen agrupando primero parejas de poblaciones con las mínimas diferencias alélicas, sumando las siguientes más distantes y repitiendo este proceso hasta que todas las poblaciones están incluidas.

El método cladístico se basa en el estudio de clanes, que son grupos de individuos relacionados. Se reconstruyen árboles evolutivos teniendo en cuenta los caminos evolutivos diferentes posibles (puntos de ramificación donde los grupos divergen a partir de un ancestro común) y eligiendo después el mejor árbol posible de ellos. Se consideran tanto las relaciones ancestrales conocidas como los datos actuales.

Los algoritmos informáticos basados en este método generalmente se basan en los métodos de parsimonia (el mínimo número de cambios evolutivos) o de la máxima verosimilitud (los ancestros más probables) para construir los árboles filogenéticos.

Para datos como los caracteres morfológicos clásicos o para niveles taxonómicos más profundos (es decir, a nivel molecular), el método cladístico es superior, pero a veces es necesario asumir

premisas que no siempre satisfacen los datos obtenidos a nivel molecular. Los datos moleculares son caracteres fenotípicos puros, ya que no hay una razón inherente para que un investigador piense que una mutación es más importante o más antigua que otra. El método fenético utiliza algoritmos (UPGMA y NJ) más rápidos y a menudo tienen propiedades estadísticas más adecuadas para los datos moleculares. Los métodos de parsimonia y máxima verosimilitud son más lentos que los anteriores y sus requerimientos informáticos son mayores.

Los árboles filogenéticos pueden ser con raíz (rooted) o sin raíz (unrooted). Los árboles con raíz conllevan la noción de ordenamiento temporal de las especies o de los genes en el árbol, mientras que los que no tiene raíz sólo reflejan las distancias entre las unidades representadas sin tener en cuenta cual es el ascendente de cual. Los datos usados para ordenar especies en un árbol filogenético son de dos tipos: datos de caracteres que dan información acerca de genes, individuos, poblaciones o especies, y datos de distancia o de similitud que se refieren a pares de genes, de individuos, de poblaciones o de especies. Para los datos de caracteres se puede usar una matriz, y hay varios métodos aplicables como son los citados de parsimonia y de máxima verosimilitud. Las distancias o similitudes pueden obtenerse a partir de valores de caracteres, pero no al contrario. En ambos casos los datos se ordenan en matrices, pero los métodos para construir los árboles filogenéticos son diferentes. Los métodos de matrices de distancia se basan en las distancias calculadas entre cada par de unidades taxonómicas. Las distancias normalmente se basan en modelos genéticos y usualmente se refieren al número de cambios entre las unidades. La calidad de los árboles resultantes depende de la calidad de la medida de distancia usada.

6.2.10.6 Métodos para construcción de árboles de distancia genética

En la construcción de los árboles de distancia existen diferentes métodos para dibujar la matriz de distancias. Los más empleados son el Neighbor-Joining y el UPGMA, que generalmente dan buenos resultados. El primero parece ser superior cuando se suponen en el modelo diferentes tasas de evolución (Eding y Laval 1999)

6.2.10.6.1 Método Neighbor-Joining (NJ)

Saitou y col. en 1987 describieron un método para identificar los pares más próximos, o vecinos, de poblaciones o grupos de poblaciones (unidades taxonómicas), de forma que se minimice la longitud total de un árbol. Un par de vecinos son dos unidades conectadas por un simple nodo en un árbol sin raíz y con dos ramas que se unen en un nodo interior. En general, es posible definir la topología

de un árbol por la unión sucesiva de pares de vecinos para formar nuevos pares de vecinos. Al principio se obtiene una figura como una estrella en la que todas las ramas parten del mismo punto. Se consideran vecinos el par de grupos que, cuando se juntan, producen el árbol cuya longitud total es la más corta, y éstos se unen para formar una unidad combinada. El procedimiento para identificar los vecinos entre un número reducido de unidades es repetido hasta que sólo quedan tres unidades. Así se obtiene un árbol sin raíz. Saitou y col. establecen que con este método se consigue el árbol correcto para datos puramente aditivos, en 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. Este método ha demostrado ser el más eficiente en la práctica cuando no todos los supuestos estadísticos se cumplen (Takahashi y Nei 2000).

En el caso aditivo el NJ sería el árbol de mínima evolución, es decir, que la suma de las desviaciones entre las distancias de pares de taxa y las longitudes de cada paso del árbol es mínima.

6.2.10.6.2 UPGMA

El método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages), define la distancia entre poblaciones o grupos de poblaciones como la media de todas las distancias de los miembros (tomados de dos en dos). En los dendrogramas construidos con este método las ramas surgen del punto medio entre dos grupos. La distancia entre dos agrupamientos es la suma de la longitud de las ramas. Se caracteriza porque supone una tasa constante de cambios evolutivos, es decir, supone la existencia de un reloj evolutivo y los árboles tienen raíz. Este método a veces se denomina fenograma porque originalmente se usó para representar el grado de similitud fenotípica en un grupo de especies. Puede utilizarse para reconstruir filogenias a partir de datos moleculares, particularmente cuando se utilizan datos de frecuencias alélicas y este modelo produce árboles razonablemente buenos aunque produce más errores cuando el número de *loci* es pequeño (Takezaki y Nei 1996).

Nei y col (1983), compararon diferentes métodos para construir árboles filogenéticos mediante estudios de simulación y vieron que el UPGMA se comportaba bien cuando las tasas de sustitución eran las mismas para todas las ramas del árbol.

6.2.10.6.3 Algoritmo Fitch-Margoliash

El método UPGMA asume una tasa constante de cambio en todas las ramas del árbol. Esta asunción se evita con un algoritmo desarrollado por (Fitch y Margoliash 1967), que consiste en insertar

poblaciones o grupos de poblaciones desaparecidos como ascendente o ancestro común de otros posteriores y ajustar las longitudes de las ramas en agrupamientos de tres poblaciones o grupos de poblaciones a la vez. Sin una información extra o sin asumir las mismas tasas de cambio para todas las ramas, este algoritmo produce un árbol sin raíz. Con información adicional de un grupo distante puede obtenerse un árbol con raíz.

6.2.10.7 Métodos de remuestreo

Los árboles de distancia son representaciones gráficas de las matrices de distancia y son útiles para identificar las diferencias entre poblaciones y poder analizarlas desde el punto de vista estadístico. El número de posibles topologías rápidamente se incrementa conforme aumenta el número de poblaciones (m). En el caso de árboles con raíz:

$$\text{Número de topologías} = \frac{[(2m-3)!]}{[2^{m-2}(m-2)!]}$$

Esto indica que el número de topologías para $m= 2, 3, 4, 5$ y 6 son $1, 3, 15, 105$ y 945 , respectivamente (Nei y Kumar 2000). Para el caso de árboles sin raíz, se sustituye m por $m-1$. Es muy difícil encontrar la topología verdadera cuando m es grande.

Los métodos de remuestreo son técnicas estadísticas que permiten dibujar múltiples árboles y estimar la fiabilidad para los diferentes nodos en el árbol, así como el nivel de confianza del árbol (Weir 1990). Existen tres métodos de remuestreo:

6.2.10.7.1 Bootstrapping

El bootstrapping es una técnica que genera información adicional acerca de la distribución de los parámetros. Se basa en que la distribución del parámetro verdadero puede ser estimada por la generación de repeticiones y análisis de datos artificiales. Dado que los datos consisten en n observaciones, un bootstrap genera una muestra de n dibujos al azar, realizado por medio del reemplazamiento de los datos originales. De este modo, todas las observaciones originales tienen la misma oportunidad de ser reemplazadas, y al final el valor de los nuevos «bootstrap» será el promedio para el parámetro muestreado (Tivang 1994; Weir 1990). Generalmente este proceso se repite un gran número de veces (generalmente 1000), creando muchos nuevos conjuntos de datos,

pudiéndose usar además para estimar medias y desviaciones estándares de un estimador calculado con los datos en cuestión.

La interpretación correcta no siempre es fácil, debido a que se considera la confianza estadística de todo el grupo en cuestión (todas las regiones), sin embargo, es complicado evaluar la confianza total en varias regiones del mismo árbol, debido a la poca relación de los valores asignados a distintos grupos. Conforme más grupos se consideren simultáneamente, los valores decrecen drásticamente y en árboles grandes, difícilmente son significativos (Felsenstein 2004). El método de bootstrap ha mostrado que los valores de probabilidad son demasiado pesimistas debido a que subestima el valor verdadero (Bradley y col 1996; Zharkikh y Li 1995); ellos indican que valores tan pequeños como 70% podrían significar valores de probabilidad adecuados para estudios de distancias genéticas.

6.2.10.7.2 Jackknife

Este método consiste en realizar un muestreo aleatorio de la mitad de los caracteres e incluirlos en los datos. Los lotes de datos resultantes tienen la mitad de tamaño del original y los caracteres no se duplican. La variación aleatoria obtenida mediante este método es muy similar a la obtenida mediante el método de "bootstrapping".

6.2.10.7.3 Permutación de caracteres

En este método no se realiza un remuestreo en el sentido estricto, ya que consiste en permutar las columnas de la matriz de datos por separado. Esto produce matrices de datos con el mismo número y tipo de caracteres, pero sin estructura taxonómica. Se utiliza para distintos propósitos que el método de "bootstrapping" y examina, no la variación del árbol calculado, sino la hipótesis de que no hay estructura taxonómica en los datos: si un posible estadístico como el número de escalones evolutivos es significativamente menor en los datos actuales que en los permutados, se puede afirmar que existe alguna estructura taxonómica en los datos.

6.2.11 Análisis Multivariado

El análisis multivariado brinda los métodos estadísticos para el análisis conjunto de dos o más variables que pueden estar interrelacionadas. Debido a que las variables se consideran en forma simultánea, estas técnicas permiten realizar interpretaciones más complejas que las que surgen mediante la utilización de métodos univariados. El análisis multivariado utiliza las relaciones

(correlaciones) entre las variables o entre los objetos que el método univariado no considera directamente. Los análisis multivariados más comúnmente adoptados, son: 1. análisis de componentes principales, 2. análisis de funciones discriminantes, 3. análisis de agrupamientos o clusters, 4. regresión múltiple, 5. análisis multivariado de la varianza, 6. análisis de correspondencias, 7. coordenadas principales, 8. análisis factorial, 9. correlación canónica, 10. modelos logarítmicos lineales, 11. escalamiento multidimensional y 12. regresión logística múltiple. Los procedimientos numerados del 1 al 7 utilizan combinaciones lineales de las variables, estos métodos son más eficientes con datos continuos, mientras que los métodos numerados del 8 al 12, son métodos no lineales y son más apropiados cuando se trabaja con datos binarios (Shaw 2003). Para examinar con mayor eficiencia datos binarios (presencia/ausencia) y datos en rangos, se pueden usar otros modelos donde las variables se combinan acordes con funciones no lineales. Como se mencionó anteriormente, el análisis multivariado aprovecha las relaciones entre las variables para buscar patrones o estructuras en los datos. En este sentido, podría encontrarse un origen de patrones cuando se realizan mediciones sobre grupos de objetos similares. Pueden existir casos donde no se conoce *a priori* si los grupos están ya formados, cuántos son, o cuáles objetos pertenecen a cada grupo; es allí donde habría que determinar qué tipo de análisis es más apropiado.

6.2.11.1 Análisis Factorial de Correspondencia (AFC)

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

El método de Análisis de Componentes Principales (ACP), que es un ejemplo de análisis por ordenamiento, utiliza para tal fin las estructuras de los autovectores (también llamados eigens ó raíces latentes) de la matriz de correlación o bien de una matriz de varianza-covarianza entre las variables originales. El ACP y el Análisis Factorial de Correspondencia (AFC) tienen como objetivo encontrar una estructura más simple reduciendo la dimensionalidad de las variables sin perder información. Para simplificar el análisis de los datos se reduce el número de variables a un pequeño número de índices o factores. Algunas diferencias entre estas dos técnicas son que los

componentes principales están definidos como una combinación lineal de las variables originales y no están basados en un modelo estadístico particular y por lo tanto no se requiere el cumplimiento de supuestos previos. Por otra parte mediante el ACP se busca explicar una gran parte de la varianza total, mientras que con el AFC se enfatiza el estudio en las relaciones entre las variables explicadas con las covarianzas o correlaciones. El AFC resulta apropiado cuando el objetivo es encontrar un grupo de variables similares, altamente correlacionadas, y postular que esas similitudes provienen del hecho de que éstas son variables «latentes o factores» que actúan en forma particular sobre el proceso estudiado.

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

El término masa (mass) en el Análisis de Correspondencia se utiliza para denominar las entradas de las frecuencias relativas en una tabla de dos vías (cada entrada es dividida entre el total de entradas de la tabla). Los resultados del Análisis de Correspondencia son válidos aunque las entradas de la tabla no sean frecuencias, sino alguna otra forma de asociación. La suma de toda la tabla de frecuencias es igual a 1. Se podría decir que la tabla de frecuencias relativas muestra como la unidad de masa se distribuye entre todas las células de la tabla.

El término inercia se utiliza por su analogía en física. Se define como la χ^2 total para una tabla de dos vías, dividida entre la suma total.

En el AF las variables se expresan como una combinación y el Análisis Factorial de Correspondencia (AFC) es un tipo de análisis canónico en que se describen las asociaciones entre dos variables cualitativas, es decir, el análisis de una tabla de contingencia que cruza las modalidades de dos variables (Belkhir y col 2003). 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 Genetix v.4.05 (Belkhir y col 2003), se elabora un cuadro 0/1/2 que corresponde a una codificación más conveniente para los datos de la genética de los organismos diploides tal como fue propuesto por (She y col 1987). 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 es la inercia. 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 contribución mayor 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 *loci*), lo que representa 0 para la ausencia, 1 para la presencia del alelo en el estado heterocigoto y 2 para el estado homocigoto.

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 variables y el cluster de cada población se representa gráficamente (Li y col 2005).

6.2.12 Asignación de individuos a poblaciones

Se han descrito varios métodos para asignar correctamente individuos a poblaciones (Paetkau y col 1995; Rannala y Mountain 1997; Cornuet y col 1999; Pritchard y col 2000; Falush y col 2003; Paetkau y col 2004).

Básicamente, existen dos tipos de métodos para asignar individuos a poblaciones:

a) Métodos basados en distancia genética: Se calcula la matriz de distancia entre cada par de individuos, se representa de forma gráfica en forma de árbol y los clusters son identificados de manera visual. Son generalmente fáciles de aplicar, aunque tienen algunas desventajas como que los clusters identificados suelen ser muy dependientes de los métodos de distancia empleados y de la representación gráfica escogida; es difícil evaluar la confianza de los clusters obtenidos en esta forma y determinar que si los resultados son significativos y su dificultad para introducir información complementaria como la localización geográfica de los individuos muestreados. Se han definido numerosas distancias genéticas, sin embargo estas se pueden dividir en dos grandes bloques: las distancias entre poblaciones (Cavalli-Sforza y Edwards 1967; Nei 1972; Reynolds y col 1983), y las distancias entre individuos (distancia de alelos compartidos) (Chakraborty y Jin 1993).

b) Métodos basados en modelos probabilísticos: Trabajan bajo los supuestos de que las frecuencias alélicas se encuentran en equilibrio Hardy-Weinberg y que no existe desequilibrio de ligamiento.

Los métodos probabilísticos se dividen en dos:

1) Método de frecuencias: Asigna los individuos a la población en la que el genotipo del individuo es más probable que ocurra. Lo hace en tres pasos:

- Computa las frecuencias alélicas de las poblaciones potenciales
- Computa la verosimilitud de que el genotipo multilocus ocurra en cada población
- Asigna el individuo a la población en la cual el genotipo obtuvo la mayor probabilidad.

2) Métodos Bayesianos: Se basan en determinar si unas partes del genoma (clusters) son heredados en una tasa mas alta de la normal desde una población parental y para ello se requiere que las

poblaciones se hayan muestreado adecuadamente (Falush y col 2003). Este método asigna individuos a poblaciones con base a sus genotipos estimando las frecuencias alélicas de cada locus. Pritchard y col (2000) introdujeron un método para identificar poblaciones diferentes; posteriormente se estudia la ascendencia de los individuos muestreados. Se consideran dos modelos para la ascendencia de los individuos, el primero un modelo no-combinado, en el que se asume que los individuos son tomados de forma pura de una de las k poblaciones y el modelo combinado, en el que se permite mezcla de los ancestros; es decir, una fracción q_k del genoma de un individuo viene de la subpoblación K ($\sum_k q_k = 1$). Por otra parte, Falush y col (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 2.1 disponible en: <http://pritch.bsd.uchicago.edu/>.

Los supuestos principales para estos modelos son que las frecuencias alélicas están en equilibrio de 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 en su población de origen (Z_i).

6.2.12.1 Consideraciones sobre los métodos de asignación

La asignación individual a partir de los métodos de distancia genética representados por medio de un árbol, permite a simple vista constatar la presencia de los cluster de cada raza y se pueden detectar individuos que tienen algo diferente a su población; sin embargo, adolece de alguna forma objetiva de constatar la precisión del método, por lo que se pueden utilizar para una primera exploración de los datos, ya que son fáciles de hacer y hay varios programas informáticos para su elaboración. Otro inconveniente de este método es que asignan los individuos a las razas preestablecidas y en algunas circunstancias no permiten detectar animales que no corresponden a las razas de referencia. Respecto al algoritmo de Pritchard y col (2000), es una herramienta muy poderosa, que permite detectar los clusters y además da una fiabilidad elevada a los resultados. Tiene también la ventaja de que aunque se desconozca el origen de las poblaciones, de acuerdo a las frecuencias alélicas de los individuos, asigna estos al cluster correspondiente, a la vez que indica el número de clusters o poblaciones involucradas en la muestra. Sin embargo, la interpretación de los datos es complicada cuando se tienen individuos mezclados genéticamente pues el número de

poblaciones se determina en el ámbito de probabilidad y en algunos casos es difícil seleccionar el número correcto de poblaciones.

IV. MATERIALES Y MÉTODOS

1. Introducción

La caracterización del bovino Criollo Patagónico se ha realizado utilizando los animales sacados del Parque Nacional Los Glaciares y que actualmente están en un establecimiento de la localidad de Chascomús, provincia de Buenos Aires. Se ha determinado el perfil genético de una muestra de 36 animales y se han tomado medidas morfológicas de 146 individuos adultos. El bovino Criollo del Noroeste (NOA) se ha utilizado para comparar sus características morfológicas y genéticas con las del Criollo Patagónico y determinar si existen diferencias entre las dos poblaciones. El perfil genético se ha determinado mediante el análisis de 45 muestras de bovino Criollo del NOA y para establecer las características morfológicas se han medido 113 animales adultos. Para validar la caracterización genética del bovino Criollo argentino PAT y NOA se han utilizado como referencia otras ocho agrupaciones raciales: seis españolas (Palmera n=40), (Canaria n=40), Marismeña n=32), (Berrenda en Colorado n=44), (Berrenda en Negro n=40) y (Pajuna n=43), una británica (Hereford n=25) y una internacional (Frisona n=28). Los genotipos de estas ocho agrupaciones raciales se obtuvieron del banco de datos del laboratorio de Genética Molecular de la Facultad de Veterinaria de la Universidad de Córdoba España.

2. Obtención del material animal

2.1 Bovino Criollo Patagónico

Desde el hallazgo del bovino Criollo Patagónico en el año 1989 en el Parque Nacional Los Glaciares, transcurrieron algunos años hasta que se pudieron sacar animales de allí y formar un plantel para su conservación y caracterización (ver el relato del hallazgo, recuperación y conservación del bovino Criollo Patagónico en el Anexo II). Una vez puesto en marcha el plan de conservación *in vivo in situ* y *ex situ* se ha realizado el muestreo necesario para la caracterización genética y morfológica.

2.2 Bovino Criollo del NOA

El muestreo de los bovinos de origen NOA, se ha realizado a partir de un rodeo formado con animales procedentes de la estación experimental INTA Leales Tucumán, de la localidad de

Trancas en la misma provincia y de la estación experimental INTA La Rioja Chamental. Este rodeo se formó a partir del año 1984 en la localidad de 25 de Mayo provincia de Buenos Aires en el establecimiento Cruz de Guerra.

2.3 Otras Agrupaciones Raciales

El criterio utilizado al elegir estas agrupaciones raciales para utilizar como referencia frente al Criollo Argentino PAT y NOA obedeció básicamente a dos motivos: En el caso de las razas españolas, a su probable cercanía genética debido a los antecedentes históricos que vinculan a los bovinos españoles con la formación de las razas criollas americanas luego del descubrimiento de América. En el caso de las dos restantes, se eligieron una productora de carne (británica) y otra productora de leche (internacional), que no tienen antecedentes históricos comunes con ninguna de las otras ocho agrupaciones raciales involucradas en el análisis.

2.3.1 Razas Españolas

Pajuna: Es una raza considerada “serrana”, tiene capa hosca y actualmente esta considerada como de protección especial. La raza se desarrolla en zonas de montaña seca, con clima adverso y vegetación de escaso valor nutritivo, resaltando su rusticidad y sobriedad. El sistema de explotación es extensivo. Se la utiliza casi exclusivamente como vaca de cría, produciendo terneros de 150 a 170 Kg. a los 5 a 7 meses de edad (Sánchez Belda A 2002).

Marismeña o Mostrenca: Es una raza que se encuentra asilvestrada en el Parque Nacional de Doñana, encuadrado en las marismas del Guadalquivir en el suroeste de la Península Ibérica (Sánchez Belda 2002). Su localización cercana a los puertos de Palos y Sevilla, que mantenían el monopolio de la exportación de animales a las Indias después del descubrimiento de América, presupone que pueda tener cierta relación con los actuales bovinos Criollos de América (Rodero y col 1992).

Berrenda en Negro: Se considera la mutante manchada de la raza Negra Andaluza. Es una raza rústica que aporta excelentes vientres para la producción de carne en explotaciones extensivas. Se radica preferentemente en zonas andaluzas de montaña y tiene un censo de 2500 reproductores (Sánchez Belda 2002).

Berrenda en Colorado: Se considera la mutante manchada de la raza Retinta. Esta distribuida en Andalucía, Extremadura, Castilla y León y Madrid y el censo es de 3000 reproductores (Sánchez Belda A 2002).

Canaria: Se origina a partir del siglo XIV con la llegada de bovinos especialmente a las islas de Gran Canaria y Tenerife. Estos llegaban especialmente de Andalucía, aunque también se llevó una importante cantidad de bovinos desde el noroeste ibérico (Sánchez Belda A 2002). Es básicamente de pelaje rubio con algunos individuos de tipo moreno y leonados. Es rustica, sobria, longeva, de fácil manejo y es muy importante para los pequeños productores por su triple aptitud.

Palmera: Así denominada por ser oriunda de la isla de La Palma, perteneciente a la provincia de Tenerife, del archipiélago Canario. Forma una pequeña raza local, de reducido efectivo. Por la estrecha semejanza y los antecedentes presentes en el archivo del Cabildo Insular, se atribuye su origen a la Rubia Gallega, es de color claro, donde se da esta capa en considerable proporción. Es una raza de triple aprovechamiento, si bien es una buena raza de carne, es sometida a ordeño y mantiene su contribución al trabajo agrícola.

2.3.2 Razas internacionales

Referencia cárnica

Hereford: Es una de las razas con libro genealógico más antiguas, desde 1878. Se fundó en Herefordshire, Inglaterra con la finalidad de producir carne de calidad. La primera importación a América fue hacia Estados Unidos en 1817 (un macho y dos hembras). Es una raza de capa color castaño y la cara debe ser blanca, extendiéndose el blanco al pecho, vientre, ingle y extremidades, desde garrón y rodilla hacia abajo. Es una raza especializada en la producción de carne muy difundida por el mundo.

Referencia lechera

Frisona: Tiene como ancestros más remotos los animales negros de los bávaros y los blancos de los frisios, tribus que hace cerca de 2.000 años se ubicaron en el delta del Rin. Por sus características únicas de color, fortaleza y producción lechera, la Frisona empezó a diferenciarse de las demás razas, y pronto comenzó a expandirse por otros países, empezando por Alemania, y desde hace unos

300 años está consolidada en un lugar de privilegio a nivel mundial por su producción y su adaptación a diferentes climas. Debido a sus características es probablemente la raza causante de la reducción y extinción otras razas bovinas productoras de leche.

3. Descripción de caracteres productivos y/o funcionales en el bovino criollo patagónico

A efectos de complementar la caracterización genética y morfológica del bovino Criollo Patagónico, se describen algunas características de interés funcional y/o productivo que han sido evaluadas en los animales extraídos del P. Nacional Los Glaciares y que forman parte del plan de conservación. Cabe destacar que la información que se detalla, ha sido la única posible de obtener debido a inconvenientes propios en la ejecución del plan de conservación y la falta de infraestructura adecuada.

3.1 Temperamento

La condición de asilvestramiento que tiene la población patagónica, ha posibilitado la expresión de una gran variabilidad en el temperamento de los animales. Esta característica influye en las posibilidades productivas de la población, al tener que someterse al permanente contacto con personas y habituarse a ser encerradas en corrales y a realizarse los trabajos habituales de un rodeo. Se describen las características del temperamento de los animales en forma grupal y en forma individual. La clasificación individual se realizó utilizando una escala de cinco puntos donde 1, es el animal manso, que se define como aquel que es de fácil manejo, se muestra tranquilo, se queda solo en un corral sin inconvenientes y no se altera al realizar trabajos de manga (vacunaciones, mediciones etc.) y 5. es el animal arisco, que se define como aquel que es de manejo dificultoso, se muestra inquieto, si queda solo en un corral intenta escapar y al realizar trabajos de manga se muestra nervioso y en ocasiones puede reaccionar y afectar la integridad física del personal.

La escala completa es: 1. manso. 2. semimanso. 3. intermedio. 4. semiarisco. 5. arisco.

Luego de clasificar los animales según la escala, estos se subdividen en dos clases en función de su aptitud para incluirse en un programa de producción:

Aceptable (A): Son los animales clasificados como 1, 2 y 3

Riesgoso (R): Son los animales clasificados como 4 y 5 y que presentan un riesgo mayor para ser incluidos en un programa de producción.

3.2 Facilidad de parto y cuidado de las crías

Se observaron en campo todos los nacimientos ocurridos desde el año 1996 hasta el año 2005 en el plantel del programa de conservación *ex situ in vivo*. Durante la época de pariciones se efectuaron dos recorridas diarias a campo a efectos de observar el comportamiento de los vientres durante el parto y detectar posibles inconvenientes tanto de la madre como de las crías. En el lapso indicado se registraron 261 nacimientos.

También se observó el comportamiento de las madres respecto del cuidado de sus crías tanto a campo como en los corrales de encierre.

3.3 Peso a distintas edades

Los datos de peso a distintas edades, son datos de gran importancia productiva. Debido a los inconvenientes comentados en el punto 3, el total de registros de peso obtenidos fueron veinticuatro al nacimiento y treinta y siete al destete y en distintas épocas del año.

Los pesos al nacimiento se obtuvieron a campo, durante las primeras 24 horas de nacida la cría mediante una balanza adecuada para este trabajo. Los pesos al destete se registraron entre los siete y ocho meses de vida del ternero

3.4 Reproducción y Longevidad.

Ciclo Estral: Se estudiaron 13 vacas registradas, ciclando, multíparas, de entre 5 y 12 años de edad, con mas de 100 días pos parto y con buen estado corporal. Durante 35 días, 3 veces por semana, se extrajeron muestras de sangre por venipuntura yugular y se obtuvieron imágenes ultrasonográficas de ambos ovarios por vía transrectal. Se determinó la concentración de progesterona (P4) por radioinmunoanálisis (Carou y col 2001).

Inseminación a Tiempo Fijo: Se utilizaron 60 bovinos criollos patagónicos hembras con cría al pie, en regular condición física, se sincronizó el celo con un dispositivo intravaginal que contiene un gramo de progesterona (DIB) que se insertó (día 0) y se dejó colocado durante 8 días. El mismo día se administró a cada vaca 2 mg de benzoato de estradiol (BE). El día 8 se retiró el dispositivo y se inyectó cloprofenol y 500 ui de PMSG. El día 9 se administró un mg de BE y el día 10 se inseminó las vacas, 52/55 horas después se retiro el DIB. (Mareco G y col 2005).

Longevidad: Se describe considerando la vida útil de los vientres, es decir el tiempo de permanencia en el rodeo directamente relacionado con el desgaste dental, sin considerar los descartes por otros motivos.

4. Caracterización Morfológica

Para la caracterización morfológica, se estudiaron variables cualitativas y cuantitativas en forma individual y en forma conjunta. Las mismas variables fueron tomadas en el bovino Criollo del NOA comparándose ambas poblaciones.

4.1 Material Animal y Muestreo

Los muestreos se realizaron sobre animales adultos con una edad promedio para las hembras del NOA (NH) de 2812 días (Figura 4), para los machos del NOA (NM) de 2293 días (Figura 5), para las hembras patagónicas (PH) de 2126 días (Figura 6) y para los machos patagónicos (PM) de 1534 días de vida (Figura 7). Se trabajó con un total de 259 animales, de los cuales 115 eran (PH), 31 (PM), 80 (NH) y 33 (NM).

Figura 4: vaca NOA (NH)



Figura 5: toro NOA (NM)



Figura 6: vaca patagónica (PH)



Figura 7: toro patagónico (PM)



4.2 Metodología para la obtención de los datos

Las variables cualitativas se obtuvieron por observación visual, mediante conteo directo.

Para el registro de las variables cuantitativas se ha trabajado con los animales embretados, sobre suelo de cemento e inmovilizados en el cepo, para facilitar la toma de las medidas, que se han realizado con cinta métrica inextensible en todos los casos, con excepción de las alzadas que se han tomado con hipómetro.

4.3 Variables Cualitativas

4.3.1 Características del manto- Pelajes

Se han descrito los pelajes encontrados y su frecuencia de acuerdo a la clasificación aplicada por la Asociación Argentina de Criadores de Ganado Bovino Criollo. Los pelajes se han clasificado en:

Pelajes enteros: negro, hosco, tucó, colorado, tostado, castaño, doradillo, bayo, blanco.

Pelajes combinados: overo, yaguané, picazo, rosillo, moro, azulejo, azotado, ahumado o barroso, porotillo, manchado, salpicado.

Particularidades de la cabeza: pampa, mascarita, frontino, rosada, mora, azotada, orejimoro, orejinegro, overa.

Particularidades del cuerpo y extremidades: barriga blanca, barriga salpicada, mano izquierda blanca, mano derecha blanca, ambas manos blancas, mano izquierda salpicada, mano derecha salpicada, ambas manos salpicadas, pata izquierda blanca, pata derecha blanca, ambas patas blancas, pata izquierda salpicada, pata derecha salpicada, ambas patas salpicadas, verija izquierda blanca, verija derecha blanca, ambas verijas blancas, verija izquierda salpicada, verija derecha salpicada, ambas verijas salpicadas, cola blanca.

Pelajes enteros: Son los que presentan una sola capa de las mencionadas arriba, con las siguientes aclaraciones:

Hoscos: Son animales con una capa colorada, castaña, tostada o doradilla que presentan un oscurecimiento distal que se manifiesta principalmente en la cabeza y el cuello aunque puede abarcar todo el cuerpo. Su expresión mínima consiste en la presencia de unos pocos pelos negros y la máxima es un oscurecimiento total, diferenciándose de los negros verdaderos en que los pelos presentan reflejos rojizos, en este caso se denominan Tucos.

Colorado, Castaño, Tostado, Doradillo y Bayo: El pelaje es colorado y varía según la tonalidad de mayor a menor, siendo el bayo casi amarillento.

Combinaciones: Pueden presentar dos o más colores de capa combinados de distintas formas.

Moros y Azulejos: Son animales de pelaje blanco con mezcla de pelos negros. El moro es una mezcla pareja mientras que el azulejo tiene manchas, también se lo puede llamar moro overo.

Rosillo: Son animales de pelaje blanco con pelos mezclados de color colorado.

Overo: Son animales de pelaje colorado o negro con manchas definidas de pelos blancos de distintos tamaños.

Yaguané: Son animales de pelaje colorado o negro que presentan color blanco en la línea dorsal, en el vientre y en la parte posterior, uniendo la línea dorsal con la ventral.

Azotado: Presentan bandas de pelos negros de distintos tamaños sobre un pelaje base colorado, castaño, doradillo o bayo.

Barroso o Ahumado: Presentan color base bayo o café con leche con manchas blancas.

Manchado: Son animales de pelaje colorado o negro con manchas definidas de pelos blancos de tamaño pequeño.

Salpicado: Son animales de pelaje colorado o negro con manchas definidas de pelos blancos de tamaño similar al anterior pero con mayor frecuencia.

Porotillo: Presenta la parte anterior y la línea del dorso castaña y el resto blanco sobre el cual aparecen manchas pequeñas de color castaño.

Particularidades de la cabeza, cuerpo y extremidades: Son principalmente albinismos parciales que toman diferentes nombres según su forma y tamaño.

Los pelajes se han descrito en las hembras y en los machos de ambas poblaciones y se ha tomado como criterio de clasificación el color base del pelaje, clasificándose en tres series: a) colorado y sus variantes, b) negro y sus variantes y c) blanco y sus variantes.

4.3.2 Color de hocico

La Asociación Argentina de Criadores de Ganado Bovino Criollo, le otorga gran importancia a la pigmentación del hocico y lo incorpora a la nomenclatura del pelaje. El hocico se clasifica en: Negro, Pintado y Blanco. Esta característica está determinada por el gen Ps. El genotipo PsPs = Negro; PspS = Pintado; pspS = Blanco (Rabasa C y col 1976).

4.3.3 Color de la punta de los cuernos

Los cuernos son pigmentados en la punta y se clasifican según su coloración en negros y marrones.

4.4 Variables Cuantitativas

Se han registrado en total nueve (9) mediciones para cada uno de los doscientos cincuenta y nueve (259) animales totales, que se han agrupado por regiones corporales en mediciones de la cabeza (2) y del tronco (7). Las mediciones de alzada se han realizado con un hipómetro, mientras que para las restantes mediciones se ha utilizado una cinta métrica inextensible.

4.4.1 Mediciones de la Cabeza

Ancho de cabeza (AC): Distancia entre los ángulos mediales de los ojos

Largo de cabeza (LC): Desde la parte media del testuz hasta el comienzo de la mucosa del morro.

4.4.2 Mediciones del Tronco

Perímetro Torácico (PT): Alrededor del pecho, pasando por la cruz y el esternón.

Largo del Cuerpo (LT): Desde el encuentro a la punta del isquion.

Alzada a la Cruz (ACr): Distancia entre el suelo y el punto más elevado de la cruz.

Alzada a la Grupa (AG) Distancia entre el suelo y el punto mas elevado de la cruz.

Ancho anterior de la grupa (AAG): Distancia entre las tuberosidades coxales

Ancho posterior de la grupa (APG): Distancia entre las tuberosidades isquiáticas

Largo de la Grupa (LG): Desde la tuberosidad coxal a la isquiática de cada lado.

4.5 Índices Zoométricos

Con las medidas tomadas se construyeron cinco (5) siete índices zoométricos:

Índice cefálico (ICEF = AC/LC) (Torrent Mollevi 1982).

Índice Corporal Lateral (ICL = ACR/LT) (Torrent Mollevi 1982).

Índice Corporal (IC = LT/PT) (Inchausti y Tagle 1980).

Índice de Anamorfosis (IA = PT^2 / ACR) (Inchausti y Tagle 1980).

Índice Pelviano (IPE= AAG / LG) (Inchausti y Tagle 1980).

4.6 Análisis Estadístico

4.6.1 Variables Cualitativas

Se han construido tablas de frecuencias para describir los distintos caracteres. Para el análisis comparativo entre ambas poblaciones se ha realizado el test de Chi Cuadrado de homogeneidad de proporciones en aquellas categorías de pelaje donde el número esperado de casos para PAT y para NOA fue igual o mayor a 5 (Devore 1992) y donde:

n_{ij} : es el número de individuos de la población i que caen en la categoría j

n_j : el número total de individuos en la categoría j en las dos poblaciones.

Todos los n_{ij} se disponen en una tabla de I filas y J columnas, siendo n_i el total de la fila i y n_j el total de la columna j .

p_{ij} : la proporción de individuos en la población i que se corresponden con la categoría j , de manera que para la población i , tendremos las siguientes proporciones: $p_{i1}, p_{i2}, \dots, p_{ij}$.

La Hipótesis nula de homogeneidad (H_0), establece que la proporción de individuos en la categoría j es la misma para las I poblaciones, y esto se cumple para todas las categorías (para todo j).

La Hipótesis alternativa (H_1), establece que H_0 no es cierta, lo cual implica que alguna igualdad no se cumple.

Para comparar la frecuencia de pelajes entre poblaciones en aquellos casos en que el número esperado de animales tanto en PAT como en NOA fue inferior a 5, se utilizó un test de hipótesis de igualdad de dos porcentajes (Capelleti 1983), donde:

$$H_0 : p_1 = p_2$$

$$H_1 : p_1 \neq p_2$$

y se propone la siguiente variable:

$$Z_{H_0} = \frac{\arcsen\sqrt{p_1} - \arcsen\sqrt{p_2}}{\sqrt{820.8\left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}\right)}}$$

que sigue una distribución $N(0;1)$ aproximada, donde

p_1 y p_2 son las proporciones de los atributos considerados,

n_1 y n_2 los tamaños de las muestras y

820.8 = constante que representa la varianza de la distribución de proporciones transformados mediante el cálculo del arco seno de la raíz cuadrada de p

4.6.2 Variables Cuantitativas

4.6.2.1 Análisis Descriptivo

Aunque todos los animales muestreados son adultos, en primer lugar se procedió a detectar la posible influencia de la edad de los animales sobre las trece variables, mediante regresión lineal. En aquellas variables que se observó un efecto positivo de la edad, se procedió a eliminar el efecto de la edad según sexo mediante el ajuste de las variables de la siguiente manera:

$$\hat{y}_{ijk} = y_{ijk} - b_{jk}(x_{ij} - \bar{x}_j) \quad i= 1 \text{ a } 259; \quad j= \text{M o H} \quad \text{y} \quad k= 1 \text{ a } 13.$$

donde:

\hat{y}_{ijk} es la k -ésima variable ajustada del animal i de sexo j .

y_{ijk} es la k -ésima variable original del animal i de sexo j .

b_{jk} es el coeficiente regresión de la variable k respecto a la edad en el sexo j .

x_{ij} es la edad del animal i de sexo j .

\bar{x}_j es el promedio de la edad del sexo j .

El ajuste ha consistido en reemplazar el valor observado por su residuo más la media general de la variable. Esto ha resultado equivalente a sustraer al dato el producto del coeficiente de regresión correspondiente con el desvío de su edad. Luego se ha verificado el efecto del ajuste mediante las regresiones y correlaciones entre las variables ajustadas y la edad del animal.

Los índices zoométricos se han calculado con las variables ajustadas.

Luego se ha realizado un análisis descriptivo de las variables y de los índices zoométricos, calculando estadísticos de posición (promedio) y de dispersión (desvío, máximo, mínimo y coeficiente de variación).

4.6.2.2 Análisis Comparativo

Para la comparación de las medias entre poblaciones se ha realizado en primer lugar el test “t” de Student (Devore 1992) utilizándose luego herramientas de análisis multivariado sobre las variables ajustadas.

Se ha realizado un análisis factorial, como herramienta exploratoria, con el método de componentes principales y rotación varimax como un paso intermedio a la obtención de grupos de bovinos homogéneos. Se ha empleado el método no jerárquico de agrupamiento de k-medias basado en las distancias euclídeas para obtener los grupos morfométricos o conglomerados. El siguiente paso ha sido la validación de los conglomerados a través de la tasa de error por validación cruzada del análisis discriminante lineal. Luego, han caracterizado los conglomerados en relación a los valores medios de todas las variables ajustadas y se han explorado las diferencias entre clases mediante análisis de varianza y el test de comparación de medias de Bonferoni. La relación entre las poblaciones y los conglomerados se ha realizado mediante una tabla de contingencia y mediante gráficos de las coordenadas canónicas obtenidas con los factores y los grupos morfométricos.

El procesamiento de los datos se ha realizado por medio del software SAS (2001): procedimientos proc reg, proc factor, proc fastclus, proc freq, proc discrim, proc candisc, proc means, proc glm y proc gplot. Para los cinco índices se ha aplicado un análisis de varianza y la aproximación de Tukey-Kramer para explorar diferencias en los índices respecto a los cuatro grupos. A continuación se ha empleado el procedimiento stepwise para seleccionar las variables (índices) que mejor explican la discriminación lineal entre grupos. Posteriormente se han obtenido las coordenadas discriminantes y se han representado las cuatro clases en el plano definido por las dos primeras coordenadas. El procesamiento de datos se ha realizado por medio de SAS (2001) empleando los procedimientos univariate, glm, stepdisc, discrim, candisc y gplot.

5. Caracterización Genética

Los análisis de los marcadores microsatélites de todas las poblaciones incluidas en este estudio se han realizado en el Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de la Facultad de Veterinaria de la Universidad de Córdoba, España.

5.1 Muestras de cada población

El muestreo del bovino criollo argentino NOA y PAT ha sido realizado por el autor de la tesis, mientras que el muestreo de las agrupaciones raciales de origen europeo utilizadas como referencia fueron realizados por personal del Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de la Facultad de Veterinaria de la Universidad de Córdoba, España. En la Tabla 4 se observa el número de muestras procesadas de cada agrupación racial.

Tabla 4: Agrupaciones raciales y número de animales muestreados

Agrupación Racial	Número de animales muestreados
Criollo Patagónico	36
Criollo NOA	45
Pajuna	43
Palmera	40
Canaria	40
Berrenda en Colorado	44
Berrenda en Negro	40
Marismeña	32
Frisona	28
Hereford	25

La extracción de DNA se realizó a partir de muestras de pelo con su raíz. Las muestras de pelo se han recogido en sobres de papel individuales y se han mantenido a temperatura ambiente hasta su ingreso al Laboratorio.

5.2 Metodología de extracción de DNA de las muestras

La extracción de DNA a partir de pelo se ha realizado mediante una resina purificadora comercial (kit BLOODCLEAN de purificación de DNA) de BIOTOOLS –Biotechnological & Medical Laboratories, S.A.®, el protocolo de ha adaptado para obtener DNA de calidad suficiente para la amplificación de microsatélites por PCR.

Los pasos para la extracción de DNA a partir de pelo son los siguientes:

Cortar las raíces de 3 a 5 pelos e introducirlos en microtubos.

Homogeneizar la resina purificadora en un agitador magnético durante 2 minutos.

Añadir 100 µl de resina purificadora.

Incubar a 95 °C durante 5 minutos.

Conservar a –20 °C.

5.3 Microsatélites Estudiados

Se han estudiado 27 microsatélites (Tabla 5), seleccionados a partir de las recomendaciones hechas por la FAO/ISAG (Food and Agriculture Organization/ International Society of Animal Genetics) para realizar estudios de biodiversidad bovina (FAO 2004) y tres más utilizados por el Proyecto Europeo de “Análisis de la Diversidad Genética en los Bovinos”, coordinado por el Instituto Roslin, (ver <http://www.projects.roslin.ac.uk/cdiv/markers.html>).

5.3.1 Amplificación de los microsatélites

Los microsatélites se han amplificado mediante la técnica de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Se han diseñado varias reacciones múltiples para reducir los costos de los experimentos. Las condiciones de amplificación se presentan en la Tabla 6.

Tabla 5: Nombre del microsatélite (Nombre), cromosoma de localización (Cro), secuencia de los cebadores utilizados (Cebadores), rango del tamaño de los alelos (Rango pb), Referencias Bibliográficas (Ref)

Nombre	Cr	Cebadores	Rango (pb)	R f.
BM1314	26	TTCCTCCTCTTCTCTCAAAC ATCTCAAACGCCAGTGTGG	143-167	1
BM1818	23	AGCTGGGAATATAACCAAAGG AGTGCTTTCAAGGTCCATGC	248-278	1
BM1824	1	GAGCAAGGTGTTTTTCCAATC CATTCTCCAAGTCTTCCTTG	176-197	1
BM2113	2	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTCTGAGAGAAGCAACACC	122-156	1
BM8125	17	CTCTATCTGTGAAAAGGTGGGGGGTTAGACTTCAACATACG	109-123	1
CRSM60	10	AAGATGTGATCCAAGAGAGAGGCAAGGACCAGATCGTGAAAG GCATAG	79-115	2
CSSM66	14	ACACAAATCCTTTCTGCCAGCTGAAATTTAATGCACTGAGGAGC TTGG	171-209	3
ETH10	5	GTTCAGGACTGGCCCTGCTAACACCTCCAGCCCCTTTCTCTTCT C	207-231	4
ETH185	17	TGCATGGACAGAGCAGCCTGGCGCACCCCAACGAAAGCTCCCA G	214-246	5
ETH225	9	GATCACCTTGCCACTATTTCT ACATGACAGCCAGCTGCTACT	131-159	5
ETH3	19	GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	103-133	4

Nombre	Cr	Cebadores	Rango (pb)	R f.
HAUT24	22	CTCTCTGCCTTTGTCCCTGT AATACACTTTAGGAGAAAAATA	104-158	6
HAUT27	27	TTTTATGTTCAATTTTTGACTGG AACTGCTGAAATCTCCATCTTA	120-158	6
HEL13	11	TAAGGACTTGAGATAAGGAG CCATCTACCTCCATCTTAAC	178-200	7
HEL9	8	CCCATTCAAGTCTTCAGAGGT CACATCCATGTTCTCACCAC	141-173	7
ILSTS011	14	GCTTGCTACATGGAAAGTGC CTAAAATGCAGAGCCCTACC	261-271	8
ILSTS006	7	TGCTGTATTTCTGCTGTGG ACACGGAAGCGATCTAAACG	277-309	9
INRA23	3	GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTCTAACTACAGGGTGTAGAT GAACTC	195-225	1 0
INRA32	11	AAACTGTATTCTCTAATAGCTACGCAAGACATATCTCCATTCT TT	160-204	1 0
INRA35	16	ATCCTTTGCAGCCTCCACATTGTTGTGCTTTATGACACTATCCG	100-124	1 0
INRA37	10	GATCCTGCTTATATTTAACCACAAAATTCCATGGAGAGAGAAAC	112-148	1 0
INRA63	18	ATTTGCACAAGCTAAATCTAACCAAACCACAGAAATGCTTGGA AG	167-189	1 0
MM12	9	CAAGACAGGTGTTTCAATCT ATCGACTCTGGGGATGATGT	101-145	1 1
SPS115	15	AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAGAACGAGTGTCTAGTTTGGC TGTG	234-258	2
TGLA122	21	CCCTCCTCCAGGTAAATCAGCAATCACATGGCAAATAAGTACAT AC	136-184	3
TGLA227	18	CGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCTACAGACAGAACTCAATGA AAGCA	75-105	1 2
TGLA53	16	GCTTTCAGAAATAGTTTGCATTCAATCTTCACATGATATTACAG CAGA	143-191	1 2
1 (Bishop y col 1994); 2 (Moore y col 1994); 3 (Barendse y col 1994) ; 4 (Solinas Toldo y col 1993) ; 5 (Steffen y col 1993) ; 6 (Thieven y col 1997) ; 7 (Kaukinen y Varvio, 1993); 8 (Brezinsky y col 1993a) ; (Brezinsky y col 1993b); ; 10 (Vaiman y col 1994) ; 11 (Mommens y col 1994) ; 12 (Kappes y col 1997)				

Tabla 6: Condiciones de amplificación de los microsátélites.

Nombre	Múltiplex	Temperatura de anillamiento	Gel de amplificación	Colorante	Color
BM1314	M1	55°C	G1	HEX	Verde
BM1818	M2	55°C	G1	FAM	Azul
BM1824	M6	55°C	G3	NED	Amarillo
BM2113	M4	60°C	G2	FAM	Azul
BM8125	M2	55°C	G1	FAM	Azul
CRSM60	M3	55°C	G2	NED	Amarillo
CSSM66	M1	55°C	G1	HEX	Verde
ETH10	M1	55°C	G1	FAM	Azul
ETH185	M4	60°C	G2	NED	Amarillo
ETH225	M6	55°C	G3	NED	Amarillo
ETH3	M7	55°C	G3	FAM	Azul
HAUT24	M7	55°C	G3	NED	Amarillo
HAUT27	M5	55°C	G2	NED	Amarillo
HEL13	M5	55°C	G2	NED	Amarillo
HEL9	M3	55°C	G2	FAM	Azul
ILSTS011	M6	55°C	G3	HEX	Verde
ILSTS006	M3	55°C	G2	HEX	Verde
INRA23	M5	55°C	G2	HEX	Verde
INRA32	M2	55°C	G1	NED	Amarillo
INRA35	M6	55°C	G3	HEX	Verde
INRA37	M5	55°C	G2	HEX	Verde
INRA63	M3	55°C	G2	HEX	Verde
MM12	M2	55°C	G1	NED	Amarillo
SPS115	M4	60°C	G2	NED	Amarillo
TGLA122	M1	55°C	G1	FAM	Azul
TGLA227	M3	55°C	G2	HEX	Verde
TGLA53	M7	55°C	G3	HEX	Verde

5.3.2 Condiciones de amplificación de los microsatélites

La amplificación de los microsatélites se ha realizado utilizando el material y condiciones básicas siguientes:

5.3.2.1 Materiales

Tampón PCR 10X: 50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl PH=8. 1% Triton X-100 al 0.1%

MgCl₂ 2.5 mM

Desoxiribonucleótidos: dATP 25 mM, dCTP 25 mM, dGTP 25 mM, dTTP 25 mM (Farmacia)

Cebador Directo: 100 μM

Cebador Reverso: 100 μM

Taq DNA polimerasa: 5 U/μl (Promega)

Muestra: DNA obtenido

Aceite mineral (Sigma)

Agua ultrapura

Placas de 96 tubos de 0.2 ml Thermo-Fast[®]96 (Advanced Technologies)

Termociclador PTC-100 (MJ-Research)

5.3.2.2 Método

- a. Dispensar 5 μl de muestra en los pocillos de las placas de PCR.
- b. Preparar una solución que contenga: agua (4.5 μl por muestra) y los cebadores correspondientes (1 μl de cada uno por muestra). Poner 10 μl de esta solución en cada pocillo.
- c. Cubrir cada pocillo con 20 μl de aceite mineral.
- d. Calentar a 95 °C durante 10 minutos
- e. Preparar una solución que contenga: Tampón PCR 10X (3 μl por muestra), MgCl₂ 1 μl, dNTPs (0.2 μl por muestra), DNA polimerasa (0.2 μl por muestra) y el agua necesaria para completar un volumen de 10 μl por muestra.
- f. Añadir 10 μl de la solución de polimerasa en cada pocillo.
- g. Realizar 35 ciclos: 95 °C/30 segundos, T.A./45 segundos, 72 °C/30 segundos

- h. Mantener a 72 °C durante 10 minutos
- i. Conservación a –20 °C hasta posterior procesamiento.

5.3.3 Detección del polimorfismo mediante geles de poliacrilamida

5.3.3.1 Elaboración del gel

Para realizar la separación por tamaños de los fragmentos obtenidos mediante la PCR se han sometido éstos a una electroforesis en gel de poliacrilamida en un secuenciador automático ABI Prism 377 (Applied Biosystems/Perkin Elmer, Foster City, CA, USA).

Para la preparación del gel se ha utilizado el kit Reprogel 377 (Amersham Pharmacia Biotech) siguiendo las recomendaciones del fabricante.

5.3.3.2 Electroforesis y tipificación de las muestras

Las muestras resultantes de la PCR se han mezclado de forma que se pudieran analizar en cada gel varios microsatélites. De esta manera, para analizar los 27 microsatélites en cada muestra, se han realizado tres geles con los productos de la amplificación de las distintas reacciones de la siguiente manera: M1+M2 en la primera, M3+M4+ M5 en la segunda y M6+M7 en la tercera (tabla 7).

Para cargar el gel se han tomado 1.5 µl de la mezcla correspondiente y se le han añadido 3 µl del tampón de carga (1000 µl de formamida desionizada, 200 µl de azul dextrano y 100 µl del estándar de tamaños Genescan 400HD-ROX). Se han desnaturalizado las muestras calentando a 95 °C durante 2 minutos y se cargaron 3.5 µl de las mismas en el gel. La electroforesis ha durado aproximadamente 2 horas, transcurridas las cuales se ha procedido a la tipificación de las muestras.

Con el programa Genescan Analysis (Genescan 672 v.3.1.2) se han analizado los datos obtenidos con el secuenciador automático. El programa Genescan Analysis construye curvas de regresión en función de los tamaños del estándar y asigna a cada banda problema, el tamaño en función de dichas curvas. El estándar de tamaños utilizado es Genescan 400HD-ROX, útil para calcular tamaños de fragmentos entre 50 y 400 nucleótidos. Este estándar está formado por fragmentos de tamaño conocido (50, 60, 90, 100, 120, 150, 160, 180, 190, 200, 220, 240, 260, 280, 290, 300, 320, 340, 360 y 400) marcados con ROX. Una vez que se tiene el tamaño de cada banda se procede a seleccionar aquellas que representen un alelo y a descartar las secundarias e inespecíficas. Esta labor entraña cierta dificultad en algunos marcadores pues el efecto de bandas sombras o tartamudas es característico de microsatélites cuya variación se basa en repeticiones de grupos de dos bases

como es el caso de los que se han tipificado en este trabajo. El criterio seguido en este caso fue el de observar las gráficas de densitometría de cada grupo de bandas y seleccionar el pico correspondiente al fragmento de mayor longitud del grupo de fragmentos que componen el alelo y que suele coincidir con el de mayor intensidad de señal. Mediante el programa Genotyper 3.7 NT, se han analizado las gráficas de las bandas obtenidas con el programa Genescan y se han identificado los diferentes alelos presentes en cada uno de los microsatélites.

5.4 Análisis Estadístico y Software Utilizado

Para el cálculo de las frecuencias alélicas y genotípicas de cada locus y la prueba de equilibrio HW, según Guo y Thompson (1992) con el algoritmo en Cadena de Monte Carlo Markov, se ha utilizado el programa informático GENEPOP versión 3.1c (Raymond y Rousset 1995).

La heterocigocidad observada y esperada, los estadísticos F, el G_{st}, el análisis factorial de correspondencias múltiples y el valor de *F_{is}* por población con intervalo de confianza se ha realizado con el programa GENETIX V. 4.05 (Belkhir y col 2003). La heterocigosis entre poblaciones se comparó mediante el test para proporciones, asumiendo normalidad según el teorema central del límite (Devore 1992), donde el estadístico es:

$$Z = \frac{(\hat{p}_1 - \hat{p}_2) - (p_1 - p_2)}{\sqrt{\hat{p}(1 - \hat{p})\left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}\right)}}$$

Siendo

n_1 = tamaño de muestra de NOA

n_2 = tamaño de muestra de PAT

\hat{p}_1 = heterocigosis NOA

\hat{p}_2 = heterocigosis PAT y

$$\hat{p} = \frac{\hat{p}_1 n_1 + \hat{p}_2 n_2}{n_1 + n_2}$$

Los valores de *PIC* se han calculado mediante la fórmula de Botstein y col (1980) con el complemento The Excel Microsatellite Toolkit (Park 2001), utilizando el programa MS EXCEL 2000.

Se han calculado las distancias genéticas: D_{SA} (distancia individual), D_S (Nei 1972) y D_A de Nei y col. (1983) sugeridas por Takezaki y col (1996), de Reynolds D_R (1983) y de Cavalli Sforza D_C (1967). Con las matrices de distancia se han construido árboles de distancia que reflejan las relaciones genéticas entre las poblaciones bovinas, con el paquete Populations 1.2.28 (Olivier Langella, <http://www.cnrs-gif.fr/pge/bioinfo/populations/>). Los árboles de distancia se han visualizado con el programa Treeview (Page 1996).

Con el programa Structure (Pritchard y col. 2000), se han realizado dos análisis. El primero ha sido la asignación de los individuos a cluster relacionando a los individuos más parecidos genéticamente utilizando un algoritmo bayesiano que emplea un modelo basado en el 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 un individuo tiene de las poblaciones parentales. Se ha utilizado un periodo de burn-in de 100.000 repeticiones y 1.200.000 iteraciones. El segundo análisis ha consistido en determinar la homogeneidad genética de las poblaciones estudiadas, comparando solo al PAT y al NOA con 27 marcadores y luego a las 10 agrupaciones raciales con 24 marcadores.

V. RESULTADOS

1. Descripción de caracteres productivos y/o funcionales del bovino Criollo Patagónico

1.1 Temperamento

La población en conjunto tiene hábitos gregarios, es decir que permanecen en grupo y se resisten a mezclarse con animales de otras razas o grupos. Se describe el temperamento de la población Criolla Patagónica según una escala de cinco puntos que califica el temperamento. El 74 % de los machos y el 74 % de las hembras han resultado calificados en las categorías 1, 2 y 3, (Aceptables) mientras que el 26 % restante en ambos casos, fueron calificados como 4 y 5 (Riesgo) (Tabla 7). Los valores observados en machos y en hembras son similares, solo existe una pequeña diferencia en la frecuencia de los animales de la categoría 1 (manso), donde los machos presentaron mayor frecuencia que las hembras.

Tabla 7: Calificación por temperamento

CATEGORÍA	HEMBRAS		MACHOS		ACEPTABLE/ RIESGOSO
	Cantidad	Frecuencia	Cantidad	Frecuencia	
1	9	0.08	5	0.16	A
2	31	0.27	8	0.26	A
3	45	0.40	10	0.32	A
4	24	0.21	6	0.19	R
5	6	0.05	2	0.06	R
Total	115		31		

1.2 Facilidad de parto y cuidado de las crías

Las dificultades de las vacas para parir sus crías en las explotaciones extensivas es una característica determinante para la viabilidad económica de la empresa. Los problemas al parto pueden ocasionar la pérdida del vientre y/o la cría o condicionar el futuro desarrollo de las crías o el futuro reproductivo del vientre por alguna lesión irreversible. Desde la formación del rodeo de conservación *ex-situ* de bovino Criollo Patagónico, se han registrado hasta la actualidad un total de 261 nacimientos (Tabla 8), no observándose ningún caso de distocia. Estos resultados confirman lo observado en un ensayo realizado en el establecimiento 9 de Julio en la localidad de El Calafate, provincia de Santa Cruz. Allí, se tomaron al azar dos grupos de vaquillonas de raza Hereford y a

uno de los grupos se les dio servicio con un toro de la misma raza y al otro grupo se les dio servicio con un toro Criollo de origen patagónico, obteniéndose los resultados que se muestran en la Tabla 9 (Martínez y Rodríguez 1995)

Tabla 8: Nacimientos registrados sin partos distócicos

AÑO	MACHOS	HEMBRAS	TOTAL
96-97	12	17	29
98-99	11	8	19
2000-01	20	32	52
2003-04	53	41	94
2005	31	36	67
TOTAL	127	134	261

Tabla 9: Entore de vaquillonas. Comparación Criollo vs. Hereford

	H x H	C x H	Total
Numero de vaquillonas	17	17	34
Numero de vaquillonas paridas	14	17	31
Vaquillona y ternero muerto en el parto	3	-----	3
Terberos muertos	1	-----	1
Terberos logrados vivos	10	17	27

Si bien el ensayo es parcial, puesto que se utilizó solo un toro, los resultados son elocuentes a favor de la reducción de la incidencia de partos distócicos y de la mortalidad perinatal como producto de la utilización del toro Criollo. Tomando las vaquillonas paridas, el porcentaje de partos distócicos en el grupo H x H fue de un 28 %, mientras que en el H x C fue 0 % y se obtuvieron 3 terneros más. El comportamiento de las vacas respecto del cuidado de sus crías es variable, hay hembras que están permanentemente pendientes de sus crías, mientras que otras mantienen cierta indiferencia respecto de las mismas. Algunas vacas aceptan amamantar crías que no son propias, mientras que otras no. Desde el inicio del rodeo tampoco se han detectado pérdidas de terneros predestete, lo cual destaca la aptitud materna de las vacas en el cuidado de sus crías, esta observación coincide con lo descrito por Holgado y col (1988) en el bovino Criollo de NOA donde se registraron pérdidas predestetes menores al 3 %. Una particularidad observable en el campo es que la vaca nunca se aleja de su cría como suele ocurrir en otras razas de ganado para carne.

1.3 Peso a distintas edades

Se ha observado una gran variabilidad en el peso de los animales a distintas edades. Debido al proceso de formación del plantel y a que hasta el año 2006 no se pudieron estabilizar los servicios en la primavera-verano, los nacimientos han tenido lugar en diferentes épocas del año. Este hecho afecta principalmente al desarrollo de los terneros, siendo los nacidos en el invierno-primavera, los más pesados en el momento del destete, mientras que los nacidos durante el verano-otoño, han presentado menor desarrollo, observándose esta característica independientemente del sexo del animal. En la Tabla 10, se muestran pesos promedio al nacimiento y al destete registrado en distintas épocas del año.

Tabla 10: Pesos Promedio en Criollos Patagónicos

	PESO AL NACIMIENTO		PESO AL DESTETE	
	HEMBRAS	MACHOS	HEMBRAS	MACHOS
N	14	10	20	17
PROMEDIO	25.07	25.44	152.33	160.25
D.S	6.26	2.60	21.27	18.25
C.V	0.25	0.10	0.13	0.11

Se ha observado también mucha variabilidad en el peso de los animales adultos (mayores de 1095 días). El promedio en vacas ha sido de 427 Kg. y en toros de 592 Kg.

1.4 Reproducción y Longevidad

1.4.1 Ciclo Estral

Se ha normalizado el ciclo de acuerdo a la concentración de P4, las imágenes de ecografía y la observación visual de celos. Los datos se expresan como promedios \pm desvío estándar de las observaciones. La duración del ciclo estimado fue de 21.5 ± 1.1677 días. La concentración máxima de P4 fue de 17.7 ± 5.1826 nmol.l⁻¹ y ocurrió en día 14.7 ± 1.6012 del ciclo. La concentración de P4 se mantuvo en niveles superiores a 3.14 nmol.l⁻¹ entre los días 4.6 ± 0.8697 y 18.9 ± 1.1751 del ciclo, lo que corresponde a una fase luteal efectiva de 14.3 ± 2.0159 días. La concentración de P4 aumentó hasta el día 14.8 ± 1.5892 con una pendiente de 1.17 ± 0.3997 nmol.l⁻¹.dia⁻¹. De las 25 ovulaciones observadas, 13 (52%) correspondieron al ovario derecho y 12 (48%) al izquierdo. Los

folículos entre los días -3 y 0 con respecto a la ovulación midieron 10.5 ± 3.1673 mm. Se observaron 5 (20%) cuerpos lúteos (CL) con cavidades de hasta 11mm. Se halló una correlación de 0.5795 ($p < 0.001$) entre concentración de P4 y tamaño estimado de CL. Se concluye que fisiológicamente y para la aplicación de biotécnicas, el ciclo estral de las vacas de Raza Criolla Argentina de origen Patagónico es similar al de las otras razas de *Bos taurus*. (Carou y col 2001).

1.4.2 Inseminación a Tiempo Fijo

Con la inseminación artificial a tiempo fijo (IATF) se alcanzan los mismos resultados de preñez que con un protocolo de inseminación tradicional, economizando tiempo y esfuerzos. El ganado bovino Criollo Patagónico presenta una fisiología reproductiva similar a la de otras razas *Bos taurus* y es por lo tanto susceptible de ser sometido a un protocolo de sincronización de celo e inseminación a tiempo fijo (IATF) sin detección de celo. En un campo en Chascomús provincia de Buenos Aires, con 60 hembras Criollas Patagónicas con cría al pie, en regular condición física, se ha sincronizado el celo con un dispositivo intravaginal que contiene un gramo de progesterona (DIB) que se ha insertado (día 0) y se ha dejado colocado durante 8 días. El mismo día se ha administrado a cada vaca 2 mg de benzoato de estradiol (BE). El día 8 se ha retirado el dispositivo y se ha inyectado cloprosfenol y 500 UI de PMSG. El día 9 se ha administrado un mg de BE y el día 10 se ha inseminado las vacas, 52/55 horas después se retiro el DIB. Se han utilizado 6 toros a razón de uno cada 10 vacas. El diagnóstico de preñez se ha realizado por palpación rectal 60 días mas tarde y se ha obtenido un porcentaje de preñez del 40 %, similar al que se obtiene con otras razas de bovinos. Es por lo tanto posible aplicar este protocolo a vacas Criollas Patagónicas (Mareco y col 2005).

1.4.3 Longevidad

La longevidad de los vientres se ve condicionada principalmente por el desgaste dental, que a determinada edad no les permite alimentarse adecuadamente. La edad en que las vacas dejan de producir debido al desgaste dental es muy variable, por ejemplo hay vacas que a la misma edad (12 años) (Figura 9), presentan diferencias notables en el desgaste dental. En este caso la vaca 3084, podrá seguir produciendo algunos años más, mientras que la 3078 debe ser descartada de forma inmediata. Hasta el momento la vaca más joven que fue descartada por desgaste dental tenía una edad de 14 años, mientras que la mas longeva, aún permanece en el plantel con 20 años de edad y a punto de parir.

Figura 9: Estado dental de dos vacas de 12 años de edad



2. Descripción Morfológica del Bovino Criollo Patagónico

2.1 Descripción Cualitativa

2.1.1 Pelajes



Figura 10: Madre e hija colorado mascarita

El bovino Criollo Patagónico, debido a su condición de asilvestramiento y cría libre puede asegurarse que no ha sido seleccionado por el color de su pelaje, este hecho hace que se encuentre una gran variedad. En las 115 hembras descritas (Figura 10), se han encontrado en total 34 variantes, las más frecuentes (87.82 %) han sido las que tienen como base el pelaje colorado y dentro de estas el pelaje colorado entero (21.78 % del total de base colorada). Los animales que han presentado variantes del pelaje negro fueron minoritarios con solo un 3.47 % del total y un 8.69 % del total tienen como base el color blanco (Tabla 11).

En los 31 machos descritos (Figura 11), se han encontrado 16 variantes, siendo las más frecuentes las que presentan como base el pelaje colorado (90.32 %) y dentro de estas el colorado azotado y sus variantes (50.00 %). El 9.67 % restante, ha presentado como base el pelo negro, observándose la ausencia de pelajes con base de color blanco. Se han encontrado 5 variantes (CABS), (P), (A), (AA) y (NBB), que no han sido descritas en las hembras (Tabla 12).

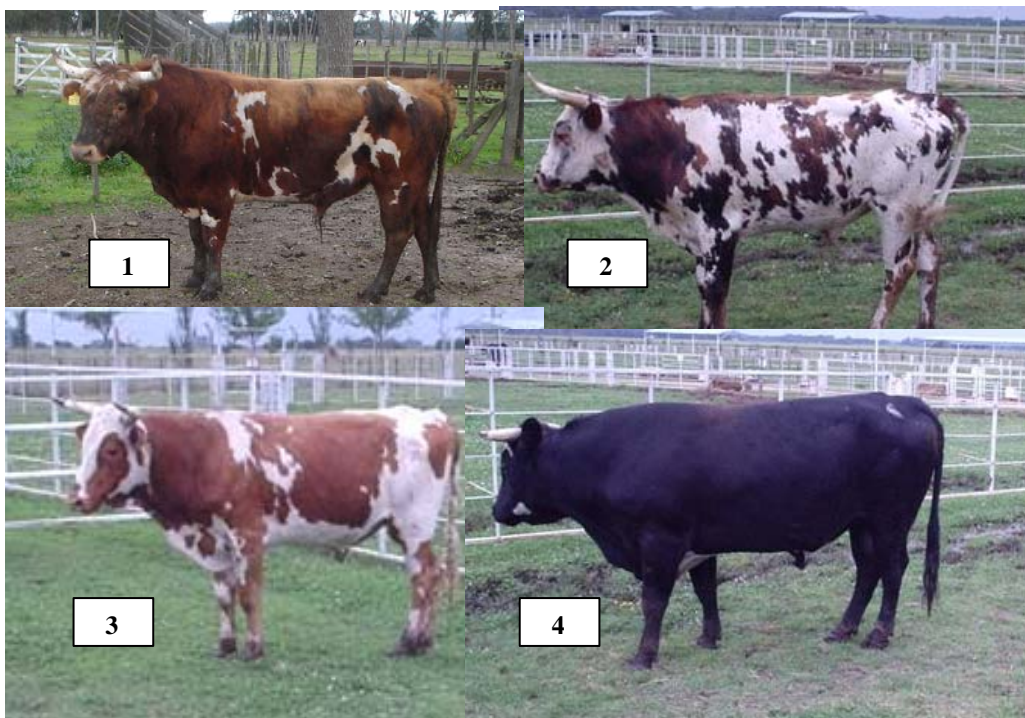
Tabla 11: Frecuencia de pelajes en las hembras PAT

PELAJE	SERIE	ABREVIATURA	FRECUENCIA
COLORADO	C O L O R A D O	C	22
COLORADO AZOTADO		CA	10
COLORADO AZOTADO BARRIGA BLANCA		CABB	2
COLORADO AZOTADO MASCARITA		CAM	1
COLORADO AZOTADO MASCARITA BARRIGA BLANCA		CAMBB	1
COLORADO AZOTADO OVERO		CAO	4
COLORADO AZOTADO PAMPA		CAP	1
COLORADO BARRIGA BLANCA		CBB	6
COLORADO FRONTINO		CF	4
COLORADO FRONTINO BARRIGA BLANCA		CBF	1
COLORADO MASCARITA		CM	5
COLORADO MASCARITA BARRIGA BLANCA		CMBB	1
COLORADO MASCARITA PATAS BLANCAS		CMPB	2
COLORADO OVERO		CO	4
COLORADO PAMPA		CP	2
DORADILLO		D	3
DORADILLO AZOTADO		DA	6
DORADILLO AZOTADO MASCARITA		DAM	4
DORADILLO BARRIGA SALPICADA		DBS	1
DORADILLO FRONTINO		DF	4
DORADILLO MASCARITA		DM	1
DORADILLO OVERO		DO	1
DORADILLO OVERO AZOTADO		DOA	2
HOSCO		H	6
HOSCO BARRIGA BLANCA		HBB	1
HOSCO MASC BARRIGA BLANCA		HMBB	2
HOSCO MASCARITA		HM	1
HOSCO OVERO		HO	3
NEGRO		N E G R O	N
NEGRO MASCARITA		NM	3
BLANCO AZULEJO	B L A N C O	BA	1
BLANCO MANCHADO		BM	1
BLANCO OREJINEGRO		BO	1
ROSILLO		R	7

Tabla 12: Frecuencia de pelajes en los machos

PELAJE	SERIE	ABREVIATURA	FRECUENCIA	
COLORADO	C O L O R A D O	C	1	
COLORADO AZOTADO		CA	6	
COLORADO AZOTADO OVERO		CAO	2	
COLORADO AZOTADO BARRIGA BLANCA		CABB	4	
COLORADO AZOTADO BARRIGA SALPICADA		CABS	2	
COLORADO MASCARITA		CM	1	
COLORADO AZOTADO MASCARITA		CAM	1	
POROTILLO		P	1	
DORADILLO OVERO		DO	2	
DORADILLO AZOTADO		DA	2	
AHUMADO		A	1	
AHUMADO AZOTADO		AA	1	
HOSCO		H	3	
HOSCO OVERO		HO	1	
NEGRO MASCARITA		N E G R O	NM	2
NEGRO BARRIGA BLANCA			NBB	1

Figura 11: Toros patagónicos de distintos pelajes 1. Azotado overo 2. Porotillo 3. Overo colorado (clavel) 4. Negro



2.1.2 Color de hocico

Tanto en hembras como en machos se ha detectado una mayor frecuencia de individuos de hocico pintado (el 70 % en ambos casos). En segundo lugar se encuentran los de hocico negro (Tabla 13).

Tabla 13: Color de hocico

	HOCICO			
	NEGRO	PINTADO	BLANCO	TOTAL
MACHOS	8	22	1	31
HEMBRAS	22	81	12	115
TOTAL	30	103	13	146

2.1.3 Color de la punta de los cuernos

Se ha observado un predominio del color de cuernos marrón tanto en machos (70 %), como en hembras (79 %) (Figura 12 y Tabla 14).

Figura 12: Distintas formas de cuernos con color de puntas marrón y hocico pintado.



Tabla 14: Color de la punta de los cuernos.

	CUERNOS		
	MARRON	NEGRO	TOTAL
MACHOS	22	9	31
HEMBRAS	90	25	115
TOTAL	113	34	146

Tabla 15: Estadísticos descriptivos de la edad en días en machos y hembras PAT

ESTADÍSTICOS	MACHOS	HEMBRAS
N	31	115
MEDIA	1533.65	2125.53
DESVÍO ESTÁNDAR	463.58	885.20
C.V	30.22	41.64
MÍNIMO	1098	1065
MÁXIMO	2545	4777

Tabla 16: Estimación de Parámetros para AC

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	25.57	0.68	37.58	<.0001
Edad	1	-1.26 E-05	0.0003	-0.04	0.9679

Tabla 17 : Estimación de Parámetros para LC

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	47.51	0.56	84.46	<.0001
Edad	1	0.001	0.0002	6.29	<.0001

En la tabla 18, se muestran los estadísticos descriptivos de posición y dispersión para las variables que describen la cabeza en la base PAT total, en la tabla 19 para las hembras y en la tabla 20 para los machos. Los machos muestran medias más altas que las hembras en las dos variables (en promedio tienen la cabeza más grande). También el coeficiente de variación es mayor en los

machos para las dos variables, lo que indica que las dimensiones de la cabeza en las hembras presentan mayor homogeneidad.

Tabla 18: Estadística descriptiva de las variables (base patagónica total)

ESTADÍSTICOS	AC (cm)	LC (cm)
N	146	146
MEDIA	25.54	50.77
DESVÍO ESTÁNDAR	3.19	2.63
C.V	12.48	5.19
MÍNIMO	21.00	43.43
MÁXIMO	38.00	61.11

Tabla 19: Estadística descriptiva de las variables (hembras PAT)

ESTADÍSTICOS	AC (cm)	LC (cm)
N	115	115
MEDIA	24.24	50.30
DESVÍO ESTÁNDAR	1.52	2.08
C.V	6.29	4.14
MÍNIMO	21.00	43.43
MÁXIMO	29.00	55.62

Tabla 20: Estadística descriptiva de las variables (machos PAT)

ESTADÍSTICOS	AC (cm)	LC (cm)
N	31	31
MEDIA	30.38	52.50
DESVÍO ESTÁNDAR	3.10	3.63
C.V	10.22	6.91
MÍNIMO	26.00	45.27
MÁXIMO	38.00	61.11

Para confirmar si las diferencias observadas en las medias de las mediciones de la cabeza entre machos y hembras son significativas, se compararon mediante ANOVA a un nivel de significación del 5 % (tablas 21 y 22). Los resultados muestran que ambas medidas AC y LC difieren

significativamente entre sexos, lo cual indica la existencia de dimorfismo sexual para las medidas de la cabeza en los animales de este origen.

Tabla 21: ANOVA entre sexos para AC

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	921.62	921.62	239.32	<.0001
Error	144	554.53	3.85		
Total	145	1476.16			

Tabla 22: ANOVA entre sexos para LC

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	117.44	117.44	18.98	<.0001
Error	144	891.18	6.18		
Total	145	1008.63			

2.2.2 Tronco

Para determinar si la edad de los animales al momento de realizar las mediciones influyó sobre la magnitud de las variables que describen la morfología del tronco (PT, LT, ACR, AG, AAG APG y LG), se realizaron las regresiones correspondientes, cuya estimación, error estándar y significado estadístico, se observan en las tablas 23, 24, 25, 26, 27, 28 y 29 respectivamente. Las siete resultaron significativas, por lo cual a todas se les realizó el ajuste correspondiente. Con las variables ajustadas se realizaron nuevamente las regresiones y resultaron no significativas, por lo cual se considera que la metodología aplicada para eliminar el efecto de la edad ha sido adecuada para el rango de edades de los animales PAT

Tabla 23: Estimación de Parámetros para PT

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
O. al Origen	1	156.10	2.44	63.77	<.0001
Edad	1	0.006	0.001	5.83	<.0001

Tabla 24 :Estimación de Parámetros para LT

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
O. al Origen	1	149.38	2.50	59.67	<.0001
Edad	1	0.004	0.001	4.18	<.0001

Tabla 25: Estimación de Parámetros para ACR

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
O. al Origen	1	119.91	1.11	107.51	<.0001
Edad	1	0.001	0.0005	2.57	0.0113

Tabla 26: Estimación de Parámetros para AG

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
O. al Origen	1	120.93	0.99	121.35	<.0001
Edad	1	0.001	0.0004	4.27	<.0001

Tabla 27: Estimación de Parámetros para AAG

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
O. al Origen	1	46.00	0.92	49.58	<.0001
Edad	1	0.003	0.0004	8.06	<.0001

Tabla 28: Estimación de Parámetros para APG

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
O. al Origen	1	14.04	0.36	38.33	<.0001
Edad	1	0,001	0.0001	6.43	<.0001

Tabla 29: Estimación de Parámetros para LG

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
O. al Origen	1	48.51	0.71	67.82	<.0001
Edad	1	0.002	0.0003	7.22	<.0001

En la tabla 30 se muestran los estadísticos descriptivos de posición y dispersión para cada una de las variables del tronco en la base de datos patagónica total, en la tabla 31 para las hembras y en la tabla 32 para los machos. Estos últimos presentan todas las medidas del tronco mayores que las hembras con excepción del AAG y el APG que son mayores en las hembras. El coeficiente de variación (CV), para todas las variables ha sido mayor en machos que en hembras, lo cual denota mayor homogeneidad zoométrica en las hembras que en los machos.

Tabla 30: Estadística descriptiva de las variables (en cm) (base patagónica total)

	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	146	146	146	146	146	146	146
MEDIA	169.23	159.03	122.55	124.85	52.89	16.21	53.26
SD	11.47	11.73	5.22	4.67	4.34	1.71	3.35
C.V	6.78	7.37	4.26	3.74	8.22	10.59	6.29
MIN	140.95	131.30	112.18	114.74	41.91	12.00	46.96
MAX	202.52	198.29	135.62	137.93	62.96	22.80	64.12

PT= Perímetro Torácico; LT= Largo Total; ACR= Alzada a la Cruz; AG= Alzada a la Grupa; AAG= Ancho Anterior de la Grupa; APG= Ancho Posterior de la Grupa; LG= Largo de la Grupa.

Tabla 31: Estadística descriptiva de las variables (en cm) (hembras PAT)

	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	115	115	115	115	115	115	115
MEDIA	167.28	158.04	122.22	124.37	53.25	16.16	52.92
SD	9.10	9.82	4.62	4.06	4.01	1.57	2.64
C.V	5.41	6.21	3.78	3.26	7.54	9.73	4.99
MIN	140.95	134.98	112.31	115.43	41.91	12.00	46.96
MAX	194.61	177.74	133.91	133.98	62.96	20.97	59.07

PT= Perímetro Torácico; LT= Largo Total; ACR= Alzada a la Cruz; AG= Alzada a la Grupa; AAG= Ancho Anterior de la Grupa; APG= Ancho Posterior de la Grupa; LG= Largo de la Grupa.

Tabla 32: Estadística descriptiva de las variables (en cm) (machos PAT)

	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	31	31	31	31	31	31	31
MEDIA	176.48	162.70	123.77	126.65	51.54	16.40	54.52
SD	15.89	16.77	6.99	6.20	5.26	2.19	5.07
C.V	9.00	10.30	5.65	4.89	10.22	13.35	9.30
MIN	155.85	131.30	112.18	114.74	43.40	12.81	48.09
MAX	202.52	198.29	135.62	137.93	61.63	22.80	64.12

PT= Perímetro Torácico; LT= Largo Total; ACR= Alzada a la Cruz; AG= Alzada a la Grupa; AAG= Ancho Anterior de la Grupa; APG= Ancho Posterior de la Grupa; LG= Largo de la Grupa.

Para confirmar si las diferencias observadas en las medias de las mediciones del tronco entre machos y hembras son significativas, se compararon mediante ANOVA (Tablas 33, 34, 35, 36, 37, 38 y 39). ACR, AAG y APG resultaron no significativas mientras que PT, LT, AG y LG mostraron diferencias significativas entre sexos, lo cual indica la existencia de dimorfismo sexual para estas cuatro medidas del tronco en los animales de este origen.

Tabla 33: ANOVA entre sexos para PT

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	2064.55	2064.55	17.46	<.0001
Error	144	17030.29	118.26		
Total	145	19094.85			

Tabla 34: ANOVA entre sexos para LT

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	529.00	529.00	3.92	0.0497
Error	144	19444.20	135.02		
Total	145	19973.21			

Tabla 35: ANOVA entre sexos para ACR

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	58.68	58.68	2.16	0.1435
Error	144	3906.06	27.12		
Total	145	3964.74			

Tabla 36: ANOVA entre sexos para AG

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	127.41	127.41	6.04	0.0152
Error	144	3038.00	21.09		
Total	145	3165.41			

Tabla 37: ANOVA entre sexos para AAG

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	71.71	71.71	3.86	0.0512
Error	144	2671.97	18.55		
Total	145	2743.68			

Tabla 38: ANOVA entre sexos para APG

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	1.42	1.42	0.48	0.4896
Error	144	426.65	2.96		
Total	145	428.07			

Tabla 39: ANOVA entre sexos para LG

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	62.54	62,40	5.74	0.0178
Error	144	1568.38	10.89		
Total	145	1630.92			

3. Descripción morfológica del Bovino Criollo NOA

3.1 Cualitativa

3.1.1 Pelajes

Tanto el INTA como la AACGBC, desde la formación de los primeros planteles de la raza, hasta la actualidad han considerado que la variabilidad de los pelajes es un signo de pureza y tipicidad racial por lo cual nunca han seleccionado a sus animales por el color de su pelaje, este hecho favorece la expresión de todas las variantes posibles. En las 80 hembras descritas, se han encontrado en total 25 variantes, las más frecuentes (77.50 %) han sido las que tienen como base el pelaje colorado y dentro de estas el hosco (25.80 %). Las que han presentado variantes del pelaje negro han sido minoritarias con solo un 3.44 % del total y las que tienen como base el color blanco, el 8.62 % (tabla 40).

Tabla 40: Frecuencia de pelajes en las hembras NOA

PELAJE	SERIE	ABREVIATURA	FRECUENCIA
COLORADO	C O L O R A D O	C	2
COLORADO OVERO		CO	3
COLORADO BARRIGA BLANCA		CBB	1
COLORADO YAGUANE		CY	1
COLORADO ANCA NEVADA		CAN	1
HOSCO		H	16
HOSCO OVERO		HO	6
HOSCO SALPICADO		HS	2
HOSCO BARRIGA BLANCA		HBB	2
DORADILLO		D	8
DORADILLO OVERO		DO	9
DORADILLO YAGUANE		DY	2
DORADILLO SALPICADO		DS	4
DORADILLO MASCARITA		DM	2
DORADILLO ANCA NEVADA		DAN	1
DORADILLO AZOTADO		DA	1
BAYO AZOTADO		BYA	1
AHUMADO		AH	4
POROTILLO		P	6
NEGRO		NEGRO	N
NEGRO OVERO	NO		1
NEGRO YAGUANE	NY		1
BLANCO	BLANCO	B	1
BLANCO MANCHADO		BM	1
ROSILLO		R	2

En los 33 machos descritos, se encontraron 18 variantes, siendo las más frecuentes las que presentan como base el pelaje colorado (78.78 %) y dentro de estas el hosco y sus variantes (34.61 %). El 12.12 % ha presentado como base el pelo negro y el 9.09 % el pelaje blanco. Se encontraron 3 variantes (CA), (HAN) y (BY), que no han sido descritas en las hembras (Tabla 41).

Tabla 41: Frecuencia de pelajes en los machos NOA

PELAJE	BASE	ABREVIATURA	FRECUENCIA	
COLORADO	C O L O R A D O	C	1	
COLORADO OVERO		CO	3	
COLORADO AZOTADO		CA	1	
COLORADO BARRIGA BLANCA		CBB	1	
COLORADO YAGUANE		CY	1	
HOSCO		H	3	
HOSCO OVERO		HO	4	
HOSCO SALPICADO		HS	1	
HOSCO ANCA NEVADA		HAN	1	
DORADILLO		D	2	
DORADILLO OVERO		DO	3	
DORADILLO AZOTADO		DA	2	
BAYO		BY	1	
POROTILLO		P	2	
NEGRO		NEGRO	N	2
NEGRO OVERO			NO	2
BLANCO	BLANCO	B	2	
ROSILLO		R	1	

3.1.2 Color de Hocico NOA

En ambos sexos se ha detectado una mayor frecuencia de individuos de hocico negro (Machos = 48.48 % y Hembras = 61.25 %). En segundo lugar se han situado los de hocico pintado (Machos = 30.30 % y Hembras = 37.5 %) y en tercer lugar los de hocico blanco (Machos = 21.21 % y Hembras = 1.25 %) (Tabla 42).

Tabla 42: Color de hocico

	HOCICO			
	NEGRO	PINTADO	BLANCO	TOTAL
MACHOS	16	10	7	33
HEMBRAS	49	30	1	80
TOTAL	65	40	8	113

3.1.3 Color de la punta de los cuernos NOA

La frecuencia del color de la punta de los cuernos ha sido similar para ambos sexos, aunque en machos el color predominante ha sido el marrón (54.54 %) y en las hembras el color negro (52.50 %) (Tabla 43).

Tabla 43: Color de la punta de los cuernos.

	CUERNOS		
	MARRÓN	NEGRO	TOTAL
MACHOS	18	15	33
HEMBRAS	38	42	80
TOTAL	56	57	113

3.2 Descripción Cuantitativa

3.2.1 Cabeza

La tabla 44 muestra la edad promedio de los machos y las hembras del NOA al momento de realizar las mediciones, cuya media general fue de 2660.32 días. Para determinar si la misma influyó sobre la magnitud de las variables que describen la morfología de la cabeza: AC y LC se realizaron las regresiones correspondientes, cuya estimación, error estándar y significado estadístico, se observan en las tablas 45 y 46 respectivamente. Ambas variables resultaron no significativas, por lo cual no fue necesario efectuar el ajuste correspondiente.

Tabla 44: Estadísticos descriptivos de la Edad en días de machos y hembras NOA

Estadísticos	MACHOS	HEMBRAS
N	33	80
MÍNIMO	1010	1280
MÁXIMO	4620	4613
MEDIA	2292.85	2811.91
DESVÍO ESTÁNDAR	1043.62	1038.76

Tabla 45: Estimación de Parámetros para AC

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	26.63	1.03	25.75	<.0001
Edad	1	0.0001	0.00	0.42	0.6738

Tabla 46: Estimación de Parámetros para LC

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	54.24	0.83	65	<.0001
Edad	1	0.0002	0.0002	0.82	0.4112

En la tabla 47, se muestran los estadísticos descriptivos de posición y dispersión para las variables que describen la cabeza en la base NOA total, en la tabla 48 para las hembras y en la tabla 49 para los machos. Las hembras presentaron en promedio menores dimensiones que los machos y también mostraron menores coeficientes de variación, lo cual indica mayor homogeneidad que los machos.

Tabla 47: Estadística descriptiva de las variables (base NOA total)

	AC (cm)	LC (cm)
N	113	113
MEDIA	27.03	54.88
DESVÍO ESTÁNDAR	4.04	3.27
C.V.	14.96	5.96
MÍNIMO	22.01	49.00
MÁXIMO	36.00	62.00

AC= Ancho de Cabeza; LC= Largo de Cabeza.

Tabla 48: Estadística descriptiva de las variables (hembras NOA)

	AC (cm)	LC (cm)
N	80	80
MEDIA	24.85	53.36
DESVÍO ESTÁNDAR	2.00	2.13
C.V.	8.07	4.00
MÍNIMO	22.00	50.00
MÁXIMO	29.00	58.00

AC= Ancho de Cabeza; LC= Largo de Cabeza.

Tabla 49: Estadística descriptiva de las variables (machos NOA)

	AC (cm)	LC (cm)
N	33	33
MEDIA	32.33	58.57
DESVÍO ESTÁNDAR	2.54	2.52
C.V.	7.87	4.31
MÍNIMO	27.00	52.00
MÁXIMO	36.00	62.00

AC= Ancho de Cabeza; LC= Largo de Cabeza

Para confirmar si las diferencias observadas en las medias de las mediciones de la cabeza entre machos y hembras son significativas, se compararon mediante ANOVA (Tablas 50 y 51). Los resultados muestran que ambas medidas AC y LC difieren significativamente entre sexos, lo cual indica la existencia de dimorfismo sexual para las medidas de la cabeza en los animales de este origen.

Tabla 50: ANOVA entre sexos para AC

Fuente de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	F	Pr > F
Modelo	1	1308.32	1308.32	276.34	<.0001
Error	111	525.53	4.73		
Total	112	1833.85			

Tabla 51: ANOVA entre sexos para LC

Fuente de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	F	Pr > F
Modelo	1	634.95	634.95	124.84	<.0001
Error	111	564.54	5.08		
Total	112	1199.50			

3.2.2 Tronco

Para determinar si la edad de los animales al momento de realizar las mediciones influyó sobre la magnitud de las variables que describen la morfología del tronco (PT, LT, ACR, AG, AAG, APG y

LG), se realizaron las regresiones correspondientes, cuya estimación, error estándar y significado estadístico, se observan en las tablas 52, 53, 54, 55, 56, 57 y 58 respectivamente. Solo dos (ACR y AAG), resultaron significativas, por lo cual a ambas se les realizó el ajuste correspondiente. Con las variables ajustadas se realizaron nuevamente las regresiones y ambas resultaron no significativas, por lo cual se considera que la metodología aplicada para eliminar el efecto de la edad ha sido adecuada para el rango de edades de los animales del NOA.

Tabla 52: Estimación de Parámetros para PT

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	189.85	3.40	55.80	<.0001
Edad	1	0,0002	0,001	0.24	0.8125

Tabla 53: Estimación de Parámetros para LT

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	171.81	2.91	58.89	<.0001
Edad	1	-0.0006	0.001	-0.59	0.5535

Tabla 54: Estimación de Parámetros para ACR

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	122.46	1.33	91.69	<.0001
Edad	1	0.001	0.0004	3.48	0.0007

Tabla 55: Estimación de Parámetros para AG

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	126.43	1.16	108.16	<.0001
Edad	1	0.0006	0.0004	1.54	0.1269

Tabla 56: Estimación de Parámetros para AAG

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	50.26	1.13	44.30	<.0001
Edad	1	0.001	0.0003	3.99	0.0001

Tabla 57: Estimación de Parámetros para APG

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	17.90	0.49	36.23	<.0001
Edad	1	0.0003	0.0001	1.83	0.0692

Tabla 58: Estimación de Parámetros para LG

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	53.60	1.03	51.73	<.0001
Edad	1	0.0005	0.0003	1.6	0.1117

En la tabla 59 se muestran los estadísticos descriptivos de posición y dispersión para cada una de las variables del tronco en la base de datos NOA total, en la tabla 60 para las hembras NOA y en la tabla 61 para los machos NOA.

Tabla 59: Estadística descriptiva de las variables (en cm) (base NOA total)

	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	113	113	113	113	113	113	113
MEDIA	190.61	170.21	126.79	128.11	54.47	18.75	55.15
DESV.EST	13.30	11.42	5.22	4.61	4.43	1.96	4.09
C.V.	6.98	6.71	4.11	3.60	8.14	10.46	7.42
MINIMO	169.00	145.00	111.77	115.00	45.62	14.00	46.00
MAXIMO	220.00	201.00	137.57	140.00	64.42	23.00	62.00

PT= Perímetro Torácico; LT= Largo Total; ACR= Alzada a la Cruz; AG= Alzada a la Grupa; AAG= Ancho Anterior de la Grupa; APG= Ancho Posterior de la Grupa; LG= Largo de la Grupa.

Tabla 60: Estadística descriptiva de las variables (en cm) (base hembras NOA)

	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	80	80	80	80	80	80	80
MEDIA	183.55	164.53	125.24	127.13	52.67	19.75	53.31
DESV.EST	7.39	6.52	4.95	4.59	3.72	1.26	3.32
C.V.	4.03	3.96	3.95	3.61	7.07	6.41	6.24
MÍNIMO	169.00	145.00	111.77	115.00	45.62	17.00	46.00
MÁXIMO	203.00	176.00	137.56	138.00	60.99	23.00	61.00

PT= Perímetro Torácico; LT= Largo Total; ACR= Alzada a la Cruz; AG= Alzada a la Grupa; AAG= Ancho Anterior de la Grupa; APG= Ancho Posterior de la Grupa; LG= Largo de la Grupa.

Tabla 61: Estadística descriptiva de las variables (en cm) (base machos NOA)

	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	33	33	33	33	33	33	33
MEDIA	207.73	183.97	130.53	130.48	58.85	16.33	59.60
DESV.EST	7.59	8.69	3.78	3.76	2.59	0.98	1.57
C.V.	3.65	4.72	2.89	2.88	4.40	6.05	2.65
MÍNIMO	191.00	162.00	122.11	124.00	52.90	14.00	56.00
MÁXIMO	220.00	201.00	135.52	140.00	64.42	18.00	62.00

PT= Perímetro Torácico; LT= Largo Total; ACR= Alzada a la Cruz; AG= Alzada a la Grupa; AAG= Ancho Anterior de la Grupa; APG= Ancho Posterior de la Grupa; LG= Largo de la Grupa.

Los machos presentaron todas las medidas del tronco mayores que las hembras con excepción del APG, que es mayor en las hembras. El coeficiente de variación (CV), para todas las variables ha sido mayor en hembras que en machos, con excepción de LT (Machos = 4.72; Hembras = 3.96), lo que indica una mayor homogeneidad zoométrica en los machos que en las hembras.

Para confirmar si las diferencias observadas en las medias de las mediciones del tronco entre machos y hembras son significativas, se compararon mediante ANOVA (Tablas 62, 63, 64, 65, 66, 67 y 68). Los resultados muestran que todas las variables difieren significativamente entre sexos, lo cual indica la existencia de dimorfismo sexual para las medidas del tronco en los animales de este origen.

Tabla 62: ANOVA entre sexos para PT

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	13656.52	13656.52	245.67	<.0001
Error	111	6170.345	55.58		
Total	112	19826.86			

Tabla 63: ANOVA entre sexos para LT

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	8827.72	8827.72	169.31	<.0001
Error	111	5787.64	52.14		
Total	112	14615.36			

Tabla 64: ANOVA entre sexos para ACR

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	654.99	654.99	30.31	<.0001
Error	111	2398.56	21.60		
Total	112	3053.55			

Tabla 65: ANOVA entre sexos para AG

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	263.73	263.73	13.78	0.0003
Error	111	2124.99	19.14		
Total	112	2388.72			

Tabla 66: ANOVA entre sexos para AAG

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	892.75	892.75	75.59	<.0001
Error	111	1310.94	11.81		
Total	112	2203.69			

Tabla 67: ANOVA entre sexos para APG

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	272.72	272.72	191.2	<.0001
Error	111	158.33	1.42		
Total	112	431.06			

Tabla 68: ANOVA entre sexos para LG

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	925.37	925.37	107.55	<.0001
Error	111	955.06	8.60		
Total	112	1880.44			

4. Comparación morfológica del criollo (Patagónico vs. NOA)

4.1 Comparación Cualitativa

4.1.1 Pelajes

En las 195 hembras de ambas poblaciones se describieron 46 variantes de pelajes, de las cuales 36 pertenecen a la serie del colorado (80.43 %), 4 a la serie del negro (8.69 %) y 5 a la serie del blanco (10.86 %). Del total de variantes descritas, las hembras PAT y NOA solo comparten 12 y si bien son similares los porcentajes de hembras dentro de cada serie para ambas poblaciones: Colorado (PAT = 87.82 %; NOA = 90 %), Negro (PAT = 3.47 %; NOA = 5 %) y blanco (PAT = 8.69 %; NOA=5 %), las variantes que intervienen en cada serie muestran valores distintos entre ambas poblaciones. Solo dos variantes pudieron ser testeadas mediante el test de Chi cuadrado (Colorado y Hosco), debido a que el número esperado de las demás variantes no superaba el valor de 5. Para estas dos variantes el test de Chi cuadrado para homogeneidad de proporciones entre las hembras de PAT y NOA arrojó un valor de 19.74 ($p < 0,01$) (tabla 69). Para comparar el resto de las variantes se utilizó el test de proporciones que sigue una distribución N (0;1) aproximada, el cual no mostró diferencias estadísticas significativas para ninguna variante (tabla 69)

En los 64 machos de ambas poblaciones se han descrito 27 variantes de pelajes, de estas, hay 21 que pertenecen a la serie del colorado (77.7 %), cuatro de la serie del negro (14.8 %) y dos de la

Tabla 69: Comparación de pelajes en hembras patagónicas y del NOA

SERIE	PELAJE	PAT	NOA	TOTAL		
C O L O R A D O	Test Chi Cuadrado				Valor χ^2	Sig. Estad.
	C	22	2	24		
	H	6	16	22		
	Test de Homogeneidad de proporciones				Valor Z_H	Sig. Estad.
	CA	10	0	10		
	CABB	2	0	2	0,03	NS
	CAM	1	0	1	0,02	NS
	CY	0	1	1	-0,03	NS
	CAN	0	1	1	-0,03	NS
	CAMBB	1	0	1	0,02	NS
	CAO	4	0	4	0,04	NS
	CAP	1	0	1	0,02	NS
	CBB	6	1	7	0,03	NS
	CF	4	0	4	0,04	NS
	CBF	1	0	1	0,02	NS
	CM	5	0	5	0,05	NS
	CMBB	1	0	1	0,02	NS
	CMPB	2	0	2	0,03	NS
	CO	4	3	7	0,00	NS
	CP	2	0	2	0,03	NS
	D	3	8	11	-0,04	NS
	DA	6	1	7	0,03	NS
	DAM	4	0	4	0,04	NS
	DBS	1	0	1	0,02	NS
	DF	4	0	4	0,04	NS
	DY	0	2	2	-0,04	NS
	DS	0	4	4	-0,05	NS
	DAN	0	1	1	-0,03	NS
	DM	1	2	3	-0,02	NS
	DO	1	9	10	-0,06	NS
DOA	2	0	2	0,03	NS	
BYA	0	1	1	-0,03	NS	
AH	0	4	4	-0,05	NS	
P	0	6	6	-0,07	NS	
HBB	1	2	3	-0,02	NS	
HMBB	2	0	2	0,03	NS	
HM	1	0	1	0,02	NS	
HS	0	2	2	-0,04	NS	
HO	3	6	9	-0,03	NS	
N E G R O	N	1	2	3	-0,02	NS
	NM	3	0	3	0,04	NS
	NO	0	1	1	-0,03	NS
	NY	0	1	1	-0,03	NS
B L A N C O	B	0	1	1	-0,03	NS
	BA	1	0	1	0,02	NS
	BM	1	1	2	0,00	NS
	BO	1	0	1	0,02	NS
	R	7	2	9	0,02	NS
TOTAL		115	80	195		

serie del blanco (7.4 %). Del total de variantes descritas en los machos, PAT y NOA solo comparten 7 (tabla 70), siendo los porcentajes de machos dentro de cada serie: Colorado (PAT

Tabla 70: Comparación de pelajes en machos PAT y NOA

SERIE	PELAJE	PAT	NOA	TOTAL	VALOR Z _H	SIG.EST.
C O L O R A D O	C	1	1	2	0,00078374	NS
	CA	6	1	7	0,03915269	NS
	CO	0	3	3	-0,04274094	NS
	CAO	2	0	2	0,03583833	NS
	CBB	0	1	1	-0,02441689	NS
	CABB	4	0	4	0,05127365	NS
	CABS	2	0	2	0,03583833	NS
	CY	0	1	1	-0,02441689	NS
	CM	1	0	1	0,02520063	NS
	CAM	1	0	1	0,02520063	NS
	P	1	2	3	-0,00951099	NS
	D	0	2	2	-0,03471162	NS
	DO	2	3	5	-0,00690261	NS
	DA	2	2	4	0,00112671	NS
	BY	0	1	1	-0,02441689	NS
	A	1	0	1	0,02520063	NS
	AA	1	0	1	0,02520063	NS
	H	3	3	6	0,00140354	NS
	HO	1	4	5	-0,02442364	NS
	HS	0	1	1	-0,02441689	NS
HAN	0	1	1	-0,02441689	NS	
N E G R O	N	0	2	2	-0,03471162	NS
	NM	2	0	2	0,03583833	NS
	NO	0	2	2	-0,03471162	NS
	NBB	1	0	1	0,02520063	NS
BLANCO	B	0	2	2	-0,03471162	NS
	R	0	1	1	-0,02441689	NS
	TOTAL	31	33	64		

=90.32 %; NOA= 78.78 %), Negro (PAT=9.67 %; NOA= 12.12 %) y blanco (PAT= 0 %; NOA=9.02 %). Para constatar la existencia de diferencias significativas para las variantes de pelajes entre ambas poblaciones de machos, se utilizó el test de homogeneidad de proporciones ya que no pudo utilizarse el test de Chi Cuadrado porque los valores esperados no superaron el valor 5. En la tabla 70 se observa que las frecuencias de pelajes para los machos PAT y NOA, no difieren estadísticamente.

4.1.2 Color de hocico

De las 195 hembras totales, 111 (56.9 %) han presentado el hocico pintado, 71 (36.4 %) hocico negro y 13 (6.6 %) hocico blanco (tabla 71). Las hembras NOA han presentado mayor frecuencia de hocico negro (61.25 %) que las hembras PAT (19.13 %). Las frecuencias del color de hocico de las hembras PAT y las NOA han mostrado diferencias altamente significativas ($p < 0.01$) según el test de homogeneidad de Chi cuadrado ($X_c^2 = 37.94$).

Tabla 71: Frecuencias de color de hocico en hembras PAT y NOA

	NEGRO	PINTADO	BLANCO	TOTAL
PAT	22	81	12	115
NOA	49	30	1	80
TOTAL	71	111	13	195

De los 64 machos totales, la mitad (50 %) ha presentado hocico pintado, 24 (37.5 %) hocico negro y 8 (12.5 %) hocico blanco (Tabla 72). Los machos NOA han presentado mayor frecuencia de hocico negro (48.48 %) que los machos PAT (25 %). Las frecuencias del color de hocico de los machos PAT y NOA han mostrado diferencias altamente significativas ($p < 0.01$) según el test de homogeneidad de Chi cuadrado ($X_c^2 = 11.61$).

Tabla 72: Frecuencias de color de hocico en machos PAT y NOA

	NEGRO	PINTADO	BLANCO	TOTAL
PAT	8	22	1	31
NOA	16	10	7	33
TOTAL	24	32	8	64

4.1.3 Color de la punta de los cuernos

De las 195 hembras totales, 128 (65.64 %) han presentado la punta de los cuernos de color marrón y 67 (34.35 %) de color negro (Tabla 73). En las hembras NOA se observa mayor frecuencia de puntas de color negro (52.5 %) respecto de las hembras PAT (21.7 %). Las frecuencias del color de

la punta de los cuernos de las hembras PAT y las NOA han mostrado diferencias altamente significativas ($p < 0.01$) según el test de homogeneidad de Chi cuadrado ($X_c^2 = 19.79$).

Tabla 73: Frecuencia del color de la punta de los cuernos

	HEMBRAS			MACHOS		
	MARRÓN	NEGRO	TOTAL	MARRÓN	NEGRO	TOTAL
PAT	90	25	115	22	9	31
NOA	38	42	80	18	15	33
TOTAL	128	67	195	40	24	64

De los 64 machos totales, 40 (62.5 %) han presentado la punta de los cuernos de color marrón y 24 (37.5 %) de color negro (Tabla 73). Los machos NOA, igual que las hembras del mismo origen han mostrado mayor frecuencia de color negro (45.45 %) que los machos PAT (29 %), aunque las frecuencias del color de la punta de los cuernos de los machos PAT y NOA no han mostrado diferencias significativas según el test de homogeneidad de Chi cuadrado ($X_c^2 = 1.83$).

4.2 Comparación Cuantitativa

4.2.1 Variables zoométricas

Se han comparado las características morfológicas de los bovinos criollos de ambos orígenes, mediante las nueve variables zoométricas (dos de la cabeza y siete del tronco). La comparación se realizó entre los animales del mismo sexo de ambos orígenes, para lo cual se realizó el ajuste de las nueve mediciones por la edad de los animales dentro de cada sexo. La tabla 74 muestra los estadísticos descriptivos de la edad para cada sexo en la base total (PAT + NOA) y para determinar si la misma influyó sobre la magnitud de las nueve variables que describen la morfología (AC, LC, PT, LT, ACR, AG, AAG, APG y LG), se realizaron las regresiones correspondientes dentro de cada sexo, considerando un nivel de significación del 5 %, cuya estimación, error estándar y significado estadístico, se observan en las tablas 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91 y 92 respectivamente.

Tabla 74: Edad de los animales de la base total por sexo

ESTADÍSTICOS	MACHOS	HEMBRAS
N	64	195
MEDIA	1925.11	2407.12
DESVÍO ESTÁNDAR	895.43	1007.19
C.V	46.1	41.84
MÍNIMO	1010	1065
MÁXIMO	4620	4777

Tabla 75: Estimación de Parámetros en machos totales para AC

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	29.30	0.84	34.66	<.0001
Edad	1	0.001	0.0003	2.72	0.0085

Tabla 76: Estimación de Parámetros en hembras totales para AC

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	22.21	0.27	80.52	<.0001
Edad	1	0.0009	0.0001	8.93	0.0001

Tabla 77: Estimación de Parámetros en machos totales para LC

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	50.69	1.29	39.16	<.0001
Edad	1	0.002	0.0006	3.89	0.0002

Tabla 78: Estimación de Parámetros en hembras totales para LC

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	47.56	0.40	117.52	<.0001
Edad	1	0.001	0.0001	11.02	0.0001

Tabla 79: Estimación de Parámetros en machos totales para PT

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	164.79	5.48	30.02	<.0001
Edad	1	0.01	0.002	5.28	0.0001

Tabla 80: Estimación de Parámetros en hembras totales para PT

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	158.33	1.88	83.87	<.0001
Edad	1	0.006	0.0007	9.24	0.0001

Tabla 81: Estimación de Parámetros en machos totales para LT

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	149.02	4.43	33.63	<.0001
Edad	1	0.01	0.002	5.85	0.0001

Tabla 82: Estimación de Parámetros en hembras totales para LT

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	154.38	1.68	91.69	<.0001
Edad	1	0.002	0.0006	4.30	0.0001

Tabla 83: Estimación de Parámetros en machos totales para ACR

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	121.67	1.83	66.3	<.0001
Edad	1	0.002	0.0008	2.99	0,004

Tabla 84: Estimación de Parámetros en hembras totales para ACR

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	118.03	0.89	131.72	<.0001
Edad	1	0.002	0.0003	6.80	0.0001

Tabla 85: Estimación de Parámetros en machos totales para AG

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	123.65	1.64	75.12	<.0001
Edad	1	0.002	0.0007	3.03	0,0035

Tabla 86: Estimación de Parámetros en hembras totales para AG

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	121.23	0.79	153.38	<.0001
Edad	1	0.001	0.0003	6.05	0.0001

Tabla 87: Estimación de Parámetros en machos totales para AAG

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	48.00	1.65	29.06	<.0001
Edad	1	0.003	0.0007	4.15	0.0001

Tabla 88: Estimación de Parámetros en hembras totales para AAG

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	47.46	0.73	64.62	<.0001
Edad	1	0.002	0.0002	8.71	0.0001

Tabla 89: Estimación de Parámetros en machos totales para APG

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	15.88	0.50	31.23	<.0001
Edad	1	0.0001	0.0002	0.52	0.6016

Tabla 90: Estimación de Parámetros en hembras totales para APG

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	15.06	0.39	38.64	<.0001
Edad	1	0.001	0.0001	7.36	0.0001

Tabla 91: Estimación de Parámetros en machos totales para LG

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	51.93	1.42	36.36	<.0001
Edad	1	0.002	0.0006	3.60	0.0006

Tabla 92: Estimación de Parámetros en hembras totales para LG

Variable	Grados de Libertad	Estimación	Error Estándar	Valor t	Pr > t
O. al Origen	1	48.90	0.50	96.83	<.0001
Edad	1	0.001	0.0001	9.34	0.0001

Todas las variables mostraron diferencias significativas con excepción de APG en machos, por lo cual se procedió a ajustarlas para luego calcular los estadísticos descriptivos de todas las variables. El conjunto de individuos total, se destaca por su homogeneidad respecto de las variables relacionadas con la altura ACR y AG, cuyos coeficientes de variación (CV) son 4.26 y 3.72 respectivamente y por su mayor heterogeneidad respecto del AC y el APG cuyos CV son 13.48 y 12.20 respectivamente (tabla 93). Respecto a los sexos, los machos (tabla 94) han superado a las hembras (tabla 95) en todos sus valores promedios con excepción del APG que es mayor en las hembras, mientras que éstas han mostrado valores del C.V inferiores en todas las variables con excepción del APG, lo que muestra que las hembras son mas homogéneas que los machos.

Tabla 93: Estadísticos descriptivos de las nueve variables ajustadas (en cm) (base total)

VARIABLE	AC	LC	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	259	259	259	259	259	259	259	259	259
MEDIA	26.20	52.57	178.56	163.91	124.40	126.27	53.58	17.32	54.09
DES.EST.	3.53	3.24	14.5	11.8	5.31	4.69	4.38	2.11	3.62
C.V	13.48	6.16	8.12	7.20	4.26	3.72	8.17	12.20	6.70
MÍNIMO.	21.19	44.20	143.51	134.43	111.08	114.28	42.36	12.09	45.29
MÁXIMO	38.43	63.33	220.93	200.89	136.03	138.78	64.84	23.22	63.94

AC= Ancho de Cabeza; LC= Largo de Cabeza; PT= Perímetro Torácico; LT= Largo Total; ACR= Alzada a la Cruz; AG= Alzada a la Grupa; AAG= Ancho Anterior de la Grupa; APG= Ancho Posterior de la Grupa; LG= Largo de la Grupa.

Tabla 94: Estadísticos descriptivos de las variables (en cm) (machos totales)

VARIABLE	AC	LC	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	64	64	64	64	64	64	64	64	64
MEDIA	31.39	55.26	191.11	172.58	126.66	128.19	54.23	16.12	56.61
DESV.EST	2.97	4.80	21.97	18.36	6.53	5.47	6.02	1.69	5.22
CV	9.47	8.68	11.5	10.64	5.15	4.27	11.4	10.48	9.23
MÍNIMO	26.00	44.00	150.00	127.00	111.00	114.92	41.00	12.08	46.00
MÁXIMO	38.00	62.00	220.00	201.00	136.00	138.26	62.00	22.08	65.00

AC= Ancho de Cabeza; LC= Largo de Cabeza; PT= Perímetro Torácico; LT= Largo Total; ACR= Alzada a la Cruz; AG= Alzada a la Grupa; AAG= Ancho Anterior de la Grupa; APG= Ancho Posterior de la Grupa; LG= Largo de la Grupa.

Tabla 95: Estadísticos descriptivos de las variables (en cm) (hembras totales)

VARIABLE	AC	LC	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	195	195	195	195	195	195	195	195	195
MEDIA	24.49	51.68	174.45	161.06	123.66	125.65	53.36	17.71	53.26
DESV.EST	1.75	2.77	12.16	9.45	5.35	4.24	4.65	2.09	3.26
CV	7.18	5.36	6.97	5.87	4.32	3.37	8.71	11.80	6.12
MÍNIMO	21.00	42.00	145.00	131.00	112.00	114.28	40.00	12.44	45.00
MÁXIMO	29.00	58.00	203.00	182.00	140.00	138.78	66.00	23.22	61.00

AC= Ancho de Cabeza; LC= Largo de Cabeza; PT= Perímetro Torácico; LT= Largo Total; ACR= Alzada a la Cruz; AG= Alzada a la Grupa; AAG= Ancho Anterior de la Grupa; APG= Ancho Posterior de la Grupa; LG= Largo de la Grupa.

4.2.1.1 Comparación de medias para cada variable por origen y sexo

En la tabla 96 se observan los estadísticos descriptivos de todas las variables ajustadas dentro de sexo para los machos PAT y en la tabla 97 para los machos NOA. Estos últimos han presentado promedios superiores a los machos PAT en las nueve variables consideradas, siendo también más homogéneos que los PAT ya que los CV también son menores para todas las variables, siendo las variables con mayor diferencia en relación a su variación APG (PAT = 13.81 vs. NOA = 6.21) y LG (PAT = 9.30 vs. NOA = 5.64).

Tabla 96: Estadísticos descriptivos machos PAT

ESTADÍSTICO	AC	LC	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	31	31	31	31	31	31	31	31	31
MEDIA	30.81	52.67	178.77	165.24	124.17	126.66	51.20	15.95	5436
DESV.EST.	2.84	3.45	13.95	14.90	6.76	6.10	5.32	2.20	5.06
C.V	9.23	6.55	7.80	9.01	5.45	4.82	10.00	13.81	9.30

Tabla 97: Estadísticos descriptivos machos NOA

ESTADÍSTICO	AC	LC	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	33	33	33	33	33	33	33	33	33
MEDIA	31.93	57.70	202.70	179.47	128.98	12961	57.08	16.28	58.71
DESV.EST.	2.70	3.55	13.68	10.86	4.33	4.43	3.94	1.01	3.31
C.V	8.48	6.16	6.75	6.05	3.36	3.41	6.90	6.21	5.64

Las hembras PAT han mostrado valores promedios inferiores a las hembras NOA en todas las variables con excepción de AC, AAG y LG, se ha observado también que seis variables (LC, PT, LT, ACR, AAG y APG) han presentado mayor CV en PAT que en NOA (tablas 98 y 99).

Tabla 98: Estadísticos descriptivos hembras PAT

ESTADÍSTICO	AC	LC	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	115	115	115	115	115	115	115	115	115
MEDIA	24.50	50.99	169.99	159.43	123.04	125.13	54.37	16.61	53.73
DESV.EST.	1.41	2.08	9.10	9.85	4.74	4.06	3.96	1.57	2.64
C.V	5.75	4.09	5.35	6.17	3.85	3.24	7.29	9.47	4.92

Tabla 99: Estadísticos descriptivos hembras NOA

ESTADISTICO	AC	LC	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
N	80	80	80	80	80	80	80	80	80
MEDIA	24.46	52.67	180.84	163.40	124.54	126.38	51.91	19.30	52.58
DESV.EST.	1.58	1.90	7.87	7.12	4.78	4.40	3.43	1.68	2.66
C.V	6.47	3.61	4.35	4.36	3.84	3.48	6.61	8.74	5.07

A *priori*, los estadísticos descriptivos indican que los animales PAT de ambos sexos son más pequeños y heterogéneos que los NOA. Para verificar si estas diferencias son significativas se ha realizado la comparación de las medias de todas las variables por origen y sexo empleando ANOVA arrojando los resultados que se observan en las tablas 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107 y 108 para los machos y en las tablas 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116 y 117 para las hembras.

Tabla 100: ANOVA AC en machos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	20.15	20.15	2.62	0.1109
Error	62	477.66	7.70		
Total	63	497.82			

Tabla 101: ANOVA LC en machos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
.Modelo	1	404.57	404.57	32.87	<.0001
Error	62	763.07	12.30		
Total	63	1167.64			

Tabla 102: ANOVA PT en machos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	9153.50	9153.50	47.95	<.0001
Error	62	11836.48	190.91		
Total	63	20989.98			

Tabla 103: ANOVA LT en machos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	3237.21	3237.21	19.22	<.0001
Error	62	10441.89	168.41		
Total	63	13679.11			

Tabla 104: ANOVA ACR en machos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	370.63	370.63	11.63	0.0011
Error	62	1976.18	31.87		
Total	63	2346.82			

Tabla 105: ANOVA AG en machos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	139.59	139.59	4.95	0.0297
Error	62	1748.06	28.19		
Total	63	1887.66			

Tabla 106: ANOVA AAG en machos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	552.88	552.88	25.43	<.0001
Error	62	1347.98	21.74		
Total	63	1900.86			

Tabla 107: ANOVA APG en machos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	1.78	1.78	0.62	0.4334
Error	62	178.41	2.87		
Total	63	180.19			

Tabla 108: ANOVA LG en machos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	301.68	301.68	16.7	0.0001
Error	62	1120.09	18.06		
Total	63	1421.77			

Tabla 109: ANOVA AC en hembras

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	0.08	0.08	0.04	0.8457
Error	193	424.92	2.20		
Total	194	425.00			

Tabla 110: ANOVA LC en hembras

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	132.44	132.44	32.68	<.0001
Error	193	782.13	4.05		
Total	194	914.57			

Tabla 111: ANOVA PT en hembras

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	5548.13	5548.13	74.62	<.0001
Error	193	14350.77	74.35		
Total	194	19898.91			

Tabla 112: ANOVA LT en hembras

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	744.95	744.95	9.53	0.0023
Error	193	15081.85	78.14		
Total	194	15826.81			

Tabla 113: ANOVA ACR en hembras

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	105.07	105.07	4.63	0.0326
Error	193	4378.10	22.68		
Total	194	4483.18			

Tabla 114: ANOVA AG en hembras

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	73.70	73.70	4.17	0.0426
Error	193	3414.13	17.68		
Total	194	3487.84			

Tabla 115: ANOVA AAG en hembras

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	285.01	285.01	20.17	<.0001
Error	193	2726.65	14.12		
Total	194	3011.66			

Tabla 116: ANOVA APG en hembras

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	341.53	341.53	129.81	<.0001
Error	193	507.77	2.63		
Total	194	849.31			

Tabla 117: ANOVA LG en hembras

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Modelo	1	62.88	62.88	8.91	0.0032
Error	193	1361.57	7.05		
Total	194	1424.45			

Tabla 118: Resumen comparativo entre sexos de PAT y NOA.

VARIABLES	MACHOS		Diferencia	HEMBRAS		Diferencia
	NOA	PAT		NOA	PAT	
AC	31.93	30.81	NS	24.46	24.50	NS
LC	57.70	52.67	**	52.67	50.99	**
PT	202.70	178.77	**	180.84	169.99	**
LT	179.47	165.24	**	163.40	159.43	**
ACR	128.98	124.17	**	124.54	123.04	*
AG	129.61	126.66	**	126.38	125.13	*
AAG	57.08	51.20	**	51.91	54.37	**
APG	16.28	15.95	NS	19.30	16.61	**
LG	58.71	54.36	**	52.58	53.73	**

** = Diferencias altamente significativas * = Diferencias significativas

NS = Diferencias no significativas

Los machos NOA son estadísticamente más grandes que los PAT en siete de las nueve variables consideradas, no observándose diferencias significativas en AC y en APG. Las hembras NOA son estadísticamente más grandes que las PAT en seis de las nueve variables consideradas, las PAT más grandes que las NOA en dos (AAG y LG), mientras que en AC no se registran diferencias entre las hembras de ambos orígenes (tabla 118).

4.2.1.2 Análisis Multivariado

A efecto de analizar las variables en forma conjunta, considerando las posibles asociaciones entre ellas, se han empleado técnicas multivariadas para comparar ambas poblaciones.

4.2.1.2.1 Análisis Factorial

Como resultado del análisis factorial, se han retenido los primeros cinco factores (F1 a F5) que han explicado el 91.7 % de la variación total. Las variables representativas en cada factor fueron AG y ACR en F1, AC y LC en F2, AAG y LG en F3, LT y PT en F4 y APG en F5. De esta manera el F1 se ha relacionado con la altura, el F2 con las dimensiones de la cabeza, el F3 con la grupa (su longitud y distancia entre puntas de cadera), el F4 con las medidas del tronco y el F5 nuevamente con la grupa (distancia entre puntas de isquiones).

4.2.1.2.2 Análisis de Conglomerados

Sobre la base de los cinco factores se han obtenido tres conglomerados homogéneos; C1, C2 y C3, con 74, 40 y 145 animales cada uno respectivamente, resultando C1 y C2 los más distantes entre centroides, tal como lo muestra la media de los factores en cada conglomerado (tabla 119 y gráfico 7).

Tabla 119: Media de los Factores para los tres conglomerados

Conglomerado	Factor 1	Factor 2	Factor 3	Factor 4	Factor 5
1	-0.20	-0.22	-0.71	0.45	1.03
2	0.23	1.67	0.66	0.92	-0.41
3	0.04	-0.35	0.18	-0.48	-0.42

Para validar la conformación de estos grupos de animales homogéneos, se ha empleado una función discriminante lineal, obteniéndose una tasa de error por validación cruzada de 0%. La diferencia entre conglomerados ha sido significativa ($p < 0.001$) para todas las variables. La comparación de medias mediante el test de Bonferoni ha indicado que los tres conglomerados difieren ($p < 0.001$) en las variables AC, LC, PT, LT, AAG y LG, mientras que no difieren C1 y C3 para las variables ACR y AG y los conglomerados C2 y C3 para la variable APG. Los valores medios de cada variable se presentan en la tabla 120. En términos medios, los animales del conglomerado 2 son de mayores dimensiones en todas las variables, a excepción del APG. Los del conglomerado 3 son de dimensiones menores para las variables LC, PT, LT, intermedias en AC, AAG y LG. En cambio en el conglomerado 1 ambos grupos de variables invierten sus posiciones, es decir, los animales en promedio son de dimensiones menores para AC, AAG y LG e intermedias en LC, PT y LT. Además, este conglomerado se destaca por presentar la mayor dimensión promedio en el APG. Los conglomerados 1 y 3 no difieren en la altura promedio de los animales (ACR y AG), mientras que el 2 y el 3 no lo hacen para APG.

Tabla 120: Medias de las variables ajustadas para cada conglomerado

CLUSTER	AC	LC	PT	LT	ACR	AG	AAG	APG	LG
C1	24.40	52.51	181.06	165.35	122.95	125.48	50.72	19.45	52.12
C2	32.99	57.62	202.16	180.94	129.28	130.35	57.61	16.46	59.59
C3	25.24	51.20	170.78	158.48	123.80	125.55	53.93	16.48	53.58

La prueba Chi Cuadrado de independencia entre los conglomerados y las poblaciones definidas por sexo y origen ha resultado en una asociación significativa ($P < 0.0001$), ésta relación se detalla en la Tabla 121.

Las cuatro poblaciones de animales se han diferenciado ubicándose mayoritariamente en conglomerados diferentes, así las NH se ubicaron en el C1 (75 %), NM en el C2 (87.88 %), PH en el C3 (91.30 %), mientras que PM se ha repartido básicamente en C3 (51.61 %) y C2 (35.48 %). La ilustración espacial de los conglomerados en el plano definido por las dos primeras coordenadas canónicas y su relación con las poblaciones se observan en los Gráficos 7 y 8 respectivamente. Asociando los valores medios de las variables de cada conglomerado con la presencia de las poblaciones de animales se ha observado que, NH se caracteriza en comparación con las PH por tener cabeza más longilínea (menor relación AC/LC), grupa más corta y rectangular (menor LG y menor relación AAG/APG), mayores medidas del tronco (PT y LT) y alzadas similares a las hembras Patagónicas. Respecto a los machos, los NM se han destacado por presentar mayores dimensiones corporales y ser mas homogéneos que los PM y estos últimos por ser mas pequeños y tener mayor variabilidad zoométrica, lo cual se refleja en que el 51.61% de ellos presentan tronco pequeño (LT y PT), AAG, LG y relación cefálica (AC/LC) intermedias, altura (ACR y AG) semejante a las NH y APG similar a los NM, mientras que el 35.48 % comparte la descripción correspondiente a los NM.

Tabla 121: Relación entre Conglomerados y Poblaciones según sexo y origen.

CLUSTER / POBLACIÓN (P)		NH	NM	PH	PM	Totales
1	# Animales	60	0	10	4	74
	% del Total	23.17	0.00	3.86	1.54	28.57
	% en Cluster	81.08	0.00	13.51	5.41	
	% de la P	75.00	0.00	8.70	12.90	
2	# Animales	0	29	0	11	40
	% del Total	0.00	11.20	0.00	4.25	15.44
	% en Cluster	0.00	72.50	0.00	27.50	
	% de la P	0.00	87.88	0.00	35.48	
3	# Animales	20	4	105	16	145
	% del Total	7.72	1.54	40.54	6.18	55.98
	% en Cluster	13.79	2.76	72.41	11.03	
	% de la P	25.00	12.12	91.30	51.61	
Totales	Animales	80	33	115	31	259
	%	30.89	12.74	44.40	11.97	100

Gráfico 7: Conglomerados definidos por las dos primeras coordenadas canónicas

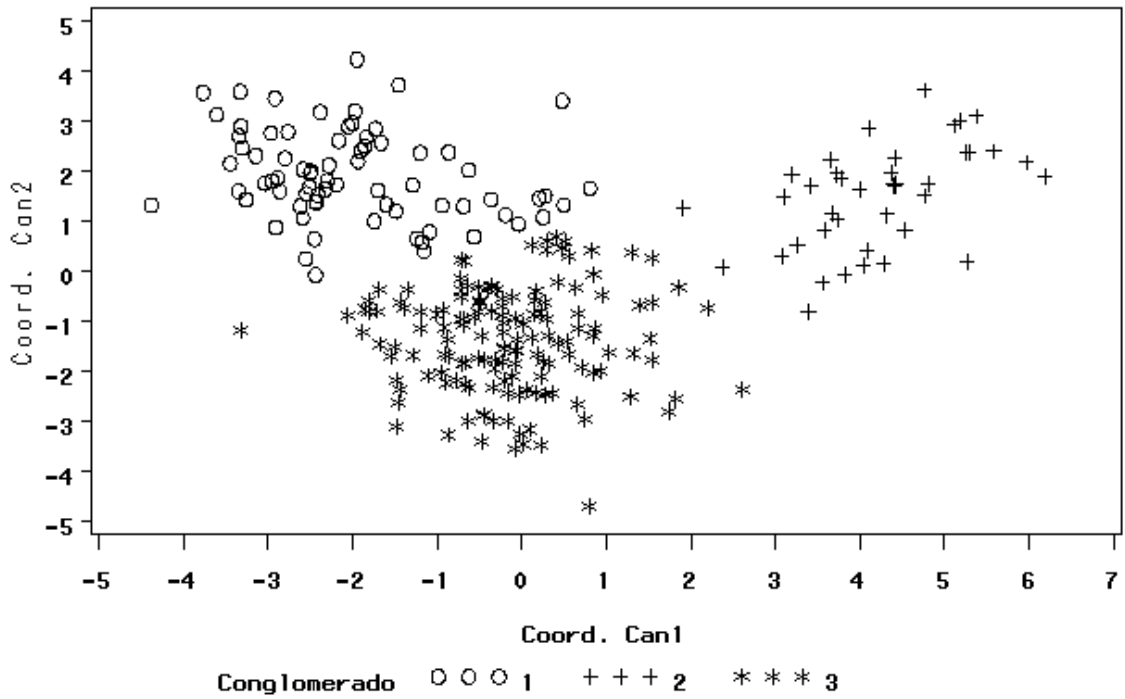
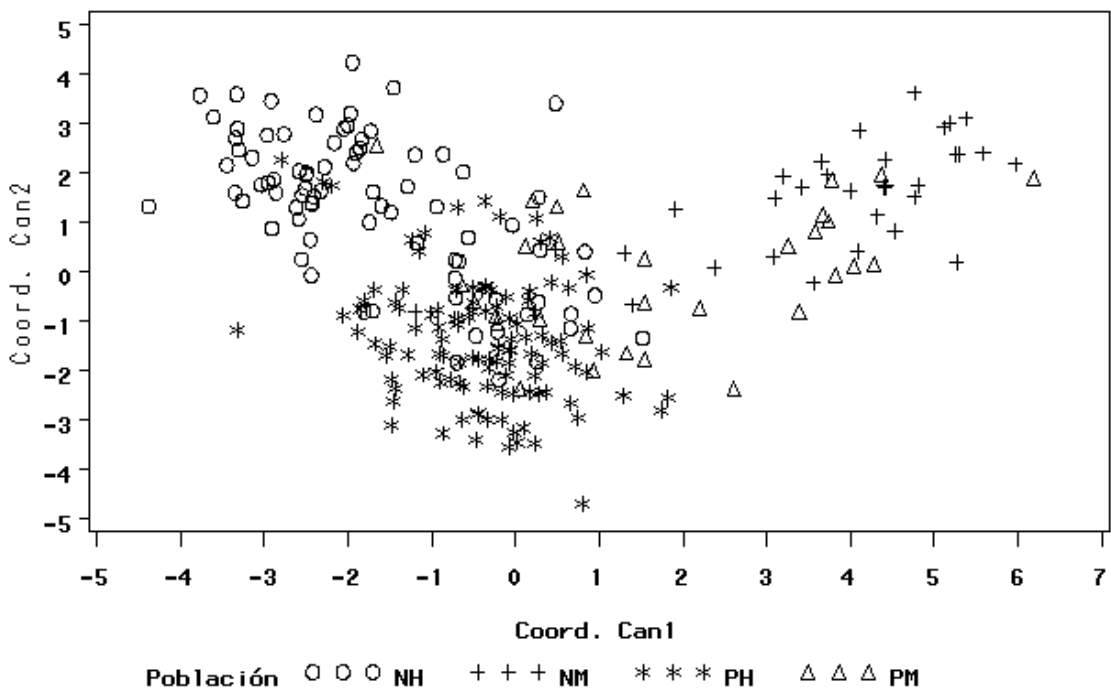


Gráfico 8: Conglomerados y su relación con las poblaciones por sexo y origen



4.2.2

4.2.2 Índices Zoométricos

En la tabla 122 se detallan las medidas descriptivas para los índices, notándose que la variación en IA e ICEF es superior al resto.

Tabla 122: Estadísticos descriptivos de los Índices Zoométricos (base total)

	ICL	IC	IA	IP	ICEF
N	259	259	259	259	259
MEDIA	76.23	92.05	2.57	99.03	49.78
DESV.EST.	5.18	5.38	0.42	5.25	5.34
CV	6.79	5.84	16.16	5.30	10.72
MÍNIMO	64.18	77.96	1.77	85.11	41.82
MÁXIMO	89.47	106.37	3.62	117.31	68.182

ICL= Índice Corporal Lateral; IC= Índice Corporal; IA= Índice de Anamorfosis; IP= Índice Pelviano; ICEF= Índice Cefálico.

En la tabla 123, se muestran los mismos estadísticos discriminados por grupos. Para los animales pertenecientes a un mismo origen geográfico, las medias de los índices ICL, IC e IP han sido

Tabla 123: Estadísticos descriptivos de los Índices zoométricos por grupos

ÍNDICE	NH					PH				
	ICL	IC	IA	IP	ICEF	ICL	IC	IA	IP	ICEF
N	80	80	80	80	80	115	115	115	115	115
MEDIA	76.38	89.74	2.68	99.15	46.53	77.41	94.52	2.31	100.83	48.05
SD	4.44	4.43	0.17	4.19	2.73	5.01	5.44	0.27	5.54	2.96
CV	5.81	4.93	6.60	4.22	5.86	6.47	5.75	11.73	5.49	6.15
MIN	68.71	77.95	2.36	90.74	41.81	67.26	79.64	1.77	85.11	42.11
MAX	88.96	97.75	3.18	117.31	53.70	89.47	106.37	3.12	114.04	59.52
	NM					PM				
N	33	33	33	33	33	31	31	31	31	31
MEDIA	70.77	88.60	3.32	97.79	55.24	77.29	92.53	2.45	93.38	58.76
SD	3.60	3.60	0.19	3.07	4.25	5.48	4.47	0.41	4.08	4.19
CV	5.08	4.06	5.76	3.14	7.70	7.09	4.83	16.66	4.36	7.13
MIN	64.18	83.01	2.87	91.52	47.37	66.84	80.60	1.97	86.00	50.98
MAX	80.24	95.61	3.62	105.36	64.15	88.19	100.00	3.18	103.77	68.18

ICL= Índice Corporal Lateral; IC= Índice Corporal; IA= Índice de Anamorfosis; IP= Índice Pelviano; ICEF= Índice Cefálico.

siempre mayores en hembras, pero esta diferencia no se ha sostenido al comparar ambos sexos entre orígenes, a excepción del IP que siempre ha sido mayor en hembras independientemente del origen geográfico.

Por otro lado, el IA resultó menor en hembras dentro de cada región, mientras que el ICEF ha sido siempre menor en hembras. Tomando en cuenta el CV para los cinco índices por grupo se observa que PH tiene valores mayores que NH y PM tiene valores mayores que NM con excepción de ICEF. El análisis de varianza ha mostrado diferencias significativas entre grupos (NM, NH, PM y PH) a un nivel de significación del 0.01 en todos los índices (tablas 124, 125, 126, 127 y 128).

Tabla 124: ANOVA para ICL en los cuatro grupos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Grupos	3	1180.62	393.53	17.50	0.0000
Error	255	5734.70	22.48		
Total	258	6915.31			

Tabla 125: ANOVA para IC en los cuatro grupos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Grupos	3	1524.46	508.15	21.8	0.0000
Error	255	5932.08	23.26		
Total	258	7456.54			

Tabla 126: ANOVA para IA en los cuatro grupos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Grupos	3	27.62	9.20	137	0.0000
Error	255	17.10	0.06		
Total	258	44.73			

Tabla 127: ANOVA para IP en los cuatro grupos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Grupos	3	1415.31	471.77	21.2	0.0000
Error	255	5686.13	22.29		
Total	258	7101.44			

Tabla 128: ANOVA para ICEF en los cuatro grupos

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Valor F	Pr > F
Grupos	3	4668.85	1556.28	147	0.0000
Error	255	2691.41	10.55		
Total	258	7360.26			

Los resultados del test de Tukey-Kramer han indicado que para el ICL, la única media estadísticamente diferente al resto ha sido la correspondiente al grupo NM (tabla 129), En el IC difieren las medias entre regiones, pero no entre sexos dentro de ellas (tabla 130). En el IA y en el ICEF todas las medias de los grupos difieren (tablas 131 y 132). Para el IP, la media del grupo PM ha diferido estadísticamente del resto, mientras que la del grupo NM ha diferido solo con los grupos NH y PH (tabla 133).

Tabla 129: Test de Tuckey-Kramer entre grupos para ICL

GRUPO	MEDIA	GRUPOS HOMOGENEOS*
HP	77.41	A
MP	77.29	A
HN	76.38	A
MN	70.77	B

*Letras diferentes indican diferencias estadísticas significativas al 0.05

Tabla 130: Test de Tuckey-Kramer entre grupos para IC

GRUPO	MEDIA	GRUPOS HOMOGENEOS*
HP	94.52	A
MP	92.53	A
HN	89.74	B
MN	88.60	B

*Letras diferentes indican diferencias estadísticas significativas al 0.05

Tabla 131: Test de Tuckey-Kramer entre grupos para IA

GRUPO	MEDIA	GRUPOS HOMOGENEOS*
MN	3.32	A
HN	2.68	B
MP	2.45	C
HP	2.31	D

*Letras diferentes indican diferencias estadísticas significativas al 0.05

Tabla 132: Test de Tuckey-Kramer entre grupos para ICEF

GRUPO	MEDIA	GRUPOS HOMOGENEOS*
MP	58.76	A
MN	55.24	B
HP	48.05	C
HN	46.53	D

*Letras diferentes indican diferencias estadísticas significativas al 0.05

Tabla 133: Test de Tuckey-Kramer entre grupos para IP

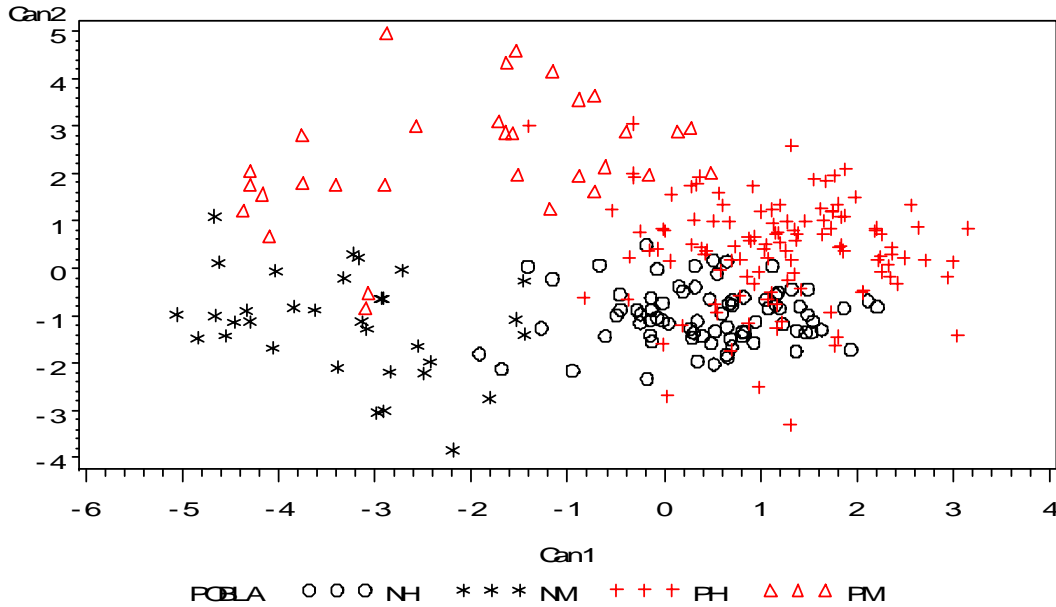
GRUPO	MEDIA	GRUPOS HOMOGENEOS*
HP	100.83	A
HN	99.15	AB
MN	97.78	B
MP	93.37	C

*Letras diferentes indican diferencias estadísticas significativas al 0.05

El procedimiento stepwise ha retenido los cinco índices, con los que se ha encontrado la función discriminante lineal, obteniéndose una tasa de error por validación cruzada del 17%. Los errores más destacados han sido la inclusión de 13 NH en el grupo PH y 28 PH dentro del grupo NH. El resto de las malas clasificaciones han sido: 1 NH dentro del grupo NM, 5 PH como PM, 2 NM como NH, 4 PM como NM y un PM como PH. El Gráfico 9, muestra los grupos sobre las dos primeras coordenadas discriminantes, donde se observa que la primera coordenada discrimina

ambos sexos y la segunda los grupos PM y NM, siendo poco eficiente para la diferenciación entre PH y NH.

Gráfico 9: Representación de las cuatro poblaciones en el plano definido por las dos coordenadas.



5. Descripción Genética del Bovino Criollo Patagónico

Se ha realizado la caracterización genética del bovino Criollo patagónico mediante los resultados del análisis de veintisiete microsatélites en una muestra de 36 animales.

5.1 Frecuencias Alélicas

En los veintisiete microsatélites se detectaron en total ciento treinta y seis (136) variantes alélicas. El número de alelos por locus (N_a) ha variado entre ocho (8), para los microsatélites CSSM66 y HAUT27 y tres para los loci BM8125, ILSTS011 e INRA63, con una media de 5.04 alelos por *locus*. Ninguno de los microsatélites ha mostrado variantes con frecuencias superiores a 0.95 por lo cual los veintisiete marcadores han sido polimórficos (tabla 134).

5.2 Equilibrio Hardy-Weinberg

Todos los microsatélites se han mostrado en equilibrio H-W excepto cinco: ILSTS06, INRA23, ETH3, INRA35 y TGLA53, ninguno de ellos ha mostrado un exceso significativo de heterocigotos,

Tabla 134: Frecuencias alélicas (entre paréntesis figura el número de cada variante)

Locus	Variantes Alélicas							
	1	2	3	4	5	6	7	8
BM 8125	0.6528 (116)	0.1528 (118)	0.1944 (122)					
BM 1314	0.0972 (157)	0.5972 (159)	0.222 (161)	0.0833 (169)				
BM1818	0.1667 (258)	0.6667 (262)	0.1528 (266)	0.0139 (270)				
CSSM66	0.125 (183)	0.1944 (185)	0.2778 (187)	0.0417 (189)	0.0278 (191)	0.263 (193)	0.0278 (197)	0.0417 (201)
ETH10	0.2917 (217)	0.1111 (219)	0.5139 (221)	0.0833 (223)				
INRA32	0.0500 (176)	0.3167 (178)	0.4000 (180)	0.1167 (182)	0.1167 (184)			
MM12	0.2361 (114)	0.1528 (118)	0.0556 (120)	0.5556 (130)				
TGLA122	0.1857 (144)	0.0286 (148)	0.0714 (152)	0.3714 (154)	0.0143 (160)	0.271 (162)	0.0571 (168)	
BM2113	0.0833 (126)	0.3333 (134)	0.4861 (136)	0.0833 (138)	0.0139 (140)			
CSRM60	0.4861 (91)	0.0417 (95)	0.4306 (101)	0.0417 (103)				
ETH185	0.1970 (228)	0.0909 (230)	0.3030 (234)	0.0152 (236)	0.3788 (238)	0.015 (240)		
HAUT27	0.0441 (144)	0.0147 (146)	0.2353 (148)	0.0441 (150)	0.1618 (152)	0.014 (154)	0.1765 (156)	0.3088 (158)
HEL13	0.0694 (190)	0.0139 (192)	0.9028 (192)	0.0139 (194)				
HEL9	0.0694 (155)	0.0417 (157)	0.0139 (163)	0.5278 (165)	0.2500 (167)	0.083 (169)	0.0139 (175)	
ILSTS6	0.1667 (293)	0.1944 (295)	0.0972 (297)	0.1806 (299)	0.3611 (301)			
INRA23	0.1212 (203)	0.0455 (207)	0.1818 (209)	0.0152 (211)	0.636 (215)			
INRA37	0.0139 (124)	0.0147 (126)	0.4167 (130)	0.4444 (132)	0.083 (134)			
INRA63	0.4306 (175)	0.2361 (177)	0.3333 (183)					
SPS115	0.0152 (240)	0.7424 (248)	0.1667 (254)	0.0606 (256)	0.0152 (260)			
TGLA227	0.0417 (85)	0.2778 (87)	0.0833 (91)	0.0694 (93)	0.1528 (95)	0.063 (97)	0.3056 (101)	
BM1824	0.1143 (181)	0.2571 (183)	0.2857 (185)	0.3429 (191)				
ETH225	0.3857 (138)	0.0429 (142)	0.1571 (144)	0.3000 (146)	0.1143 (148)			
ETH3	0.6286 (117)	0.0143 (119)	0.0286 (123)	0.3286 (125)				
HAUTH24	0.5781 (106)	0.2031 (116)	0.0156 (118)	0.1406 (120)	0.0469 (122)	0.015 (124)		
ILSTS 01	0.1735 (268)	0.2794 (270)	0.5441 (272)					
INRA35	0.0143 (104)	0.8143 (106)	0.0286 (108)	0.1429 (122)				
TGLA53	0.0806 (155)	0.2742 (159)	0.5323 (161)	0.0161 (163)	0.0161 (165)	0.0484 (169)	0.032 (173)	

pero ILSTS06, ETH3, INRA35 y TGLA53 han mostrado diferencias significativas por déficit de heterocigotos (tabla 135).

Tabla 135: Test para Equilibrio H-W (1) Test Exacto (2) Exceso de heterocigotas (3) Déficit de heterocigotos (Score Test, 5000 iteraciones)

Microsatélite	p-VALOR		
	Test H-W (1)	Exceso Heterocigotas (2)	Déficit Heterocigotas (3)
ILST6	0.0036		0.0453
INRA23	0.0189		
ETH3	0.0249		0.0041
INRA35	0.0242		0.0241
TGLA53	0.0187		0.0031

5.3 Medidas de Diversidad Genética

5.3.1 Heterocigosidad

Los valores de heterocigosidad media esperada (H_e), y heterocigosidad media observada (H_o) han sido de 0.6107 y 0.5795 respectivamente (tabla 136). El valor máximo de H_e ha correspondido al locus CSSM66 (0.7948) y el mínimo al HEL13 (0.1798).

Tabla 136: Heterocigosis esperada (H_e) y Observada (H_o) para cada microsatélite.

Locus	N	Nro Hets	Nro Homs	$H(e)$	$H(o)$
BM8125	36	23	13	0.51	0.63
BM1314	36	18	18	0.57	0.50
BM1818	36	18	18	0.50	0.50
CSSM66	36	27	9	0.79	0.75
ETH10	36	24	12	0.63	0.66
INRA32	30	18	12	0.71	0.60
INRA37	36	19	17	0.62	0.52
MM12	36	24	12	0.60	0.66
TGLA122	35	26	9	0.74	0.74
BM2113	36	22	14	0.63	0.61
CSRM60	36	20	16	0.57	0.55
ETH185	33	24	9	0.71	0.72
HAUT27	34	25	9	0.78	0.73

Locus	N	Nro Hets	Nro Homs	$H(e)$	$H(o)$
HEL13	36	7	29	0.17	0.19
HEL9	36	24	12	0.64	0.66
ILSTS6	36	22	14	0.76	0.61
INRA23	33	14	19	0.54	0.42
INRA37	36	19	17	0.62	0.52
INRA63	36	25	11	0.64	0.69
SPS115	33	13	20	0.41	0.39
TGLA227	36	28	8	0.78	0.77
BM1824	35	27	8	0.72	0.77
ETH225	35	23	12	0.72	0.65
ETH3	35	14	21	0.49	0.40
HAUT24	32	20	12	0.60	0.62
ILSTS011	34	20	14	0.59	0.58
INRA35	35	7	28	0.31	0.20
TGLA53	31	13	18	0.63	0.41
MEDIAS		20.14	14.68	0.61	0.57

5.3.2 Número de Alelos por loci (N_a) y Contenido de Información Polimórfica (PIC)

El contenido de información polimórfica PIC depende tanto del número de alelos como de la distribución de sus frecuencias en la población. El promedio de PIC ha sido de 0.56 para un N_a promedio de 5.04. Se observó una importante variación en cuanto al PIC de los marcadores, en la tabla 137 se muestran los valores para cada marcador. Los valores extremos fueron para CSSM66 (0.76) y para HEL13 (0.17). Algunos marcadores muestran un PIC elevado aunque su N_a es bajo como por ejemplo ILSTS06 (0.72), BM1824 (0.66), INRA63 (0.57) y otros un PIC bajo con un N_a mayor como por ejemplo TGLA53 (0.58) y SPS115 (0.38). En resumen 20 marcadores han resultado altamente informativos con valores mayores de 0.50 seis han sido medianamente informativos con valores entre 0.25 y 0.50 y uno solo con bajo valor informativo menor a 0.25.

Tabla 137: Valores de *PIC* y *Na* para cada marcador

Locus	N	<i>Na</i>	<i>PIC</i>
BM8125	36	3	0.45
BM1314	36	4	0.52
BM1818	36	4	0.45
CSSM66	36	8	0.76
ETH10	36	4	0.57
INRA32	30	5	0.66
MM12	36	4	0.55
TGLA122	35	7	0.70
BM2113	36	5	0.57
CSRM60	36	4	0.48
ETH185	33	6	0.66
HAUT27	34	8	0.75
HEL13	36	4	0.17
HEL9	36	7	0.60
ILSTS6	36	5	0.72
INRA23	33	5	0.50
INRA37	36	5	0.54
INRA63	36	3	0.57
SPS115	33	5	0.38
TGLA227	36	7	0.75
BM1824	35	4	0.66
ETH225	35	5	0.67
ETH3	35	4	0.40
HAUT24	32	6	0.55
ILSTS011	34	3	0.52
INRA35	35	4	0.28
TGLA53	31	7	0.58
MEDIAS		5,04	0.56

5.4 Estadístico *Fis*

El *Fis* mide la reducción en la heterocigosidad debida a los apareamientos no aleatorios en la población, por lo cual indica el nivel de endogamia de los individuos de la población. Es una correlación estadística que toma valores desde -1 a + 1. El signo negativo indica exceso de

heterocigotos mientras que el signo positivo indica exceso de homocigotos. La magnitud del F_{IS} , viene dada por el valor absoluto del índice, siendo bajo si el valor esta entre 0 y 0.05, medio si se encuentra entre 0.06 y 0.15, alto si se encuentra entre 0.16 y 0.25 y muy alto si es mayor a 0.25 (Hartl 1988). En la tabla 138, se observa el valor de F_{IS} para cada marcador ordenados en función de su signo y magnitud, los primeros 8 presentan signo negativo (solo el BM8125 presenta un marcado exceso de heterocigotos) y el resto de signo positivo, de los cuales siete han presentado un marcado exceso de homocigotos (INRA37, INRA32, ETH3, ILSTS06, INRA23, TGLA53 y INRA35). El F_{IS} Multilocus ha sido de 0.06579, lo cual indica el valor medio de endogamia en la población.

Tabla 138: Valores F_{IS} para cada marcador ordenados por signo y magnitud desde los menos homocigotos a los más homocigotos.

Locus	F_{IS}	Locus	F_{IS}	Locus	F_{IS}
BM8125	-0.23	TGLA122	0.01	ETH225	0.10
MM12	-0.08	BM1818	0.02	BM1314	0.14
HEL13	-0.06	ILSTS011	0.02	INRA37	0.16
INRA63	-0.05	TGLA227	0.02	INRA32	0.17
BM1824	-0.05	CRSM60	0.04	ETH3	0.20
ETH10	-0.04	BM2113	0.05	ILSTS6	0.21
HAUT24	-0.02	CSSM66	0.07	INRA23	0.23
HEL9	-0.01	SPS115	0.07	TGLA53	0.35
ETH185	0.001	HAUT27	0.08	INRA35	0.37
F_{IS} Multilocus 0.06579					

6. Comparación genética del criollo (Patagónico vs. NOA)

6.1 Frecuencias Alélicas

El número total de variantes alélicas considerando los 27 marcadores para las dos poblaciones ha sido de 179. Se observaron 24 alelos más en el criollo del NOA (160) que en el criollo PAT (136). Ha habido 43 alelos de la población del NOA, que no se han encontrado en la población PAT y 19 alelos en la población PAT que no se han encontrado en NOA. El alelo 203 del microsatélite CSSM66 se ha encontrado sólo en el NOA siendo además esta variante la más frecuente de ese

marcador en ese grupo (0.14), mientras que el alelo 158 del marcador HAUT27 sólo se ha encontrado en el PAT y es el más frecuente para este grupo (0.30). El marcador con mayor diferencia en el número de alelos presentes en cada población fue el BM8125 con 8 variantes para NOA y solo 3 para PAT, mientras que los marcadores BM1824, ETH225 y HAUTH24, han mostrado los mismos alelos en ambas poblaciones, siendo su número de 4, 5 y 6 respectivamente. El test exacto de Fisher de diferenciación génica realizado con el programa Genepop 3.4, ha mostrado diferencias altamente significativas para las frecuencias alélicas de todos los marcadores entre ambas poblaciones con la única excepción del marcador INRA 32 (tabla 139).

Tabla 139: Frecuencias alélicas comparadas para los 27 microsatélites. Test exacto de Fisher de diferenciación génica. Diferencias significativas (P-valor menor a 0.05).

MICRO	ORIGEN	Variantes Alélicas										P-valor
		104	106	108	114	116	118	122	124			
BM 8125	Variante	104	106	108	114	116	118	122	124			
	NOA	0.133	0.133	0.011	0.056	0.267	0.144	0.244	0.011			0
	PAT					0.653	0.153	0.194				
BM 1314	Variante	143	149	157	159	161	169					
	NOA	0.011	0.011	0.156	0.411	0.389	0.022					0.017
	PAT			0.097	0.597	0.222	0.083					
BM 1818	Variante	258	260	262	264	266	268	270				
	NOA		0.011	0.367	0.033	0.5	0.089					0
	PAT	0.167		0.667		0.153		0.014				
CSSM 66	Variante	183	185	187	189	191	193	197	201	203		
	NOA	0.044	0.133	0.2	0.011	0.111	0.2	0.1	0.056	0.144		0.000
	PAT	0.125	0.194	0.278	0.042	0.028	0.264	0.028	0.042			
ETH 10	Variante	215	217	219	221	223						
	NOA	0.011	0.289	0.156	0.544							0.0420
	PAT		0.292	0.111	0.514	0.083						
INRA 32	Variante	176	178	180	182	184	186	198				
	NOA	0.153	0.236	0.417	0.069	0.097	0.014	0.014				0.3352
	PAT	0.05	0.317	0.4	0.117	0.117						
MM 12	Variante	114	116	118	120	122	130					
	NOA	0.012	0.058	0.512	0.093	0.093	0.233					0
	PAT	0.236		0.153	0.056		0.556					
TGLA 122	Variante	144	148	152	154	160	162	168	172			
	NOA	0.4	0.011	0.267	0.167		0.078	0.056	0.022			0
	PAT	0.186	0.029	0.071	0.371	0.014	0.271	0.057				
BM 2113	Variante	126	128	132	134	136	138	140				
	NOA	0.467	0.022	0.022	0.067	0.233	0.156	0.033				0
	PAT	0.083			0.333	0.486	0.083	0.014				
CRSM 60	Variante	91	95	99	101	103						
	NOA	0.193	0.068	0.114	0.432	0.193						0
	PAT	0.486	0.042		0.431	0.042						

MICRO	ORIGEN	Variantes Alélicas										P-valor
ETH 185	Variante	224	228	230	234	236	238	240				
	NOA	0.011		0.089	0.133	0.3	0.422	0.044				0
	PAT		0.197	0.091	0.303	0.015	0.379	0.015				
HAUT 27	Variante	128	144	146	148	150	152	154	156	158		
	NOA	0.024	0.024		0.202	0.56	0.143	0.012	0.036			0
	PAT		0.044	0.015	0.235	0.044	0.162	0.015	0.176	0.309		
HEL 13	Variante	186	190	192	194	196	198					
	NOA	0.048	0.048	0.048	0.798	0.06						0.030
	PAT		0.069	0.014	0.903		0.014					
HEL 9	Variante	155	157	159	163	165	167	169	171	173	175	
	NOA		0.211	0.011		0.411	0.267	0.011	0.078	0.011		0
	PAT	0.069	0.042		0.014	0.528	0.25	0.083			0.014	
ILSTS 6	Variante	293	295	297	299	301	303					
	NOA	0.125	0.045	0.045	0.057	0.716	0.011					0.000
	PAT	0.167	0.194	0.097	0.181	0.361						
INRA 23	Variante	199	203	205	207	209	211	213	215			
	NOA	0.012		0.024	0.073	0.402	0.073	0.061	0.354			0
	PAT		0.121		0.045	0.182	0.015		0.636			
INRA 37	Variante	124	126	128	130	132	134					
	NOA	0.044	0.556	0.133	0.111	0.122	0.033					0
	PAT	0.014	0.042		0.417	0.444	0.083					
INRA 63	Variante	175	177	183	187							
	NOA	0.7	0.033	0.211	0.056							0
	PAT	0.431	0.236	0.333								
SPS115	Variante	240	248	252	254	256	258	260				
	NOA		0.389	0.044		0.022	0.033	0.511				0
	PAT	0.015	0.742		0.167	0.061		0.015				
TGLA 227	Variante	85	87	91	93	95	97	101				
	NOA	0.034	0.114	0.273	0.148	0.227		0.205				0
	PAT	0.042	0.278	0.083	0.069	0.153	0.069	0.306				
BM 1824	Variante	181	183	185	191							
	NOA	0.067	0.333	0.456	0.144							0.009
	PAT	0.114	0.257	0.286	0.343							
ETH 225	Variante	138	142	144	146	148						
	NOA	0.122	0.522	0.056	0.122	0.178						0
	PAT	0.386	0.043	0.157	0.3	0.114						
ETH 3	Variante	115	117	119	123	125	129					
	NOA	0.012	0.291	0.36	0.035	0.279	0.023					0
	PAT		0.629	0.014	0.029	0.329						
HAUT 24	Variante	106	116	118	120	122	124					
	NOA	0.202	0.024	0.071	0.345	0.333	0.024					0
	PAT	0.578	0.203	0.016	0.141	0.047	0.016					

MICRO	ORIGEN	Variantes Alélicas										P-valor
ILSTS 01	Variante	266	268	270	272	276						
	NOA	0.011	0.25	0.136	0.557	0.045						0.0491
	PAT		0.176	0.279	0.544							
INRA 35	Variante	104	106	108	112	116	122					
	NOA	0.211	0.711		0.067	0.011						0
	PAT	0.014	0.814	0.029			0.143					
TGLA 53	Variante	155	159	161	163	165	167	169	173	185		
	NOA			0.273	0.034	0.011	0.045	0.375	0.239	0.023		0
	PAT	0.081	0.274	0.532	0.016	0.016		0.048	0.032			

6.2 Equilibrio Hardy-Weinberg

La mayoría de los marcadores en ambas poblaciones se han mostrado en equilibrio Hardy-Weinberg. En la tabla 140 se observan los microsatélites que no están en equilibrio en ambas poblaciones. Ello se ha establecido mediante tres pruebas: el test exacto de probabilidad, el test para exceso de heterocigotos, y el test para déficit de heterocigotos.

Tabla 140: Marcadores con diferencias significativas respecto del Equilibrio Hardy Weinberg en ambas poblaciones

Criollo NOA			
Microsatélite	p-VALOR		
	Test H-W	Exceso Heterocigotas	Déficit Heterocigotas
BM8125	0.0002	0.0467	
HEL13	0.0316		0.052
INRA37	0		0.0474
ETH3	0.0011		0.0194
ILSTS011	0.0387	0.0169	
HAUT27			0.0047
INRA35			0.0177
ETH10		0.062	
Criollo Patagónico			
ILST6	0.0036		0.0453
INRA23	0.0189		
ETH3	0.0249		0.0041
INRA35	0.0242		0.0241
TGLA53	0.0187		0.0031

6.3 Diversidad genética comparada

6.3.1 Heterocigosis

La heterocigosis esperada o diversidad genética media (*He*), en ambas poblaciones fue (NOA = 0,6528 y PAT = 0.6107), y la heterocigosis media observada (*Ho*), también fue superior a la esperada en NOA = 0.6663 e inferior a la esperada en PAT = 0.5795, aunque el test de comparación de proporciones no mostró diferencias significativas para ambas poblaciones (tabla 141).

El marcador CSSM66 ha presentado la máxima *He* en ambas poblaciones (NOA = 0.8538 y PAT = 0.7948) mientras que HEL13 ha presentado la menor *He* en ambas poblaciones (NOA = 0.3535 y PAT = 0.1798). Los marcadores que han presentado diferencias significativas de *He* entre poblaciones han sido ILSTS6 (PAT = 0.762 vs. NOA=0.464) y BM8125 (NOA = 0.8094 vs. PAT = 0.5127). La heterocigosis esperada (*He*), ha sido mayor en NOA que en PAT en 19 marcadores. El marcador BM8125 ha presentado la máxima *Ho* en NOA (0.9111), mientras que TGLA227 lo ha hecho en PAT (0.7778). La menor *Ho* ha sido para HEL13 en ambas poblaciones (NOA=0.2857 y PAT=0.1944). Los marcadores que han presentado diferencias significativas de *Ho* entre ambas poblaciones han sido TGLA53 (NOA=0.7273 vs. PAT=0.4149), SPS115 (NOA=0.6869 vs. PAT=0.3939) e INRA23 (NOA=0.6829 vs PAT=0.4242), donde es mayor en NOA que en PAT y en INRA63 (PAT=0.6944 vs NOA=0.4667), donde es mayor en PAT que en NOA. La heterocigosis observada (*Ho*), ha sido mayor en NOA que en PAT en 22 marcadores. En Criollo NOA hay 20 marcadores que han presentado mayor *Ho* que *He* mientras que en el Criollo PAT son solo nueve los que han presentado esa característica, siendo que en diecisiete marcadores la *Ho* ha sido menor que la *He*. En la Tabla 141, se presentan los valores de heterocigosis para cada marcador en ambas poblaciones, los valores de Z y el significado estadístico.

Tabla 141: Heterocigosis para cada marcador en ambas poblaciones

Heterocigosis	CRIOLLO NOA	CRIOLLO PAT	Valor Z	Sig. Est.
BM8125				
<i>He</i>	0.8094	0.5127	2.84	*
<i>Ho</i>	0.9111	0.6389	2.99	*
BM1314				
<i>He</i>	0.6548	0.5775	0.71	NS
<i>Ho</i>	0.7111	0.5	1.94	NS
BM1818				
<i>He</i>	0.6064	0.5042	0.92	NS
<i>Ho</i>	0.5556	0.5	0.50	NS

CSSM66				
<i>He</i>	0.8538	0.7948	0.70	NS
<i>Ho</i>	0.8667	0.75	1.34	NS
ETH10				
<i>He</i>	0.5958	0.6316	-0.33	NS
<i>Ho</i>	0.6889	0.6667	0.21	NS
INRA32				
<i>He</i>	0.7326	0.71	0.20	NS
<i>Ho</i>	0.7778	0.6	1.57	NS
MM12				
<i>He</i>	0.6633	0.6092	0.50	NS
<i>Ho</i>	0.6977	0.6667	0.30	NS
TGLA122				
<i>He</i>	0.7314	0.7445	-0.13	NS
<i>Ho</i>	0.8	0.7429	0.61	NS
BM2113				
<i>He</i>	0.697	0.6385	0.55	NS
<i>Ho</i>	0.7111	0.6111	0.94	NS
CRSM60				
<i>He</i>	0.7213	0.5748	1.37	NS
<i>Ho</i>	0.75	0.5556	1.83	NS
ETH185				
<i>He</i>	0.704	0.7172	-0.13	NS
<i>Ho</i>	0.7333	0.7273	0.06	NS
HAUT27				
<i>He</i>	0.623	0.7876	-1.54	NS
<i>Ho</i>	0.5238	0.7353	-1,89	NS
HEL13				
<i>He</i>	0.3535	0.1798	1.68	NS
<i>Ho</i>	0.2857	0.1944	0.94	NS
HEL9				
<i>He</i>	0.7089	0.6451	0.61	NS
<i>Ho</i>	0.7556	0.6667	0.88	NS
ILSTS6				
<i>He</i>	0.4644	0.762	-2.70	*
<i>Ho</i>	0.5227	0.6111	-0.79	NS
INRA23				
<i>He</i>	0.6978	0.545	1.38	NS
<i>Ho</i>	0.6829	0.4242	2.28	*
INRA37				
<i>He</i>	0.6432	0.62	0.21	NS
<i>Ho</i>	0.4889	0.5278	-0.34	NS
INRA63				
<i>He</i>	0.4612	0.6478	-1.68	NS
<i>Ho</i>	0.4667	0.6944	-2.06	*

SPS115				
<i>He</i>	0.584	0.4169	1.46	NS
<i>Ho</i>	0.6889	0.3939	2.60	*
TGLA227				
<i>He</i>	0.7962	0.7878	0.09	NS
<i>Ho</i>	0.8636	0.7778	1.00	NS
BM1824				
<i>He</i>	0.656	0.7216	-0.63	NS
<i>Ho</i>	0.6889	0.7714	-0.82	NS
ETH225				
<i>He</i>	0.6627	0.7216	-0.56	NS
<i>Ho</i>	0.6889	0.6571	0.30	NS
ETH3				
<i>He</i>	0.7058	0.4959	1.89	NS
<i>Ho</i>	0.4651	0.4	0.57	NS
HAUT24				
<i>He</i>	0.7225	0.6021	1.09	NS
<i>Ho</i>	0.8095	0.625	1.77	NS
ILSTS01				
<i>He</i>	0.6067	0.5947	0.10	NS
<i>Ho</i>	0.7727	0.5882	1.75	NS
INRA35				
<i>He</i>	0.4452	0.3155	1.18	NS
<i>Ho</i>	0.3556	0.2	1.52	NS
TGLA53				
<i>He</i>	0.7242	0.6311	0.85	NS
<i>Ho</i>	0.7273	0.4194	2.68	*
HETEROCIGOSIS MEDIA				
<i>He</i>	0.6528	0.6107	0.38	NS
<i>Ho</i>	0.6663	0.5795	0.79	NS

6.3.2 Número de alelos por loci (N_a) y PIC para ambas poblaciones

El número medio de alelos por loci (N_a) ha sido mayor en NOA (5.93) que en PAT (5.04). En NOA, 23 marcadores han mostrado valores de PIC superiores a 0.50 y 4 han resultado medianamente informativos (entre 0.25 y 0.50) (tablas 142 y 143).

Tabla 142: *Na* y *PIC* para cada marcador en ambas poblaciones

Locus	POBLACIÓN	N	<i>Na</i>	<i>PIC</i>
BM8125	PAT	36	3	0.4589
	NOA	45	8	0.7828
BM1314	PAT	36	4	0.5289
	NOA	45	6	0.5877
BM1818	PAT	36	4	0.4573
	NOA	45	5	0.5322
CSSM66	PAT	36	8	0.7651
	NOA	45	9	0.8367
ETH10	PAT	36	4	0.5730
	NOA	45	4	0.5278
INRA32	PAT	30	5	0.6619
	NOA	36	7	0.6951
MM12	PAT	36	4	0.5554
	NOA	43	6	0.6216
TGLA122	PAT	35	7	0.7049
	NOA	45	7	0.6907
BM2113	PAT	36	5	0.5761
	NOA	45	7	0.6562
CRSM60	PAT	36	4	0.4843
	NOA	44	5	0.6814
ETH185	PAT	33	6	0.6678
	NOA	45	6	0.6566
HAUT27	PAT	34	8	0.7564
	NOA	42	7	0.5810
HEL13	PAT	36	4	0.1713
	NOA	42	5	0.3402
HEL9	PAT	36	7	0.6007
	NOA	45	7	0.6598
ILSTS6	PAT	36	5	0.7257
	NOA	44	6	0.4404
INRA23	PAT	33	5	0.5033
	NOA	41	7	0.6484
INRA37	PAT	36	5	0.5448
	NOA	45	6	0.6119
INRA63	PAT	36	3	0.5735
	NOA	45	4	0.4131
SPS115	PAT	33	5	0.3815
	NOA	45	5	0.5020
TGLA227	PAT	36	7	0.7581
	NOA	44	6	0.7653
BM1824	PAT	35	4	0.6692
	NOA	45	4	0.5936

Locus	POBLACIÓN	N	Na	PIC
ETH225	PAT	35	5	0.6752
	NOA	45	5	0.6248
ETH3	PAT	35	4	0.4096
	NOA	43	6	0.6493
HAUT24	PAT	32	6	0.5575
	NOA	42	6	0.6738
ILSTS011	PAT	34	3	0.5252
	NOA	44	5	0.5523
INRA35	PAT	35	4	0.2871
	NOA	45	4	0.3951
TGLA53	PAT	31	7	0.5810
	NOA	44	7	0.6767

Tabla 143: Resumen para ambas poblaciones

Población	Na Medio	PIC		
		(>0,50) Alt. Informativo	(0,25-0,50) Med. Informativo	(<0,25) Poco Informativo
NOA	5,93	23	4	-----
PAT	5,04	20	6	1

6.4 Estadísticos *F* en ambas poblaciones

Los valores *Fis*, calculados para los individuos de ambas poblaciones y para todos los loci, han mostrado trece valores negativos y catorce positivos, los valores *Fit*, seis valores negativos y veintiuno positivos y los *Fst* un solo valor negativo que ha correspondido al locus ETH10 (tabla 144). El *Fst* multilocus muestra que un 11,275 % del total de la variación genética puede atribuirse a la diferencia entre ambas poblaciones mientras que el remanente 88,725 % corresponde a diferencias entre individuos (tabla 145).

Tabla 144: Estadísticos *F* para todos los loci en ambas poblaciones. Método de ajuste por remuestreo Jackknife 1000 permutaciones. Programa Genetix

MICROSATÉLITE	<i>Fis</i>	<i>Fit</i>	<i>Fst</i>
BM 8125	-0.15399	-0.02252	0.11392
BM1314	0.01764	0.05798	0.04106
BM1818	0.06619	0.22473	0.16978
CSSM66	0.02791	0.04666	0.01929
ETH10	-0.09769	-0.10122	-0.00322
INRA 32	-0.13535	-0.08820	0.04153

MICROSATÉLITE	<i>Fis</i>	<i>Fit</i>	<i>Fst</i>
MM12	-0.05752	0.13152	0.17876
TGLA12	-0.03878	0.05395	0.08927
BM2113	0.01899	0.18219	0.16636
CRSM60	0.00185	0.07539	0.07368
ETH185	-0.01693	0.06923	0.08473
HAUT27	0.12545	0.30380	0.20393
HEL13	0.12153	0.13809	0.01885
HEL9	-0.03973	-0.00841	0.03013
ILSTS6	0.07241	0.17542	0.11105
INRA 23	0.11216	0.19549	0.09387
INRA37	0.21219	0.42086	0.26488
INRA63	-0.03119	0.06890	0.09707
SPS115	-0.08615	0.21093	0.27351
TGLA227	-0.02844	0.01449	0.04175
BM1824	-0.04617	-0.00311	0.04116
ETH 225	0.03225	0.21597	0.18985
ETH3	0.29917	0.40295	0.14808
HAUT24	-0.07486	0.11061	0.17255
ILSTS11	-0.13833	-0.12486	0.01183
INRA35	0.27165	0.32502	0.07328
TGLA53	0.13827	0.28230	0.16713

Fis: Estimador de la consanguinidad dentro de la población; *Fit*: Consanguinidad estimada para el total de la población; *Fst*: Medida de diferenciación genética entre las poblaciones

Tabla 145: Valores de estadísticos *F* para las dos poblaciones y el intervalo de confianza.

		IC 95 % (1000 bootstraps)	
Fis Multilocus	0.02228	-0.01111	0.06307
Fit Multilocus	0.13252	0.08200	0.18799
Fst Multilocus	0.11275	0.08154	0.14520

En la tabla 146 se observan los valores *Fis* promedios para ambas poblaciones y los respectivos intervalos de confianza, que indican que los PAT son significativamente más homocigotas que los NOA.

Tabla 146: Valores *Fis*

Población	<i>Fis</i> Multilocus	I.C 95 % (1000 bootstraps)	
PAT	0.06579	-0.01886	0.11206
NOA	-0.00913	-0.05272	0.01083

El rango de valores *Fis* en los PAT ha sido entre -0,2327 (BM8125) y 0,3785 (INRA35), mientras que en los NOA el rango ha sido de -0.2630 (ILSTS011) y 0.3513 (ETH3). Los marcadores que más diferencian a las poblaciones respecto al *Fis* fueron TGLA53 (PAT = 0.35; NOA 0.0072) y ILSTS6 (PAT = 0.2114; NOA = -0.1143), en ambos casos PAT ha resultado con mayor homocigosis

que NOA. Contrariamente, los marcadores que han presentado valores mas semejantes en ambas poblaciones han sido CSSM66 (PAT= 0.007; NOA= -0.0038), ETH185 (PAT = 0.0013; NOA= -0.0305) y HEL9 (PAT = -0.0194; NOA = -0.0546). Los PAT han presentado siete marcadores con signo negativo (exceso de heterocigotos), mientras que los NOA presentan dieciocho con esa característica (Tabla 147).

Tabla 147: Valores *Fis* (estimador de la consanguinidad dentro de la población) para cada marcador en cada población.

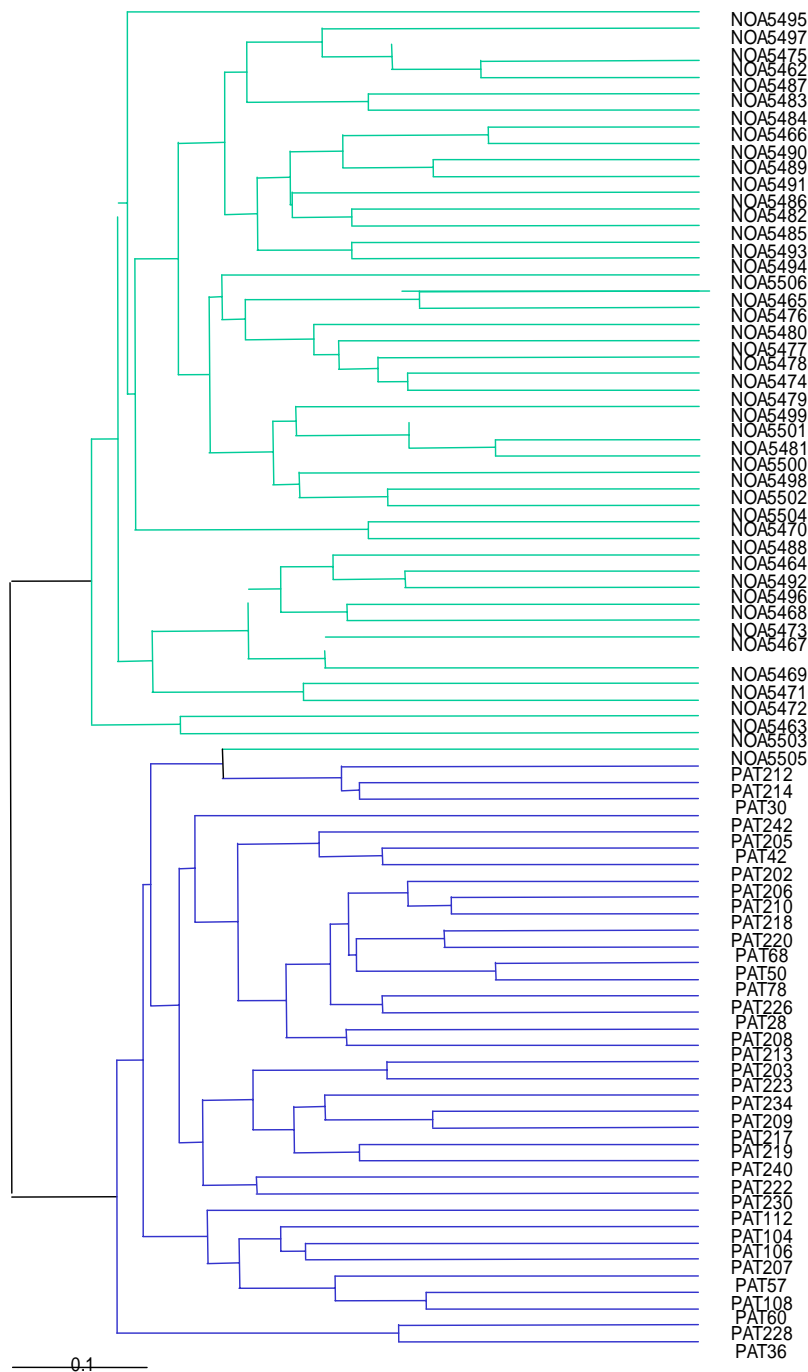
Locus	<i>Fis</i> NOA	<i>Fis</i> PAT
BM1314	-0.0748	0.148
BM1818	0.095	0.0225
BM1824	-0.0388	0.0545
BM2113	-0.0089	0.056
BM8125	-0.1146	-0.2327
CRSM60	-0.0282	0.0476
CSSM66	-0.0038	0.007
ETH10	-0.1452	-0.041
ETH185	-0.0305	0.0013
ETH225	-0.0282	0.1037
ETH3	0.3513	0.2073
HAUT24	-0.1085	-0.0222
HAUT27	0.1709	0.081
HEL13	0.2032	-0.0675
HEL9	-0.0546	-0.0194
ILSTS011	-0.263	0.0258
ILSTS6	-0.1143	0.2114
INRA23	0.0336	0.2361
INRA32	-0.0475	0.1714
INRA35	0.212	0.3785
INRA37	0.2504	0.1624
INRA63	-0.0005	-0.058
MM12	-0.04	-0.08
SPS115	-0.1688	0.0703
TGLA122	-0.082	0
TGLA227	-0.0732	0.0268
TGLA53	0.0072	0.35

6.5 Distancia Genética

Si bien es cierto que las medidas de distancia genética calculadas entre dos poblaciones, sin considerar otras como referencia no nos brindan una información confiable, es importante mencionar que las cuatro medidas calculadas entre PAT y NOA ($D_s = 0.279$; $D_R = 0.120$; $D_c =$

0.347; $D_A = 0.164$), han mostrado que ambas poblaciones están genéticamente distanciadas. También la distancia genética calculada entre individuos (distancia individual D_{SA}), ha mostrado una importante diferenciación entre el Criollo NOA y el PAT, lo cual se ilustra en el gráfico 10, utilizando el método UPGMA, donde se observa que los individuos de las dos poblaciones se separan totalmente.

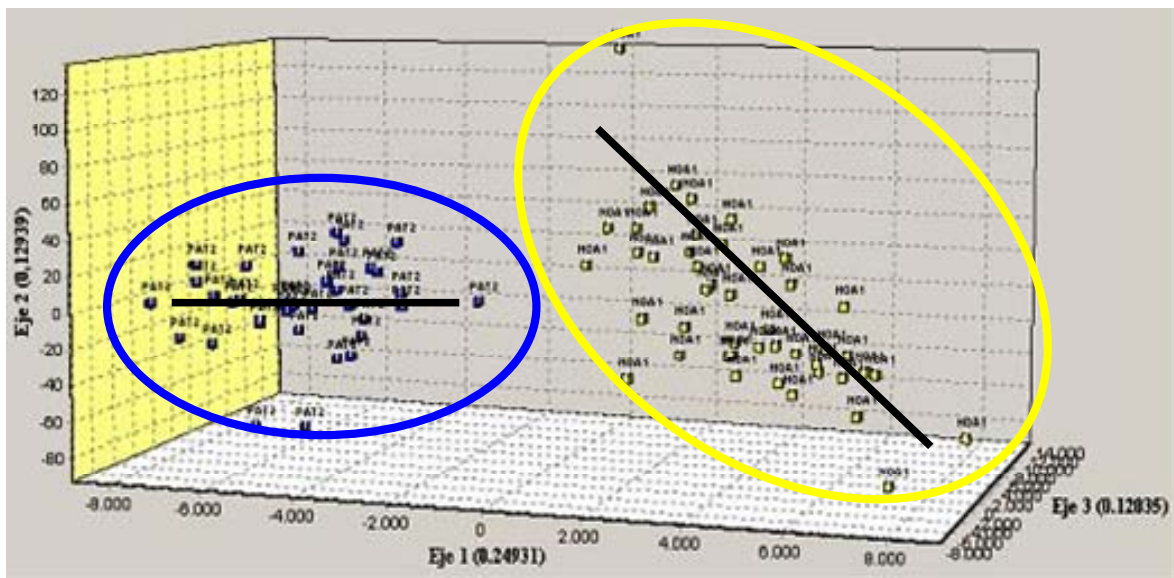
Gráfico 10: Árbol de Distancias Individuales D_{SA} construido con el método UPGMA



6.6 Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples

En el Gráfico 11, se observa la representación espacial de los animales PAT y NOA, empleando como variable clasificatoria los genotipos individuales para los 27 microsatélites, realizada con el programa Genetix 4.3. Los resultados indican que ambos conjuntos de individuos se agrupan alrededor de su centro de gravedad, separándose totalmente uno de otro, dividiéndose los dos grupos PAT y NOA por el primer eje factorial que explica el 25 % de la variación total. El segundo eje factorial que explica el 12.5 % de la variación, muestra que los animales PAT se agrupan de manera más homogénea que los NOA que muestran mayor dispersión y distinta tendencia.

Gráfico 11: Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples PAT-NOA



6.7 Asignación de individuos

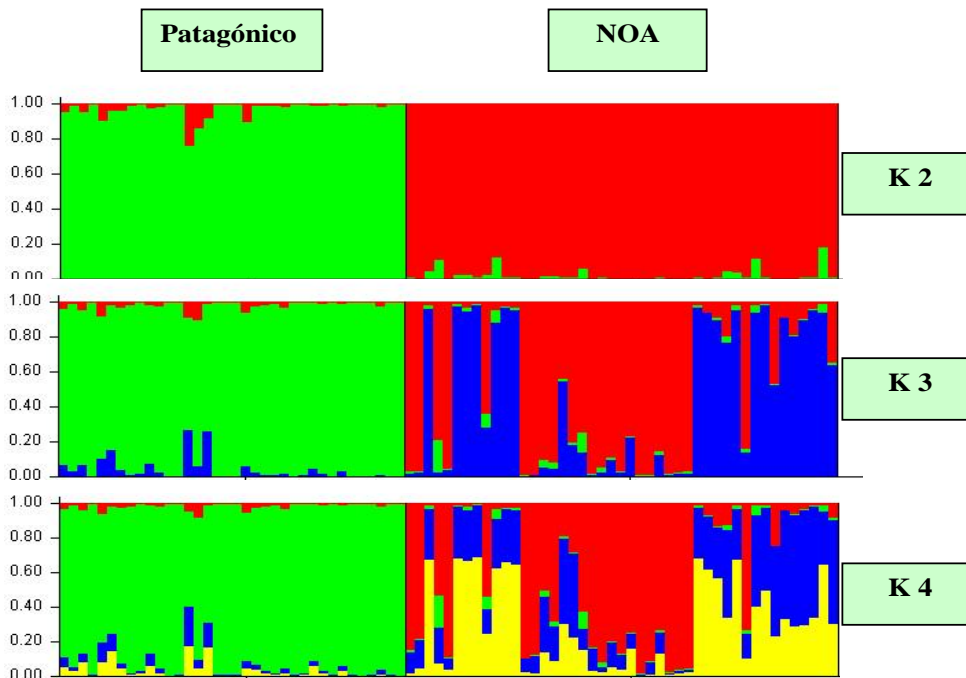
Mediante el programa Structure v.2.1. (Pritchard y col 2000), utilizando un algoritmo bayesiano se ha determinado la distribución *a posteriori* de cada coeficiente de mezcla de cada individuo (q). La media de ésta distribución representa una estimación de la proporción que el genoma de un individuo tiene de las poblaciones parentales, suponiendo que estas están en equilibrio H-W. Structure realiza la asignación de individuos a Clusters en función de su parecido genético suponiendo que las frecuencias génicas están correlacionadas y que las poblaciones en estudio están mezcladas. Para cada valor de K (número de poblaciones) se realizaron tres corridas independientes. Los resultados de cada corrida están basados en 10^6 iteraciones, seguidas a un

periodo previo de calentamiento de 100.000 iteraciones. Los estimadores de verosimilitud han sido consistentes entre corridas independientes. En la Tabla 148 se observa la proporción de individuos de cada población (PAT y NOA) que el programa ha asignado a los distintos clusters. En K=2, el NOA y el PAT se diferencian prácticamente en su totalidad con solo un 3% de individuos mezclados. En K=3 los individuos PAT se ubican mayoritariamente en el cluster 2 (0.937), mientras que los del NOA comparten proporciones similares en el cluster 1 (0.513) y en el 3 (0.463) mostrando que persiste la diferenciación respecto de PAT pero al mismo tiempo mayor dispersión genética. En K=4, se acentúa la dispersión de los individuos del NOA que aparecen mayoritariamente en los clusters 1 (0.423), 2 (0.270) y 3 (0.286), mientras que los individuos PAT se concentran en el cluster 2 (0.915). El grafico 12 ilustra la asignación de individuos a clusters, donde cada barra indica un individuo y cada cluster tiene un color distinto.

Tabla 148: Proporción de individuos asignados a cada cluster

	K=2		K=3			K=4			
	1	2	1	2	3	1	2	3	4
PAT	0,030	0,970	0,021	0,937	0,042	0,017	0,915	0,034	0,034
NOA	0,976	0,024	0,513	0,024	0,463	0,423	0,021	0,270	0,286

Gráfico 12: Asignación individual a Cluster para PAT y para NOA



7. Comparación genética del PAT y el NOA con ocho agrupaciones raciales de referencia

A efectos de corroborar las diferencias observadas hasta el momento entre el PAT y el NOA, se han utilizado otras ocho agrupaciones raciales como referencia, para observar su comportamiento frente a las mismas. Para ello se utiliza el mismo panel de microsatélites con excepción de BM8125, ILSTS011 e INRA23, es decir que todas las poblaciones se han comparado con un total de 24 marcadores.

7.1 Número medio de alelos y Heterocigosis

Berrenda Colorada (BCOL), Canaria (CAN) y Pajuna (PAJ), han presentado el mayor número de alelos promedio por loci (N_a), 7.37, 7.29 y 7.16 respectivamente, mientras que Hereford (HER), Berrenda Negra (BNEG), Palmera (PAL) y Criollo Patagónico (PAT) los menores 5.04, 5.16, 5.20 y 5.20 respectivamente. En BCOL, se ha observado la mayor heterocigosis media ($H_E = 0.7399$) y en PAL la menor ($H_E = 0.5711$), siendo PAT mas cercano a ésta ($H_E = 0.6182$). Siete agrupaciones raciales (PAJ, PAT, BCOL, HER, CAN, FRI y BNEG), tienen cierto déficit de heterocigotas ($H_O < H_E$), mientras que tres (NOA, PAL y MAR), presentan cierto exceso ($H_O > H_E$) (Tabla 149).

Tabla 149: Promedio de Heterocigosis y Número medio de alelos en cada agrupación racial

	N_a	H_O	H_E
PAJUNA	7.16	0.6776	0.7041
PATAGÓNICO	5.20	0.5831	0.6182
NOA	5.83	0.6510	0.6463
PALMERA	5.20	0.5911	0.5711
B COLORADO	7.37	0.6897	0.7399
HEREFORD	5.04	0.5684	0.6034
CANARIA	7.29	0.6794	0.7155
MARISMEÑA	5.37	0.6027	0.5945
FRISONA	5.66	0.6745	0.6807
B NEGRO	5.16	0.5598	0.6110

N_a = Número Medio de Alelos; H_O = Heterocigosidad Observada; H_E = Heterocigosidad Esperada

7.2 Estadísticos *F*

En la tabla 150 se observan los *F* promedio para los 24 marcadores en todas las poblaciones. Ninguno presenta valores negativos. El *F_{is}* (0.04242), indica algún exceso de homocigosis dentro de las agrupaciones raciales, el *F_{it}* (0.16114) cierta endogamia en los individuos en relación a la población total y el *F_{st}* (0.12398) de media a alta diferenciación genética entre las poblaciones.

Tabla 150: Valores F promedio para todas las poblaciones e intervalo de confianza

		IC 95 % 1000 bootstraps	
<i>Fis</i> Multilocus	0.04242	0.02259	0.06749
<i>Fit</i> Multilocus	0.16114	0.13603	0.18924
<i>Fst</i> Multilocus	0.12398	0.11179	0.13765

Las agrupaciones raciales BNEG (0.10182), HER (0.08131), BCOL (0.08055), muestran valores Fis más altos que PAT (0.07138), lo cual indica que presentan mayor homocigosis. Contrariamente PAL (-0.02333), manifiesta algún exceso de heterocigotas y MAR (-0.00061) es la más equilibrada (Tabla 151).

Tabla 151: Valores Fis e intervalo de confianza en todas las agrupaciones raciales

	<i>Fis</i>	IC 95 % 1000 bootstraps	
PAJUNA	0.05048	-0.00457	0.08233
PATAGÓNICO	0.07138	-0.00257	0.11555
NOA	0.00434	-0.5279	0.03739
PALMERA	-0.02333	-0.06774	0.00018
BCOL	0.08055	0.02462	0.11071
HEREFORD	0.08131	0.00289	0.10725
CANARIA	0.06211	0.01069	0.08858
MARISMEÑA	-0.00061	-0.05807	0.02717
FRISONA	0.02976	-0.04297	0.05339
BNEGRO	0.10182	0.03561	0.1317

7.3 Distancias Genéticas

Se han calculado las distancias genéticas D_S (Nei 1972), D_C (Cavalli Sforza y Edwards 1967), D_A (Nei 1983) y D_R (Reynolds J 1983), entre las diez poblaciones. Las dos primeras se observan en la Tabla 152 y las dos restantes en la Tabla 153. Las cuatro distancias han coincidido en que la raza más distante de los Criollos de origen patagónico (PAT) es la Hereford (HER), mientras que las cuatro distancias también han coincidido en señalar que la raza más distante de los Criollos del Noroeste (NOA) es la Palmera (PAL). La distancia entre PAT y NOA, ha sido similar a la existente entre PAT-BCOL, PAT-CAN y PAT-FRI, lo que se confirma mediante las cuatro distancias medidas. Estos resultados se ilustran en los árboles que se observan en los gráficos 13 y 14.

Entre las razas CAN-PAL, BCOL-CAN, MAR-BCOL, HOL-BCOL, PAJ-BCOL, PAJ-CAN, MAR-PAJ y FRI-PAJ, existe menor distancia genética que entre PAT y NOA. Al construir los árboles de distancia con la D_A y el método de Neiborg-Joining (Gráfico 13) y con la distancia D_R

(Gráfico 14), con el mismo método, se observa que la distribución espacial de las distintas poblaciones es similar en los dos gráficos, ratificando lo observado en las tablas de distancia.

Tabla 152: Diagonal arriba Distancia Estándar (Ds) de Nei (1972) Diagonal abajo Distancia Dc Cavalli-Sforza and Edwards (1967)

	N	PAJ	PAT	NOA	PAL	BCOL	HER	CAN	MAR	FRI	BNEG
PAJUNA	40	0.000	0.234	0.278	0.332	0.073	0.489	0.159	0.244	0.184	0.339
PAT	36	0.350	0.000	0.293	0.354	0.227	0.580	0.299	0.442	0.311	0.456
NOA	45	0.337	0.350	0.000	0.529	0.231	0.419	0.358	0.409	0.409	0.341
PALMERA	43	0.402	0.434	0.476	0.000	0.304	0.615	0.232	0.481	0.407	0.541
BCOLORADO	40	0.220	0.353	0.330	0.396	0.000	0.404	0.126	0.214	0.189	0.306
HEREFORD	25	0.450	0.479	0.426	0.540	0.436	0.000	0.493	0.495	0.525	0.610
CANARIA	44	0.313	0.392	0.393	0.352	0.295	0.449	0.000	0.291	0.211	0.415
MARISMEÑA	40	0.353	0.438	0.408	0.445	0.343	0.447	0.379	0.000	0.371	0.487
FRI	28	0.330	0.392	0.418	0.439	0.336	0.469	0.336	0.410	0.000	0.430
BNEGRO	32	0.380	0.436	0.410	0.487	0.384	0.511	0.429	0.459	0.452	0.000

PAJ=Pajuna PAT=Criollo Patagonico NOA=Criollo Noroeste Argentino PAL= Palmera BCOL= Berrenda en Colorado HER= Hereford CAN= Canaria MAR= Marismeña HOL= Holstein BNEG= Berrenda en Negro

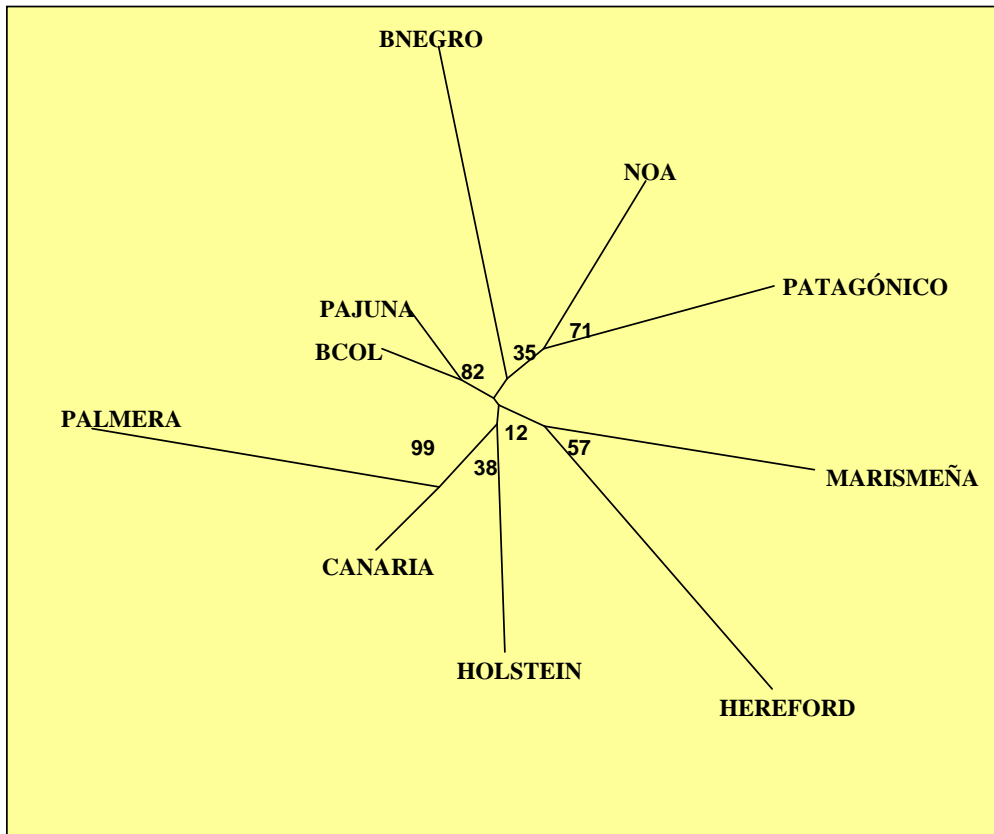
Tabla 153: Diagonal arriba Distancia (D_A) de Nei (1983). Diagonal abajo Distancia D_R de Reynolds J. (1983)

	N	PAJ	PAT	NOA	PAL	BCOL	HER	CAN	MAR	FRI	BNEG
PAJUNA	40	0.000	0.166	0.146	0.216	0.065	0.268	0.128	0.163	0.144	0.194
PAT	36	0.106	0.000	0.166	0.252	0.171	0.314	0.202	0.250	0.208	0.266
NOA	45	0.116	0.156	0.000	0.301	0.144	0.251	0.205	0.223	0.237	0.229
PALMERA	43	0.184	0.245	0.343	0.000	0.213	0.387	0.164	0.276	0.263	0.313
BCOLORADO	40	0.015	0.096	0.088	0.153	0.000	0.251	0.116	0.156	0.149	0.194
HEREFORD	25	0.223	0.362	0.247	0.465	0.169	0.000	0.264	0.273	0.296	0.345
CANARIA	44	0.049	0.130	0.145	0.116	0.032	0.215	0.000	0.191	0.156	0.239
MARISMEÑA	40	0.123	0.279	0.246	0.376	0.100	0.337	0.146	0.000	0.230	0.271
FRI	28	0.060	0.141	0.181	0.245	0.057	0.260	0.070	0.198	0.000	0.278
BNEGRO	32	0.159	0.283	0.193	0.402	0.129	0.387	0.179	0.319	0.213	0.000

PAJ=Pajuna PAT=Criollo Patagonico NOA=Criollo Noroeste Argentino PAL= Palmera BCOL= Berrenda en Colorado HER= Hereford CAN= Canaria MAR= Marismeña HOL= Holstein BNEG= Berrenda en Negro

Los árboles de distancia se han realizado con el programa Populations, utilizando para determinar la consistencia de los diferentes nodos internos un análisis de bootstraps con 1000 replicaciones. En los dos árboles los valores de bootstrap han sido bajos, aunque en el árbol de las distancias D_A estos valores son mayores que los obtenidos en el árbol D_R, por lo que el árbol de distancias D_A es más robusto que el de distancias D_R.

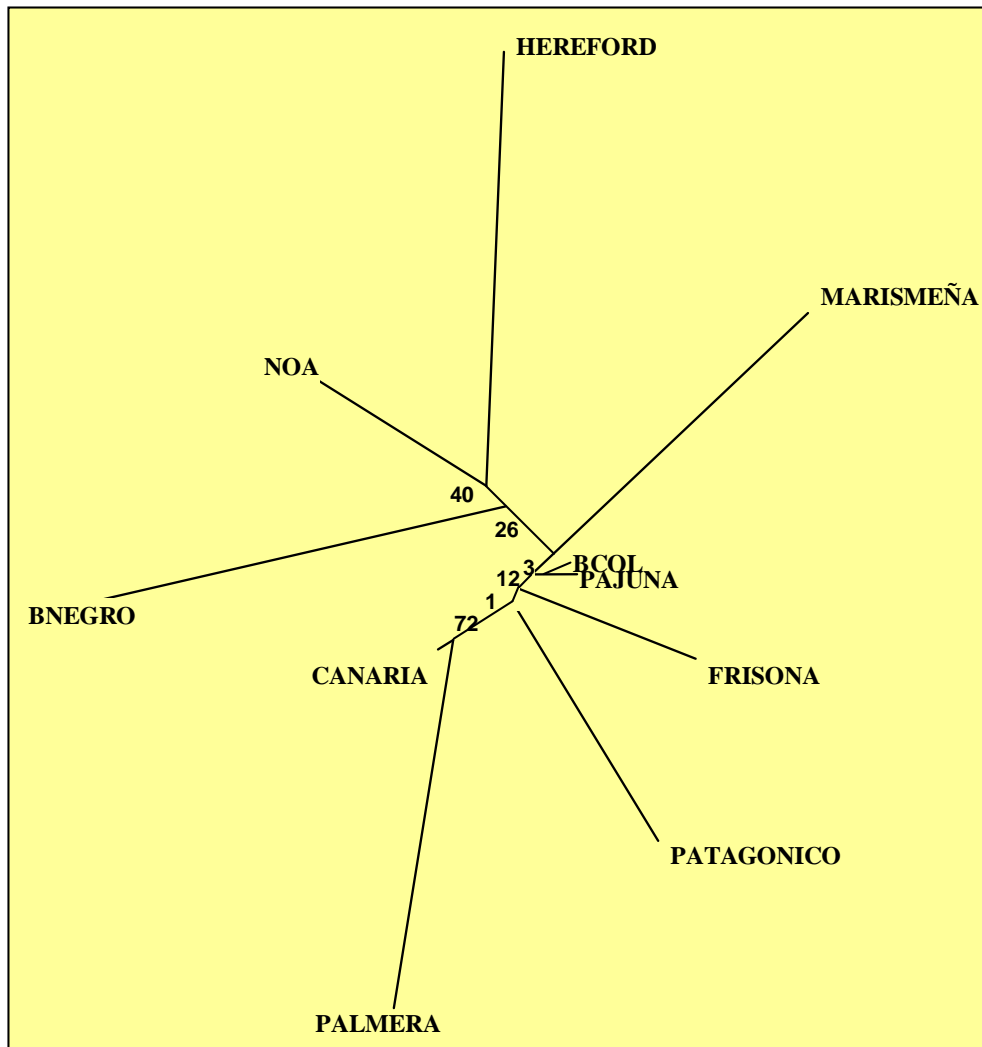
Gráfico 13: Árbol de distancias genéticas construido con las distancias D_A y el método Neiborg- Joining



Los valores sobre los nodos indican los porcentajes de bootstraps

En el árbol de distancias D_A se forma un cluster con las poblaciones NOA y PAT con un alto valor de bootstrap (71%), pero la distancia genética entre estas dos poblaciones es mayor que la existente entre otras razas sobradamente reconocidas, como se ha explicado con anterioridad. El hecho de que prácticamente todos los nodos del árbol estén próximos al origen del mismo indica que todas las poblaciones representadas son independientes entre sí.

Gráfico 14: Árbol de distancias genéticas construido con las distancias D_R y el método de Neiborg-Joining.



Los valores sobre los nodos indican los porcentajes de bootstraps.

7.3.1 Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples

En los primeros nueve factores se ha acumulado el 100 % de la variabilidad y los primeros seis explican casi el 82 % de la misma (tabla 154). La contribución de las diez agrupaciones raciales a cada uno de los seis primeros factores se observa en la tabla 155. Las agrupaciones raciales con

menor aporte a estos factores han resultado la Berrenda Colorado con 0.066 y la Pajuna con 0.101, mientras que Hereford (0.925), Berrenda Negro (0.901) y Marismeña (0.823), han sido las de mayor contribución. El Criollo PAT y el NOA han aportado valores similares 0.814 y 0.808 respectivamente, aunque con diferentes aportes a cada factor.

Tabla 154: AFCM Variabilidad explicada por cada Factor.

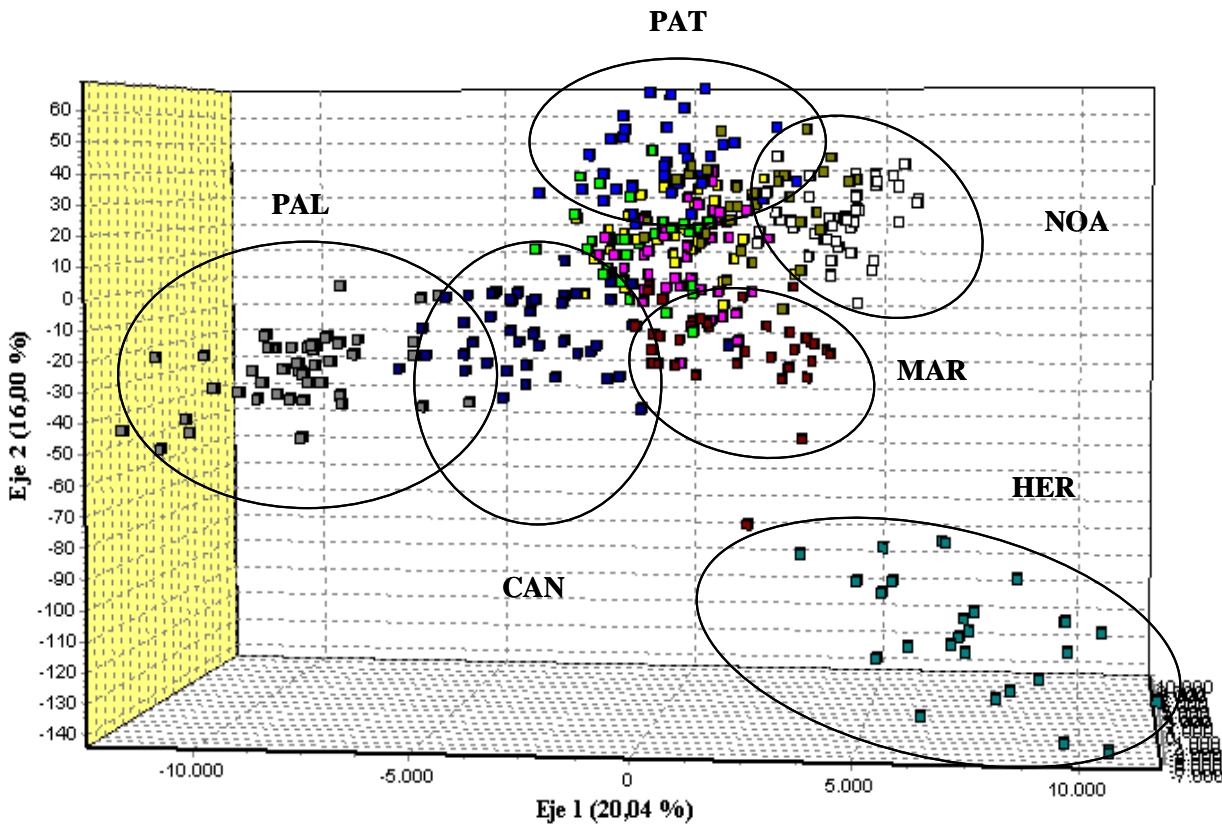
FACTOR	PROPORCIÓN DE LA INERCIA	PORCENTAJE DE INERCIA ACUMULADA
1	20.04	20.04
2	16.00	36.04
3	13.77	49.81
4	11.91	61.82
5	10.73	72.45
6	9.07	81.52
7	7.45	88.98
8	6.67	95.64
9	4.36	100

Tabla 155: Contribución de cada Agrupación racial a los Factores

AGRUPACIÓN RACIAL	FACTOR 1	FACTOR 2	FACTOR 3	FACTOR 4	FACTOR 5	FACTOR 6
PATAGÓNICO	0.002	0.146	0.188	0.160	0.012	0.306
NOA	0.143	0.062	0.099	0.001	0.072	0.431
PALMERA	0.525	0.064	0.082	0.009	0.100	0
PAJUNA	0	0.029	0.038	0.002	0.029	0.003
B.COLORADO	0.001	0.009	0.031	0.002	0.011	0.012
CANARIA	0.076	0.022	0.008	0.006	0.125	0.075
MARISMEÑA	0.013	0.039	0.442	0.097	0.211	0.021
B.NEGRO	0.024	0.053	0.010	0.698	0.010	0.106
FRISONA	0.002	0.013	0.007	0.024	0.411	0.014
HEREFORD	0,215	0.563	0.096	0.002	0.018	0.031

En el gráfico 15 se observa como las agrupaciones raciales Hereford, Palmera, Canaria, Marismeña, PAT y NOA, tienden a formar grupos separados, mientras que Pajuna, Berrenda Colorado, Berrenda Negra y Frisona no se diferencian tan nítidamente. También puede observarse como en este gráfico se confirman los resultados obtenidos mediante las cuatro distancias genéticas es decir que se contraponen PAT-HER y NOA-PAL, y PAT-BCOL, PAT-CAN y PAT-FRI presentan distancias similares a la observada entre NOA y PAT.

Gráfico 15: Representación Gráfica tridimensional de las diez agrupaciones raciales



7.3.2. Asignación de individuos a Clustes

Mediante el programa Structure v.2.1. (Pritchard y col 2000), utilizando un algoritmo bayesiano se han determinado las proporciones que el genoma de cada individuo tiene de las poblaciones parentales. El algoritmo supone que las poblaciones ancestrales están en equilibrio H-W. Se ha utilizado un período de burn-in de 200.000 repeticiones y un largo de corridas de 1.000.000. El algoritmo asigna cada individuo a una población independientemente de la identificación de la población de referencia. En el Gráfico 18 cada individuo está representado por una barra vertical. Cuando la barra vertical es de un solo color significa que el 100 % del genoma de ese individuo pertenece a ese Cluster (K), mientras que si tiene dos o mas colores significa que comparte el genoma con otros (K). Se observa en el gráfico 16, que cuando el total de individuos (373) deben ser asignados a K=2, las poblaciones más homogéneas han resultado ser Palmera, Hereford y NOA, aunque en Clustes distintos, las dos primeras en el 1 y la última en el 2 (tabla 156).

Tabla 156: Asignación de individuos a Clusters

AGRUP. RACIAL	K=2		K=3		
	1	2	1	2	3
PATAGÓNICO	0.798	0.202	0.926	0.024	0.050
NOA	0.929	0.071	0.964	0.028	0.008
PALMERA	0.047	0.953	0.012	0.015	0.973
PAJUNA	0.497	0.503	0.063	0.906	0.032
BCOL	0.563	0.437	0.063	0.911	0.026
CANARIA	0.248	0.752	0.066	0.659	0.275
MARISMEÑA	0.817	0.183	0.019	0.959	0.022
BNEGRO	0.631	0.369	0.547	0.431	0.022
FRISONA	0.376	0.624	0.050	0.931	0.019
HEREFORD	0.894	0.106	0.927	0.056	0.017

En K=3 las agrupaciones raciales más homogéneas siguen siendo Palmera, Hereford y NOA a las que se le agregan PAT (en el mismo clusters que NOA y HER) y Marismeña y Holstein, en otro Cluster (tabla 156). En K=4 se mantienen las poblaciones de la misma manera y en K=5 también, pero con la particularidad que PAT y NOA siguen siendo homogéneas pero se ubican mayoritariamente en Clusters distintos PAT=0.929 en el 2 y NOA=0.910 en el 5 (tabla 157 y gráfico 16).

Tabla 157: Asignación de individuos a Clusters

AGRUP. RACIAL	K=5				
	1	2	3	4	5
PATAGÓNICO	0.017	0.929	0.009	0.017	0.028
NOA	0.020	0.042	0.022	0.006	0.910
PALMERA	0.010	0.008	0.008	0.965	0.009
PAJUNA	0.767	0.033	0.102	0.032	0.067
BCOL	0.718	0.046	0.169	0.018	0.049
CANARIA	0.760	0.012	0.062	0.141	0.025
MARISMEÑA	0.039	0.012	0.911	0.027	0.011
BNEGRO	0.397	0.007	0.009	0.014	0.572
FRISONA	0.909	0.059	0.013	0.009	0.011
HEREFORD	0.021	0.009	0.938	0.010	0.022

En K=6, K=7, K=8, K=9, se observa como se van acentuando las diferencias entre las agrupaciones raciales más homogéneas y las menos homogéneas, hasta llegar a K=10, donde se observa que la diferenciación racial existente, coincide con la descrita en el Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples, en el cual las poblaciones que se separan nítidamente son: Palmera, Hereford, Patagónico, Marismeña, NOA y Canaria, mientras que Pajuna y Berrenda Colorada, son

las más heterogéneas, Frisona es intermedia y Berrenda Negra se muestra dividida en dos fracciones (Tabla 158 y gráfico 16).

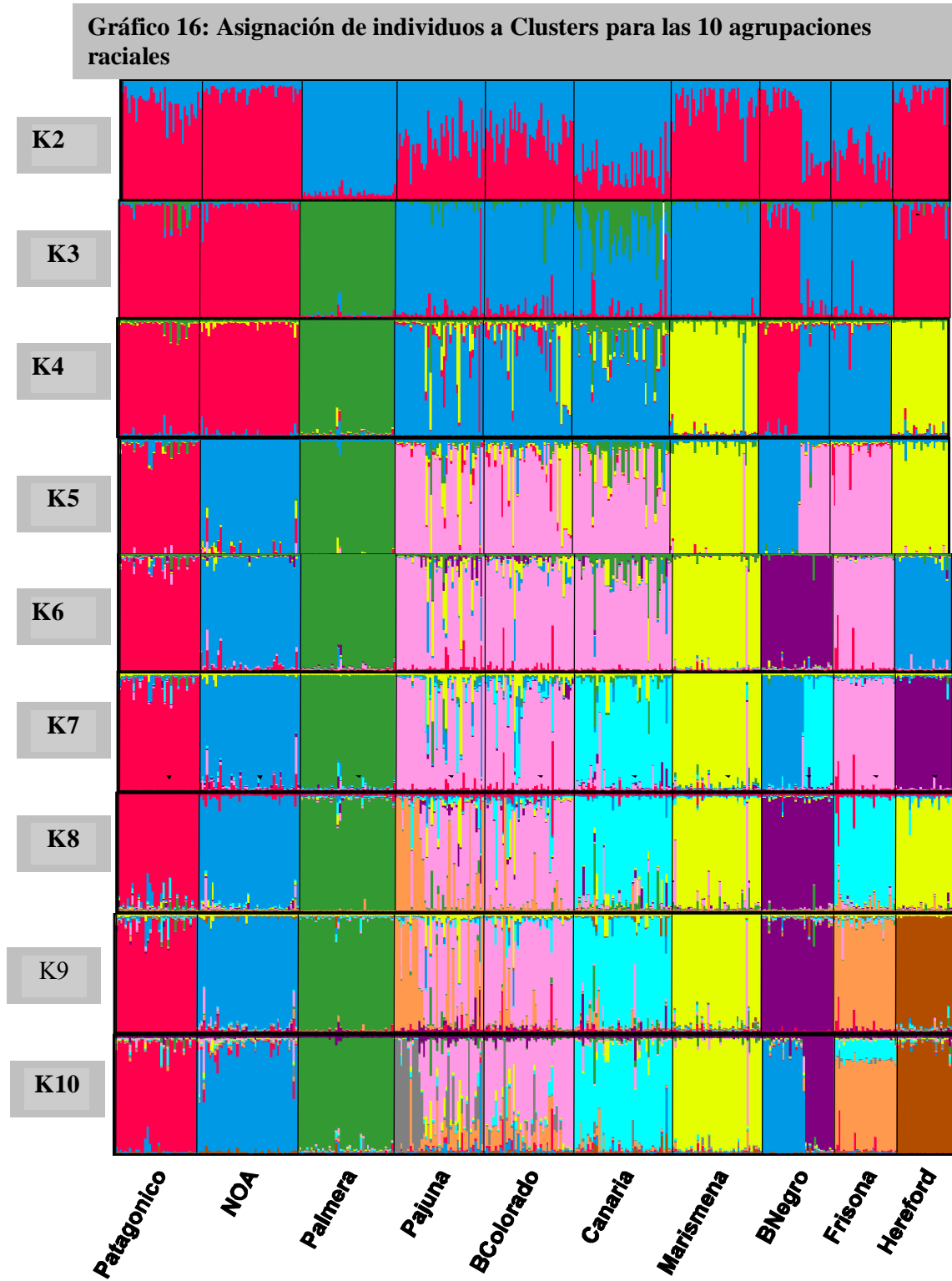


Tabla 158: Asignación de individuos a Clusters

AGRUP RACIAL	K=10									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
PATAGÓNICO	0.006	0.021	0.906	0.009	0.007	0.015	0.006	0.011	0.012	0.008
NOA	0.012	0.871	0.032	0.013	0.009	0.008	0.011	0.034	0.005	0.005
PALMERA	0.005	0.006	0.006	0.006	0.006	0.009	0.004	0.006	0.944	0.007
PAJUNA	0.006	0.039	0.017	0.108	0.375	0.021	0.052	0.336	0.024	0.023
BCOL	0.007	0.028	0.03	0.128	0.066	0.037	0.031	0.648	0.01	0.016
CANARIA	0.017	0.021	0.011	0.034	0.017	0.803	0.026	0.026	0.031	0.013
MARISMEÑA	0.006	0.007	0.008	0.012	0.009	0.008	0.902	0.029	0.014	0.004
BNEGRO	0.005	0.539	0.005	0.012	0.005	0.006	0.007	0.01	0.01	0.402
FRISONA	0.007	0.007	0.03	0.751	0.018	0.159	0.007	0.01	0.006	0.006
HEREFORD	0.936	0.007	0.005	0.008	0.009	0.009	0.007	0.007	0.007	0.006

VI. DISCUSIÓN

1. Descripción Productiva y/o Funcional

Si bien los datos sobre las distintas características productivas y/o funcionales que han podido recabarse son escasos, indican una tendencia favorable sobre las potencialidades productivas del Bovino Criollo Patagónico en sistemas extensivos de explotación. Menissier y col (1974), indican que la facilidad de parto es función del equilibrio existente entre las dimensiones del ternero y las de la pelvis de la madre en el momento del parto y de los diferentes factores que modifican la talla y morfología de ambos. En el PAT se observó un marcado equilibrio en estas características, ya que se han registrado pesos al nacimiento promedio de los terneros de 25 Kg. (menores al promedio las razas británicas que superan siempre los 30 Kg. promedio (Bustamante J L 1995)), mientras que las hembras se destacaron porque el Ancho Anterior de la Grupa promedio, fue la única medida zoométrica en que superaron a los machos. Confirmando este equilibrio funcional se destacan los 261 nacimientos registrados sin observarse ninguna distocia.

La sobrevivencia de los terneros es otra característica de importancia productiva que en el Criollo Patagónico presentó valores superiores a los observados por Melucci L (1995) en razas británicas y sus cruza. La longevidad observada en los vientres también resultó superior a la descrita por Bavera G (2005) en vientres de razas británicas. Respecto al temperamento y la facilidad para trabajar con estos animales en los corrales de encierre, se ha observado que sus características favorecen la circulación en los corrales con lo cual los trabajos se realizan más rápido y con mayor facilidad (Mareco com pers). Además, mostró una respuesta similar e incluso superior a las razas británicas en relación a la aplicación de la Inseminación Artificial a tiempo fijo (Mareco y col 2007)

2. Caracterización Morfológica

2.1 Cualitativa

En la raza criolla existen en apariencia, todos los colores de capa presentes en *Bos taurus* (Rabasa C y col 1976). En las 195 hembras descritas de ambas poblaciones se encontraron 46 variantes de color de capa y en los 64 machos 27, ésta diferencia puede ser atribuida al distinto número de individuos muestreados de cada sexo. En el bovino criollo patagónico sobre un total de 146

animales (115 hembras y 31 machos), se encontraron 39 variantes distintas de pelajes, de las cuales 32 (82 %), han correspondido a la serie del colorado, 3 (7.69 %) a la serie del negro y 4 (10.2 %) a la serie del blanco, estas últimas se presentaron solamente en las hembras. En el criollo NOA sobre un total de 113 animales (80 hembras y 33 machos), se han descrito 28 variantes distintas, de las cuales 22 (78.5%) han sido de la serie del colorado, 3 (10.7%) a la serie del negro y 3 (10.7 %) a la serie del blanco, lo cual concuerda con la descripción de los colores de capa del criollo del NOA realizada por Sal Paz F (1986). Si bien en PAT y en NOA, la serie del colorado ha sido mayoritaria y las series del negro y del blanco también presentaron valores similares en los dos sexos en las dos poblaciones, se ha comprobado mediante el test de chi cuadrado de homogeneidad de proporciones que las frecuencias de los colores de capa mayoritarios Colorado y Hosco presentaron diferencias altamente significativas entre las hembras PAT y las hembras NOA, siendo en las primeras mayoritaria la capa colorada entera (C) y en las NOA la capa Hosco (H). Para el resto de las variantes de colores de capa no se observaron diferencias estadísticas significativas entre ambas poblaciones, aunque es de destacar que debido al alto número de variantes de pelaje existentes, la cantidad de animales poseedor de cada variante fue pequeña para comparar diferencias entre PAT y NOA. En el bovino Criollo Uruguayo (Fernández y col 2001), encontraron que el 53.5 % de los animales, presentaron capas de la serie del colorado con diez variantes, el 38.6 % de la serie del blanco con nueve variantes y el 7.9 % de la serie del negro con dos variantes. Estas diferencias en las frecuencias de los distintos colores de capa entre poblaciones de bovinos criollos de distintos orígenes, parece confirmar la hipótesis de Rabasa C y col (1976), de que el medio en el cual evolucionan las poblaciones favorece la presencia o ausencia de ciertas variantes de pelajes que presentan alguna ventaja selectiva respecto de las de menor frecuencia.

Los mamíferos silvestres y domésticos que prosperan en zonas tropicales y subtropicales poseen pigmentación melánica negra en las mucosas externas. El bovino criollo argentino, presenta una elevada proporción de su población con ésta característica, que está determinada por un par de genes codominantes (Ps) (Sal Paz A R de 1986). Esta característica de alta frecuencia de pigmentación negra en las mucosas, también se ha observado en el ganado bovino Criollo Uruguayo, donde todos los individuos presentaron hocico negro (Fernández y col 2001) y en el ganado Casanare de Colombia en una proporción de 73.8 % (Sastre 2003). En el bovino criollo del NOA la pigmentación negra en el hocico también ha tenido una alta frecuencia (61.25 % en las hembras y 48.48 % en los machos), de acuerdo con lo descrito por Rabasa y col 1986, pero en el bovino criollo PAT la frecuencia de ésta característica fue mucho menor (hembras 19.13 % y machos 25 %), observándose diferencias estadísticas altamente significativas para las frecuencias de la pigmentación de hocico entre los Criollos Patagónicos y los del Noroeste, lo cual probablemente

se deba a que los NOA, han evolucionado en un clima subtropical donde la pigmentación de las mucosas es un factor que protege a los animales de los rayos solares, mientras que los PAT se han adaptado a un clima frío.

También la pigmentación de la punta de los cuernos en los NOA, presentó diferencias con los PAT, teniendo los primeros mayor frecuencia de color negro, similar a lo que ocurre en el ganado criollo Casanare de Colombia (Sastre 2003), por lo cual ésta variación en las frecuencias también podrían relacionarse con las diferencias ambientales en las que han evolucionado las poblaciones.

2.2 Cuantitativa

2.2.1 Variables Zoométricas

El dimorfismo sexual en bovinos salvajes puede apreciarse en las diferencias de tamaño entre sexos, aunque debido a la domesticación, decreció el tamaño corporal en general y el dimorfismo entre sexos (Vuure 2005). Varios autores, al estudiar la morfología de los bovinos criollos mediante la utilización de distintas medidas zoométricas han observado un marcado dimorfismo sexual, por ejemplo Rodríguez M y col (2004) en el bovino Criollo Uruguayo estudiando ocho variables del tronco encuentran un marcado dimorfismo sexual, siendo las variables con mayor diferencia entre sexos el perímetro torácico (PT) y la longitud corporal (LT); Abreu y col (2005), estudiando ocho variables del tronco en el bovino Criollo Pantaneiro también describen un marcado dimorfismo sexual debido principalmente a las mismas variables: el perímetro torácico y la longitud corporal. En ninguno de los dos trabajos se incluyen las medidas de la cabeza, siendo que el Ancho de la Cabeza (AC) y el Largo de la Cabeza (LC), fueron significativamente mayores en machos que en hembras de cinco razas bovinas (Bruna de los pirineos, Frisona, Limousin, Charoles y Rubia de Aquitania) (Pere-Miquel Parés I C y col (2007), también Martínez y col (1998), determinaron que la variable morfométrica que más claramente determinaba el dimorfismo sexual era el Ancho de cabeza (AC).

Tanto los Criollos PAT como los NOA han mostrado un claro dimorfismo sexual. En los PAT se observaron diferencias estadísticas significativas a favor del mayor tamaño de los machos en las variables AC, LC, PT, LT, AG y LG, mientras que las variables AAG y APG no presentaron diferencias entre los sexos, es decir que las hembras mostraron una conformación de la grupa mas amplia en relación a los machos, lo cual favorece los partos sin dificultades. En el criollo NOA los machos presentaron mayores dimensiones que las hembras del mismo origen en ocho variables (AC, LC, PT, LT, ACR, AG, AAG, y LG) y resultaron tener menores dimensiones que las hembras

en el APG, en todos estos casos se observaron diferencias estadísticas significativas. En general en ambas poblaciones (PAT y NOA), los machos han presentado medidas corporales mayores que las hembras manifestando un marcado dimorfismo sexual. Las únicas medidas que han resultado ser mayores en hembras que en machos fueron AAG en PAT y APG en NOA. En éste último caso, coincide con lo descrito por Montiel Sánchez M y col (1985), quien observó en terneros recién nacidos de raza Criolla Cubana, que los machos superaron a las hembras en once de las doce medidas zoométricas tomadas y las hembras superan a los machos en el (APG), atribuyendo a ésta característica zoométrica de las hembras, la facilidad con que paren sus terneros.

Las medidas de la altura, Alzada a la Cruz (ACr) y Alzada a la grupa (AG) resultaron las más homogéneas en los criollos PAT y NOA, coincidiendo con lo descrito por Rodríguez y col (2004) en el Criollo Uruguayo, por Sastre (2003) en el Criollo Casanare, por Méndez Mendoza y col (2002) en el Criollo Mixteco y por Contreras y col (2006) en el Criollo Limonero Venezolano. También en todos los casos la medida de Alzada a la Grupa (AG), ha resultado mayor que la Alzada a la Cruz (ACr) manifestando una pequeña inclinación de la línea del lomo hacia delante. Los machos NOA presentaron dimensiones mayores que los PAT estadísticamente significativas en siete variables (LC, PT, LT, ACR, AG, AAG y LG), también fueron superiores para AC y APG, aunque no mostraron diferencias estadísticas significativas. Además de mayor tamaño, los machos NOA mostraron más homogeneidad en todas las variables que los machos PAT. Las hembras NOA también han presentado mayores dimensiones estadísticamente significativas que las hembras PAT en todas las variables con excepción de AC, AAG y LG donde PAT ha superado a NOA. En AC las diferencias no son significativas, pero si lo son para AAG y LG, lo cual indica mayor amplitud de la grupa en las hembras PAT que en las NOA. En general, la comparación de las variables zoométricas indica que los animales PAT de ambos sexos son más pequeños y heterogéneos que los NOA.

El análisis multivariado confirmó los resultados observados en el estudio variable por variable, mostrando un marcado dimorfismo sexual en ambas poblaciones, aunque es más acentuado en NOA que en PAT, ya que el 87 % de los machos NOA se ubicaron en un solo conglomerado, el C2 (de mayores dimensiones) elipométricos y el 75 % de las hembras NOA en otro conglomerado, el C1 (de menores dimensiones) hipométricas, siendo los conglomerados más distantes y muestran diferencias significativas para todas las variables. La población Patagónica se ubicó en su mayoría (el 91 % de las hembras y el 52 % de los machos) en el cluster 3 de dimensiones intermedias (eumétricas) y por lo tanto se observa como más homogénea entre sexos.

Al analizar las variables morfológicas por sexo, el 74 % de las hembras del NOA se han ubicado en el conglomerado C1 de mayores dimensiones, mientras que el 69 % de las hembras PAT lo han

hecho en los conglomerados C2 y C3 que presentan menores dimensiones, pero con diferencias entre variables. En los machos, se ha observado mayor variabilidad morfológica en la población Patagónica ya que participaron con individuos en los tres conglomerados mientras que los machos del NOA mayoritariamente (88 %), lo han hecho en el C2, manifestando mayor uniformidad y mayores dimensiones que los PAT.

2.2.2 Índices Zoométricos

Los valores medios para el Índice Corporal (IC) han evidenciado diferencias significativas entre los orígenes PAT y NOA, pero no entre sexos dentro de cada región, determinando así un fenotipo más longilíneo en los animales Patagónicos de ambos sexos. Por el contrario el Índice Pelviano (IP), fue siempre mayor en hembras independientemente del origen, mostrando una relación más estrecha entre AAG y LG en las hembras (IP cercano a 100), especialmente en las hembras PAT (PH) que difieren significativamente de los machos (PM y NM), caracterizándose por presentar la grupa amplia y desarrollada, condición ésta que favorece la facilidad de parto, la cual ha sido descripta en las hembras PAT el Capítulo de Resultados (V) punto 1.2. Se destaca además que el IP entre sexos para la misma región fue distinto, ya que en NOA no se encontraron diferencias significativas entre el IP para MN y HN, mientras que si existieron para PAT entre HP y MP, lo cual indica mayor heterogeneidad en los PAT que en los NOA.

El Índice de Anamorfosis (IA) ha mostrado diferencias significativas entre los cuatro grupos, pero se destaca que el valor medio en los animales Patagónicos de ambos sexos es menor que el valor medio de los animales NOA, reflejando nuevamente un tipo más longilíneo para el PAT que para el NOA. El valor medio del Índice Corporal Lateral en los machos NOA (ICL=70.77), muestra diferencias estadísticas significativas con respecto a los machos PAT (ICL=77.29), a las hembras NOA (ICL = 76.38) y a las hembras PAT (ICL = 77.41), poniendo de manifiesto que los MN, presentan características morfológicas más compactas (más carniceras) que el resto de los grupos. Las hembras PAT, se mostraron como las menos compactas, aunque han mostrado valores menores que las hembras Criollas Uruguayas (ICL=86.40) (Rodríguez y col 2001) y que las Criollas Limoneras (ICL = 95.69) (Contreras y col 2006). El ICEF mostró diferencias significativas entre los cuatro grupos, siendo siempre menor en hembras (PAT y NOA), que en machos (PAT y NOA), reflejando el marcado dimorfismo sexual de la población Criolla Argentina.

Las hembras PAT muestran un valor medio de Índice Corporal (IC = 94.52) mayor al reportado por Rodríguez y col (2001) en hembras Criollas del Uruguay (IC = 88.20) y al de hembras Criollas Casanare (IC=85.64) reportado por Sastre (2003), las que se asemejan más al criollo NOA

(IC=89.74), con lo cual las hembras PAT manifiestan ser las más longilíneas. En cuanto al Índice Pelviano las hembras PAT (IP = 100.83) y NOA (IP = 99.15), han mostrado valores inferiores a los de las hembras Criollas Casanare (IP = 105.09) (Sastre 2003) y a las hembras Criollas Uruguayas (IP = 130.15) (Rodríguez y col 2001), lo cual denota una relación mas estrecha en las dimensiones de la pelvis de las hembras Criollas Argentinas.

El análisis multivariado incorporando los cinco índices zoométricos muestra un marcado dimorfismo sexual en los bovinos Criollos Argentinos tanto en NOA como en PAT, al separar los grupos por sexo mediante la primera coordenada discriminante, confirmando lo observado con las variables zoométricas. La segunda coordenada discriminante ha diferenciado claramente los machos Patagónicos (PM) de los machos NOA (MN), pero es ineficiente para discriminar nítidamente las hembras NOA (NH) y las hembras PAT (PH) debido principalmente a una mayor variabilidad en las hembras PAT (PH). El análisis multivariado con los cinco índices, también ha mostrado mayor variabilidad morfológica de los animales PAT (hembras y machos) que los NOA (hembras y machos), confirmando los resultados de las variables zoométricas.

3. Caracterización Genética

3.1 Variabilidad Genética

La variabilidad genética observada para los 27 microsatélites en la población criolla PAT ($N_a = 5.04$; $PIC = 0.56$; $H_E = 0.6107$ y $H_O = 0.5795$), es algo menor que en NOA, donde $N_a = 5.93$; $PIC = 0.61$; $H_E = 0.6528$ y $H_O = 0.6663$.

Los valores de H_E y número de alelos encontrados en el Criollo PAT son similares a los encontrados en otras poblaciones bovinas Criollas como son el Criollo Uruguayo (Armstrong y col 2004); Florida Craker, Pineywoods y Texas Longhorn de Estados Unidos (Mac Neil y col 2006) o Criollo Casanare de Colombia (Barrera y col 2006). Sin embargo, otros autores han encontrado un número de alelos y una H_E superiores a los encontrados en el Criollo PAT, por ejemplo, Lirón y col (2006) en Criollo Saavedreño, en Criollo Chaqueño y en Criollo Yacumeño de Bolivia; Quiroz y col (2006) en Criollo de Baja California, Criollo de Chiapas, en Criollo de Chihuahua, en Criollo Nayarit y en Criollo Poblano de México o Egito y col (2007) en Criollo Curraleiro de Brasil.

El valor de diversidad genética o heterocigosidad esperada (H_E) en el bovino Criollo Patagónico (PAT) es superior al encontrado en otras razas bovinas como por ejemplo Simmental ($H_E = 0.58$) (Edwards y col 2000), Nelore ($H_E = 0.515$) (Lara y col 2005), las razas Highland, Hereford y Shorthorn con $H_E = 0.57$, 0.60 y 0.58 respectivamente (McNeil y col 2006).

La heterocigosis media entre PAT y NOA no presenta diferencias estadísticas significativas, lo cual indica una variabilidad genética similar para ambas poblaciones. Sin embargo en el criollo PAT la heterocigosidad media observada (H_O), ha sido inferior a la esperada ($H_O = 0.5795$), mientras que en el Criollo NOA ha sido superior ($H_O = 0.6663$), lo cual refleja que en el PAT hay cierto exceso de homocigosis. Otra forma de ver que el Criollo PAT presenta mayor homocigosis que el NOA es que de un total de 27 marcadores, en Criollo NOA hay 20 que presentan mayor H_O que H_E mientras que en el Criollo PAT son solo nueve los que presentan esa característica, siendo en diecisiete marcadores la H_O menor que la H_E .

El marcador CSSM66 ha presentado la máxima H_E en ambas poblaciones (PAT = 0.7948 y NOA = 0.8538), siendo este un gen candidato a marcador de una característica productiva de gran importancia como es la deposición de grasa, ya que se encuentra en el cromosoma 14, a 5.12 centimorgan del gen de la thyroglobulina, que regula la deposición de grasa intramuscular (Veneroni y col 2006). El HEL13 fue el marcador que presentó la menor H_E , en el PAT = 0.1798 y en el NOA = 0.3535, similar a lo informado en un estudio sobre el bovino criollo uruguayo cuya H_E fue de 0.288 (Armstrong E y col 2006a).

La H_E , solo mostro diferencias estadísticas significativas entre PAT y NOA en dos marcadores ILSTS6 y BM8125 del total de veintisiete estudiados, siendo en el primero mayor en PAT y en el segundo mayor en NOA y la H_O , mostro diferencias significativas entre PAT y NOA en cuatro marcadores: TGLA53, SPS115, INRA23 y INRA63 y solo en este último PAT fue mayor que NOA.

Al comparar la variabilidad genética del Criollo PAT con la de otras ocho razas cuyas historias evolutivas están muy alejadas del mismo como Hereford (HER), Frisona (FRI), Pajuna (PAJ), Canaria (CAN), Marismeña (MAR), Berrenda Colorada (BCOL), Berrenda Negra (BNEG) y Palmera (PAL), se confirma que el Criollo PAT presenta bajos valores de H_O , H_E y número medio de alelos, similares a las razas PAL, HER, MAR y BNEG, mientras que PAJ, BCOL, CAN y FRI presentan valores mas altos.

3.2 Análisis de la estructura poblacional (Estadísticos F)

Cuando un proceso de aislamiento genético persiste por varias generaciones, la consecuencia principal, desde el punto de vista de la genética de poblaciones, es la consanguinidad y la deriva génica (Falconer y Mackay 1996). El F_{is} multilocus para los 27 microsatélites (PAT = 0.06579) y (NOA = -0.00913), muestra que los Criollos Patagónicos son significativamente más homocigotos que los NOA. Lirón y col. (2006) estudiando el criollo NOA mediante nueve microsatélites

encontraron un valor $F_{is} = 0.007$, que confirma el valor obtenido en este trabajo. La mayor homocigosis del PAT respecto del NOA, también puede comprobarse si consideramos que los PAT presentan solo siete marcadores con F_{is} de signo negativo (exceso de heterocigotas), mientras que los NOA presentan dieciocho. Los marcadores que más diferencian a ambas poblaciones respecto del valor F_{is} fueron TGLA53 (PAT = 0.35; NOA 0.0072) y ILSTS6 (PAT = 0.2114; NOA = -0.1143), en ambos casos PAT resulta con mayor homocigosis que NOA.

Lirón y col. (2006), estudiando nueve microsatélites encontraron los siguientes valores de F_{is} para los Criollos Bovilianos: (Yacumeño = -0.003), (Chaqueño = -0.047) y (Saavedreño = -0.091), con valores similares a los obtenidos para el NOA. Bedoya y col. (2001), estudiando cinco microsatélites encontraron los siguientes valores de F_{is} en los bovinos Criollos Colombianos: (Blanco Orejinegro = 0.1148), (Ramosinuano = 0.1547), (Sanmartinero = 0.0720), (Costeño con Cuernos = 0.3181), Chino Santandereano = 0.3465), (Hartón del Valle = 0.1086), (Casanare = 0.2000), todos con mayor grado de homocigosis que el PAT, siempre que el muestreo y la tipificación en el citado trabajo sean correctos.

El grado de homocigosis del Criollo PAT medido a través del F_{is} multilocus, no puede considerarse como un valor que comprometa la supervivencia de la población, principalmente si tenemos en cuenta que al comparar los valores F_{is} del (PAT = 0.0713) con el de ocho razas puras, tres de ellas han presentado valores mas elevados: (BNEG = 0.1018), (HER = 0.0813) y (BCOL = 0.0813), dos han mostrado valores similares (PAJ = 0.05048) y (CAN = 0.0621) y otras tres valores inferiores (FRI = 0.0297), (MAR = -0.0006) y (PAL = -0.0233). Moioli y col. (2004) reportan valores de F_{is} superiores al PAT en tres razas italianas (Piedmontese = 0.102, Maremmana = 0.138 y Podolica = 0.106).

El F_{st} Multilocus obtenido (0.1175), muestra una moderada a alta diferenciación genética entre los Criollos Patagónicos y los del NOA, similar a la obtenida entre las diez agrupaciones raciales consideradas (PAT, NOA, PAJ, CAN, BCOL, BNEG, MAR, PAL, FRI y HER) que fue de 0.1239. También este valor es similar al encontrado en otros estudios con varias razas europeas (Machugh y col 1998; Kantanen y col 2000). Dalvit y col (2007) trabajando con doce microsatélites encontraron que entre las razas Burlina y Brown Swiss el F_{st} fue de 0.103 y entre las razas Frisona y Brown Swiss de 0.101. Muralidhar y col (2004) reportan un $F_{st} = 0.117$ entre las razas Deoni y Ongole. Chung y col (2006) utilizando once microsatélites encontraron un $F_{st} = 0.110$ entre las razas A.Angus, Shorthorn, Limousine, Holstein y Korean cattle. Estos valores de F_{st} entre distintas razas, en diferentes regiones del mundo son semejantes al existente entre el Criollo PAT y el NOA de la Argentina, por lo que cabe considerar que existe diferenciación genética entre estas dos poblaciones

y que esta diferenciación es similar a la que existe entre otras razas bovinas estudiadas por otros autores.

3.3 Diferenciación Genética

Según (Felsenstein 2004), cuando dos poblaciones están aisladas genéticamente los procesos de mutación y deriva llevan a la diferenciación en las frecuencias alélicas y conforme se incrementa el tiempo de separación, las diferencias en las frecuencias alélicas también se incrementan. Este fenómeno se observa entre las poblaciones de bovinos Criollos del NOA y PAT ya que de las 179 variantes alélicas totales PAT y NOA no comparten 62, es decir casi un 35 %. Además, se han observado diferencias altamente significativas para las frecuencias alélicas en todos los marcadores con excepción del INRA32. Martínez y col (2003) también encontraron diferencias significativas entre PAT y NOA para el *loci BoLA-DRB3* donde el Criollo PAT presento diez variantes y NOA veintitrés. Armstrong y col (2006) compararon al bovino Criollo Uruguayo, al bovino Criollo Brasileño y al Criollo PAT utilizando los marcadores MM12 y TGLA227, encontrando similares valores para todos los parámetros para los Criollos Uruguayo y Patagónico, diferenciándose el Brasileño de ambos debido a su mayor variación.

Si bien algunos autores consideran que las medidas de distancia genética entre dos poblaciones, sin tomar como referencia otras poblaciones no es un valor confiable, cuando éstas medidas son tomadas teniendo en cuenta un número importante de marcadores genéticos y todas ellas coinciden en mostrar la misma relación entre las dos poblaciones, queda una clara tendencia que luego conviene confirmar con la inclusión de otras razas de referencia. Entre los Criollos PAT y NOA se han calculado cuatro medidas de distancia genética, teniendo en cuenta los genotipos de 27 microsatélites ($D_S = 0.279$), ($D_R = 0.120$), ($D_C = 0.347$) y ($D_A = 0.164$). También se ha calculado la distancia entre individuos D_{SA} y se ha construido un árbol de distancias individuales con el método UPGMA, mediante el programa Populations, donde se observa que los individuos PAT conforman un grupo bien diferenciado del NOA, no existiendo ningún individuo mezclado. Confirmando los resultados obtenidos, Armstrong y col. (2006), calcularon las distancias genéticas de Nei (D_A) considerando las frecuencias alélicas de tres proteínas de la leche entre el NOA, el PAT y el Criollo Uruguayo (BCU) y encontraron que la distancia entre PAT y NOA fue de 0.179, entre PAT y BCU de 0.069 y entre NOA y BCU de 0.047. Esta misma relación se manifestó cuando los mismos autores calcularon las distancias genéticas de Reynolds (D_R) y de Cavalli-Sforza (D_C) para los microsatélites MM12 y TGLA227; D_R : (PAT-NOA = 0.177); (PAT-BCU = 0.068); (NOA-BCU = 0.183) y D_C : (PAT-NOA = 0.182); (PAT-BCU = 0.042); (NOA-BCU = 0.168). Estos autores

confirman los valores de distancia entre PAT-NOA calculados, pero además se agrega un dato interesante y que es que la distancia genética entre PAT y BCU es siempre menor a la existente entre PAT y NOA. Esta relación es lógica si tenemos en cuenta el proceso histórico, ya que el BCU y el extinto bovino Criollo Pampeano (del cual son descendientes directos los PAT), tienen prácticamente el mismo origen genético y han permanecido en condiciones climáticas similares durante más de 300 años.

El gráfico que surge del Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples utilizando como variables las frecuencias alélicas de los veintisiete microsatélites para PAT y para NOA, representa a los individuos de ambas poblaciones en dos clusters o conglomerados totalmente separados por el primer eje factorial, confirmando las diferencias genéticas apuntadas.

La asignación de individuos a clusters mediante el programa Structure, clarificó aún más la diferenciación genética de ambas poblaciones, siendo un método que supone que las poblaciones están mezcladas y va asignando cada individuo a un cluster en función de su parecido genético. El mismo, al trabajar con dos clusters ($K=2$), ha agrupado el 97 % de los PAT en un Clusters y el 97 % del NOA en el otro. También es importante destacar que al continuar con el análisis y asignar los individuos a 3 y a 4 clusters para determinar si existía subdivisión en las poblaciones o mezcla de individuos se observó que PAT, continuó diferenciándose de NOA mostrándose más homogéneo. En $K=3$ el 93.7 % de los PAT se mantuvo en el mismo clusters, mientras que NOA dividió la mayoría de sus individuos en los otros dos clusters (51.3 % y 46.3 %), en $K=4$ se acentuó la dispersión de NOA ya que la mayoría de sus individuos se dividieron en 3 clusters distintos (42.3 %, 27 % y 28.6 %), mientras que la mayoría de los PAT (91.5 %) se ubicó en un solo clusters distinto de los tres anteriores. Estos resultados no son sorprendentes si tenemos en cuenta que la población del NOA es mucho más numerosa y proviene de una región geográfica más amplia y heterogénea en cuanto a sus características climáticas que la PAT. Esta última, es mucho más pequeña y se encuentra aislada por barreras naturales, reproductivamente cerrada y sometida a un clima frío pero más uniforme que en el NOA.

Considerando que en este tipo de estudios los errores de muestreo pueden alterar sustancialmente los resultados, es importante destacar que en este caso son muy improbables los errores de este tipo. Los animales patagónicos han sido extraídos totalmente al azar como puede notarse en el Anexo II y de parentesco desconocido. A 36 de estos animales se les extrajo material biológico para su genotipificación. Los animales del NOA provienen de un rodeo con registros genealógicos oficiales avalados por la Asociación Argentina de Criadores de Ganado Bovino Criollo y la Sociedad Rural Argentina, formado con anterioridad al descubrimiento del Criollo patagónico, a partir de animales comprados en el INTA Leales Tucumán, en Trancas Tucumán y en INTA Chamental de La Rioja.

De este rodeo se extrajo material biológico de 45 animales de forma totalmente aleatoria para su genotipificación. Las muestras se enviaron al laboratorio con un año de diferencia, primero fueron las patagónicas las cuales se analizaron con anterioridad al envío de las muestras del NOA que recién fueron al año siguiente cuando se dispuso de los recursos económicos para realizar el trabajo. Se ha comprobado la diferenciación genética existente entre PAT y NOA mediante la utilización como referencia de los genotipos de otras ocho razas no relacionadas (Hereford, Palmera, Pajuna, Berrenda Colorada, Berrenda Negra, Holstein, Canaria y Marismeña). Las cuatro distancias genéticas calculadas (D_S), (D_R), (D_C) y (D_A), coinciden en determinar que la raza más distante de PAT es HER, mientras que la raza más distante de NOA es PAL. También las cuatro distancias genéticas coinciden en mostrar que la diferencia entre PAT-NOA, es similar a la existente entre PAT-BCOL, PAT-CAN y PAT- HOL, que son razas bien definidas y reconocidas desde hace mucho tiempo.

Los resultados de las distancias genéticas entre las razas estudiadas y que también se observan gráficamente en los dendogramas, se confirman mediante el Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples, que ha diferenciado a los animales de las razas HER, PAL, CAN, PAT y NOA en grupos bien definidos, mientras que los individuos de PAJ, BCOL, BNEG y FRI aparecen menos diferenciados entre sí. También se observa que PAT y HER se contraponen, de la misma forma que NOA y PAL, y que PAT-BCOL, PAT-CAN y PAT-FRI presentan distancias similares a NOA-PAT. Otros autores han encontrado distancias genéticas similares a las encontradas entre PAT y NOA, por ejemplo Hansen y col (2002) entre las razas Canadienne (raza Criolla Canadiense) y Holstein, Cannadienne - Jersey y Canadienne - Brown Swiss. Mc Neil y col. (2006) trabajando con treinta y cuatro microsatélites informan una D_S entre las razas del Centro Oeste de Europa (Simmental, Tarentaise, Salers, Limousin y Charoláis) y las razas Criollas (Pineywoods, Florida Cracker, Texas Longhorn y el Criollo Mexicano) de 0.190 y entre las razas del Centro Oeste de Europa y las de las Islas Británicas (Hereford, A.Angus, Red Angus, Shorthorn y Highland) de 0.220.

La asignación a clusters de los trescientos setenta y tres individuos genotipados para los veinticuatro microsatélites, mediante el programa Structure, ha confirmado la diferenciación genética entre los Criollos PAT y NOA y los otros grupos raciales, pero además permite reconocer que los individuos de NOA y PAT se separan en $K = 5$ formando dos grupos separados y homogéneos, siendo un poco mas homogéneo PAT que NOA, al igual que lo observado cuando se realizó la asignación individual pero solamente para los ochenta y un individuos de los Criollos Argentinos. También queda claro, principalmente en $K = 10$ que PAT es una población genéticamente mas homogénea que otras razas como Pajuna, Berrenda Colorada, Berrenda Negra,

Canaria y Frisona. La relación general existente entre las razas españolas actuales (PAJ, BCOL, BNEG, MAR, PAL y CAN) y el Criollo Argentino actual (PAT y NOA), en cuanto a que este último tiene su origen en los animales traídos desde la Península Ibérica e Islas Canarias en la época de la colonización, puede establecerse diciendo que las razas españolas actuales que tienen un mayor parecido genético con el Criollo Argentino (PAT y NOA) son las razas Pajuna, Berrenda en Colorado, Berrenda en Negro y Marismeña, siendo las razas de las Islas Canarias (Palmera y Canaria) las mas distantes, por lo cual se supone que la influencia de genes provenientes de las Islas Canarias en la formación del Criollo Argentino es muy escasa o nula.

VII. CONCLUSIONES

1. Descripción Productiva/Funcional:

La potencialidad productiva del Bovino Criollo Patagónico es muy importante, particularmente para sistemas extensivos de producción donde los caracteres de importancia biológica como, fertilidad, facilidad de parto, la supervivencia de las crías hasta el destete y la longevidad de los vientres, tienen también una gran importancia económica.

2. Caracterización Morfológica del Criollo Patagónico y diferenciación con el Criollo NOA

2.1 Variables Cualitativas

El Bovino Criollo Patagónico PAT, presentó mayor cantidad de variantes de pelajes que el NOA y presenta mayor frecuencia de la variante Colorado Entero (C) que el NOA, el que se destaca por presentar mayor frecuencia del pelaje Hosco (H) que el PAT. El NOA presenta mayor frecuencia de animales pigmentados en el hocico y en la punta de los cuernos que el PAT. Tanto la mayor frecuencia de pelaje Hosco (Oscuramiento del pelaje colorado), como la mayor frecuencia de animales pigmentados, indican que los animales del NOA presentan diferencias fenotípicas con los PAT, debidas a su adaptación al ambiente subtropical.

2.2 Variables Cuantitativas

Los resultados de las variables zoométricas y de los índices zoométricos analizados individualmente y de forma multivariada coinciden en mostrar que:

- a) En ambas poblaciones existe un marcado dimorfismo sexual, un poco más acentuado en NOA que en PAT.
- b) Los machos NOA son de mayor tamaño y más homogéneos que los machos PAT.
- c) Las hembras NOA también resultaron de mayor tamaño que las hembras PAT, aunque estas últimas tienen mayor amplitud de la grupa que las NOA.

d) En general, tomando en cuenta ambos sexos los Criollos PAT son mas pequeños, longilíneos y de mayor variabilidad que los criollos del NOA que son de mayores dimensiones, mas compactos y de mayor uniformidad.

3. Caracterización Genética del Criollo Patagónico y diferenciación con el Criollo NOA

3.1 Variabilidad Genética

Hasta el presente se ha considerado al Bovino Criollo Argentino como una población única, con características genéticas similares (Poli M com. pers.). Los resultados del presente trabajo indican que ésta hipótesis solo se confirma mediante los indicadores de variabilidad genética (Número medio de alelos por loci y heterocigocidad), que han mostrado en PAT y en NOA resultados similares, aunque siempre el PAT mostró menos diversidad genética que NOA. Sin embargo no ocurrió lo mismo al estudiar y analizar los indicadores de diferenciación genética.

3.2 Diferenciación Genética

- a)** Número de variantes alélicas no compartidas entre PAT y NOA 35 %.
- b)** Diferencias estadísticas altamente significativas en las frecuencias alélicas de todos los microsatélites entre PAT y NOA, con excepción de INRA32.
- c)** El F_{ST} multilocus entre PAT y NOA (0.1175), indica diferencias genéticas similares a las encontradas entre razas muy distintas en varias regiones del mundo.
- d)** El árbol de distancias individuales D_{SA} muestra que no se mezcla ningún individuo PAT con NOA conformando dos grupos bien diferenciados.
- e)** Las cuatro distancias genéticas calculadas entre PAT y NOA ($D_S = 0.279$), ($D_R = 0.120$), ($D_C = 0.347$) y ($D_A = 0.164$), muestran valores similares al encontrado entre razas muy distintas en varias regiones del mundo.
- f)** El Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples agrupa a los individuos de ambas poblaciones en dos clusters o conglomerados totalmente separados por el primer eje factorial.
- g)** La asignación de individuos a clusters señaló que en $K=2$ se agruparon el 97 % de los PAT en un Clusters y el 97 % del NOA en el otro. En $K=3$ el 93.7 % de los PAT se mantuvo en el mismo clusters, mientras que NOA dividió la mayoría de sus individuos en los otros dos clusters (51.3 % y 46.3 %). En $K=4$ los NOA se distribuyeron en 3 clusters distintos (42.3 %, 27 % y 28.6 %).

mientras que la mayoría de los PAT (91.5 %) se ubicó en un solo clúster distinto de los tres anteriores.

Todos estos indicadores y métodos estadísticos muestran evidentes diferencias genéticas entre PAT y NOA, que reflejan y explican el proceso histórico y la distinta evolución que han sufrido ambas poblaciones. Podríamos decir que si bien son parecidas en cantidad de variabilidad, ésta obedece a distintos genes y a distintas combinaciones entre los mismos. Es evidente que el origen pampeano del Criollo PAT, su aislamiento reproductivo, el menor número de animales que el NOA y la permanencia durante más de veinte generaciones en un clima frío favoreció la diferenciación genética respecto del Bovino Criollo del NOA que es una población mucho más numerosa, que se desarrolló en una región geográfica más amplia y heterogénea con características climáticas subtropicales. Si bien es difícil en esta instancia, clasificar a los PAT como una variedad dentro de la raza Bovina Criolla o como una raza independiente teniendo en cuenta las diferencias encontradas y los criterios internacionales actuales, es necesario que el Bovino Criollo Patagónico se mantenga como una población genealógicamente cerrada a efectos de no perder la combinación de genes que se ha logrado por medio de la selección natural. Por ello, se propone a la Asociación de Criadores de Ganado Bovino Criollo Argentino, mantener registros genealógicos separados para ambas poblaciones a efectos de asegurar la conservación de la mayor diversidad genética posible dentro de la raza, lo cual no significa que no puedan realizarse apareamientos entre los dos grupos.

4. Relaciones Genéticas entre el Bovino Criollo Argentino (PAT y NOA) y otras razas europeas

Las distancias genéticas (D_S), (D_R), (D_C) y (D_A), coinciden en determinar que la raza más distante de PAT es HER y la más distante de NOA es PAL y también concuerdan en mostrar que la diferencia entre PAT-NOA, es similar a la existente entre PAT-BCOL, PAT-CAN y PAT-HOL.

El Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples diferencia a los animales de las razas HER, PAL, CAN, PAT y NOA en grupos bien definidos, mientras que los individuos de PAJ, BCOL, BNEG y FRI aparecen menos diferenciados entre sí. También muestra que PAT y HER se contraponen, de la misma forma que NOA y PAL, coincidiendo con las medidas de distancia.

La asignación a clusters de los individuos de las diez agrupaciones raciales separa a PAT y a NOA en $K = 5$ formando dos grupos separados y homogéneos y en $K = 10$ se observa que PAT es una población genéticamente más homogénea que Pajuna, Berrenda Colorada, Berrenda Negra, Canaria y Frisona.

Las razas españolas actuales que tienen un mayor parecido genético con el Criollo Argentino (PAT y NOA) son Pajuna, Berrenda en Colorado, Berrenda en Negro y Marismeña, siendo las de las Islas Canarias (Palmera y Canaria) las más distantes.

VIII. BIBLIOGRAFÍA

Abreu U G P de, Santos S A, Sereno J R B, Comastri-Filho J A y M S Ravanelli (2005); Caracterización morfométrica de los bovinos Pantaneiros del núcleo de conservación in situ de Nhumirim. Archivos de Zootecnia 54: 211-216.

Alderson L (1974); Genetic conservation and breed improvement. The Ark 1:98.

Alderson L (1992); The categorisation of types and breeds of cattle in Europe. Archivos de Zootecnia 41 (extra): 325-334.

Alía Robledo M J (1996); La base animal en el ganado caprino. Producción ovina y caprina. Zootecnia. Bases de producción animal Tomo VIII En: Buxadé C, Ediciones Mundi-Prensa, Madrid, España.

Allen P J, Amos W, Pomeroy P P y S D Twiss (1995); Microsatellite variation in grey seals (*Halichoerus grypus*) shows evidence of genetic differentiation between two British breeding colonies. 4, 653-662.

Aparicio S G (1956); Exterior de los grandes animales domésticos. Morfología externa e identificación individual. Imprenta Moderna. Córdoba España.

Aranguren-Méndez J A, Gómez M y J Jordana (2002); Potencial de los Microsatélites para la asignación de individuos dentro de raza en poblaciones a ser conservadas. Congreso de la Sociedad Española para los Recursos Genéticos Animales y III Congreso Ibérico sobre Recursos Genéticos Animales. (SERGA & SPREGA). El Arca. 5: 37.

Aranguren-Méndez J A, Román-Bravo R, Isea W, Villasmil Y y J. Jordana (2005); Los microsatélites (STR's), marcadores moleculares de DNA por excelencia para programas de conservación: una revisión. Archivos Latinoamericanos de Producción Animal, Vol. 13, No. 1 pp. 30-42.

Araujo J P, Machado J, Cantalapiedra A, Iglesias F, Petim-Batista F, Colaco J y L Sánchez (2006); Biometrical análisis of portuguese Minhota cattle. 8th World Congress on Genetics Applied to livestock production, August 13-18 Belo Horizonte, MG, Brasil.

Armstrong E, Postiglioni A, Martínez A, Rincón G y L Kelly (2004); Reseva genética de bovinos Criollos del Parque Nacional de San Miguel. I Análisis Genético de Toros con Microsatélites. Veterinaria (Montevideo) 39 (155-156): 33-38.

Armstrong E, Postiglioni A y A Martínez (2006); Genetic Potential of the Uruguayan Creole Cattle and comparison with Argentinian and Brazilian Creole populations using molecular markers.

8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. August 13-18. Belo Horizonte Brasil.

Armstrong E, Postiglioni A, Martínez A, Rincón G y J L Vega-Pla (2006a); Microsatellite analysis of the sample of Uruguayan Creole bulls (*Bos taurus*). *Genetics and Molecular Biology* 29, 2: 267-272.

Ashwell M S, Rexroad C E, Miller R H y P M VanRaden (1996); Mapping economic trait loci for somatic cell score in holstein cattle using microsatellite markers and selective genotyping. *Animal Genetics* 27: 235-242.

Balloux F, Brunner H, Lugon-Moulin M, Hausser J y J Goudet (2000); Microsatellite can be misleading an empirical and simulation study. *Evolution* 54: 1414-1422.

Barbujani G (1997); DNA variation and language affinities. *American Journal of Human Genetics* 61: 1011-1014.

Barbujani G (2000); Geographical patterns how to identify them and why. *Human Biology* 72: 133-153.

Barendse W S, Armitage M, Kossarek L M, Shalom A, Kirkpatrick B W, Ryan A M, Clayton D, Li L, Neibergs H L, Zhang N, Grosse W M, Weiss J, Creighton P, McCarthy F, Ron M, Teale A J, Fries R, McGraw R A, Moore S S, Georges M, Soller M, Womack J E y D J S Hetzel (1994); A genetic linkage map of the bovine genome. *Nature Genetics* 6: 227-235

Barker J S F, Bradley D G, Fries R, Hill W G, Nei M y Wayne R K (1993); An integrated global programme to establish the genetic relationships among the breeds of each domestic animal species. Report to the Food and Agriculture Organization of the United Nations. Roma.

Baro C, Carretero J A, Checat Y, Dunnert M L y J Cañon (2001); Clasificación racial mediante microsatélites. www.dcam.upv.es/acteon/jcanon

Baron E E, Martínez M L, Verneque R S y L L Coutinho (2002); Parentage testing and effect of misidentification on the estimation of breeding value in gir cattle. *Genetics and Molecular Biology* 25: 389-394.

Barrera G P, Martínez R, Perez J E, Polanco N y F Ariza (2006); Evaluación de la variabilidad genética en ganado Criollo Colombiano mediante 12 marcadores microsatélites. *Animal Genetic Resources Information Rome3 Italy Nro 38* 35-45.

Baudouin L, Piry S y J M Cornuet (2004); Analytical bayesian approach for assigning individuals to populations. *J Hered* 95: 217-224.

Baumung R, Simianer H y I Hoffmann (2004); Genetic diversity studies in farm animal. A survey. *Journal of Animal Breeding Genetics* 121: 361-373

- Bavera Guillermo A (2004);** El pelaje del bovino y su importancia en la producción. Editorial Río Cuarto Córdoba Argentina 1ra edición.
- Bavera Guillermo A (2005);** Cronometría dentaria. Cursos de producción Bovina de Carne F.A.V-U.N.R.C. Argentina.
- Beckmann J S y M Saller (1990);** Toward a Unified Approach to Genetic Mapping of Eucaryotes Based on Sequence Tagged Microsatellite Sites. *Biotechnology* 8: 930-932.
- Beckmann J S y J L Weber (1992);** Survey of human and rat microsatellites. *Genomics* 12: 627-631.
- Bedoya G, Carvajal L G, Bermudez N R, Moreno F L, Márquez M E, Davies S, Derr J, Ossa J E y A Ruiz (2001);** Estructura molecular y poblacional del ganado Criollo Colombiano (GCC). *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias* Vol 14 Nro 2 Pag 109-120.
- Belkhir K P, Borsa L, Chikhi N y F. Bonhomme (2003);** Genetix: 4.05 logiciel sous windowstm pour la genetique des populations. In: U. d. Montpellier (ed.). *Laboratoire Genoma Populations, Interactions, Adaptations*, Montpellier, France.
- Beteta Ortiz Manuel (2003);** Llegada y Expansión del ganado vacuno español a Sudamérica. VI. Congreso Iberoamericano de razas criollas y autóctonas Recife Brasil 1 al 4 de diciembre.
- Bishop M D, Kappes S M, Keele J W, Stone R T, Sunden S L, Hawkins G A, Toldo S S, Fries R, Grosz M D y J Yoo (1994);** A genetic linkage map for cattle. *Genetics* 136: 619-639
- Bjorklund M (2005);** A method for adjusting allele frequencies in the case of microsatellite allele drop-out. *Molecular Ecology Notes* 5: 676-679.
- Blin N y D W Stafford (1976);** Isolation of high molecular weight DNA. *Nucleic Acids Research* 3: 2303-2308.
- Bobilev I, Pigarev N, Potokin V, Lebedev V, Tsirendondokov N, Krasota V y I Martinov (1979); *Ganadería*. Editorial MIR Moscu 475 páginas.
- Bonin A, Bellemain E, Bronken Eidesen P, Pompanon F, Brochmann C y P. Taberlet (2004);** How to track and assess genotyping errors in population genetics studies. *Molecular Ecology* 13: 3261-3273.
- Bonsma J C (1949);** Breeding cattle for increased adaptability to tropical and sub tropical environments. *J. Agric. Sci.* 39(2):204-221.
- Bonsma J C (1976);** Cruzamiento para la adaptación. Cruzamiento en ganado vacuno de carne Editorial Hemisferio Sur 435-471
- Botstein D, White R L, Skolmick 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.

- Bowcock A M, Ruiz-Linares A, Tomfohrde J, Minch E, Kidd J R y L L Cavalli-Sforza (1994);** High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. *Nature* 368: 455 - 457.
- Bradley D G, Machugh D E, Cunningham P y R T Loftus (1996);** Mitochondrial diversity and the origins of african and european cattle. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 93: 5131-5135.
- Bradley B J y L Vigilant (2002);** False alleles derived from microbial DNA pose a potential source of error in microsatellite genotyping of DNA from faeces. *Molecular Ecology Notes* 2: 602-605.
- Bredbacka P y Koskinen M T (1999);** Microsatellite panels suggested for parentage testing in cattle: Informativeness revealed in finnish Ayrshire and Holstein-Friesian populations. *Agricultural and Food Science in Finland* 8: 233-237.
- Bretting P K y Widrlechner (1995);** Genetic markers and horticultural germoplasm management. *Hort Science* 30(7), 1349-1356.
- Brezinsky L, Kemp S J y A J Teale (1993a);** Five polymorphic bovine microsatellites (ilsts010-014). *Animal Genetics* 24: 75-76.
- Brezinsky L, Kemp S J y A J Teale (1993b);** Ilsts006: A polymorphic bovine microsatellite. *Animal Genetics* 24: 73.
- Brooke C H y M L Ryder (1978);** Declining breeds of the Mediterranean sheeps. *FAO Anim. Prod. And Health Paper* Nro 8.
- Budowle B (1991);** Ampflps-genetic markers for forensic identification. *Crime Laboratory Digest* 18: 134-136.
- Burstin J, A Charcosset (1997);** Relationship between phenotypic and marker distances: theoretical and experimental investigations. *Heredity*, Vol 79: 477-483.
- Bustamante José L (1995);** El plan de pruebas de producción como criterio de selección. En *Genética Zootecnica de Bovinos para carne*. EEA INTA Balcarce Argentina
- Bustos Jorge A (1993);** Indios y blancos, sal y ganado mas allá de la frontera. *Patagones 1820-1830*. Anuario del IEHS. VIII Tandil Pcia de Bs. As. Argentina
- Caballero A y M A Toro (2002);** Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conservation Genetics* 3: 289-299.
- Calabrese P P, Durret R T y C F Aquadro (2001);** Dynamics of microsatellite divergente Ander stepwise mutation and ptpportional slippage/point mutation models. *Genetics* 159: 839-852.
- Calvo J H, Lobera J, Osta R y P Zaragoza (2000);** Caracterización genética de la raza porcina chato murciano. *Archivos de Zootecnia* Nro 49: 53-58.

Callen y col (1993);

Camacho Vallejo M E y col (1998); Las granjas parque y la conservación de recursos genéticos de animales domésticos. El Arca Nro. 2 Vol. 1: 38-41.

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

Cappelletti J A (1983); Elementos de Estadística. Cesarini Hnos Editores. Segunda edición. Buenos Aires Argentina.

Capote J y Tejera A (2001); Troncos originarios de las principales especies domésticas. Rutas migratorias y difusión de las especies. Colonización de América Latina. Formación de razas criollas. II Curso Internacional sobre la Conservación y utilización de las razas de animales domésticos locales en sistemas de explotación tradicionales. CYTED Universidad de Córdoba España 20/9 al 15/10.

Carou N E, Gardón J C, De Loof E y L De Luca (2001); "Caracterización del ciclo estral de vacas Raza Bovina Criolla argentina de origen Patagónico" Taurus 3; 11:16-22

Carrazzoni J A (1997); Crónicas del campo argentino. Serie de la Academia Nacional de Veterinaria. 1ra Edición. Orientación Grafica Editora SA Buenos Aires.

Carrazzoni J A (1998); "El bovino Criollo". Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria Tomo LII Nro 16: 1-53

Cavalli-Sforza L L y A W F Edward (1967); Phylogenetic analysis models and estimation procedures. Amer. J. Hum. Genet. 9: 233-257.

Clark A G (1990); Inference of haplotypes from PCR-amplified samples of diploid populations. Mol. Biol. Evol. 7: 111-122.

Cockerham C (1969); Variance of gene frequencies. Evolution 23: 72-84.

Cockerham C (1973); Analysis of gene frequencies. Genetics 74: 679-700.

Contreras G, Chirinos Z, Zambrano S, Molero E y A Paéz (2006); Parámetros zoométricos de conformación corporal en vacas de la raza Criollo Limonero de Venezuela. Memorias VII Simposio Iberoamericano sobre conservación y utilización de recursos zoogenéticos. Cochabamba Bolivia.

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

Crossa J, Hernandez C M, Bretting P, Eberhart S A y S Taba (1993). Statistical genetic

considerations for maintaining germplasm collections. *Theoretical and Applied Genetics*. 86: 673-678.

Crow J F and M Kimura (1970); An Introduction to population genetics theory. Harper and Row Publishers Inc New York.

Chakraborty R, Danker-Hopfe H (1991); Analysis of population structure: a comparative study of different estimators of Wright's fixation indices In: *Handbook of statistics Vol 8* (eds Rao CR) p. 203-254 North-Holland Amsterdam.

Chakraborty R y L Jin (1993); Determination of relatedness between individuals using DNA fingerprinting. *Human Biology* 65: 875-895.

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

Chung H, Kim T, Chai B, Jang G, Lee J, Lee K y J Ha (2006) ; Isolation and characterization of the bovine microsatellite loci. *Biochemical Genetics*. Vol 44 Numero 11-12 Pág. 518-532.

Dalton D C (1980); Introducción a la genética animal práctica. Editorial Acirbia. 167 páginas.

Dalvit Ch, Dal Zotto R, De Marchi M y M Cassandro (2007); Genetic and productive characterization of the Burlina Cattle Breed. *Journal Agriculture Scientific and Professional Review* Vol 13 Nro 1 Pág. 124-127.

Dallas J F (1992); Estimation of microsatellite mutation rates in recombinant inbred strains of mouse. *Mammalian Genome* 3: 452-456.

David L G, Dibner M D y J F Battey (1986); Basic methods in molecular biology. Elsevier, New York, USA.

Delgado Bermejo J V (2000); La conservación de la biodiversidad de los animales domésticos locales para el desarrollo rural sostenible. *Archivos de Zootecnia Volumen 49 Nro. 187*: 317-326.

Delgado Bermejo J V (2006); El neocolonialismo y su influencia sobre los recursos genéticos: Estrategias para un futuro mejor. *Memorias VII Simposio Iberoamericano sobre conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos*. Cochabamba Bolivia Pág. 1-12.

De Alba J (1978); Progress in the selection of the Latin American Criollo. *Wld. Anim. Rev. FAO* 28: 26-30.

De Alba J (1985); El Criollo lechero en Turrialba. *Boletín Técnico Nro. 15* Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza.

Devore J (1992); Probability and statistics for engineering and the sciences. Brooks/Cole publishing Company, Pacific Grove California.

- Dorji T, Hanotte O, Arbenz M, Rege J E O y W Roder (2003);** Genetic diversity of indigenous cattle populations in bhutan: Implications for conservation. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences* 16: 946-951.
- Eding J H y G Laval (1999);** Measuring genetic uniqueness in livestock. In: *Genebanks and the management of farm animal genetic resources*. Netherlands: Ed. J.K.Oldenbroek. 33-58.
- Edwards C J, Dolf G, Looft C, Loftus RT y D G Bradley (2000);** Relationships between the endangered Pustertaler-Sprinzen and three related European Cattle breeds as analysed with 20 microsatellite loci. *Animal Genetics*, 31: 329-332.
- Egito A A, Fioravanti M C, Alburquerque M S, Almeida L D, Paiva S R, Mariante A, Juliano R S, McManus C, Castro S R y D Gratapaglia (2007);** Diversidade genética da raça bovina Curraleira no Brasil a partir de marcadores microssatélites. *Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos*. Quevedo Ecuador.
- Ellegren H (2004);** Microsatellites: Simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics* 5: 435-445.
- Falconer D S y T F C Mackay (1996);** *Introducción a la Genética Cuantitativa*. 4ta Edición. Editorial Acribia SA.
- Falush D, Stephens M y J K Pritchard (2003);** Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164: 1567-1587.
- FAO (1993);** An integrated global programe to establish the genetics relathionships among the breeds of each domestic animal species Rome. Italia.
- FAO/UNEP (1997)** *Lista Mundial de Vigilancia para la diversidad de los animales domésticos*. 2da. Edición Roma Italia.
- FAO/UNEP (1998);** Segundo documento de lineas directrices. *Gestión de pequeñas poblaciones en peligro*. Roma Italia.
- FAO (1999c);** Secondary guidelines for development of National Farm animal genetic resources. *Management Plans. Measurements of Domestic Animal Diversity (MoDAD: Working group Report* FAO Roma.
- FAO (2004);** Secondary guidelines for development if natural farm animals genetic resources management plans: *Measurement of domestic animal diversity (modad): Recommended microsatellite markers*. FAO Ed. Roma, Italy.
- Felsenstein J (2004);** *Inferring phylogenies*. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, Massachusetts. 664 páginas.
- Fernández G, Rodríguez M, Silveira C y C Barba (2001);** Estudio étnico de los bovinos Criollos del Uruguay: II Análisis de las faneras. *Archivos de zootecnia* 50: 119-124.

- Finch V A (1984)**; Color del pelaje en vacunos: efecto sobre el balance térmico, comportamiento y crecimiento, y su relación con el tipo de pelaje. *J. Agric. Sci. Camb.* 102:141-147.
- Fisher P J, Turic D, Williams N M y M J Owen (2000)**; DNA pooling: strategies for microsatellite-based association studies. 67-79. In: Hajeer, A., Worthington, J., John, S. *SNP and microsatellite genotyping: markers for genetic analysis.* USA: Eaton Publishing, 152 páginas.
- Fitch WM y E Margoliash (1967)**; Construction of phylogenetic trees. *Science* 155:279-284.
- Folch P y J Jordana (1998)**; Demographics characterization, inbreeding and maintenance of genetics diversity in the endangered Catalanian donkey breed. *Genetics Selection and Evolution* 30: 195-201.
- Freeman A R, Bradley D G, Nagda S, Gibson J P y O Hanotte (2006)**; Combination of multiple microsatellite data sets to investigate genetic diversity and admixture of domestic cattle. *Animal Genetics* 37: 1-9.
- Gandini G C, J K Oldenbroek (1999)**; Choosing the conservation strategy. p.11-31. In: *Genebanks and the management of farm animal genetic resources.* Netherlands: Ed. J.K.Oldenbroek, 119 páginas.
- Gandini G C, Ollivier L, Danell B, Distl O, Georgoudis A, Groeneveld E, Martyniuk E, van Arendonk J A M y J. A. Woolliams (2004)**; Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. *Livestock Production Science* 91: 173-182.
- García J, Jordana J, Laloe D, Pereira A, Sanchez A y K. Moazami-Goudarzi. (2001)** Genetic diversity measures of local european beef cattle breeds for conservation purposes. *Genetics Selection Evolution* 33: 311-332.
- García M L, Baselga M, M P Viudes-de-Castro y J S Vicente (2000)**; Reconstitución de una línea de conejos a partir de embriones crioconservados. *Archivos de Zootecnia* 49: 81-86.
- García D y J Cañón (2007)**; Diversidad de las especies de animales domésticos: Importancia y conservación de la variabilidad genética. *FEAGAS* 31: 61-66.
- Garriz C A (1986)**; Calidad de res y carne en novillos de raza criolla argentina y sus cruzas con Aberdeen Angus. En *Ganado Bovino Criollo Tomo 1 Orientación Gráfica Editora* 25-44.
- Garriz C A, Gallinger M M, Zamorano M y C Mezzadra (1993)**; Calidad de carne en novillos de raza criolla argentina y Aberdeen Angus puros y cruzas Criollos x Angus y Nelore x Angus. En *Ganado Bovino Criollo Tomo 3 Orientación Gráfica Editora* 178-197.
- Giberti Horacio C E (1970)**; Historia económica de la ganadería argentina. Ediciones Solar Hachete Buenos Aires primera reimpresión 211 páginas.
- Goic Ljubo M (1993)**; Bovinos Criollos chilenos y su comportamiento respecto a cruzas y otras razas. *Dialogo XXXVI Conservación y Mejoramiento del ganado bovino Criollo.* IICA Procisur

- Goldstein D B, Ruiz bares A, Cavalli-Sforza L L y M W Feldman (1995a);** An evaluation of genetic distances for use with microsatellite Loci. *Genetics* 139: 463-471.
- Goldstein D B, Ruiz bares A, Cavalli-Sforza L L y M W Feldman (1995b);** Genetic absolute dating based on microsatellites and the origin of modern humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 92: 6723-6727.
- Goldstein D B y C Schlotterer (1999);** *Microsatellites. Evolution and applications.* Oxford University Press ed, Oxford, Great Britain
- Gomes I, A Collins, C Lonjou, N S Thomas, J Wilkinson, M Watson y N Morton (1999);** Hardy-Weinberg quality control. *Annals of Human Genetics* 63: 535-538.
- Gotta Claudia (1993)** Una aproximación histórica al problema del ganado como moneda en norpatagonia, siglos XVIII-XIX. *Anuario IEHS Nro. 8 Fac. Cs. Humanas U.N.C Tandil:* 13-25.
- Gotelli D, Sillero-Zubiri C, Applebaum G D, Roy M S, Girman D J, García-Moreno J, Ostranders E A, and Wayne R K (1994);** Molecular genetics of the most endangered canid: the Ethiopian wolf *Canis simensis*. 3: 301-312.
- Gottschalk Alfons (1993);** “Evaluación Exterior del Bovino”. Editorial Hemisferio Sur. Buenos Aires Argentina.
- Grobet L A, J Schwers Roupain y R Janset (1991);** Les empreintes génétiques et autres marqueurs dans les contrôles de filiation chez les animaux domestiques. *Annales de Médecine Vétérinaire* 135: 245-253.
- Gross D S y Garrad W T (1988);** Nuclease hypersensitive sites in chromatin. *Ann Review Biochemistry* 57: 159-197.
- Guo S W y E A Thompson (1992);** Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles. *Biometrics.* 48: 361-372.
- Halbert N D, Ward T J, Schnabel R D, Taylor J F y J N Derr (2005);** Conservation genomics: Disequilibrium mapping of domestic cattle chromosomal segments in north american bison populations. *Molecular Ecology* 14: 2343-2362.
- Hamada H, Seidman M, Howard B H y C M Gordman (1982);** A novel repeat element with z-DNA forming potential is widely found in evolutionary diverse eukaryotic genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences, Vol. 79:* 6465-6469.
- Hamada H, Seidman M, Howard B H y C M Gordman (1984);** Enhanced gene expression by the poly(dT-dG)poly(dA-dC) sequence. *Mol. Cell biol., 4:* 2622-2630.
- Hammond K (1994);** Conservation of domestic animal diversity: Global Overview. In Smith C, Gavora J S, Benked B, Chesnais J, Fairfull W, Gibson JP, Kennedy BW, Burnside EB editors.

Proceeding of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Vol. 21 University Guelph Ontario Canada 610 páginas.

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

Hanotte O y H Jianlin (2005); Genetic characterization of livestock populations and its use in conservation decision-making. In: *The Role of Biotechnology*, Villa Gualino, Turin, Italia. 131-136.

Hansen Eduardo Willam (1994); Ganadería bovina de raza criolla en el noroeste argentino. Colección Arte-Ciencia Universidad Nacional de Jujuy.

Hansen C, Shrestha J N B, Parker R J, Crow G H, McAlpine P J y J N Derr (2002); Genetic diversity among Canadianne, Brown Swiss, Holstein and Jersey cattle of Canada based on 15 bovine microsatellite markers. *Genome*, 45: 897-904.

Hartl D L (1988); A primer of population genetics. Segunda Edición. Editado por Sinauewr Associated Inc. Sunderland Mass.

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

Henson E L (1992); In situ conservation of livestock and poultry. FAO Animal Production and Health Paper 99. FAO/UNEP. Rome.

Hernández J (1882); Instrucción del estanciero. Editorial Casavalle, Buenos Aires Argentina.

Hernández S, Resendiz R, Loyola J, Vázquez E y P López (2006); Caracterización zoométrica del bovino Criollo de rodeo en la mixteca poblana. VII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos. Cochabamba Bolivia. 5 al 9 de diciembre.

Herrera Mariano (2003); Criterios etnozootécnicos para la definición de poblaciones. V Congreso de SERGA y III Congreso de SPREGA Madrid Libro de Actas 41-48.

Heukeshoven J y R Dernick (1985); Simplified method for silver staining of proteins in polyacrylamide gels and the mechanism of silver staining. 6: 103-112.

Hintum T J L (1994); Drowning in the genepool: Managing genetic diversity in genebank collections. Doctoral thesis, Swedish University of Agricultural Scienses, Departaments of Plant Breeding Research, Sweden 111 páginas.

Hodges J (1990); Animal genetic resources. *Impact Sci. Soc.* 158: 143-153.

Hodges J (2002); Conservation of farmj animal biodiversity: history and prospects. *Animal genetic resources information* Nro. 32: 1-12.

Hoelzel A R y D R. Bancroft (1992); Statistical analysis of genetic variation. In *Molecular genetic analysis of populations, a practical approach*. IRL Press Oxford University Press Oxford. 159-186.

- Hoffmann I, Marsan P A, Barker J S F, Cothran E G, Hanotte O, Lenstra J A, Milan D, Weigend S y H Simianer (2004);** New MoDAD marker sets to be used in diversity studies for the major farm animal species: recommendations of a joint ISAG/FAO working group. In: FAO (ed.) Biblioteca electrónica relacionada con los Recursos Genéticos Animales y la Estrategia Mundial, Roma, Italia.
- Hoffman J I y W Amos (2005);** Microsatellite genotyping errors: Detection approaches, common sources and consequences for paternal exclusion. *Molecular Ecology* 14: 599-612.
- Holgado F D, A R Sal Paz de, F P Sal Paz y Rabasa S L (1988);** Mortalidad predestete en distintos genotipos bovinos. *Mendeliana* 8 (2): 123-134
- Holgado F y Rabasa A (2001);** Herencia del carácter “sin cuernos” en el bovino Criollo argentino. *Zootecnia Tropical* Vol 19 No 2: 185-190.
- Huang D, Yang Q, Yu C y R Yang (2003);** Development of the x-linked tetrameric microsatellite markers humdxs6803 and humdxs9895 for forensic purpose. *Forensic Sci Int* 133: 246-249.
- Inchausti y Tagle (1980);** Bovinometria y barimetria. En Capitulo 5 de Bovinotecnia. Editorial El Ateneo Buenos Aires Argentina. 36-45.
- INIA (2002);** Informe sobre la situación de los recursos genéticos pecuarios (RGP) de México. www.inia.gob.pe/GENETICA/ZOOGENETICOS/PINRZ/20Mexico.pdf -
- Johansson A, Karlsson P y U Gyllensten (2003);** A novel method for automatic genotyping of microsatellite markers based on parametric pattern recognition. *Human Genetics* 113: 316-324.
- Jordana J, Alexandrino P, Beja-Pereira A, Bessa I, Cañon J, Carretero Y, Dunner S, Laloe D, Moazami-Goudarzi K, Sanchez A 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.
- Kalinowski S T (2002);** How many alleles per *locus* should be used to estimate genetic distances? *Heredity* 88: 62-65.
- Kantanen J, Olsaker I, Hola L, Lien S, Vikki J, Brusgaard K, Eythorsdottir E, Dannel B y S Adalsteinsson (2000);** Genetic diversity and population structure of 20 North European cattle breeds. *Journal of Heredity* 91: 446-457.
- Kaukinen J y S L Varvio (1993);** Eight polymorphic bovine microsatellites. *Animal Genetics* 24: 148.
- Kappes S M, Keele J W, Stone R T, McGraw R A, Sonstegard T S, Smith T P, Lopez-Corrales N L y C. W. Beattie (1997);** A second-generation linkage map of the bovine genome. *Genome Research* 7: 235-249

- Kimura M y J F Crow (1964);** The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics* 49: 725-738.
- Kimura M y T Ohta (1978);** Stepwise mutation model and distribution of allelic frequencies in a finite population. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 75: 2868-2872.
- Kumar P, Freeman A R, Loftus R T, Gaillard C, Fuller D Q y D G Bradley (2003);** Admixture analysis of South Asian cattle. *Heredity* 91: 43-50.
- Lafuente H R (1981);** La Región de Los Cesares. Apuntes para una historia económica de Santa Cruz. Editorial de Belgrano.
- Lara M A C, Contel E P B y J R B Sereno (2005);** Caracterización genética de poblaciones cebuinas a través de marcadores moleculares. *Archivos de Zootecnia* Vol 54 Numero 206-207 Pag. 295-303.
- Lemus-Flores C, Becerril-Pérez C M, Ortiz-Solorio C A y J Espinoza-Velázquez (2002);** Efecto del porcentaje de color blanco del pelaje en la producción de leche y reproducción de vacas Holstein de primer parto en algunos climas de México. *Agrociencia* 36:23-30.
- Lewin H A (1997);** Exclusion probabilities of 22 bovine microsatellite markers in fluorescent multiplexes for semi-automated parentage testing. *Animal Genetics* Vol 28: 21-27,
- Lebedinsky M (1967);** “Estructura de la ganadería” Histórica y actual. Editorial Quipo Buenos Aires.
- Li M H, Sternbauer K, Haahr P T y J Kantanen (2005);** Genetic components in contemporary Faroe Islands cattle as revealed by microsatellite analysis. *Journal Animal Breeding and Genetics* 122: 309-317.
- Lin Z, Cui X y H Li (1996) ;.** Multiplex genotype determination at a large number of gene loci. *Proceedings National Academy Sciences*, Vol.93: 2582-2587.
- Lirón J P, P Peral-Garcia y G Giovambattista (2006);** Genetic Characterization of Argentine and Bolivian Creole Cattle Breeds Assessed through Microsatellites. *Journal of Heredity* 97 (4): 331-339.
- Litt M y J A Luty 1989.** A hypervariable microsatellite revealed by *in vitro* amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *Am J Hum Genet* 44: 397-401.
- Loftus R y B Scherf (1993);** World Watch List for Domestic Animal Diversity. *Animal Genetics Resources Information* FAO/UNEP 13: 3-11.
- Machugh D E, Loftus R T, Bradley D G, Sharp P M y P. Cunningham (1994);** Microsatellite DNA variation within and among European cattle breeds. *Proceedings Biological Sciences* 256: 25-31.

- Machugh D E, Shriver M D, Loftus R T, Cunningham P y D. G. Bradley (1997);** Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of taurine and zebu cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). *Genetics* 146: 1071-1086.
- Machugh D E, Loftus R T, Cunningham P y DG Bradley (1998);** Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellites markers. *Animal Genetics* 29: 333-340.
- MacNeil M D, Cronin M A, Blackburn H D y L J Alexander (2006);** Genetics relationships among breeds of beef cattle in the United States that originated from the British Islands, Iberian Peninsula or West-Central Europe. 8th Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte Brasil.
- Mahecha L, Angulo J y L P Manrique (2002);** Estudio bovinométrico y relaciones entre medidas corporales y el peso vivo en la raza Lucerna. *Rev. Col. Ciencias Pecuarias* Vol. 15: 1 80-87.
- Majjala K, Cherekaev A V, Devillard J M, Reklewski Z, Rognoni G, Simon D L y D E Steane (1984);** Conservation of Animal Genetic Resources in Europe. Final Report of an E.A.A.P. Working Pary. *Livest. Prod. Sci.* 11, 3–22. Elsevier Science Publishers, Amsterdam.
- Manel S, Berthier P y G Luikart (2002)** Detecting Wildlife Poaching: Identifying the Origin of Individuals with Bayesian Assignment Tests and Multilocus Genotypes. *Conservation Biology* 16: 650-659.
- Manel S, Schwartz M K, Luikart G y P Taberlet (2003);** Landscape genetics: Combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology and Evolution* 18: 189-197.
- Maniatis T, Fritsch E F y J Sambrook (1982);** Molecular cloning: A laboratory handbook. Cold Spring Harbor, NY, New York
- Manrique Carlos (2001);** Caracterización bovinométrica de la vaca cebú en Colombia. *Rev. El Cebú* 321: 14-18.
- Mareco G, Martínez R D y E Paramidani (2005);** “Inseminación a tiempo fijo en vacas criollas argentinas de origen patagónico”. XXXIII Jornadas uruguayas de buiatría. 9-11 de junio Paysandú Uruguay.
- Mareco G, Martínez R D, Paramidani E (2007);** Inseminación a tiempo fijo en vacas criollas de origen patagónico. *Revista Feagas. Revista Feagas* Nro. 31 Año XV Enero-Junio Pág. 32-34.
- Mariante A d S (1999);** Programa brasileño de conservación de recursos genéticos animales. *El Arca SERGA* Nro 3 Vol 1: 28-33.
- Martínez A y J L Vega Pla (2002);** Estudios de variación genética utilizando microsdatelites de DNA. IV Curso Internacional sob re la conservación y utilización de las razas de animales domésticos locales en sistemas de explotación tradicionales. 10 páginas.

- Martínez J, Altamirano A, Morales I y G Fuentes-Mascorro (2006);** Caracterización morfoestructural del cerdo del istmo de Tehuapetec. Memorias VII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y utilización de recursos zoogenéticos 5 al 9 de diciembre Cochabamba Bolivia. 105-108.
- Martínez R D y C A Rodríguez (1995);** Ganado bovino Criollo Argentino biotipo patagónico; Conservación, multiplicación y estudio de características genético-productivas. En Ganado Bovino Criollo Tomo 4 Orientación Gráfica Editora SRL. Bs.As: 91-102.
- Martínez RD, Fernández E, Rumiano F J y A M Pereyra (1998);** “Medidas Zoométricas de Conformación Corporal en Bovinos Criollos Argentinos”. Revista Zootecnia Tropical ISSN 0798-7269. FONAIAP Venezuela Volumen 16 (2).
- Martínez R D, Givambattista G, Ripoli MV, De Luca JC y F N Dulout (2003);** Patagonian creole cattle polymorphism: comparison with North-West populations of this breed. Research in Veterinary Science 74: 287-290.
- Maudet C, Luikart G y P Taberlet (2002);** Genetic diversity and assignment tests among seven french cattle breeds based on microsatellite DNA analysis. Journal of Animal Science 80: 942-950.
- Melucci L y M C Miquel (1986);** El ganado Criollo en cruzamientos con A. Angus en la región pampeana. En Ganado Bovino Criollo Tomo 1 Orientación Gráfica Editora: 69-74.
- Melucci L (1995);** Eficiencia Reproductiva. En Genética Zootecnica de Bovinos para carne. EEA INTA Balcarce Argentina.
- Méndez Mendoza M, Serrano Papala J, Ávila Benítez R Rosas García M y N Méndez Palacio (2002);** Caracterización morfométrica del bovino criollo mixteco. Archivos de Zootecnia 51: 217-221.
- Menissier F, Bibe B y B Perreau (1974);** Possibilités de amélioration des conditions de vêlage par sélection. II Aptitude au vêlage de trois races à viande française. Ann.Genet. Sel. Anim. 6: 69-90.
- Mezzadra C (1996);** Conservando Animales. En Revista Campo y Tecnología Nro. 29 INTA Balcarce.
- Miller S A, Dykes D D y H F Polesky (1988);** A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Research 16(3): 1215.
- Moazami-Goudarzi K, Vaiman D, Mercier D, Grohs C, Furet J P, Leveziel H y P Martin (1994);** Analysis of genetic diversity in French cattle breeds by the use of microsatellites - preliminary-results. Genetics Selection Evolution 26: S155-S165.
- Moazami-Goudarzi K, Laloe D, Furet J P y F Grosclaude (1997);** Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. Animal Genetics 28: 338-345.

- Moioli B, Napolitano F y G Catillo (2004);** Genetic diversity between Piedmontese, Maremmana and Podolica Cattle Breeds. *Journal of Heredity*, 95 (3): 250-256.
- Mommens G, Coppieters W, Van de Weghe A, Van Zeveren A y Y Bouquet (1994);** Dinucleotide repeat polymorphism at the bovine mm12e6 and mm8d3 loci. *Animal Genetics* 25: 368.
- Mommens G, Peelman L J, Van Zeveren A, D'Ieteren G y N Wissocq (1999);** Microsatellite variation between an african and five european taurine breeds results in a geographical phylogenetic tree with a bison outgroup. *Journal of Animal Breeding and Genetics-Zeitschrift Fur Tierzuchtung Und Zuchtungsbiologie* 116: 325-330.
- Montiel Sanchez M y R Ponce de León (1985);** Mediciones corporales de terneros de la raza criolla al nacer. *Revista de Producción animal* Vol. 1 Nro 2: 71-76.
- Montoya Alfredo Juan (1984);** Como evolucionó la ganadería en la época del virreinato. Editorial Plus Ultra Buenos Aires Argentina.
- Moore S S, Sargeant L L, King T J, Mattik J S, Georges M y J S Hetzel (1991);** The conservation of dinucleotide microsatellite among mammalian genomes allows the use of heterologous PCR primers pairs in closely related species. *Genomics*. 10: 654-660.
- Moore S S, Byrne K, Berger K T, Barendse W, Mccarthy F, Womack J E y D J S Hetzel (1994); Characterization of 65 bovine microsatellites. *Mammalian Genome* 5: 84-90.
- Morrison (1917);** La ganadería en la región de las mesetas australes del territorio de Sta. Cruz. Tesis Facultad de Agronomía y Veterinaria de Buenos Aires.
- Moyano C (1968);** Carlos Moyano el explorador de la Patagonia. Editorial El Ateneo Bs As.
- Mullis K B, Ferré F y R A Gibbs (1994);** The polymerase chain reaction. Boston: Ed. Birkhäuser, 442 páginas..
- Muralidhar Metta, Sriramana K, Narasimharao G y N Javaregowda (2004);** Genetic characterization of the Indian cattle breeds, Ongole and Deoni (*Bos indicus*), using microsatellite markers – a preliminary study. *BMC. Genetics* 5: 11-16
- Murphy K E y J R Stringer (1986);** RecA independent recombination of poly [d(GT)-d(CA)] in pBR322. *Nucleic. Acid. Res.* 14 (18): 7325-7340.
- Nagamine Y y M Higuchi (2001);** Genetic distance and classification of domestic animals using genetic markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 118: 101-109.
- Nagylaki T (1998);** Fixation indices in subdivided populations. *Genetics*, Vol.148: 1325-1332,.
- Nei M (1972);** Genetic distances between populations. *American Naturalist* 106: 283-292.
- Nei M (1973);** Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*. 70: 3321-3323.

- Nei M (1977)**; F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Ann. Human Genetics*, Vol 41:225-233.
- Nei M, Tajima F y Y Taten (1983)**; Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution* 19: 153-170.
- Nei M (1987)**; *Molecular Evolutionary Genetics*. New York: Columbia University Press.
- Nei M y Kumar S (2000)**; [Molecular Evolution and Phylogenetics](#). Oxford University Press, New York 333 pp.
- Nordheim A y A Rich (1983)**; Negatively supercoiled simian virus 40 DNA contains Z-DNA segments within transcriptional enhancer sequences. *Nature* 303: 674-679.
- Nuez F, Ruiz J J y J Prohens (1997)**; Mejora genética para mantener la diversidad en los cultivos agrícolas. FAO Roma Italia.
- Oldenbroek J K (1999)**; Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources Chapter 1. Introduction. Publisher DLO Institute for Animal Science and Health. 1-9.
- Paetkau D, Calvert W, Stirling I y C Strobeck (1995)**; Microsatellite analysis of population structure in canadian polar bears. *Molecular Ecology* 4: 347-354.
- Paetkau D, Slade S, Burden M 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.
- Page R D M (1996)**; Treeview: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences* 12: 357-358.
- Palermo M A (1986)**; “Reflexiones sobre el llamado complejo ecuestre en la Argentina”. *Runa*, volumen xvi. 157-178.
- Palermo M A (1988)**; “La innovación agropecuaria entre los indígenas pampeano-patagónicos, Génesis y Procesos. *Anuario IEHS Univ. Nac. Del Centro Tandil Pcia. Bs. As.* 43-90.
- Palermo M A (1989)**; “Indígenas en el mercado colonial”. *Revista Ciencia Hoy* Vol 1 Nro 4: 22-26.
- Pariset L, Savarese M C, Capuccio I y A Valentini (2003)**; Use of microsatellites for genetic variation and inbreeding analysis in Sarda sheep flocks of central Italy. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 120: 425-432.
- Park S D E (2001)**; Trypanotolerance in west african cattle and the population genetic effects of selection. Tesis doctoral, University of Dublin, Dublin.
- Pastor F, Picot A, Quintín F J, Ruiz M, Sevilla E y E Vijil (2000)**; Características zoométricas de la raza bovina pirenaica en función de su origen geográfico. *Archivos de Zootecnia* 49: 223-227

- Pépin L, Amigues Y, Lépingle A, Berthier J L, Bensais A y D Vaiman (1995);** Sequence conservation of microsatellites between *Bos taurus* (cattle), *Capra hircus* (goat) and related species. Examples of use in parentage testing and phylogeny analysis. *Heredity*, 74: 53-61.
- Pereyra A M, Abbiati NN y E N Fernández (2004);** Manual de Estadística para proyectos de investigación. Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Facultad de Ciencias Agrarias, Buenos Aires Argentina.
- Pere-Miquel Parés i Casanova (2006);** Medidas e índices cefálicos en la raza bovina "Bruna dels Pirineus". Revista electrónica veterinaria. REDVET <http://www.veterinaria.org/revistas/redvet/n090906.html>
- Pere-Miquel Parés i Casanova y Jordi Jordana i Vidal (2007);** Medidas zoométricas de conformación cefálica en bovinos adultos machos y hembras. *Revista electrónica de Arqueología Comechingonia Virtual* Nro 2: 71-83.
- Piyasatian N y Kinghorn B P (2003);** Balancing genetic diversity, genetic merit and population viability in conservación programmes. *Journal of Animal Breeding Genetics* 120: 137-149.
- Primo A T (1992);** El ganado bovino Criollo ibérico en las Américas: 500 años después. *Archivos de zootecnia* 41: 421-432.
- Pritchard J K, Stephens M y P Donnelly (2000);** Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959.
- Quiroz-Valiente J, Martínez A, Ulloa R y J L Vega Pla (2006);** Caracterización genética de las poblaciones bovinas Criollas de México. *Memorias VII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos*. Cochabamba Bolivia.
- Rabasa A E, Holgado A E y Poli M A (2002);** Treinta años de caracterización del bovino Criollo argentino. III Simposio Iberoamericano sobre conservación de recursos genéticos locales y desarrollo rural sustentable. Montevideo, Uruguay 3 al 8 de diciembre.
- Rabasa C, Sal Paz de A, Sal Paz F, Bergmann F y S Rabasa (1976);** Genética de pelajes en bovinos Criollos. En *Rev Mendeliana* 1 (2): 81-90.
- Rabasa S (1993);** El bovino Criollo en los distintos países de América. En *Ganado Bovino Criollo* Tomo 3. Orientación Gráfica Editora SRL.
- Radko A, Zyga A, Slota E, Koscielny M y W Brejta (2004);** Evaluating the efficacy of blood groups and DNA microsatellite sequences in parentage control in cattle. *Medycyna Weterynaryjna* 60: 1212-1214.
- Ramey R R, Luikart G y F J Singer (2000);** Genetic Bottlenecks resulting from restoration efforts: the case of Bighorn Sheep in Badlands National Park. *Restoration Ecology* 8: 85-90.

- Rannala B y J L Mountain (1997);** Detecting immigration by using multilocus genotypes. In: Proceedings of National Academy of Sciences of USA, USA: 9197-9221.
- Raymond M y F Rousset (1995);** Genepop (version 3.1c): A population genetics software for exact test and ecumenicism. Journal of Heredity 86: 248-249.
- Raymond M y F Rousset (1996);** An exact test for population differentiation. Evolution 49: 1280-1283.
- Real Ortellado M R, Suarez V H y J Gavella (2001);** Características zoométricas de la raza ovina pampinta. Boletín de divulgación técnica Nro 71. Capitulo 35. EEA Anguil INTA.
- Reynolds J, Weir B S y C Cockerham (1983);** Estimation of the coancestry coefficient: Basis for a short-term genetic distance. Genetics Society of America 105: 767-779.
- Ritz L R, Glowatzki-Mullis M L, MacHugh D E y C Gaillard (2000);** Phylogenetic analysis of the tribe Bovini using microsatellites. Animal Genetics 31: 178-185.
- Rodero A, Delgado J V y E Rodero (1992);** Primitive andalusian livestock and their implications in the discovery of Americas. Archivos de zootecnia 41. 383:406
- Rodero E y M Herrera (1998);** El concepto de raza. Un enfoque epistemológico. Conferencia de apertura II Congreso Nacional de la Sociedad Española para los Recursos Genéticos Animales (SERGA). Mallorca. Actas. 5-14.
- Rojas F, Wilkins J V y L Guzmán (1995);** Selección y mejoramiento de la raza bovina criolla en Santa Cruz de la Sierra . Ganado Bovino Criollo Tomo IV Orientación Grafica Editora Buenos Aires: 47-55.
- Rodríguez C A, Martínez R D, Rumiano F J L, Rechimont R y S L Rabasa (1989);** "Bovino Criollo Argentino -biotipo patagónico-: Descripción y conservación". Actas XX Congreso Argentino de Genética.
- Rodríguez M, Fernández G, Silveira C y J V Delgado (2001);** Estudio Etnico de los Bovinos Criollos del Uruguay. I Análisis Biométrico. En Revista Archivos de zootecnia Nro 50. 113-118.
- Rodríguez M, Fernandez G y C Silveira (2002);** Caracterización morfológica del ganado bovino Criollo uruguayo del Parque Nacional San Miguel. III Simposio Iberoamericano sobre conservación de recursos genéticos locales y desarrollo rural sustentable. Montevideo, Uruguay 3 al 8 de diciembre.
- Rodríguez M, Fernandez G y C Silveira (2004);** Caracterización morfológica del ganado bovino Criollo uruguayo del Parque Nacional San Miguel. Revista de la Soc. de Medicina Veterinaria del Uruguay Año LXIV Vol. 39 Nro 155-156. Pág. 39-42.
- Rouse J E (1977);** The Criollo. Spanish Cattle in the Americas. University of Oklahoma Press Norman 303 páginas.

- Rousset F (1996);** Equilibrium values of measures of population subdivision for spetwise mutation processes. *Genetics* 142: 1357-1362.
- Roy M S, Geffen E, Smith D, Ostrander E A y R K Wayne (1994);** Patterns of differentiation and hybridization in North American wolflike canids, revealed by analysis of microsatellite loci. 11, 553-570
- Ruane J (1999);** Selection breeds for conservation. p.59-73. In: *Genebanks and the management of farm animal genetic resources*. Netherlands: Ed. J.K.Oldenbroek, 1999. 119 páginas.
- Rychlik W, Spencer W J y R E Rhoads (1993);** Optimization of annealing temperature for DNA amplification in vitro. *Nucleic Acid Research*, Vol.18: 6409-6412.
- Saiki R (1990);** Amplification of genomic DNA. *PCR protocols*. Innis Ma Ed. Academic Press. New York. 13-20.
- SAGARPA. 2002;** Informe sobre la situación de los recursos genéticos pecuarios (RGP) de México, Coordinación general de Ganadería., Mexico, D.F.
- Saitou N y M Nei (1987);** The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*. 4: 406-425.
- Sal Paz F (1986);** El Ganado Criollo argentino: definición y características principales. *Ganado Bovino Criollo Tomo I*. Orientación Gráfica Editora S.R.L. Buenos Aires Argentina. XIX.
- Sal Paz A R de (1986);** Características genéticas y criterios selectivos en ganado Criollo. *Ganado Bovino Criollo Tomo I*. Orientación Gráfica Editora S.R.L. Bs As Argentina. 12-16
- Sal Paz A R de, Sal Paz F, Bergmann F y S L Rabasa (1976);** Asociación de la fertilidad femenina con genes mendelianos mayores en bovinos Criollos. *Mendeliana* 1 (2): 91-95.
- Sal Paz A R de, Holgado F D y S L Rabasa (1995);** Base genética de la resistencia al cáncer de ojo en bovinos. *Mendeliana* 12(1): 51-58.
- SALVAT (1990);** Fundamentos de la ganadería –Historia de la ganadería en América Latina- . *Enciclopedia Práctica de la Agricultura y la Ganadería*. Editorial SALVAT.
- San Cristobal-Gaudy M, Renand G, Amigues Y, Boscher M Y, Leveziel H y B Bibe (2000);** Individual traceability of bovine meat using molecular markers. *Productions Animales* 13: 269-276.
- Sánchez Belda A (2002);** Razas ganaderas españolas bovinas Ministerio de Agricultura Pesca y Alimentación FEAGAS España. 1ra Edición.
- SAS (2001);** SAS Institute Inc.. SAS OnlineDoc 9.1.3. Cary, NC:SAS Institute Inc.
- Sastre H (2003);** Descripción, situación actual y estrategias de conservación de la raza bovina colombiana Criolla Casanare. Tesis Doctotal. Dpto Prod. Animal, Fac. Veterinaria Univ. de Córdoba España.

- Schefert B D (2000)**; World Watch List for domestic animal diversity 3ra. Edition. FAO/UNEP Roma 732 páginas.
- Schnabel R D, Kim J J, Ashwell M S, Sonstegard T S, Van Tassell C P, Connor E E y J. F. Taylor (2005)**; Fine-mapping milk production quantitative trait loci on BTA6: analysis of the bovine osteopontin gene. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 102: 6896-6901.
- Segura-Correa J C y R C Montes-Perez (2001)**; Razones y estrategias para la conservación de los recursos genéticos animales. Revista Biomédica Vol. 12 Nro 3: 196-206.
- Shackell G H, Mathias H C, Cave V M y K. G. Dodds (2005)**; Evaluation of microsatellites as a potential tool for product tracing of ground beef mixtures. Meat Science 70: 337-345.
- Shaw P (2003)**; Multivariate statistics for the environmental sciences. Oxford University Press US.244.
- She J X, Autem M, Kotoulas G, Pasteur N 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.
- Shriver M D, Jin L, Chacraborty R y E Boerwinkle (1993)**; VNTR Allele Frequency Distributions under the Stepwise mutation model: A computer simulation approach. Genetics 134: 983-993.
- Shriver M D, Jin L, Boerwinkle E, Deka R, Ferrell R E y R Chakraborty (1995)**; A novel measure of genetic distance for highly polymorphic tandem repeat *loci*. Molecular Biology Evolution, Vol. 12: 914-920.
- Sierra Alfranca I. (2001)**; El concepto de raza evolución y realidad. Archivos de Zootecnia Volumen 50, Num. 192: 547-564.
- Simianer H (2002)**; Noah's dilemma: Wich breeds to take aboard the ark? Proc. 7th World Congress on genetics applied to Livestock Production. CD room Communication Nro 26-02.
- Simianer H (2005)**; Decision making in livestock conservation. Ecological economics 53: 559-572.
- Smith C (1984)**; Genetic aspects of conservation in farm livestock. Livestock Production Sciences. 11: 37-48.
- Sneath P H A y H H Sokal (1973)**; Numerical taxomomy. Ed. Freeman. San Francisco.
- Sobel E, Papp J C y K Lange (2002)**; Detection and integration of genotyping errors in statistical genetics. American Journal of Human Genetics 70: 496-508.
- Sobral M F, Cravador A, Navas D, Roberto C, Reis C y E M B Lima (2002)**; Classification and morphological characterization of native Portuguese cattle using numerical taxonomy. Revista Portuguesa de Zootecnia. Año VIII, 2: 123-137

- Solignac M, Vautrin D, Baudry E, Mougél F, Loiseau A y J. M. Cornuet (2004);** A microsatellite-based linkage map of the honeybee, *Apis mellifera* L. *Genetics* 167: 253-262.
- Solinas Toldo S, Fries R, Steffen P, Neiberghs H L, Barendse W, Womack W E, Hetzel D J y G Stranzinger (1993);** Physically mapped, cosmid-derived microsatellite markers as anchor loci on bovine chromosomes. *Mammalian Genome* 4: 720-727.
- Spencer C C, Neigel J E y P L Leberg (2000);** Experimental evaluation of the usefulness of microsatellite DNA for detecting demographic bottlenecks. *Molecular Ecology* 9: 1517-1528.
- Stallings R L, Ford A F, Nelson D, Torney D C, Hildebrand C E y R K Moyzis (1991);** Evolution and distribution of (GT)_n repetitive sequences in mammalian genomes. *Genomics*. 10, 807-815.
- Steffen P, Eggen A, Dietz A B, Womack J E, Stranzinger G y R Fries (1993);** Isolation and mapping of polymorphic microsatellites in cattle. *Animal Genetics* 24: 121-124
- Tautz D y M Renz (1984);** Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. *Nucleic Acids Res.* 12: 4127-4138
- Tautz D, Trick M y G A Dover (1986);** Cryptic simplicity in DNA is a major source of genetic variation. *Nature* 14-20; 322 (6080): 652-656.
- Tautz D (1989);** Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acid Research* 17, 6463-6471.
- Takezaki N y M Nei (1996);** Genetic distances and reconstruction of phylogenetic tree from microsatellite DNA. *Genetics*, v.144, p.389-399.
- 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.
- Talle, S. B., W. S. Chenyabuga, E. Fimland, O. Syrstad, T. Meuwissen y H. Klungland (2005);** Use of DNA technologies for the conservation of animal genetic resources: A review. *Acta Agriculturae Scandinavica Section a-Animal Science* 55: 1-8.
- Telo Da Gama Luis (2002);** Risco de extinção e risco de erosão dos recursos genéticos animais. III Simposio Iberoamericano sobre conservación de recursos genéticos locales desarrollo rural sustentable. Montevideo, Uruguay 3 al 8 de diciembre.
- Tewolde Assefaw (1997);** Los Criollos bovinos y los sistemas de producción animal en los trópicos de América Latina. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal* Nro 5: 13-19.
- Thaon D´ Arnoldi C, Foulley J L y L Ollivier (1998);** An overview of the Weitzman approach to diversity. *Genetic selection and evolution* 30: 149-161.

- Thieven U, Solinas-Toldo S, Friedl R, Masabanda J, Fries R, Barendse W, Simon D y B. Harlizius (1997);** Polymorphic ca-microsatellites for the integration of the bovine genetic and physical map. *Mammalian Genome* 8: 52-55.
- Tivang J G, Nienhuis J y O S Smith (1994);** Estimation of sampling variance of molecular data using the bootstrap procedure. *Theoretical and Applied Genetics*. 89: 259-264.
- Torrent Mollevi Mateo (1982);** “Identificación Animal” Capítulo 28 pág. 415-426. En “Zootecnia Básica Aplicada”. Editorial Biblioteca Técnica AEDOS. 1ra Edición
- Vaiman D, Mercier D, Moazamigoudarzi K, Eggen A, Ciampolini R, Lepingle A, Velmala R, Kaukinen J, Varvio S L, Martin P, Leveziel H y G. Guerin. (1994);** A set of 99 cattle microsatellites - characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mammalian Genome* 5: 288-297.
- Valle A (1988);** Importancia del porcentaje de área negra en animales Holstein sobre el proceso adaptativo. IV. Tolerancia a los factores climáticos. Instituto de Investigaciones Veterinarias. CENIAP FONAIAP. *Zootecnia Tropical*, 6(1 y 2): 3-26
- Van Hintun T J L (1994);** Drawing in the genepool: managing genetic diversity in genebank collections. Doctoral thesis, Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Plant Breeding Research, Svalöv, Sweden, 111 páginas.
- Van Marle-Koster E, y L H Nel (2003);** Genetic markers and their application in livestock breeding in South Africa: A review. *South African Journal of Animal Science* 33: 1-10.
- Vankan D M y M J Faddy (1999);** Estimations of the efficacy and reliability of paternity assignments from DNA microsatellite analysis of multiple-sire matings. *Animal Genetics* 30: 355-361.
- Vazquez J F, Perez T, Urena F, Gudín E, Albornoz J y A Dominguez (2004);** Practical application of DNA fingerprinting to trace beef. *Journal of Food Protection* 67: 972-979.
- Vega Pla J L (1996);** Polimorfismo de DNA equino. Obtención de marcadores moleculares y su aplicación al control de paternidad. Tesis Doctoral Univ. de Córdoba España.
- Veneroni G B, Meirelles SL, Nunes HO, Alentar M M, Moraes MC, Gasparein G, Miyata M y C A Regitano (2006);** Effects of microsatellites CSSM066 and ILSTS011, flanking the thyroglobulin gene, in fat deposition of Canchim beef cattle breed. 8th. World Congreso on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte Brasil.
- Veniart J (1993);** El ganado que pobló la Patagonia. X Jornadas Nacionales de Ganado Bovino Criollo. Jesús María Córdoba.
- Vicente Antón J S (2001);** Criconservación de gametos y embriones Departamento de Ciencia Animal UPV. 88 paginas.

- Vuure C Van (2005);** Retracing the Aurochs. History, morphology and Ecology of an Extinct Wild Ox. Pensoft Sofia.
- Weber J L y P E May (1989);** Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *An. Journal Hum. Genet.* 44 (3): 388-396
- Weber J L (1990);** Informativeness of human (dC-dA)_n (dG-dT)_n polymorphisms. *Genomics* 7 (4): 524-530.
- Weber J L y C Wong (1993);** Mutation of human short tandem repeats. *Human Molecular Genetics*, 7: 524-530.
- Weir B S y C C Cockerham (1984);** Estimating f-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358-1370.
- Weir B S (1990);** Genetic data analysis. Methods for discrete population genetic data. Sinauer Associates, INC. Publishers, Sunderland, Massachusetts. 377 páginas
- Weir B S (1996);** Genetic Data Analysis II. Methods for discrete population genetic data Massachusetts: Sinauer Associates, 445 páginas.
- Wellek S (2004);** Tests for establishing compatibility of an observed genotype distribution with Hardy–Weinberg equilibrium in the case of a biallelic locus. *Biometrics* 60: 694-703.
- Weller J I, Feldmesser E, Golik M, Tager-Cohen I, Domochofsky R, Alus O, Ezra E y M Ron (2004);** Factors affecting incorrect paternity assignment in the Israeli Holstein population. *Journal of Dairy Science* 87: 2627-2640.
- Werner F A O, Durstewitz G, Habermann F A, Thaller G, Kramer W, Kollers S, Buitkamp J, Georges M, Brem G, Mosner J y R Fries (2004); Detection and characterization of SNPs useful for identity control and parentage testing in major European dairy breeds. *Animal Genetics* 35: 44-49.
- Whittaker J C, Harbord R M, Boxall N, Mackay I, Dawson G y R M Sibly (2003);** Likelihood-Based Estimation of Microsatellite Mutation Rates. *Genetics* 164: 781-787.
- Wilson G A y B Rannala (2003);** Bayesian inference of recent migration rates using multilocus genotypes. *Genetics* 163: 1177-1191.
- Winter A K, Fredholm M y P D Thomsen (1992);** Variable (dG-dT)_n (dC-dA)_n sequences in the porcine genome. *Genomics* 5: 382-384.
- Wright S (1965);** Interpretation of population structure by F-statistics with special regard to system of mating. *Evolution*. 19: 395-420.
- Wright S (1969);** Evolution and the genetics of populations. The theory of gene frequencies No. 2. University of Chicago Press, Chicago.
- Xu X, Peng M, Fang Z y X Xu (2000);** The direction of microsatellite mutations is dependent upon allele length. *Nature genetics* 24: 396-399.

Yeates N T M (1955); Photoperiodicity in cattle, I. Seasonal changes in coat character and their importance in heat regulation. *Aust. J. Agr. Res.* 6(6):891-902.

Yeates N T M (1967) ; Avances en zootecnia. Editorial. Acribia, 1ra edicion Zaragoza, España. 99-187.

Zane L, Bargelloni L y T Patarnello (2002); Strategies for microsatellite isolation: A review. *Molecular Ecology* 11: 1-6.

Zhang C, De Koning D J, Hernández-Sánchez J, Haley C S, Williams J L y P. Wiener (2004); Mapping of multiple quantitative trait loci affecting bovine spongiform encephalopathy. *Genetics* 167: 1863-1872.

Zharkikh A y W H Li (1995); Estimation of confidence in phylogeny: The complete-and-partial bootstrap technique. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 4: 44-63.

IX. ANEXO I: “Situación y Distribución de los Bovinos Criollos en los distintos países de América”

Bolivia

Los primeros bovinos llegados a Bolivia son de origen ibérico y fueron llevados por los conquistadores españoles en el año 1589 por el sur de Bolivia, procedentes de la zona del Río de La Plata (Vaca y col. 2002). Este fue el único recurso genético bovino hasta la introducción del Cebú de diferentes orígenes, principalmente de Brasil, que absorbió al Criollo a partir del año 1940. Hoy se puede considerar por terminado este proceso de absorción que ha dejado solo algunos recursos genéticos puros de Criollo, de los cuales el rebaño de Criollo Yacumeño es el más importante (Bauer y col. 1992; Verde y col. 1993). El Criollo Yacumeño tiene color castaño desde claro hasta oscuro, es de pelaje corto y sedoso, muchos tienen pelo negro alrededor de los ojos, en la cabeza y en las extremidades. Son de mediana estatura, buena aptitud lechera, alta fertilidad y buena habilidad materna. El mayor número se encuentra en la localidad de El Beni, que es una región de 11 millones de hectáreas pertenecientes al ecosistema de sabanas inundables (Galdo y col. 2002). El ganado Criollo tiene enorme importancia para Bolivia en las zonas de ecología difícil y de las economías de subsistencia, el número total se estima en 1.100.000 cabezas que significa el 20 % de la existencia total de bovinos del país (Cardozo 1993)

En la década de 1970 se estableció la estación Experimental de Saavedra (Santa Cruz de la Sierra, Bolivia), con bovinos Criollos de Bolivia, Brasil, Nicaragua y Cuba para seleccionar ganado Bovino Criollo lechero (Ripoli y col. 2003). La evaluación de 439 lactancias de vacas Criollas Saavedreñas desde el inicio del proyecto en 1978, registró un promedio de 1668 kg/vaca/lactancia (Rojas y col 1995).

Brasil

Los primeros bovinos llegaron a Brasil en el año 1534 a la población de San Vicente. Se considera que fueron tres las vías de introducción y distribución de los bovinos: San Vicente, Pernambuco y Bahía (Primo 1992). Casi todas las razas criollas locales tuvieron como ancestros estos bovinos, que expuestos a un proceso de selección natural durante varias generaciones, se adaptaron a las condiciones locales (Mariante y Cavalcante 2000). Durante el siglo XIX se introdujeron otras razas

europas y asiáticas consideradas más productivas, abandonándose el bovino Criollo y quedando restringido a algunas áreas marginales y a pocos criadores (Steigleder y col. 2004). La raza Criolla Brasileña original, ahora está en riesgo de extinción con una población que no excede los 500 animales, en el sur de Brasil en los estados de Santa Catarina y Río Grande do Sul. Presentan gran variabilidad fenotípica con variados colores de pelaje, largos cuernos y conformación angular (Steigleder y col. 2004). Las razas nacionales de Brasil que se formaron con la base de los bovinos Criollos son: Caracú, Mocho Nacional, Curraleiro o Pie Duro, Pantaneiro y Criollo Lageano (Primo 1992).

Raza Caracú: La formación y mejora de esta raza se debió a la iniciativa de un grupo de criadores eficazmente apoyados por el Gobierno. La Fazenda de Seleçao de Ganado Nacional fundada en 1909 en Nova Odessa (São Paulo), se dedicó a seleccionar y fijar este tipo de ganado. Los bovinos Caracú fueron inscritos en libros de registro genealógico Herd Book Caracú, durante 50 años (de 1916 a 1965). Actualmente el Ministerio de Agricultura reconoció y homologó el Registro Genealógico, que lleva la Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Caracú (ABCBC) ubicada en Palmas, en el estado de Paraná. El censo de la raza Caracú es de 20.000 cabezas. Es una raza de doble aptitud (carne y leche), rústica y de tamaño medio. El color del pelaje varía del amarillo claro (bayo) hasta el anaranjado. La utilización de estos bovinos en sistema de cruzamientos con otras razas y más específicamente el Cebú, ofrece una alternativa muy importante para su explotación racional.

Mocho Nacional: En 1911, se iniciaron estudios en la Fazenda de Seleçao de Ganado Nacional de Nova Odessa (São Paulo) para seleccionar y mejorar el ganado Mocho Nacional. Son animales productores de carne, rústicos y de fácil adaptación. El ganado Mocho Nacional tiene mediano desarrollo. La capa presenta algunas variaciones, siendo la más común la amarilla (abayado). EMBRAPA es el mayor productor de este ganado.

Curraleiro o Pie-duro: Es originario del nordeste brasileño, donde las condiciones ambientales son semiáridas. Es de crecimiento lento y talla pequeña, en armonía con las difíciles condiciones ecológicas de la región que habita. Antes de la introducción del Cebú, la totalidad de la ganadería del nordeste semi-árido del Brasil estaba constituida por este tipo de bovino; con los primeros cruzamientos de Cebú por Curraleiro, se obtuvo un tipo de animal superior a los progenitores; debido a ello los ganaderos efectuaron repetidamente este cruce, con lo cual se logró la desaparición casi completa del bovino Curraleiro. EMBRAPA, estableció en 1985 un núcleo de conservación de ganado Curraleiro en el estado de Piauí. En su pelaje se encuentran algunas variedades de colores, siendo las más comunes el bahío y el barroso y son frecuentes las tonalidades que van desde el colorado claro uniforme hasta un tono más subido y oscuro en la parte anterior del cuerpo.

Bovino Pantaneiro: Tiene su hábitat natural en la región ecológica denominada Pantanal de los estados de Mato Grosso y Mato Grosso do Sul. Es una región caracterizada por su topografía plana, con suelos inundables durante una gran parte del año. El bovino Pantaneiro soporta fuertes y prolongadas inundaciones permaneciendo muchas horas en el agua para conseguir el forraje necesario para su subsistencia, o en los periodos de sequía cuando también escasean el pasto y el agua. EMBRAPA inició un núcleo de conservación en el Pantanal, en 1985.

Criollo Lageano: Originarios del sur del Brasil (Lages - Santa Catarina). Son los bovinos que más se asemejan al tipo introducido por los conquistadores. Las condiciones adversas, con inviernos fríos y vegetación pobre, modelaron un tipo de bovino perfectamente adaptado a las condiciones ecológicas de ésta región de cría. Tiene cuernos de gran desarrollo, generalmente en forma lirada, dirigidos hacia arriba, adelante y afuera. Su pelaje presenta gran variedad de color, siendo los más comunes rosillos, atigrados, yaguanés, barrocos, overos, bayos, negros, colorados, etc. Tienen buena rusticidad y habilidad materna. CENARGEN/EMBRAPA mantiene un banco de semen y embriones congelados en Brasilia, DF.

Colombia

Los bovinos llegaron por primera vez desde La Española el 29 de julio de 1525 al puerto de Santa Marta. Luego se produjeron otras introducciones a los puertos de Cartagena de Indias y Cabo de la Vela (Beteta 2003). En Colombia el bovino Criollo se ha diversificado en varias razas adaptadas a distintas condiciones ecológicas: Casanare, Blanco Orejinegro (BON), Chino Santandereano, Costeño con Cuernos (CCC), Hartón del Valle, Romosinuano y el Sanmartinero (Primo 1992).

Casanare: se desarrolló en el Piedemonte Llanero y sabanas del oriente Colombiano, tiene pelajes variados pero predominan los animales de una sola capa, desde el negro hasta el amarillo claro, son animales pequeños pero con muy buena aptitud reproductiva.

Blanco Orejinegro (BON): se desarrolló en el clima cálido y húmedo a muy húmedo tropical de la región cordillerana central y occidental de Colombia. Se caracteriza por su pelaje blanco con orejas negras y la piel y mucosas bien pigmentadas que le dan tolerancia a la radiación solar y a los ectoparásitos. Tiene cuernos medianos, aunque existen algunos mochos.

Chino Santandereano: Se desarrolló en el centro norte de la cordillera oriental, tiene pelaje colorado con tonalidades bayo a hosco, piel, mucosas y pezuñas bien pigmentadas y cuernos delgados.

Costeño con Cuernos (CCC): es de tamaño mediano, el color varía entre bayo claro y rojo cereza, tiene cuernos delgados y las vacas tienen buena aptitud lechera, con ubres bien desarrolladas.

Hartón del Valle: Se formó en el Valle del Cauca en tierras fértiles. Es de conformación angulosa, con cuernos y con aptitud lechera, su pelaje varía del bayo al rojo cereza con menor frecuencia de hoscos y barrocos.

Romosinuano: Se formó en el Valle de Sinu, su pelaje varía del bayo al rojo cereza.

Sanmartinero: Se desarrolló en las sabanas secas de San Martín, Piedemonte Llanero del departamento de Meta y su formación se atribuye a los jesuitas. El pelaje va del bayo claro a hosco (Hernández 1976).

A nivel oficial se ha desarrollado una activa política de conservación de los recursos genéticos bovinos colombianos: en 1940 se crearon en la Costa Atlántica las Estaciones Experimentales Pecuarias de Valledupar para El Costeño con Cuernos (CCC) y la de Montería para el Romosinuano, mientras que en la zona montañosa del norte y centro del país se creó la Estación de El Nus para el Blanco Orejinegro (BON). Luego el CCC se trasladó dentro de la región de la Costa Atlántica al Centro de Investigación Turipaná del Instituto Colombiano Agropecuario ICA en Cereté. En Llanos Orientales se creó en 1950 la Estación de Iracá en el departamento del Meta, en la cual se concentró el primer grupo de conservación de ganado Sanmartinero, que luego pasó a los Centros de Investigación La Libertad (1959) y Carimagua (1968). En otras regiones del país, otras entidades como la Secretaría de Agricultura del Departamento del Valle del Cauca y el Fondo Ganadero de Santander, mantienen desde hace muchos años núcleos de multiplicación de bovinos Hartón del Valle y Chino Santandereano, respectivamente. Recientemente las Secretarías de Agricultura de los Departamentos de Casanare y Arauca han iniciado programas de conservación del bovino Criollo Casanareño, raza que tiene un interés especial dado el benéfico aislamiento en que ha vivido. (Hernández 2000).

Debido a la iniciativa privada, Colombia ha logrado la formación de 2 razas compuestas de ganado bovino. Estas son la raza Lucerna, originada en el Valle del Cauca, la cual es una combinación de Hartón del Valle (30%), Holstein (40%) y Shorthorn lechero (30%), y la raza Velásquez en el valle del río Magdalena, mezcla de Romosinuano (25%), Red Poll (50%) y Brahman Rojo (25%) (Hernández 2000).

Chile

Los bovinos Criollos ingresaron al territorio chileno principalmente por el norte desde Perú y Bolivia, existiendo actualmente tres subtipos en función del tipo de topografía en que habitan, el de la precordillera de Los Andes, el del Llano Central y el de la Costa, cuya conformación y aptitudes de producción son diferentes. El tipo más común es el de la Costa y se le denomina “Costino”. En la

actualidad solo existen algunos ejemplares y en su casi totalidad se encuentran cruzados con otras razas (Goic 1993).

Afortunadamente todavía existen en la precordillera sur en la región de Coyhaique algunos grupos de bovinos Criollos Patagónicos Chilenos en estado de pureza, aunque su mayor utilización es para cruzamientos con otras razas (Mujica 2006)

Ecuador

No se sabe exactamente cual fue la fecha exacta de la entrada de bovinos en Ecuador, pero sí se sabe que llegaron desde Panamá, siguiendo el camino de Pizarro y Almagro alrededor de 1540 (Beteta 2003). Existe una numerosa población no censada de bovinos Criollos en ambientes muy difíciles (Primo 1992). Los bovinos Criollos Ecuatorianos, se dividen en dos clases; el de la Sierra y el de las tierras planas de la Costa. Esta última clase, que es la más valiosa como recurso genético adaptado al trópico, prácticamente ya no se encuentra en poder de los ganaderos pues ha desaparecido por cruzamiento principalmente con razas cebuinas. En la Estación Experimental de Agricultura Tropical de Pichilingue situada en la localidad de Quevedo, existe un núcleo de 200 cabezas para su conservación y caracterización (Hernández 2000).

Estados Unidos

En 1565 llegó por primera vez ganado vacuno a Florida proveniente de Cuba. El censo aumentó rápidamente, habiendo para el año 1700 alrededor de 20.000 cabezas en el sur de Florida y una cantidad similar en las regiones de más al norte. Estas poblaciones se afincaron en del SO y SE quedando aisladas unas de otras, por lo que evolucionaron hacia tipos distintos de ganado vacuno. La población del SO, se convirtió en el Texas Longhorn y la del SE ha sido recientemente estandarizada como la raza Florida Cracker Cattle (Sponenberg y col. 1992). La raza bovina Pineywoods, de origen Criollo, se desarrolló en el sur de Missisipi, Alabama y Georgia y tiene triple propósito, carne, leche y trabajo (Sponenberg y col. 2005).

Texas Longhorn: Se formó esencialmente por selección natural y se adaptó bien a los ecosistemas de Texas, Oklahoma, Nebraska y otras áreas del medio-oeste norteamericano. Tuvo gran auge en los años 1800, cuando alcanzó una población aproximada de 5 millones de cabezas. En el año 1900, los cruces con otras razas habían eliminado casi el Texas Longhorn típico. Sin embargo, a finales de 1920 empezó a conservarse en refugios de la fauna en Oklahoma y Nebraska y en los años sesenta,

había aproximadamente 1.500 cabezas. Afortunadamente, se renovó la atención por esta raza debido a su diversidad genética y a su potencial para mejorar otras razas de ganado. Hoy existen aproximadamente 100.000 animales de la raza Texas Longhorn en los Estados Unidos. Su pelaje es



Figura 1: Vaca Texas Longhorn

manchado con una gran variedad de colores. Su principal distintivo es la distancia entre la punta de sus cuernos, que promedia un largo de 1,5 metros (Figura 1). El Texas Longhorn es conocido por su tolerancia al calor, la resistencia a las enfermedades (como la piroplasmosis y la miasis común o bichera, que causan importantes pérdidas en otras

regiones del mundo), buena habilidad materna, dureza general y adaptabilidad al medio ambiente agresivo y hostil.

Florida Cracker Cattle: Se localiza al este y sur de Florida en una región húmeda y calurosa. La influencia española fue muy importante en esta región y algunas tribus indígenas como Cherokee, Ceek, Seminole, Choctaw y Chickasaw, criaron vacas criollas aprendiendo de los españoles. Durante el siglo XVIII, con la llegada de los ingleses, se produjo el desplazamiento progresivo de las tribus indígenas, pero los ingleses continuaron criando el mismo ganado local de origen Criollo. El Florida Crackers se utilizó principalmente como animal de carne y para la obtención de bueyes para la agricultura, mientras que el Texas Longhorn se utilizó para cuero y grasa y posteriormente para carne (Sponenberg 1992). En 1900, se produjo una importante introducción de reproductores de razas británicas y Cebú, quedando pocos animales puros y en rebaños aislados sin intercambio genético entre ellos. A partir de 1970 el estado de Florida estableció un programa para la conservación de los Florida Crackers. En 1989 se formó la asociación de criadores de la raza, tomando 400 animales como fundadores de la Asociación.

Pineywoods: El origen histórico y genético, es el mismo que el de la Florida Crackers, aunque geográficamente la Pineywoods proviene de los estados del norte de la península de Florida. En general es una raza más grande que la Florida Crackers y presenta mucha variación fenotípica, ya que cada familia posee sus propias ideas y gustos en relación a la raza y se mantienen en rodeos cerrados. Algunos son muy longevos (se reporta que el criador Barns tuvo una vaca que dio terneros hasta los 31 años de edad), también ha habido cierta selección por pelajes y hay algunos tipos raros como los enanos (guinea) y los mochos (romos) (Sponenberg 2005).

México

Los primeros bovinos fueron introducidos en México por Gregorio de Villalobos y durante los primeros cincuenta años de la colonización española se realizaron otras importaciones, que fueron poblando y adaptándose a las diferentes zonas ecológicas del país (Yoldi 2001). A finales del siglo XIX prácticamente toda la población ganadera de México era Criolla, en 1910 ya había un 7 % de razas especializadas y ésta proporción fue aumentando hasta constituir un 73 % en 1960, con la consiguiente disminución de la ganadería Criolla. Actualmente se localizan bovinos Criollos principalmente en los estados de Baja California Sur, Chihuahua, Durango, Nayarit, Sonora y Zacatecas (Serrano 2003) y en general van tomando nombres diferentes de acuerdo con la región en la que se encuentran, así se le llama ganado Corriente en Sonora, Chinampo en Baja California, ganado Común en el centro del país o ganado de Rodeo (Yoldi 2001). (Sierra 1998) destaca solo tres variedades: Chinampo, Frijolillo y Criollo Lechero Tropical, pero (Serrano 2003) considera cinco variedades: Bovino Criollo del Golfo, Bovino Criollo Coreño o de la Sierra Madre Occidental, Criollo Chinampo, Criollo de Rodeo y Lechero Centroamericano.

Bovino Criollo del Golfo: Se encuentra en el estado de Veracruz y la Huasteca Tamaulipeca.

Criollo de Nayarit o “Coreño” de la Sierra Madre Occidental: La denominación de este ganado se debe a que lo posee el grupo indígena Cora de la Sierra de Nayarit. En la actualidad se estima que todavía hay unas 9.000 cabezas. Este recurso Criollo ha sido estudiado y evaluado por el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) en su Centro Experimental “El Verdineño” durante unos 20 años en lo referente a su capacidad productiva para estimar los efectos genéticos aditivos y no aditivos, individuales y maternos del Criollo y sus cruces básicamente con razas cebuínas, para características de importancia económica (Quiroz 2007).

Criollo Chinampo: Se ubica en el desierto de Baja California, son animales extremadamente rústicos pero dóciles. Debido a las condiciones ambientales de la región, se ven forzados a consumir arbustos espinosos y otras cactáceas. Su adaptación al desierto ha sido tal que su comportamiento y fisiología se asemeja a un herbívoro silvestre. Se estima que la población de este ganado puro es de 78.000 cabezas. (SAGARPA 2002).

Criollo de Chihuahua: Durante los primeros años de la colonización española en el actual Estado de Chihuahua, el ganado era utilizado casi en su totalidad para la alimentación de soldados y colonos. A finales del siglo XVI, se afianzó la cría de bovinos en la región del sur del Estado. En 1904 se introdujo ganado Hereford que al cruzarse con el ganado Criollo existente se originó el ganado "Cara Blanca de Chihuahua". La absorción del ganado Criollo fue gradual y constante,

contribuyendo a ello la introducción de las razas Shorthorn y Aberdeen Angus. Con la Revolución Mexicana, el número de cabezas de bovinos fue disminuyendo sistemáticamente, quedando en mayor número los bovinos más rústicos y resistentes denominados localmente “Criollo” o “Corriente”. Este tipo de animales se caracteriza por su gran resistencia al estrés calórico y su inherente longevidad en este ambiente (Russell y col. 2000). Actualmente estos animales se exportan a Estados Unidos para ser utilizados en competiciones de destreza denominadas “rodeos”. Esta es una actividad pecuaria rentable debido a que existe una demanda anual de unos 40.000 animales a precios competitivos y con bajos costos de producción (Ramírez y col. 2002). A principios de 1995, el Gobierno del estado de Chihuahua inició un proyecto para distribuir sementales Criollos entre productores de bajos recursos de la región de la Sierra Tarahumara para fomentar la producción de novillos para rodeo que se exportan a Estados Unidos. Recientemente se creó la Asociación de Criadores de Ganado Criollo Mexicano, que en 1995 obtuvo el reconocimiento de la Confederación Nacional Ganadera (SAGARPA, 2002).

Criollo de Chiapas: Tradicionalmente, la actividad económica más importante en la región de Chiapas ha sido la ganadería. La actividad ganadera se ha orientado a la producción de carne y leche de alto rendimiento (Lucero y col., 2004). Las principales razas explotadas son: Nelore, Cebú comercial e Indubrasil, existiendo en menor medida Pardo Suizo y Criollo (Jiménez González 1999).

Criollo Poblano o Mixteco: La región " Mixteca" comprende parte de los estados de Oaxaca, Puebla y Guerrero. Es una zona montañosa y semidesértica y en ella se cría un ecotipo de bovino Criollo adaptado a las condiciones ecológicas de esta región denominado bovino Criollo Mixteco. Se cría bajo sistemas de producción primitivos por minifundistas de escasos recursos, por lo que adquiere gran importancia económica y social para esta región considerada de alta marginación (Méndez y col. 2002). La falta de programas de conservación, la absorción o encaste con otras razas y el desplazamiento por otras razas "mejoradas", hacen que se encuentre en riesgo de extinción (Serrano y col 2004).

Criollo Lechero Centroamericano o Tropical: Los núcleos de este ganado se ubican en Veracruz y en el estado de México. Actualmente este ganado es registrado por la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical.

Perú

La llegada del vacuno a Perú se realizó por el Pacífico, procedente de La Española, tomando la vía de Panamá y siguiendo el derrotero de Pizarro, Almagro y otros conquistadores. La ganadería fue

implantada un año después de la muerte de Atahualpa, o sea en 1534, principalmente caballos y vacas en las ricas tierras del valle que circunda la ciudad de los incas (Beteta 2003). Actualmente en el Perú existen aproximadamente 4.5 millones de cabezas de ganado bovino, siendo tan solo el 14% (640.000) ganado de razas de origen no español y el 86% (3.8 millones) ganado Criollo, el cual se encuentra distribuido mayormente en las sierras en manos de pequeños y medianos criadores que lo manejan en forma extensiva y en menor grado en forma semi-intensiva como ganado de doble o triple propósito. A pesar de que el ganado Criollo constituye la mayor población bovina explotada en todo el país, se tiene escasa información acerca de los factores que limitan su desarrollo (Zacarías 2002).

En la actualidad existen núcleos aislados de bovinos Criollos tales como el Criollo de San Marcos y el de Chiquibamba que han sido estudiados por la comunidad universitaria (Hernández 2000).

Uruguay

Hernandarias introduce por primera vez bovinos en Uruguay en el año 1611. Posteriormente en 1618, se registran nuevos ingresos desde Argentina y en 1620 por el norte. Hasta mediados del siglo XIX, este ganado proveyó de riqueza al país, en un principio el cuero, luego el sebo y después el tasajo, pero luego se produjo un proceso de modernización en la ganadería que reemplazó al bovino Criollo por razas británicas. A finales del siglo XIX y principios del XX, se introdujeron diferentes razas comerciales (Holstein, Hereford, Aberdeen Angus, Jersey, Normando y Charolais) estableciéndose un proceso de introgresión genética (cruzamiento absorbente) frente al primitivo Criollo (Armstrong y col. 2006). En la zona del Uruguay fronteriza con Brasil (Departamento de Rocha), existe una reserva de alrededor de 600 animales que viven en una zona húmeda, de sierras y montes, no alterada, limitada por barreras geográficas naturales, cuyo aspecto morfológico se asemeja al de ciertas poblaciones de bovinos Criollos Argentinos, Venezolanos, Colombianos y ciertas razas Ibéricas (Fernández 2000). Esta población ha despertado un particular interés para estudiar su estructura genética, ya que se ha mantenido aislada alrededor de 50 años (Postiglioni y col. 1998). Existe un marcado dimorfismo sexual y poseen capas muy variadas con predominio de la pigmentación castaña (53 %), seguida de las capas blancas (38 %) y las negras (7.9 %) (Fernández G. 2000).

Venezuela

Los primeros bovinos fueron introducidos en Venezuela en 1527 en la Isla Margarita, llevados por Marcelo Villalobos. Posteriormente Spira y Federman llevaron bovinos a Santa Ana de Coro

(Beteta 2003). En Venezuela, el ganado Criollo original fue prácticamente absorbido en su totalidad por Cebú. Los bovinos Cebú (*Bos indicus*), que actualmente constituyen la base genética de los rebaños de carne y de doble propósito comenzaron a importarse en cantidades significativas desde 1940. El rebaño nacional ha recibido influencia de las razas Brahman, Nelore, Guzerat, Gyr e Indubrasil. (Romero y Plasse 1995). Sin embargo, Venezuela ha conservado y estudiado dos variedades de bovinos Criollos, uno seleccionado hacia la producción de leche, el Criollo Limonero y otro hacia producción de carne, el Criollo Llanero (Hernández Boada 2000).

Criollo Limonero: es originario de la región de Río Limón, distritos Mara y Páez del Estado Zulia. Los animales fueron seleccionados rudimentariamente desarrollándose un tipo de ganado que posee características definidas de aptitud lechera y la rusticidad propia de los animales del medio ambiente tropical. Un paso adelante muy importante en la selección del Criollo Limonero fueron los estudios que comenzaron en 1958 en el Centro de Investigaciones de Maracay y en la Estación Experimental de Carrasquero y su asistencia técnica a ganaderías privadas (Perozo 1985). El color del pelo presenta varias tonalidades, así podemos encontrar animales con pelaje de color bayo, amarillo, rojo, permitiéndose las manchas esfumadas de negro alrededor de los ojos y extremidades. El pelo es corto, escaso y brillante; la piel es grasosa, pigmentada de negro, con arrugas alrededor de los ojos y en la tabla del cuello, con la papada gruesa y algo colgante; la cabeza es relativamente larga, frente cóncava entre los ojos, orbitas prominentes; los cuernos son finos y delgados, blancos en su nacimiento y negros en las puntas, dirigidos hacia adelante y luego hacia arriba; estampa decididamente lechera. La cola es delgada y corta, con muy poco pelo en la borla (Perozo 1985)

Criollo Llanero: es originario de la región llana del sur del país. Se ha investigado principalmente en la Estación Experimental de Calabozo situada en los Llanos Sur-Centrales de Venezuela, Estado Guárico. Se ha estudiado su comportamiento productivo y reproductivo tanto en forma pura como en cruzamientos absorbentes y alternos con Brahman. Tiene pelajes variados. (Hernández 2000)

Raza Carora: Se formó en las primeras décadas del siglo XX, en la región de Carora, a partir de una cepa seleccionada de ganado “Criollo Amarillo de Quebrada Arriba” o Criollo Limonero de comprobada capacidad de adaptación al trópico y con buena producción de leche, que se sometió a cruces absorbentes con la Raza Pardo Suizo para mejorar su productividad, estos cruces fueron suspendidos ante la presencia de fenómenos de inadaptación y desde ahí se comenzó a trabajar con cruces interés. Tiene pelaje claro, generalmente blanco, corto y grueso, mucosas oscuras, el borde de los ojos y el morro son completamente negros, gran desarrollo corporal, ubres funcionales para un buen ordeño y muy buena producción a bajo costo. (ASOCRICA 2005)

Criollo Lechero Tropical

El Criollo Lechero Tropical se formó eligiendo animales con características bien definidas de adaptación al clima tropical y buena producción lechera, a partir de distintas poblaciones de bovinos descendientes de los animales introducidos por los colonizadores españoles que se habían establecido en distintos lugares de la región tropical. Este ganado fue desarrollado por el departamento de Industria Animal del Instituto Interamericano de Ciencias Agrícolas de Turrialba, Costa Rica, a partir del año 1950, con animales adquiridos en regiones tropicales con una estación seca bien definida. Las zonas fueron las de Rivas Nicaragua, Río Limón en Zulia Venezuela, Choluteca en Honduras, Sabanas de Bolívar en Colombia y Esmeraldas en Ecuador. (De Alba y Carrera 1958).

Los requisitos para incorporar animales en la raza como fundadores eran: pelo corto menos de 1 cm. escaso y brillante, piel gruesa y pigmentada, arrugas alrededor de los ojos en el cuello y ocasionalmente en la frente; canal del parto muy amplio, inserción de la cola descarnada, alta, borla de la cola con muy escaso pelo; capa baya o roja con o sin cabos negros (Primo 1992).

En la actualidad sus registros genealógicos son llevados por la asociación mexicana de ganado Romosinuano y Lechero Tropical.

Bibliografía Citada

Armstrong E, Postiglioni A y A Martínez (2006); Genetic Potential of the Uruguayan Creole Cattle and comparison with Argentinian and Brazilian Creole populations using molecular markers. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. August 13-18. Belo Horizonte Brasil.

(ASOCRICA 2005); Asociación de Criadores de Raza Carora. www.razacarora.com

Bauer B, Plasse D, Galdo E y O Verde (1992); Producción de un rebaño de bovinos de carne Criollo Yacumeño en el Beni, Bolivia. 1 Pesos y mortalidad. Revista de la Facultad de Agronomía (Maracay) 18:159-179.

Beteta Ortiz M (2003); Llegada y Expansión del ganado vacuno español a Sudamérica. VI. Congreso Iberoamericano de razas criollas y autóctonas Recife Brasil 1 al 4 de diciembre.

Cardozo A (1993); Los bovinos Criollos en Bolivia. Dialogo XXXVI Conservación y mejoramiento del ganado bovino Criollo. IICA Procisur

- De Alba J y Carrera C (1958);** Selección de ganado Criollo lechero tropical. Selecciones de Turrialba Nro 61. mes de julio 70 páginas.
- Fernández G (2000);** Situación de los recursos genéticos domésticos locales del Uruguay. Archivos de Zootecnia Nro. 49: 333-340.
- Galdo E, Plasse D, Bauer B y O Verde (2002);** Cruzamiento rotacional entre Cebú y Criollo Yacumeño en el Beni, Bolivia. 1. Pesos al destete, de novillos y de vacas eliminadas . [Livestock Research for Rural Development 14 \(3\)](#)
- Hernández Boada G (1976);** Razas Criollas Colombianas. Manual de asistencia técnica Nro. 21. Instituto Colombiano Agropecuario. División de Ciencias Animales.
- Hernández Boada G (2000);** Programas de conservación de los recursos genéticos animales en Colombia y otros países http://www.corpoica.org.co/sitio_corpoica/planes/ganaderia/herndez1.
- Jiménez González F G (1999);** Programa de manejo reserva de la biosfera la encrucijada, México. Instituto Nacional de Ecología, México, D.F.
- Lucero R, Medina J y Y. Cervantes (2004);** Los usos del suelo. In: A. Toledo (ed.) Riqueza y Pobreza de la costa de Chiapas y Oaxaca. 211-315. CECODES, México.
- Mariante A da S y N Cavalcante (2000);** Animais do descobrimento: raças domésticas da história do Brasil. Brasília: Embrapa-Cenargen, 232 páginas.
- Méndez Mendoza M, Serrano Palapa J, Avila Benítez R, Rosas García M y N Méndez Palacios (2002);** Caracterización Morfométrica del bovino Criollo mixteco. Archivos de Zootecnia, 51: 217-221.
- Mujica F (2006);** Diversidad, Conservación y Utilización de los Recursos Genéticos Animales en Chile. Boletín INIA 137 Remehue Osorno Chile.
- Perozo Nestor (1985);** El ganado Criollo Limonero. Divulga Nro. 17 FONIAP Venezuela Marzo Abril.
- Primo A T (1992);** El ganado bovino Criollo ibérico en las Américas: 500 años después. Archivos de zootecnia 41: 421-432.
- Quiroz J (2007);** Caracterización genética de los Bovinos Criollos mexicanos y su relación con otras poblaciones Bovinas. Tesis Doctoral. Universidad de Córdoba, Córdoba (España).
- Ramírez Rios J G, Rodríguez Almeida F A y R M Hernández Sandoval (2002);** Caracterización del sistema de producción del ganado Criollo de rodeo de la sierra de Chihuahua. Synthesis Año 5 Julio-Setiembre Número 23.
- Ripoli M V, Corva P M, Antonini A, De Luca J C, Rojas F, Dulout F N y G Giovambattista (2003);** Asociación entre cinco genes candidatos y Producción de leche en la raza criolla saavedreña. Archivos de Zootecnia Nro. 52: 89-92.

Romero R y D Plasse (1995); Crecimiento de Brahman Guzerat, Nelore y sus cruces en un rebaño en pasto cultivado. En: D. Plasse, N. Peña de Borsotti y J. Arengo (Eds.) XI Cursillo sobre Bovinos de Carne. Universidad Central de Venezuela, Facultad de Ciencias Veterinarias. Maracay, Venezuela. 247-287.

Russell N D, Rios J, Erosa G, Remmenga M D y D E Hawkins (2000); Genetic differentiation among geographically isolated populations of Criollo cattle and their divergence from other *Bos taurus* breeds. *Journal of Animal Science* 78:2314-2322.

Serrano A E (2003); Informe sobre la situación de los recursos genéticos pecuarios en México 50 pag. www.sagarpa.gob.mx

Serrano J, Montes R, Aguilar B, Flores N, Utrera F y D Cano (2004); Valores hematológicos de bovinos criollos en la región Mixteca (México). *Veterinaria (Montevideo)* 39: 43-46.

Sierra A C (1998); La conservación de los recursos genéticos animales en México. En *Archivos de zootecnia* 47: 149-152.

Sponenberg D P y T A Olson (1992); Colonial Spanish cattle in the USA: History and present status. *Archivos de Zootecnia* 41: 401-414.

Sponenberg D P, Oxborrow T y M Gómez (2005); La raza Bovina pineywoods. *Archivos de Zootecnia* 54: 245-251.

Steigleder C S, Almeida E A y Weimer TA (2004); Genetic diversity of a brazilian creole cattle base don fourteen microsatellite loci. *Archivos de Zootecnia* 53: 3-11.

Vaca RJL, Rojas T P y MM Virieux (2002); Propuesta para la conservación y utilización del bovino Criollo en el chaco boliviano. *Archivos de Zootecnia* Nro. 51: 33-37.

Verde O, Plasse D, Bauer B y E Galdo (1993); Producción de un rebaño de bovinos de carne Criollo Yacumeño en el Beni, Bolivia. II Porcentaje de preñez y destete, pérdidas y producción por vaca. *Revista de la Facultad de Agronomía (Maracay)* 19: 391-411.

Yoldi Miguel (2001); Importancia de los recursos genéticos pecuarios en la producción animal. *Revista Abriendo surcos* mes de Marzo 3-27.

Zacarías Ríos E A (2002); Seroprevalencia del virus de la rinotraqueitis infecciosa bovina en bovinos Criollos de crianza extensiva de la provincia de Parinacochas, Ayacucho Tesis doctoral. UNMSM Facultad. de Medicina Veterinaria Perú.

X. ANEXO II: “Relato del Hallazgo, Recuperación y Conservación del ganado bovino criollo patagónico Argentino”

1. Historia

La idea surgió durante la 5ta. Jornada Nacional de Ganado Bovino Criollo organizada por la Asociación de Criadores de ganado Bovino Criollo (AACGBC), que se realizó en la localidad de Jesús María Provincia de Córdoba en el mes de septiembre de 1988. Allí fuimos junto con el Ing. C. A. Rodríguez, a conversar con el Dr. Sol L. Rabasa, quien en ese momento presidía la Asociación de Criadores de la raza. Fue un evento muy concurrido y amigable, donde participaron productores, profesionales y estudiantes de distintos lugares del país, se apreciaba en el ambiente un sano espíritu criollista. Durante el transcurso del evento al Ing. Rodríguez se le ocurrió preguntarse ¿existirá el criollo patagónico ?. Desde ese momento nos propusimos averiguarlo, alentados y tomando como guía la mística de nuestro maestro el Dr. Sol L. Rabasa.

Realizamos innumerables consultas, pero no obtuvimos ninguna respuesta cierta, que compruebe o no la existencia del bovino criollo patagónico. Todo indicaba que no existía, hasta que una tarde a fines de noviembre de 1988 mientras hacía una consulta en la biblioteca central de la Administración de Parques Nacionales, el guardaparques Pablo Navarro que se encontraba circunstancialmente en el lugar, se presentó como tal y me comentó que él estaba trabajando en el Parque Nacional Los Glaciares en el puesto denominado Puerto Banderas y podía aportar datos sobre el particular. Me describió aquella zona y me mostró sobre un mapa la ubicación de las vacas que describió como animales de todos colores, con cuernos y muy difíciles de ver. Este fue un hecho clave y altamente estimulante. Se lo comenté al Ing. Rodríguez y muy pronto decidimos viajar al lugar. El problema era ¿de qué manera y con qué medios?, era un momento difícil para la Argentina y también para nosotros (alta inflación e inestabilidad política y social). Teníamos cierta incertidumbre, pero mucha alegría de poder encontrar aquello que andábamos buscando. Nos pusimos a trabajar y en unos días, solicitamos permiso en la Administración de Parques Nacionales, por intermedio del secretario académico de nuestra Facultad conseguimos el viaje en avión a Río Gallegos a través de la Fuerza Aérea Argentina, compramos una carpa y víveres y el 5 de enero de 1989 partimos desde El Palomar. Ese mismo día llegamos a El Calafate a las 20 horas. Enseguida de llegar nos contactamos con el jefe de guardaparques, el señor Julio Ciurca quien nos puso en contacto con la prefectura del lugar, con una empresa de transportes fluviales y con pobladores de la

zona. El día 7 de enero nos embarcamos en la “Misiones II” rumbo a Bahía Onelli . Estuvimos veinte días en total durante los cuales pudimos recorrer gran parte de los sectores donde se encuentran los vacunos (Bahía Onelli Norte y Sur, Bahía Alemana y El Aserradero), fotografiar vacas, toros y terneros, realizar un relevamiento del ambiente donde se desarrolla esta hacienda y entrevistar a antiguos pobladores del lugar y/o sus descendientes, quienes nos aportaron valiosa información acerca de los bovinos criollos. Cuando regresamos fuimos a Rosario, allí le relatamos nuestra experiencia al Dr. Rabasa y le mostramos el material recolectado. Siempre recordamos ese momento por la gran expresividad con que el Dr. Rabasa dijo ¡ Son Criollos !, ¡Son muy típicos ! saltando de la silla donde se encontraba. El día 20 de febrero redactamos el informe denominado “Posible origen racial y potencialidad productiva de los bovinos asilvestrados en el Parque Nacional Los Glaciares” que entregamos al presidente de la Administración de Parques (el Dr. Morello), quien nos recibió personalmente en su despacho, escuchando atentamente nuestro relato. Tanto fue el interés que despertó en el, que inmediatamente dispuso la suspensión de las licitaciones de captura (extracción de carne), de estos animales que realizaba periódicamente la APN, dando el puntapié inicial para la firma del convenio de colaboración entre la FCA y la APN para la conservación de este germoplasma bovino.

El 20 de mayo de 1989 iniciamos nuestro segundo viaje al Lago Argentino, también en un avión de Fuerza Aérea. La estadía se prolongó hasta el 18 de junio y durante el mismo desarrollamos tareas muy importantes. Recorrimos el sector denominado “La Aurelia” en compañía de los guardaparques de la seccional Lago Roca. Nos trasladamos hasta allí en un bote de goma y nos alojamos tres días en un puesto abandonado ubicado a orillas del río Camisetas. En esa zona observamos veinte animales en su mayoría mestizos.

También estuvimos explorando en el sector “Bahía Ameghino”, comprobando la ausencia total de rastros y de ganado bovino, por lo cual lo consideramos libre de hacienda. La actividad más importante del viaje fue la de instalarnos en Bahía Onelli (Norte y Sur) acompañados por Horacio y Juan Manuel Echeverría, quienes conocen el lugar y al bovino criollo desde pequeños. El objetivo

Río Onelli: Divide O Norte de O. Sur.



era conocer mas de cerca el terreno y los animales en un momento del año en el que supuestamente era mas sencillo capturarlos debido a que la nieve los hace bajar y se encuentran cerca de la orilla del Lago Argentino. Para nosotros fue un gran desafío, estuvimos diez días, durante los cuales pudimos comprobar que era posible sobrevivir y capturar

vacunos en invierno, aunque también aprendimos que no era nada fácil, las caminatas son agotadoras, el frío es muy intenso, el terreno muy quebrado cubierto de nieve y los animales que apenas advierten la presencia del hombre se alejan rápidamente. A pesar que no contábamos con elementos adecuados (porque no era el objetivo del viaje), logramos capturar un ternero y trasladarlo maneado en la lancha de Prefectura hasta Puerto Banderas, lo bautizamos Gerineldo y fue el primer toro criollo patagónico de la cabaña 9 de julio.

De regreso en la ciudad de El Calafate, tuvimos oportunidad de relacionarnos con productores y técnicos de la región entre ellos el Sr. Adolfo Janzma presidente de la Sociedad Rural de Lago Argentino y el Ing. Agr. Julio Cabana jefe de la agencia de extensión regional de INTA quienes nos brindaron su apoyo y reconocimiento. Entre otras cosas nos comentaron que a los animales asilvestrados dentro del Parque se los calificaba como “degenerados”, debido a la gran variedad de pelajes que mantiene esta población, creyendo que esta variación era un síntoma de la segregación de genes “indeseables”, cuando en realidad lo que indica es mayor riqueza genética.

Para esta fecha ya teníamos la certeza de la pureza racial de estos bovinos, lo confirmaban las características fenotípicas de los animales y los datos históricos recabados de distintas fuentes bibliográficas y testimoniales. Por otra parte el sector del Parque en el cual se encuentran asilvestrados, esta totalmente cerrada por barreras naturales, lo que asegura la pureza racial al no existir la posibilidad de ingreso de animales al lugar. Esta combinación de población asilvestrada, pureza racial, rodeo cerrado, escaso número de ejemplares y selección natural en un ambiente de clima frío nos puso ante el desafío de impedir su extinción, asegurar su conservación y realizar su caracterización.

En el año 1990 se firmó un convenio marco entre la Facultad de Ciencias Agrarias de la U.N.L.Z y la Administración de Parques Nacionales para colaborar mutuamente en la conservación del germoplasma del ganado bovino criollo biotipo patagónico. Luego de firmado el convenio, comenzamos a elaborar propuestas concretas para llevar adelante un plan de conservación realizable. Elaboramos varios planes, el objetivo siempre fue el mismo, pero con variaciones operacionales y distintos actores, finalmente se logró el acuerdo que queda reflejado en la resolución 276 del 13 de junio de 1991 donde las autoridades de la Administración de Parques Nacionales, deciden:

- a. Autorizar a la UNLZ a la extracción y selección de ganado criollo orejano ubicado en el Parque Nacional Los Glaciares priorizando la extracción en el lugar de Bahía y Laguna Onelli, y que todos estos trabajos quedarán a cargo exclusivo de la Universidad a través del personal que esta designe.

- b. La multiplicación de los animales extraídos deberá realizarse fuera de la Jurisdicción del Parque Nacional.

2. Ejecución del Plan

Luego de acordar las características y los objetivos del plan de recuperación y conservación del bovino criollo patagónico, comenzó la etapa mas difícil, en la cual había que transformar en realidad aquello que fuimos capaces de imaginar. La tarea prioritaria era extraer animales del Parque Nacional Los Glaciares y para ello nos propusimos un objetivo: extraer la mayor cantidad de vacunos, en el mejor estado y con el menor costo posible. Cabe aclarar que nuestra experiencia en este tema era nula y para nosotros constituía un gran desafío. Los recursos económicos eran escasos, pero confiamos en que uniendo los recursos humanos involucrados podíamos tener éxito. La tarea de extracción de los vacunos asilvestrados en Bahía Onelli implica: 1) Ubicar los animales y acercarse a ellos. 2) Capturarlos con lazos. 3) Sujetarlos a un elemento fijo (árbol, piedra etc.) cuidando de hacerlo muy bien para que no se ahorquen. 4) Llevarlos hasta un lugar en la costa donde puedan ser embarcados. 5) Cargar los animales en el barco. 6) Trasladarlos hasta Punta Banderas en el barco. 7) Desembarcarlos. 8) Cargarlos en un camión para llevarlos a un lugar transitorio donde se les suministra alimento, cuidados sanitarios, y se reponen del estrés. 9) Cargarlos en un camión para su traslado definitivo.

Como se observa en estos nueve pasos es necesario conseguir y coordinar una gran cantidad de cosas que están poco relacionadas con la genética animal que es nuestra especialidad. En resumen se requiere:

Personal: No menos de cuatro personas entrenadas en el manejo de animales asilvestrados, en lugares incómodos, en épocas invernales, dispuestas a largas caminatas y prolongadas estancias dentro del Parque, alojados en campamentos muy rudimentarios y que al mismo tiempo sepan conformar un verdadero equipo de trabajo. Cada persona debe llevar seis o siete perros que respondan a sus ordenes. Los perros cumplen una función clave en la ubicación, persecución y aquietamiento de los animales. Esto es lo que permite el acercamiento de las personas para enlazar al animal.

Equipamiento: Lazos, Sogas, Maneas, Ropa adecuada, Utensilios de cocina, etc.

Viveres: En cantidad adecuada para subsistir dentro del Parque.

Apoyo Logístico Terrestre: Se debe contar con una persona con un vehículo, que coordine todas las operaciones, se ocupe de los tramites y realice todos los traslados desde El Calafate a Puerto Banderas.

Apoyo Logístico Fluvial: Lo cumplió la prefectura naval de Lago Argentino de manera ineludible, sin su apoyo nada hubiese podido realizarse. En ocasiones transportando personal y víveres desde Puerto Banderas a Bahía Onelli y en otras oportunidades transportando personal y otros elementos de trabajo cambiando de lugar de campamento

Transporte terrestre: Camión para transportar los animales desde Puerto Banderas hasta un predio adecuado para su acondicionamiento hasta su traslado definitivo.

Transporte fluvial: Embarcación adecuada para la carga, descarga y transporte de los bovinos desde Bahía Onelli a Puerto Banderas (ver mapa). No existen muchas alternativas en el Lago Argentino. Hace unos años había solo una, la embarcación “Silvana B” de la empresa Fernández Campbell. Actualmente se encuentra otra embarcación, el Percival Masters, que es mas adecuado para realizar este trabajo.

Predio para alojar la hacienda luego de la extracción: Puede ser un establecimiento cercano a Puerto Banderas con instalaciones para el manejo de vacunos (manga, corrales etc), lo cual no es común en la zona. En distintas oportunidades hemos utilizado la chacra 9 de julio de Horacio Echeverría, la estancia Los Ventisqueros de la familia Gotti y por ultimo las instalaciones de la Sociedad Rural de Lago Argentino.

2.1 Breve descripción de los trabajos

a) Acceso al Lugar: Se realiza en una embarcación donde se transporta el personal, los víveres y el equipamiento hasta un lugar donde se pueda acampar para alojarse durante varios días.

b) Localización de Animales: Generalmente, los perros siguen el rastro de los animales. Es común que encuentren un grupo compuesto por diferentes categorías (vacas, terneros, vaquillonas, toros y toritos). Los perros persiguen a uno, ocasionalmente a dos animales y el resto se dispersa. El tiempo que dura la persecución es muy variable y depende del tipo de animal elegido, de la habilidad de los perros y de la topografía del lugar. En un determinado momento el animal queda aturdido, se cansa de escapar y se queda quieto.

Vaca hosca recién capturada



c) Captura: La quietud del animal permite el acercamiento del personal a una cierta distancia que posibilita enlazarlo. Es un momento de mucho riesgo porque el animal asustado puede agredir, por eso es necesario estar resguardado por un árbol, piedra u otro elemento que pueda

ubicarse allí cerca. Una vez asegurado con dos lazos, se procede a "palenquearlo" en el lugar, que consiste en atarlo en un lugar firme, de manera tal que pueda dar vueltas y moverse sin enredarse. En ésta forma permanece durante algunos días hasta su traslado.

d) Embarque: En primer lugar se localiza el animal y se lo lleva desde donde se encuentra palenqueado hasta el lugar mas cercano y accesible para ser embarcado. Este trabajo generalmente debe ser realizado por dos ó tres personas utilizando dos lazos, uno va delante y otro detrás del animal .

Traslado: Una vez embarcados se transportan hasta Puerto Banderas.

3. Extracciones con Financiación Privada

Dos temas eran claves para iniciar las extracciones. El primero, asegurar el financiamiento necesario y el segundo conseguir una embarcación adecuada. El primero se resolvió firmando un convenio con Horacio Echeverría donde se acordó que él financiaba las primeras extracciones, pero tendría un reconocimiento a favor de la Facultad en un determinado número de animales en relación a los animales extraídos. Para el segundo tema, en diciembre de 1990 tomamos contacto con René F. Campbell, empresario turístico de la zona quien posee entre sus embarcaciones una lancha de carga llamada Silvana que cuenta con una bodega donde caben unos 20 animales medianos y se ajusta a las necesidades del trabajo. Nos escuchó atentamente y nos dijo que este trabajo solo era posible fuera de la temporada turística, es decir desde abril hasta setiembre y nos prometió estudiar el tema.

3.1 La Olla

En abril de 1991, viajó Alejandro con el objetivo concreto de efectuar la primer extracción de vacunos, como no fue posible contar con la embarcación adecuada, decidieron junto con Horacio Echeverría ingresar al sector de La Olla, donde todavía no habíamos explorado y existe la posibilidad de acceder por vía terrestre.

Los preparativos se iniciaron el día 11 de abril y recién el día 19 estuvieron en condiciones de partir. Ese día partieron José A. Lepio, Zoilo Marchan y Alfredo Kansas Jones desde el Calafate rumbo a La Olla por tierra con una tropilla de 30 caballos (se tarda cuatro días en llegar). Alejandro y Horacio zarparon del puerto Banderas el día 24 con la lancha de Prefectura Naval, a cargo del timonel Ramón Mañerei y el marinero Paveleck transportando los materiales de trabajo, los víveres, los perros etc. El mal tiempo complico el viaje y al llegar a la Península Cristina llovía

intensamente donde bajaron los víveres en un refugio. Al día siguiente la lancha de Prefectura regreso a Punta Banderas, mientras llegaron Lepio y Marchan con sus tropillas, sin Kansas Jones que perdió los caballos por el camino. Luego de churrasquear y charlar algún momento, armaron los pilcheros y salieron a caballo para La Olla. Así comenzó la primer extracción que según cuenta Alejandro fue una experiencia inolvidable cargada de anécdotas y vivencias inigualables. El resultado obtenido no se ajusto a lo esperado, en diez días de mucho trabajo solo se capturaron ocho animales, de los cuales solamente cuatro fueron extraídos vivos (dos vacas y dos toritos), los otros cuatro murieron por diferentes motivos. Los cuatro vacunos capturados fueron trasladados a la chacra 9 de julio de Horacio Echeverría en el camión del gringo Harris. El saldo fue negativo, pero teníamos ganas de ver cosas positivas así que pensamos que:

- a) con convicción y espíritu de colaboración era posible hacer el trabajo.
- b) Era poco conveniente ir a La Olla, con lo cual era muy importante conseguir un barco para ir a Bahía Onelli
- c) Aunque eran pocos, ya teníamos animales que no es lo mismo que no tener nada.

3.2 Primera Extracción con Embarcación: Bahía Onelli (Norte y Sur)

El 20 de agosto de 1991 me embarque en un Fokker 28 de la Armada Argentina, desde la Base Aeronaval Nro. 3 de Ezeiza a la ciudad de Río Gallegos. El día 21 a las 21 horas llegue a El Calafate. El 22 muy temprano estaba en la chacra de Horacio Echeverría que me esperaba para realizar otra extracción, muy entusiasmado y contento con los criollos que ya tenía en la chacra “Gerinaldo” y “La Clavel”. Allí coordinamos los trabajos, mi actividad central fue la de conseguir

la embarcación y la de Horacio contratar al personal y reunir el equipamiento.

Embarcando una vaquillona en el Silvana B



Junto al intendente del Parque Los Glaciares el señor Julio Ciorca (ambos interesados en la extracción de los bovinos) mantuvimos una reunión con el Sr. René Fernández Campbell propietario de la lancha Silvana a efectos de solicitarle su colaboración para el traslado de los vacunos capturados. La reunión fue un éxito, la embarcación fue cedida con combustible y tripulación, con la

condición de dejar limpia la lancha luego de descargar los animales y que la Facultad se

responsabilice por escrito de cualquier accidente que pudiese ocurrir durante los trabajos. La Silvana solo se utilizó para el traslado de bovinos, el personal, el equipamiento y los víveres se trasladaron en la lancha Lima Sierra de la Prefectura Naval. El 1 de setiembre a la tarde un amigo de Horacio (Nestor Mendez, hoy intendente de El Calafate) nos llevó desde la chacra hasta Puerto Banderas con todo el equipamiento de pilchas, lazos, sogas, víveres, colchones, mantas y quince perros comandados por el “Profesor” (un border collie excepcional). El equipo estaba integrado por las siguientes personas: Mario “el negro” Fritz, “Pericote” Altamirano, Manuel Sotelo y Mariano Insaurralde “los correntinos”, por el jefe de tareas Horacio Echeverría y el responsable Rubén Martínez. Esa noche acampamos en el puerto, al aire libre y al día siguiente 2 de setiembre, a las nueve de la mañana salimos para Bahía Onelli. La tripulación de Prefectura estaba compuesta por el timonel Ramón Mañerei y el cabo primero Pavelek.

El Lago presentaba muy buenas condiciones para navegar y en solo cuatro horas desembarcamos en Bahía Ciprés, nos dividimos en dos grupos y en esa tarde logramos capturar cuatro animales: una vaca hosca, dos toros overos colorados y una vaquillona colorada mascarita. El comienzo fue muy bueno. Como en todas las extracciones, luego fueron sucediendo algunos inconvenientes producto del frío, la nieve y de las propias circunstancias del trabajo que se superaron con voluntad y compañerismo. Luego de 12 días de permanencia en la Bahía Onelli se capturaron veintiún animales de los cuales se pudieron embarcar diecisiete vivos en la lancha Silvana, con destino a Puerto Banderas y desde allí fueron trasladados hasta la chacra 9 de julio.

3.3 Segunda Extracción con Embarcación: Bahía Onelli Norte y Sur

De similares características que la anterior, pero con una estadía mas prolongada, en total fueron treinta tres días de trabajo. Se realizó en los meses de Junio y Julio 1992. Participaron de la misma las siguientes personas: Mario “el negro” Fritz, “el indio” Pichinianco, “Pericote” Altamirano , Carlos Chicotera, el jefe de tareas Horacio Echeverría y el responsable Rubén Martínez. El apoyo fluvial para el traslado de equipos, víveres y personas nuevamente lo realizo la Prefectura Naval. Para el traslado de animales hasta Pto. Banderas se utilizó la lancha Silvana . Esta vez se realizaron dos viajes con animales capturados. El primero arribó a Pto. Bandera el 27-06-92 y el segundo, el día 06-07-92. El resultado fue de 39 animales capturados de los cuales 33 se embarcaron vivos

4. Extracciones Financiadas por la Facultad y la Universidad

A partir de 1996, la Facultad arrienda el campo La Lomada en la localidad de Esteban Echeverría provincia de Buenos Aires. Allí llegaron el día 20 de mayo de ese año 15 vacas, 2 toros, 3 terneras y 2 terneros criollos patagónicos, procedentes de la chacra 9 de julio de Horacio Echeverría producto del convenio firmado en el año 1991. Estos animales fueron la base del plantel bajo conservación que posee la Facultad.

4.1 Tercera Extracción con Embarcación: Bahía Onelli Norte y Sur

Se realizó en desde el 6 de agosto hasta el 21 de setiembre de 2000. Las características fueron similares a las anteriores. El personal de extracción que intervino estuvo a cargo de Gabriel Ullua y José Raniqueo. El apoyo logístico lo realizó Juan Carlos Amendolara y nuevamente utilizamos la embarcación Silvana. Tuvimos algunos inconvenientes adicionales a los que normalmente presenta este trabajo, entre ellos que los animales no se pudieron trasladar directamente a Buenos Aires debido a la barrera sanitaria impuesta en ese momento por SENASA, por lo cual debimos alojar a los animales en la estancia Los Ventisqueros hasta el levantamiento de la barrera sanitaria. El resultado no fue bueno debido a una serie de contratiempos con el barco, al prolongado tiempo de permanencia en el lugar, al clima de esos meses, y al mal estado de los animales. Se capturaron treinta y dos animales, pero solo llegaron vivos a La Lomada dieciséis: 9 vacas, 2 vaquillonas, 4 toros y una ternera.

4.2 Cuarta Extracción con Embarcación: Bahía Onelli Norte y Sur

Embarcando un animal en el Percival Masters



Partimos de Buenos Aires el día 19 de abril de 2003 en la camioneta de la Facultad juntamente con el Sr. Juan Carlos Amendolara. La camioneta regreso a Buenos Aires el día 9 de junio de 2003. El personal de extracción fue dirigido por Gabriel Ullua y Jose Raniqueo. Todos los trabajos de traslados fluviales (personal, equipos, y bovinos) se realizaron con la embarcación Percival Masters

de la Empresa Patagonia Explorer. Esta fue la primera extracción donde se introdujo un caballo para facilitar la tarea de bajar algún animal hasta el lago. Se logro el mejor resultado hasta el presente. Se capturaron mas de cien animales y se trasladaron 99 a Buenos Aires.

5. Actualidad del Plan de Conservación

5.1 “In-situ”

Un plantel de criollo patagónico en la localidad de El Calafate que cuenta actualmente con 45 vientres en producción propiedad de Horacio Echeverría. No se dispone de instalaciones adecuadas para el manejo de bovinos, pero se garantiza un control mínimo de los animales y una observación permanente de su productividad en la zona. Las características sobresalientes observadas han sido: Fácil manejo por parte del hombre, muy buena fertilidad y facilidad de parto, buen crecimiento de los terneros y por sobre todas las cosas, mortandad nula por efectos ambientales (esto se comprobó particularmente en los inviernos de los años 1994 y 1995 cuando la mortandad de bovinos de otras razas fue muy alta)

5.2 “Ex –situ”

Plantel registrado por la A.A.C.G.B.C (Asociación Argentina de Criadores de Ganado Bovino Criollo) e Inscrito en los libros genealógicos de la SRA. Actualmente cuenta con 100 vientres en producción propiedad de la Facultad de Ciencia Agrarias de la UNLZ. Se mantienen en un predio en la localidad de Chascomus provincia de Buenos Aires mediante un convenio entre la FCA y el INTECH (Instituto de Tecnología Chascomus). Los servicios se realizan mediante Inseminación artificial con diagramación de apareamientos y asignación individual de toros para minimizar el incremento de la consanguinidad.

5.3 Banco de Germoplasma

Los toros elegidos, luego de ser recriados se envían al centro genético Eolia donde se les realiza la extracción y congelado de semen. Se congelan en promedio 200 dosis de cada semental. El semen se almacena en el mismo Centro Genético y actualmente contamos con un banco de semen de 13 toros.

Actualmente también estamos obteniendo embriones congelados utilizando las hembras de refugio del plantel como donantes de óvulos que son fecundados in vitro.