

UNIVERSIDAD NACIONAL DE LA PLATA

FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS



Trabajo de tesis realizado para optar al título de

DOCTOR EN CIENCIAS VETERINARIAS

CARACTERIZACION GENETICA Y MORFOLOGICA DE OVINOS

CRIOLLOS DE ARGENTINA

Autor: Ing. Zoot. Sabrina Peña

Director: Dr. Rubén D. Martínez

Codirectora: Dra. Egle Villegas Castagnasso

Lugar de trabajo: Facultad Ciencias Agrarias, U.N.L.Z.

Miembros del Jurado:

Dra. Liliana Amelia Picardi

Dra. Alicia Antonini

Dr. Juan Pedro Lirón

15 Noviembre 2019

AGRADECIMIENTOS

Deseo agradecer a las personas e instituciones que contribuyeron con su aporte para la realización de esta Tesis.

A mi director, Dr. Rubén Martínez, y a mi Co Directora, Dra. Egle Villegas Castagnasso.

Al personal del laboratorio del Departamento de Genética, Universidad Nacional de Córdoba, España.

Al personal del laboratorio de fibras textiles de INTA Bariloche, Msc. Diego Sacchero, Ing. Julia Maurino.

A todos aquellos productores que han prestado sus majadas para la extracción de muestras, principalmente al Sr. Miguel Berreta.

A mis compañeros de facultad, especialmente al Dr. Gustavo Lopez, y a Msc. Nora Abbiati.

A las autoridades de las Facultades de Cs. Agrarias (UNLZ) y de Cs. Veterinarias (UNLP).

Especialmente a mis padres por su apoyo incondicional y constante y a Mauri, Bauti y Santi, por su paciencia y comprensión.

Y a todos aquéllos que de una u otra forma aportaron su granito de arena para que pudiera concluir éste trabajo.

Citas bibliográficas correspondientes a las publicaciones parciales del trabajo tesis:

- **Peña S., López G., Martínez R., Abbiati N., Género E., Garófalo M. (2012)** Relevamiento morfológico de ovinos criollos en cuatro regiones de la Argentina. Informe Preliminar. Actas Iberoamericanas de Conservación Animal. AICA Vol. 2. 61-66.
- **Peña, S., López, G., Martínez, R., Género, E. y Abbiati, N. (2012).** Primer informe sobre caracterización de ovejas criollas en buenos aires. Congreso Argentino de Producción Animal. Provincia de Córdoba, Argentina. Vol 32. Supl. 1: pág. 111.
- **Peña S., López G., Martínez R., Abbiati N., Género E. (2013).** Descripción de características fenotípicas en ovinos criollos de argentina. 8vas Jornadas Internacionales de Veterinaria Práctica. Agosto 2013, Mar del Plata. Argentina
- **Peña S., López G., Martínez R., Abbiati N., Género E. (2013).** Relevamiento zoométrico de ovinos criollos en cuatro regiones de argentina. XIV Simposio Iberoamericano sobre conservación y utilización de recursos zoogenéticos. 6, 7, 8 noviembre, Concepción, Chile. Pag. 83
- **Peña S., López G., Martínez R., Abbiati N., Castagnasso E., Giovambattista G., Género E. (2013).** Características zoométricas de ovinos criollos de cuatro regiones de la argentina. Actas Iberoamericanas de Conservación Animal. AICA 3 (2013). 174-181.
- **Peña, Sabrina; López, G; Martínez, R; Posik, D; Giovambattista, G y E. Villegas Castagnasso (2014).** Estudio preliminar del origen materno de ovinos criollos de argentina. XLIII Congreso Argentino de Genética IV Reunión Regional SAG-La Pampa Patagonia. 19 al 22 de octubre San Carlos de Bariloche Argentina. Journal of basic & Applied Genetics Vol. XXV (1) pág. 158
- **Peña, S.; Sacchero, D.; Maurino, J.; López, G.A.; Abbiati, N.N.; Género, E.R. y Martínez, R.D. (2014).** Descripción de la lana de ovejas criollas de cuatro regiones de argentina. 37º Congreso AAPA -2nd Joint Meeting ASAS-

AAPA- XXXIV Congreso SOCHIPA. Revista Argentina de Producción Animal
Vol 34 Supl 1: pag. 327

- **Peña Sabrina; Delgado Bermejo Juan Vicente; Martínez Amparo; Landi, Vincenzo; Género Enrique y Martínez Rubén (2015).** Diversidad genética de ovinos criollos de cuatro regiones de argentina utilizando microsatelites. XVI Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos. 7, 8 y 9 de octubre. Villavicencio. Colombia.
- **Pena S.; Lopez G.A.; Abbiati N.N.; Genero E.R. y Martinez R.D. (2015) Avances en la caracterización zootécnica de la raza ovina Criolla Argentina.** Revista de Divulgación Técnica, Agropecuaria, Agroindustrial y Ambiental. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Lomas de Zamora. Pag. 11-20. Vol. 2, Marzo 2015. ISSN 2362-5805
- **Peña Sabrina; Lopez Gustavo; Martínez Rubén; Abbiati Nora; Genero Enrique (2015).** Índices zoométricos en ovinos criollos argentinos. 9^{nas} Jornadas Internacionales de Veterinaria Práctica. Mar del Plata.
- **Peña S., Sacchero D., Maurino J., López G., Abbiati N., Género E., Martínez R. (2016)** Caracterización de la lana de ovejas Criollas argentinas en cuatro ambientes diferentes. Archivos de zootecnia. 65 (249): 13-19.
- **Peña, S; López, G.A.; Abbiati, N.N.; Género, E.R. y Martínez, R.D. (2017)** Caracterización de ovinos Criollos argentinos utilizando índices zoométricos. *Arch. Zootec.* 66 (254): 263-270.
- **Peña S., Martínez A., Villegas Castagnasso E., Aulicino M., Género E. R., Giovambattista, G. y Martínez R. D. (2017).** Caracterización genética de cuatro poblaciones de ovinos criollos de argentina. Journal of Basic and Applied Genetics. Vol XXVIII (2): 19-21; December 2017. Paginas: 43-55
- **Peña S., López G., Abiatti N. y Martínez R. (2017).** Características de la finura de la lana de razas ovinas en Argentina. Revista de Divulgación Técnica Agropecuaria, Agroindustrial y Ambiental. Facultad de Ciencias Agrarias. UNLZ. Vol. 4 (4): 35-45.

INDICE

	RESUMEN	1
	SUMMARY	2
I.	INTRODUCCION	4
II.	OBJETIVOS	6
III.	REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA	7
III.1.	Origen del Ganado ovino y su evolución en la Península Ibérica.	7
III.2.	Introducción del Ganado Ovino en América.	10
III.3.	Los Ovinos Criollos de América.	14
III.3.1.	Islas Antillanas.	17
III.3.2.	Venezuela.	18
III.3.3.	México.	19
III.3.4.	Colombia.	20
III.3.5.	Perú.	21
III.3.6.	Bolivia.	22
III.3.7.	Brasil.	23
III.3.8.	Chile.	25
III.3.9.	Uruguay.	26
III.3.10.	Estados Unidos.	26
III.4.	El ovino criollo en la Argentina.	27
III.4.1.	Origen, introducción, primeros años de producción ovina. <i>Llegada de los primeros ejemplares. Difusión y distribución.</i>	27
III.4.2.	Mestización y absorción por razas europeas	30
III.4.3.	Actualidad de la raza ovina criolla argentina	37
III.4.4.	Regiones de muestreo	40
III.4.4.1.	Salta (SA)	40
III.4.4.2.	Santiago del Estero (SE)	40
III.4.4.3.	Corrientes (CO)	41
III.4.4.4.	Buenos Aires (BA)	41
III.5.	Caracterización Genética	42
III.5.1.	Marcadores genéticos	43
III.5.2.	Los microsatélites como marcadores genéticos	43
III.5.2.1.	Microsatélites para caracterizar genéticamente poblaciones ovinas	45
III.5.2.2.	Técnicas para la caracterización alélica de microsatélites	45
III.5.3.	ADN Mitocondrial	46
III.5.4.	Análisis de los resultados	47
III.5.4.1.	Cálculo de frecuencias alélicas	48
III.5.4.2.	Equilibrio Hardy –Weinberg	48
III.5.4.2.1.	Pruebas para calcular la desviación del Equilibrio Hardy-Weinberg	50
III.5.4.3.	Heterocigosis	50
III.5.4.3.1.	Heterocigosidad Observada (H_O)	51
III.5.4.3.2.	Heterocigosidad Esperada o Diversidad Genética (H_e)	51

III.5.4.4.	Contenido de Información Polimórfica (PIC)	52
III.5.4.5.	Índices de Fijación o Estadísticos F	52
III.5.4.6.	Análisis Molecular de la Varianza (AMOVA)	56
III.5.4.7.	F_{ST} como distancia genética	57
III.5.4.8.	Análisis Factorial de Correspondencia (AFC)	58
III.5.4.9.	Asignación de individuos a poblaciones mediante modelos probabilísticos	60
III.6.	Caracterización morfológica	61
III.6.1.	Zoometría y variables zoométricas	63
III.6.2.	Índices zoométricos	66
III.6.3.	Análisis de los resultados	68
III.7.	Caracterización de la lana	68
III.7.1.	Usos de la lana	69
III.7.1.1.	Lana para uso industrial	69
III.7.1.2.	Lana para uso artesanal	75
III.7.2.	Clasificación de las lanas	78
III.7.3.	Análisis de los resultados	80
IV.	MATERIALES Y METODOS	82
IV.1.	Material Animal	83
IV.1.1.	Ovinos de Salta (SA)	83
IV.1.2.	Ovinos de Santiago del Estero (SE)	83
IV.1.3.	Ovinos de Corrientes (CO)	84
IV.1.4.	Ovinos de Buenos Aires (BA)	85
IV.2.	Caracterización Genética	86
IV.2.1.	Tipo y Tamaño Muestral	86
IV.2.2.	Microsatélites	86
IV.2.2.1.	Técnicas utilizadas para la caracterización de alelos de microsateles	86
IV.2.2.2.	Microsatelites analizados	91
IV.2.3.	ADN Mitocondral	92
IV.2.4.	Análisis de la Diversidad Genética	93
IV.2.5.	Estructura Poblacional y Distancias Genéticas	94
IV.2.6.	Análisis estadístico de la información y software empleados	95
IV.3.	Caracterización morfológica	96
IV.3.1.	Tipo y Tamaño Muestral	96
IV.3.2.	Medidas Zoométricas	96
IV.3.3.	Índices Zoométricos	98
IV.3.4.	Análisis estadístico y software empleado	99
IV.4.	Caracterización de la lana	100
IV.4.1.	Tipo y Tamaño Muestral	100
IV.4.2.	Determinación de las características de la lana	101
IV.4.3.	Análisis estadístico y software utilizado	102
V.	RESULTADOS	104
V.1.	Caracterización genética del ovino criollo	104
V.1.1.	Variabilidad genética	104
V.1.2.	Estructuración Poblacional	107
V.1.3.	Análisis de los Linajes Maternos	111

V.2.	Caracterización Morfológica del ovino criollo	112
V.2.1.	Variables Zoométricas	112
V.2.1.1.	Estadística descriptiva de las variables zoométricas	112
V.2.1.2.	Diferenciación zoométrica entre los ovinos de las distintas regiones	114
V.2.2.	Índices zoométricos	118
V.2.2.1.	Estadística descriptiva de los índices zoométricos	118
V.2.2.2.	Asociación entre índices zoométricos	121
V.2.2.3.	Diferenciación mediante índices zoométricos entre las ovejas de las distintas regiones	123
V.2.3.	Características de la lana	130
V.2.3.1.	Estadística descriptiva de las características de la lana	130
V.2.3.2.	Asociación entre las características de la lana	133
V.2.3.3.	Diferenciación mediante las características de la lana entre las ovejas de las distintas regiones	135
VI.	DISCUSIÓN	141
VI.1	Caracterización Genética	141
VI.2	Caracterización Morfológica	145
VI.2.1	Caracterización mediante variables zoométricas	145
VI.2.2	Caracterización mediante índices zoométricos	148
VI.2.3.	Caracterización de la lana	152
VII.	CONCLUSIÓN	157
VIII.	BIBLIOGRAFIA	160

ABREVIATURAS Y SIMBOLOS:

- \bar{H} : es la frecuencia observada de heterocigotos
- \bar{H}_{e_T} : heterocigosidad esperada en equilibrio Hardy-Weinberg en la población total
- \bar{H}_{e_S} : heterocigosidad esperada en equilibrio Hardy-Weinberg en las subpoblaciones
- χ^2 : test de Chi cuadrado
- %: Porcentaje
- (pi): vector booleano
- (BA): Buenos Aires
- (CO): Corrientes
- (SA): Salta
- (SE): Santiago del Estero
- μ : micrones
- μ l: microlitro
- A.C.: Antes de Cristo
- AC: análisis de conglomerados
- ACR: Alzada a la Cruz
- ADO: Alzada al Dorso
- Ae: alelos efectivos
- Ae: Número de alelos efectivos
- AFC: Análisis Factorial de Correspondencia
- AGR: Alzada a la Grupa
- AMOVAS: análisis moleculares de la varianza
- ANC: Ancho de la Cabeza

- ANGR: Ancho de la Grupa
- Ap: alelos privativos
- ARNasa: Ribonucleasa
- cm: centímetros
- CU: Curvatura media de la ondulación
- CV: Coeficiente de Variación
- dATP: desoxiadenosina trifosfato
- DBI: Diámetro Bicostal
- dCTP: Desoxicitidina trifosfato
- DDE: Diámetro Dorso-Esternal
- DE_DMf: Desvío estándar del diámetro medio de fibra
- DEE: Diámetro Entre Encuentros
- dGTP: Trifosfato de desoxiguanosina
- DLO: Diámetro Longitudinal
- DMF: Diámetro medio de fibra
- DMF: Diámetro Medio de Fibras
- DNA: ácido desoxirribonucleico
- DS: Desvío estándar
- dTTP: timidina trifosfato
- EDTA: ácido etilendiaminotetraacético
- FAO: Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura
- FC: Factor de confort
- Fis multilocus: índice de fijación de Wright
- FIS: correlación entre dos alelos
- FIT: correlación relativa a la población total

- FIT: índice de fijación de los individuos respecto al total de la población
- FST: correlación entre dos alelos tomando al azar uno de cada sub población
- FST: matriz de distancia genética
- has: hectáreas
- He: Heterocigosidad esperada
- He: heterocigosis esperada
- hg: haplogrupo
- hgs: haplogrupos
- Ho: Heterocigosidad Observada
- HWE: equilibrio Hardy-Weinberg
- I+D: Investigación y desarrollo
- ICE: Índice cefálico
- ICO: Índice corporal
- ICR: Índice de cortedad relativa
- IPE: Índice Pelviano
- IPL: Índice pelviano longitudinal
- IPR: Índice de profundidad relativa
- IPT: Índice pelviano transversal
- ITO: Índice torácico
- K: número esperado de clusters
- kg: kilogramos
- Km: Kilómetros
- km²: kilómetros cuadrados
- LC: Longitud de la Cabeza
- LGR: Longitud de la Grupa
- LM: Largo de mecha

- m.s.n.m.: Metros sobre nivel del mar
- MgCl: cloruro de magnesio
- ml: mililitro
- mm: milímetros
- Na: Número de alelos por locus para cada población
- Nam: media general de alelos por locus
- Nat: Número de alelos totales
- ng/ μ l: nano gramo por microlitro
- °C: grados centígrados
- pb: pares de bases
- PCR: Reacción en Cadena de la Polimerasa
- PE: Peso
- PIC: Contenido de Información Polimórfica
- PTO: Perímetro Torácico
- RNA: ácido ribonucleico
- Rpm: revoluciones por minuto
- SDS: dodecilsulfato sódico

CARACTERIZACION GENETICA Y MORFOLOGICA DE OVINOS CRIOLLOS DE ARGENTINA

PALABRAS CLAVES:

Ovinos

Criollos

Caracterización

Genética

Lana

RESUMEN:

En Argentina, se introducen los ovinos por primera vez, directamente desde Sevilla, en 1549. Parece ser que los animales pertenecían a las Razas Churra y Montañesas Españolas y también algunos ejemplares de Merino. El objetivo general de este trabajo es caracterizar genéticamente y morfológicamente al ovino criollo argentino. Para el mismo, se obtuvieron muestras de ovinos de las provincias de Salta, Santiago del Estero, Corrientes y Buenos Aires. Para efectuar la caracterización genética se recurrió al análisis de microsatélites y determinación de ADN mitocondrial. Para la caracterización morfométrica se utilizaron medidas zoométricas e índices zoométricos, y con respecto a la lana, se efectuaron análisis de calidad de la misma. Los resultados observados mediante el análisis de marcadores microsatelitales muestran que se establecen tres grupos de ovejas genéticamente diferenciadas por las regiones de pertenencia, por un lado Salta; Corrientes y Santiago del Estero se agrupan y por otro lado Buenos Aires. Por otra parte, el análisis del D-loop mitocondrial puso en evidencia que los sitios polimórficos hallados son compartidos con el haplogrupo A (asiático). Esto puede

deberse a que este haplogrupo se encuentra presente en varias razas españolas actuales, cuyos antecesores podrían ser compartidos con los ovinos criollos de nuestro país. Las características morfológicas indican que las ovejas de Salta (SA) y de Santiago del Estero (SE), son más homogéneas que las de Buenos Aires y Corrientes. Los índices muestran que desde el punto de vista etnológico las ovejas criollas pueden definirse como una raza de dimensiones intermedias, de pelvis mesolínea, cuerpo brevilíneo, tórax elíptico y cabeza mesocéfala; y desde el punto de vista funcional de doble aptitud carne-lana. Del estudio de las características de la lana quedaron definidos tres grupos de ovejas: en el primer grupo se ubicaron mayoritariamente las ovejas salteñas (86 %), en el segundo grupo mayoritariamente las ovejas correntinas y las santiagueñas (81 %) y en el tercer grupo las ovejas bonaerenses (100 %).

GENETIC AND MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION OF CREOLE SHEEP FROM ARGENTINA

KEY WORDS:

Sheep

Creole

Characterization

Genetics

Wool

SUMMARY:

In Argentina, for the first time sheep were introduced directly from Seville, in 1549. The animals belonged to the Churra and Spanish Montañesas breed, and

some of them to Merino. The general objective of this work is to characterize genetically and morphologically the Argentinian creole sheep. For this purpose, were obtained samples from sheep of Salta, Santiago del Estero, Corrientes and Buenos Aires provinces. To make the genetic characterization we use microsatellites analyses and mitochondrial DNA determination. For the morphological characterization we use zoometric measures and indexes, and quality analyses were made to the wool. The results observed by means of the microsatellites analyses showed that three groups of sheep genetically different were formed, Salta, Corrientes and Santiago del Estero; and in the other side is Buenos Aires. In the other hand, the mitochondrial D-loop analyze showed that the polymorphic sites found are shared with the Asian haplogroup (Asian). This could be because this same haplogroup it is present in different Spanish breed, which antecessors could be shared with the one of our country. The morphological characteristics indicate that sheep from Salta (SA) and Santiago del Estero (SE) are more homogeneous than the one from Buenos Aires (BA) and Corrientes (CO). The indexes demonstrate that the creole sheep can be defined as a breed of intermediate dimensions, with pelvis mesolínea, short body, elliptic torax and a mesocefala head; and from the functional point of view, we can say that they have double aptitude, meat and wool. From the study of the wool characteristics, three groups were formed: in the first group were the sheep from Salta (86%), in the second one the sheep from Corrientes and the ones from Santiago del Estero (81%) and in the last group were the sheep from Buenos Aires (100%).

I. INTRODUCCION

“En la actualidad podríamos describirlos como ejemplares cuyo peso vivo al llegar a adultos, alcanza los 30 kilos en los machos y a 23 en las hembras. Se trata de ovinos de una conformación física muy pobre, de esqueleto insuficiente, y en los que aparecen frecuentemente machos y hembras con cuernos y en casos, machos con cuatro astas y de musculatura sin mayor desarrollo. La manta de grasa en términos generales, inexistente. Las cabezas, barrigas y patas peladas y las colas largas dan a estos animales en su adultez un aspecto rayano en lo lastimoso. Con esto queda entendido que también los corderos son impresentables para el consumo y solo sirven llegando a adultos para conservar la especie”

Dr. César A. Calvo. Libro: Ovinos. Página 287.

(1978).

Esta era la forma en que se describían las características zootécnicas de la raza ovina criolla argentina en los libros de estudio. Datos parciales, fuera del contexto ambiental, utilizando argumentos prejuiciosos, despreciativos y hasta novelescos si consideramos que se afirma que los ovinos criollos tienen un esqueleto insuficiente y un aspecto rayano en lo lastimoso. Los motivos que llevaron a técnicos y profesionales del ámbito agropecuario a realizar estas afirmaciones respecto de nuestro recurso ovino fundador, pueden haber sido varios y con distintos objetivos, pero no es ahora el momento ni el lugar para interpretarlos. Lo que si creemos que es necesario y hasta podríamos decir urgente, es abocarnos a realizar estudios científicos y técnicos con datos objetivos que nos aporten

información cierta sobre el comportamiento productivo y las características zootécnicas de la raza ovina criolla argentina para poder manejarla de manera racional y realizar un aprovechamiento adecuado de sus productos en los ambientes donde actualmente se encuentra. Los ovinos criollos son los descendientes de los animales que introdujeron los conquistadores españoles y la historia nos revela que estos han sido imprescindibles para la formación, subsistencia y desarrollo de las primeras ciudades de América. De ellos se obtenía, carne, cuero, lana, leche y además se podían utilizar como bien de intercambio comercial con las poblaciones indígenas, principalmente con aquellas que ya tenían incorporado en su cultura el tejido de fibras animales para la confección de telas a partir de las fibras de los camélidos. Los conquistadores no trajeron razas ovinas adaptadas a distintos ambientes, fueron las ovejas criollas las que mediante su proceso evolutivo y la selección natural lograron ser útiles en todos los ambientes donde llegaron. Actualmente, con casi 500 años de permanencia en tierra argentina, la raza ovina criolla está presente en casi todas las provincias y en los más diversos ambientes. Es hora de comenzar a valorarla zootécnicamente y a conocer ciertamente su potencial productivo. Este trabajo pretende realizar un aporte en este sentido y se propone realizar la caracterización genética y morfológica incluyendo las características de la lana, de ovejas criollas ubicadas en cuatro provincias argentinas: Salta, Corrientes, Santiago del Estero y Buenos Aires.

II. OBJETIVOS

El objetivo general de este trabajo es caracterizar genéticamente y morfológicamente al ovino criollo argentino. Para ello elaboramos los siguientes objetivos específicos:

- 1) Identificación de cuatro grupos de ovinos criollos argentinos ubicados en distintas regiones del país.
- 2) Caracterización fenotípica de los cuatro grupos mediante variables morfológicas de tipo cuantitativas para establecer concordancias y/o discrepancias entre ellos.
- 3) Caracterización genética mediante marcadores microsátélites de los cuatro grupos mencionados para establecer sus relaciones genéticas.
- 4) Caracterización genética de los cuatro grupos mediante ADN mitocondrial.
- 5) Caracterización de la lana de los cuatro grupos en estudio.

III. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

III.1 Origen del Ganado ovino y su evolución en la Península Ibérica

A través de investigaciones arqueológicas y de genética molecular se ha identificado que el origen del ovino doméstico se sitúa en el oriente medio, en la región del antiguo Egipto, Mesopotamia y Persia (Zohary y col., 1998), durante el periodo neolítico, entre 8000 y 5000 años A.C. (Pérez Ripoll, 2001). El proceso de domesticación fue un suceso trascendente para iniciar el desarrollo de la actual diversidad del ganado, pero la dispersión y las migraciones posteriores a lo largo y ancho de los cinco continentes fueron igualmente importantes. Este proceso desempeñó una función crucial en la configuración de la actual distribución geográfica de la diversidad del ganado. Las principales causas de la dispersión inicial de las especies pecuarias fueron la expansión de la agricultura, el comercio y las conquistas militares (FAO, 2010). Un ejemplo relevante de la expansión agrícola es el Neolítico, con la introducción del ganado bovino, ovino y caprino en Europa, y que puede haber motivado la domesticación local del jabalí. El ganado domesticado siguió dos rutas principales bien diferenciadas hacia Europa: el Danubio y el Mediterráneo (Bogucki, 1996; Cymbron y col., 2005). Los romanos fomentaron la cría del ganado ovino, ya que necesitaban lana para vestir a sus ejércitos, que conquistaron casi toda Europa. Con lana fabricaban las togas, distintivo de las clases nobles. En tiempos de Servio Tulio se acuñó la primera moneda con la esfinge de una oveja y un bovino. La época romana fue una era de esplendor. La Península Ibérica contaba de 6 a 8 millones de habitantes (Estévez J. O. 1990). La invasión en el siglo VIII (711) de los musulmanes, produjo prosperidad en la estructura económica de la Península, ya que beneficiaron a la

ganadería ovina y equina quienes recibieron la influencia de biotipos africanos (Rodero y col., 2007). Los musulmanes tenían prohibido el consumo de la carne de cerdo por el libro sagrado del Corán, entonces la carne de cordero era y sigue siendo la preferida. Con la invasión árabe llegaron pueblos de gran tradición ganadera y su experiencia ayudó al fomento de la cría ovina. Así ocurrió con los bereberes que se establecieron en las montañas del Sistema Central y después en comarcas próximas a Castilla la Nueva y Extremadura. Los bereberes eran reconocidos pastores (Gerbert, 2002). Los árabes fomentaron la industria del cuero, de la lana y de la seda. Los paños de lana de Al-Andalus gozaban de merecido renombre. Castilla llegó a producir gran cantidad de lana merina, que exportaba a Flandes e Inglaterra. Además, el Fuero de Sepúlveda, promulgado poco después de 1300, clasificaba las distintas lanas de Castilla (Estévez, 1990). Al principio de la Edad Media, los pastores y propietarios de ganado se reunían en asambleas locales dos o tres veces al año, entre otras razones, para asignar a los animales descarriados a sus legítimos propietarios. En estas asambleas o mestas democráticas, tenían derecho a voto tanto los hombres como las mujeres, que poseyeran de 50 ovejas en adelante. El ganado podía ser trashumante o estante. La ciudad más importante en cuanto a estas Asambleas era Soria, cuyos ganaderos fueron los promotores de la Mesta (Rodero y col., 2007). Alfonso X, advirtió que el comercio de la lana era la columna vertebral de la economía. Aglutinó a todas las Mestas y fundó en 1273 el Honrado Concejo de la Mesta de los Pastores de Castilla. El ganado bajaba del Norte hacia el Sur a través de las cañadas reales. Además de estas vías de primer orden, existían otras de segundo orden llamadas cordeles. La vigilancia de estas vías estaba encomendada a los alcaldes

entregadores. La preparación del ganado para partir a "extremos" se hacía en septiembre. Cada ganadero marcaba su ganado. Cada cabaña estaba al mando de un mayoral, dividida en rebaños de unas mil cabezas y a su vez en hatos de 100 ó 200 animales. El rebaño se componía además de 90 moruecos mansos, que estaban a cargo de un pastor, cinco jóvenes (zagales), cinco capataces (rabadanes) y cinco mastines. La marcha la encabezaban los moruecos y las ovejas parideras para que se comieran lo mejor de los pastos a lo largo del camino. Los rebaños de León y Soria recorrían 830 Km. y los de Segovia y Cuenca, de 278 a 370 Km. Cuando caminaban entre tierras labrantías, lo hacían de 28 a 30 Km. al día, y a campo abierto a unos 10 Km. diarios. A finales de octubre ya estaba el ganado en los invernaderos del Sur: Extremadura y Andalucía. Al poco de llegar, empezaban a nacer los corderos, que en marzo siguiente eran herrados en el hocico con el hierro de cada propietario. Entonces se elegían los futuros moruecos. Durante el camino se vendían muchas ovejas a las que se les llamaba "merchaniegas". El regreso hacia las sierras del Norte comenzaba a mediados de abril o principios de mayo. El esquila se hacía, o bien antes de partir, o bien en el camino, al rebasar la divisoria del Duero. Era el momento de contar el ganado para pagar los impuestos (Estévez, 1990). El trabajo del pastor estaba mejor considerado que el del obrero agrícola. Era de los mejores retribuidos y llegaron a tener licencias de armas para poder usarlas en su defensa contra los lobos, los gitanos y los moradores (Klein, 1981). El número de ovejas trashumantes lo formaban unos 2 millones y medio de cabezas, aunque algunos años superaban los 3 millones. Las ovejas no trashumantes (estantes y transterminantes) eran unas 4 veces más. Aunque la mayoría de los rebaños eran pequeños y medianos, existían también

grandes rebaños como el del Monasterio del Escorial con 40 mil cabezas, el de Santa María del Paular en Segovia con 30 mil, el del duque de Béjar con 25 mil, el del duque del Infantazgo con 20 mil, etc. La importancia del ganado ovino estaba en los altos precios de la lana (Estévez, 1990). Sin lugar a dudas la especie más abundante y más apreciada durante la época previa al descubrimiento de América fue la ovina (Rodero y col., 2007). Continuando con la expansión del ganado domesticado a lo largo de los cinco continentes, sin lugar a dudas el descubrimiento y la colonización de América por parte de los europeos fue un hecho crucial, ya que ellos introdujeron por primera vez en el nuevo continente las principales especies de interés zootécnico de aprovechamiento en la actualidad (bovinos, ovinos, cabras, cerdos, caballos, conejos y gallinas).

III.2 Introducción del Ganado Ovino en 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 (Capote y col., 2001). En el informe que rindiera Cristóbal Colón acerca de su primer viaje a

“las Indias” en 1492, en lo que fue el descubrimiento de América, se extrañó de no haber visto bestia alguna, lo cual lo llevó a urgir a los reyes católicos al envío de ganado, aves, plantas y semillas a fin de utilizar la habilidad de los nativos para cultivar el suelo, con la seguridad de que con ello se producirían grandes ganancias (Perezgrovas y col., 2013). Así fue que en su segundo viaje (partió del puerto de Cádiz el 25 de septiembre de en 1493 al mando de 17 naves), embarcó por primera vez con destino al nuevo continente, caballos, vacas, ovejas, cerdos, cabras, conejos y gallinas. La relación exacta de los animales embarcados a cargo de la Corona fue asignada por la propia reina Isabel y detallaba lo siguiente: “...cuatro becerras, dos becerros, lanares, 100 puercos, de los que ochenta son marranas y varios verracos, doscientas gallinas, con gallos, seis yeguas, cuatro asnos y dos asnas y conejos vivos (Camps, 2011). En la isla La Gomera del archipiélago de Las Canarias se completó el abastecimiento con naranjas, limones, melones y otras semillas, además de becerros, cabras, ovejas, gallinas y ocho cerdos seleccionados (Lewinshon, 1954). Cristóbal Colón llegó a la isla caribeña bautizada como Dominica el 3 de noviembre de 1493, donde estableció una pequeña colonia con ovejas y algún ganado; un mes más tarde desembarcó en dos sitios distintos de la isla de Cuba, en los que dejó borregos con los pobladores. En teoría, todos estos asentamientos debieron funcionar como centros de cría para proporcionar ganado a la tierra firme, aunque no existen registros del número ni el tipo de ovinos introducidos (Camps, 2011). El itinerario que estableció Colón y que fue seguido con pocas variantes desde el siglo XVI hasta el siglo XVII en todos los viajes, era el siguiente: Los barcos se cargaban y zarpaban de Sevilla y bajaban sobre el río Guadalquivir hasta llegar a los puertos de Cádiz o Sanlúcar en

el Mediterráneo español. De aquí seguían hacia el suroeste, rodeando la costa africana y a la altura del paralelo 28 torcían al oeste hacia las Islas Canarias, adonde llegaban después de siete u ocho días de navegación (Martínez, 1999). 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 (Capote y col., 2001). El reabastecimiento en Las Canarias podía requerir varias semanas dependiendo del número de pasajeros y de las reparaciones en las naves. Cuarenta días duraba la navegación entre Las Canarias y Las Antillas del Caribe (Hale, 1982). En el tercer viaje de Colón (salió de Sanlúcar de Barrameda el 30 de mayo de 1498, al mando de ocho naves), se embarcaron caballos, muy necesarios para la conquista, y parejas de bovinos y de asnos a fin de promover su cría. Llegaron a la isla de Trinidad el 31 de julio. Luego recorrieron el golfo de Paria donde navegaron por la desembocadura del río Orinoco, después de pasar por las islas de Tobago, Granada, Margarita y Cubagua llegando a la Isla La Española el 20 de agosto de 1498. En viajes posteriores se prefirieron los cerdos y las ovejas por su fácil embarque y transporte (Beteta Ortiz, 2003). El ganado que se embarcaba, provenía de Extremadura, poblada durante el siglo XIII, Baena, Espiel, Belmez, Tolote, Onego, Trassierra y también la ciudad de Córdoba, Aguilar, Priego, Cabra, Ecija y Palma del Río. El más abundante fue la especie ovina, seguida por la porcina y la bovina, y también el equino. Las montañas tenían más riqueza de ganado con respecto al resto del Reino de Córdoba. Por ejemplo, los precios de la lana de todo el Reino, se fijaron en Fuenteovejuna (Córdoba) debido a que este fue el principal centro ovino durante los siglos XIV y

XV. Sin embargo, dos hechos cambiaron el aislamiento mencionado. Por un lado, la aparición de los movimientos de animales organizados e institucionalizados (trashumancia), no solo con respecto a las Ovejas Merinas procedentes del norte (Castilla y León) de las provincias de Córdoba y Jaén, sino también por el ganado comprado en Andalucía. Este último fue llamado chamorro y eran famosos por su carne pero no por su lana, corresponden a la actual oveja Churra Lebrijana (Rodero y col., 2007). Estos animales tuvieron que llegar primero a los puertos de embarque en Sevilla o Cádiz, lo que debió suceder sin tecnología alguna, es decir, caminando por su propio pie y acompañando a los viajeros potenciales. Un viajero en ese momento relata que le tomó 34 días caminar desde Salamanca, provincia de León, hasta Sevilla en Andalucía (Perezgrovas y col., 2013). Se estima que los viajeros debían pasar varios meses estacionados en el puerto fluvial de Sevilla o en el puerto de mar de Sanlúcar esperando la partida, pues las naves salían únicamente en las épocas propicias para la navegación, cuidando además de los animales que iban a embarcarse (Perezgrovas y col., 2013). No se conoce cuanto costaba el pasaje de los ovinos, los cerdos o las vacas, si es que acaso tenían que pagar peaje, pero para los caballos era distinto, la tarifa por transporte trasatlántico era de 150 castellanos, mientras que por un criado había que pagar 30 castellanos y por un esclavo 20 castellanos (Martínez, 1999). Las naves eran pequeñas y estrechas, el transporte de animales debió ser un problema, en especial los caballos que llevaban consigo los señores, al igual que los animales vivos que viajaban como alimento de la tripulación y pasajeros, o como pie de cría (Martínez, 1999). Así vinieron los soldados a conquistar, los frailes a evangelizar, los colonos a poblar y los animales a auxiliarles a todos ellos en su empresa. Así

llegaron las ovejas a Las Antillas recién iniciado el siglo XVI, cuando el conquistador clásico se hizo cultivador y ganadero, enriqueciéndose en la granjería del hato y la cabaña, del cañaveral y del trapiche (Perezgrovas y col., 2013). En el primer medio siglo de la presencia española en las Indias, se tiene registro de alrededor de cuatrocientas embarcaciones que cruzaron el Atlántico, que resulta ser una cantidad todavía reducida, con un promedio de apenas 8 navíos por año; en la segunda mitad del siglo el tráfico se intensifica de manera considerable. Tan solo en esos primeros cincuenta años, más de 15000 licencias fueron concedidas por la Casa de Contratación en Sevilla y por el Consejo de Indias. Pero con seguridad el número de migrantes debió superar las cifras oficialmente registradas (Chamero, 1996). No es aventurado afirmar que el ganado que llegó a las Antillas americanas podrían ser las ovejas merinas, los caballos españoles, las vacas andaluzas y extremeñas, los cerdos ibéricos y las cabras serranas y costeras, que a través de muchas generaciones, venían conviviendo con los antepasados de los emigrantes a América. Tampoco es arriesgado admitir que otras poblaciones del sur de Castilla como la Churra Lebrijana migraran a América (Rodero y col., 2007).

III.3 Los Ovinos Criollos de América

La estrategia de colonización incluyó la introducción de animales y tal vez su liberación en algunas islas con la finalidad de aprovechar este recurso en viajes posteriores, como ya se vio que se había hecho con éxito durante la conquista de las Islas Canarias. Si bien muchos de los animales enviados, sirvieron como alimento para los conquistadores (Perezgrovas y col., 2013), no es descabellado pensar que los colonos, es decir aquellas personas que decidieron venir a La

Nueva España, para quedarse definitivamente en ésta tierra, hayan traído animales con el fin de criarlos y reproducirlos como una actividad productiva de la cual poder sostenerse económicamente. En éste caso es probable que hayan seleccionado los mejores animales para ser criados en el Nuevo Mundo. Estos animales, sea cual sea el objetivo original de su llegada, se convirtieron en el material genético base sobre el cual se edificó la riqueza pecuaria en el Nuevo Mundo. Teniendo en cuenta el contexto histórico previo y durante la etapa de la colonización, podemos asegurar que los ovinos ingresados en América, primero a las islas Antillanas y luego al continente propiamente dicho, estaban constituidos por una base genética muy amplia, siendo que sin lugar a dudas la especie más abundante y más apreciada fue la ovina (Rodero y col., 2007). Los genoveses establecidos en Andalucía, comerciantes laneros, importaron ovejas de naturaleza Merina del norte de África en el año 1280 y enseñaron a los nobles de los alrededores de Sevilla la ventaja de los cruzamientos. Entre 1290 y 1310 aparece en España con toda su definición e importancia la raza Merina como excepcional productora de lana. Castilla ofreció al mercado las primeras lanas merinas de alta calidad, lo que determinó el crecimiento exponencial de la correspondiente cabaña (en el año 1470 había 2.700.000 cabezas). A principios del siglo XV existían dos grandes regiones textiles: la Meseta Norte que utilizaba principalmente la lana de color de las ovejas de la raza Churra destinada al consumo interno y la Meseta Sur, más urbana, que trabajaba sobre todo lana merina de buena calidad para la exportación. Los otros tipos de ovinos se agrupaban en tierras comunales para la reproducción, para el ordeño y la producción de queso (Rodero y col., 2007). No existe documentación precisa acerca de la cantidad y del tipo de ovinos que

trajeron los conquistadores a América, no obstante puede inferirse que la cantidad de animales ingresados no fueron muchos (alrededor de 8000), si consideramos que fueron 800 embarcaciones las que llegaron a América durante el siglo XVI y estimando un promedio de 10 lanares por embarcación. En aquellos años los animales no se definían como grupos raciales en el sentido de hoy día, en el siglo XVI, este tema no preocupaba tanto. Abundan más los testimonios documentales y descripciones en crónicas de ejemplares concretos, que descripciones morfológicas como características raciales (Rodero y col., 2007). Por eso, el tipo de animales introducido, seguramente fue muy variado debido a que la tripulación estaba compuesta por nobles y colonos que venían a quedarse en la Nueva Tierra, por lo cual es lógico pensar que hayan traído los animales más representativos de la riqueza ovina española. Estos animales son la base genética sobre la cual se fue formando con el tiempo la raza ovina criolla en los distintos países de América. Luego de llegar a las Antillas, pasaron a Panamá y México. Con posterioridad, se pobló Santo Domingo y otras islas vecinas. Luego México, Centro América y Venezuela. Desde Panamá descendieron a Perú, de allí a Paraguay, Tucumán y Chile. Del Paraguay llegaron a Uruguay y Brasil (Helman, 1951). Según Mason (1981) el ovino Criollo de Sudamérica procede de los Churros y Merinos importados de España entre 1548 y 1812, sobre los cuales es necesario hacer una distinción entre dos tipos de ovinos: el Criollo lanudo de las mesetas y el ovino peludo de las tierras bajas tropicales. El primero de ellos, representa un alto porcentaje de las ovejas en Guatemala, México, Nicaragua, Bolivia, Colombia, Ecuador y Perú. El vellón es largo y muchas veces de varios colores o negro. La lana puede ser de gran importancia para la industria casera del tejido. Los mayores

méritos del Criollo son su robustez, su adaptación al accidentado terreno montañoso y su longevidad. El ovino peludo carece de vellón lanoso, por lo cual presentan una piel parecida a la de cabra. Su origen es distinto al del ovino Criollo lanudo (aunque a menudo se lo llama también “Criollo”) ya que desciende del ovino peludo procedente de la costa de África occidental y centro-occidental. Probablemente fueron importados durante la época del comercio de esclavos, en los siglos XVII y XVIII. Al parecer, Barbados y Brasil fueron los primeros lugares donde se establecieron, y a partir de aquí se extendieron gradualmente a otros países (Mason, 1981).

III.3.1 Islas Antillanas

Desde la llegada de Colón por primera vez y hasta el año 1516, la Isla La Española (Figura Nro. 1), fue uno de los sitios de relevo más utilizado por las

Figura N°1: Islas Antillanas. A la Española llegaron los primeros ovinos.



naves de los conquistadores y se convirtió en la base de operaciones a partir de la cual los españoles recorrieron el resto de Las Antillas y exploraron Tierra Firme. La primera remisión de ovinos fue efectuada por Bartolomé Colón quien

transportó un rebaño de 100 ovejas que llegaron a La Española en abril de 1494. Durante los cinco primeros años de la década de 1510 se exportaron carneros a Puerto Rico, Jamaica y Cuba. Actualmente la mayor parte de los ovinos existentes en la República Dominicana son criollos, aunque hay un importante grado de mestización. A Cuba, los primeros ovinos llegaron en diciembre de 1493 y fueron trasladados desde Santo Domingo a Isabela, Cuba (Muñoz, 2002). Otros ovinos llegaron a Cuba junto a los esclavos durante la colonización española. Luego de siglos de selección natural y adaptación a las condiciones tropicales de Cuba, se desarrolló el ovino Pelibuey cubano denominado también Ovino Criollo Cubano (Bidot, 2004). Representa la mayoría del ganado ovino cubano. Existe una red de rebaños, llamados rebaños genéticos, donde se registran datos de genealogía, crecimiento y reproducción de hembras y machos dependientes del Centro Nacional de Control Pecuario del Ministerio de la Agricultura. El objetivo es conservar y mejorar el ovino Pelibuey (Chacón y col., 2009).

III.3.2 Venezuela

La oveja criolla venezolana se originó a partir de las ovejas españolas Churra, Lacha y Merino, traídas al continente americano por los conquistadores. Las primeras importaciones oficiales registradas de ovinos datan de 1939 y 1940, cuando fue introducido un lote de 700 cabezas de las razas Merino y Suffolk procedentes de Colombia. Hoy en día la oveja criolla o común venezolana sigue siendo la base fundamental para el desarrollo de la ganadería ovina nacional, aunque sus rebaños son muy reducidos, localizados y mayoritariamente cruzados con ovejas de pelo tropicales (Reveron y col., 2005). Es muy común observar ejemplares muy semejantes a los tipos Churra y Lacha, particularmente en la baja

Guajira venezolana en la región andina (Mérida y Trujillo), los cuales cumplen un papel muy importante en los núcleos campesinos de varios estados habiendo contribuido al desarrollo de una industria artesanal a orillas de las carreteras.

III.3.3 México

La conquista de Hernán Cortés, se enfocó en la organización de nuevas expediciones y a la forma de solventar sus necesidades, para lo cual estableció criaderos de ovejas y vacas sobre las rutas de expansión. Esto lo convirtió en el criador más exitoso, especialmente en las fronteras de Michoacán y Tehuantepec, lo cual le otorgo una relativa marginalidad a sus explotaciones ganaderas. El desarrollo y la expansión de bovinos y ovinos, requería un proceso relativamente largo de adaptación, un reordenamiento del uso del suelo y un mercado capaz de absorber sus productos (García Martínez, 1994). Estas condiciones se fueron cumpliendo con el tiempo. El consumo de carne y de tejidos de lana prometía ampliarse cada vez más conforme rebasaba los límites de la población española y se difundía gradualmente entre los indios. Estas condiciones hicieron que vacas, ovejas y cabras inicien su papel protagónico en la historia de la ganadería novohispana, tan es así que en el período de expansión ovina, situado entre 1530 y 1565 en el valle del Mezquital, se llegó a una existencia de 2.000.000 cabezas (Melville, 1994). Se importaron de España las variedades churras y merinas. La capacidad de desplazamiento de los ovinos, dóciles de arrear y fáciles de guardar, junto con las tradiciones de trashumancia que los españoles trajeron de la península, produjo una difusión muy rápida por todas las provincias. Los ovinos fueron los animales más significativos de la ganadería colonial temprana, por el valor de su producción e impacto social. La principal industria novohispana fue la

textil. Para los indígenas, fue de gran trascendencia la adopción de los tejidos con lana ovina. Actualmente, el sistema de producción ovino mexicano más utilizado es el familiar y en forma extensiva. La raza ovina más utilizada es la Criolla cruzada con sementales Ramboulliet, Hampshire, Suffolk, Corriedale y Merino (Villegas Duran y col., 2001). En los Altos de Chiapas se mantiene una población de ovinos criollos puros que pertenecen a los indígenas y no han sido cruzados con otras razas. Las mujeres son las encargadas del cuidado, selección, esquila y confección de prendas a partir de su lana. En México, las ovejas criollas de lana y las ovejas Pelibuey, muestran un corto anestro estacional. La ausencia de anestro estacional es una ventaja productiva que permite desarrollar programas reproductivos todo el año, sin utilizar fármacos hormonales u otras estrategias, como la bioestimulación sexual (Arroyo, 2011).

III.3.4 Colombia

Posiblemente la primera entrada de ovinos a Colombia fue en el año de 1542, cuando Alonso Luis de Lugo importó un grupo de animales, entre ellos ovejas de la raza churra. Otra importación fue realizada por los hermanos Pedro y Alonso de Heredia en los años 1533 y 1534, entrando animales por Cartagena. También en 1530, varios importadores entre ellos Nicolás de Federman, llevaron ovinos junto con bovinos a Coro Venezuela, que posteriormente poblaron Colombia por el oriente del país. Posiblemente los tipos raciales introducidos fueron animales tipos churra, manchega y lacha principalmente. A estas poblaciones de ovinos que descenden de animales introducidos por los colonizadores, tanto de Europa como de África occidental, en Colombia se las considera ovinos “indígenas” o “Criollas” (Vivas Ascue, 2013). La finalidad de esta raza es mixta (60% carne y

40% lana) por lo cual es utilizada por el campesino para obtener abono, carne y un poco de lana para industria artesanal (Martínez y col., 2009). El número de ovinos criollos lanados puros ha disminuido debido al cruzamiento indiscriminado con razas importadas y a la absorción con razas europeas. Por otro lado, la raza Ovino Moro Colombiano es una raza compuesta por apareamientos entre ejemplares de vellón negro correspondientes a distintas razas que arrojaron como resultado un genotipo compuesto aproximadamente por un 50% ovino criollo, 23% Hampshire, 19% Romney Marsh y un 8% Corriedale, que son especializadas en la producción de carne. Algunas características tan importantes como fertilidad prevalecen en el Moro. Por otra parte, el Ovino de Pelo, o raza Africana, ingresó por primera vez a Colombia introducido por la costa atlántica, por comerciantes que negociaban con Aruba y Curazao. Posteriormente en 1940 fueron importados de Etiopía un núcleo de ovejas rojas para las regiones de Armero, Honda, y Venadillo, donde actualmente se encuentra ampliamente distribuida y se las considera razas ovinas de pelo criollas (Cortes López, 2010). Pueden identificarse tres grupos morfológicos denominados: Etíope (rojo cerezo y pezuñas negras), Sudan (color bayo) y Abisinio (color café). Todos tienen buena conformación carnicera con buenas masas musculares (Cortes López, 2010).

III.3.5 Perú

Los primeros ovinos ingresados al Perú los trajo Francisco Pizarro en 1537 durante la colonización española. Se trataba de animales merinos, caracterizados por una excelente producción de lana fina y producción de carne (Jara, 2017). De los troncos ancestrales venidos de la Península Ibérica (Merino, Entrefino, Churra e Ibérico), después de más de 400 años de presencia en los Andes, el ovino criollo

ha sabido ganarse un espacio para su reproducción. Los animales criollos son utilizados en zonas muy diversas: valles interandinos, punas y en la Cordillera de los Andes, en unidades de producción generalmente situadas en áreas difíciles o desfavorables (Gómez Urviola y col., 2009). El ganado ovino en el Perú está conformado por 90% de ganado criollo, el cual proviene del ganado ovino español y fue mejorado y adaptado a condiciones adversas climáticas. Las características de rusticidad y resistencia son las más sobresalientes.

III.3.6 Bolivia

La ganadería ovina boliviana esta fundamentalmente representada por la raza criolla, formada en base al ovino descendiente de la Churra y Manchega que fue traída a Bolivia por los conquistadores en la época de la colonia (Quiroga, 2005). La fecha de introducción no ha sido precisada, aunque es lógico asumir que han sido majadas llegadas por el oeste del país y que desde allí se esparcieron al sur y al este, a fines del siglo XVI, ya que en 1587 había numerosos rebaños en Tarija y Charcas (Cardozo, 1995). En 450 años de supervivencia, el ovino criollo se acomodó a su nuevo ambiente, resistiendo las enfermedades, las vicisitudes del clima, la escasa cantidad y calidad de las praderas y el manejo del nuevo criador, que no tenía experiencia previa en la cría de ovinos. Los ovinos criollos actuales, viven y se reproducen con excelencia, son fértiles y longevos y tienen la característica de mantenerse bajo condiciones extremas (Cardozo, 1995), la mayoría de las familias campesinas poseen un rebaño de estos animales. El 90% del rebaño boliviano es Criollo y el 10% restante ha tenido algún grado de mestizaje con diferentes razas introducidas desde principios del siglo XX (Stemmer y col., 2009). El manejo del rebaño es tarea de mujeres y niños, que se

ocupan de las crías recién nacidas, de animales enfermos, se dedican a pastorear, suministrar agua, ordeñar, producir quesillo y realizan la esquila. Los hombres participan en pocas prácticas de manejo como puede ser el castrado, la faena y la recolección de estiércol de los corrales y su distribución en los terrenos de cultivos (Stemmer y col., 2009).

III.3.7 Brasil

Los ovinos ingresaron a Brasil en la época de la colonización y a partir de entonces, estas poblaciones evolucionaron y se adaptaron a lo largo de siglos a las más diferentes condiciones ambientales, formando diferentes ecotipos que actualmente son conocidos como razas localmente adaptadas o naturalizadas. Estos ovinos, adaptados a las diferentes regiones de Brasil se conocen como ovinos criollos y a partir del siglo XIX, se han realizado cruzamientos con razas exóticas que ha producido la sustitución gradual de los originales ovinos criollos. Actualmente, en la región Nordeste existe un predominio de los ovinos deslanados, resultantes de la combinación de factores ambientales, como el clima cálido y seco y la adaptación a la vegetación arbustiva y densa, siendo sus antecesores los ovinos portugueses, españoles y africanos. En la región Sur, existe un predominio de ovinos lanados. Estos fueron introducidos por los conquistadores españoles para protección y alimento. La conservación de la Oveja Criolla Lanada se inició en 1982, con 250 animales procedentes de tres criaderos de esa región (Vaz y col., 2009). Existen 25 razas ovinas en Brasil, de las cuales 10 se consideran razas locales (Crioula Lanada, Morada Nova, Santa Inés, Rabo Largo, Bergamacia Brasileira, Cariri, Somalis Brasileira, Barriga Negra, Cabugi y Angora). La Oveja Criolla Lanada tuvo su origen en rebaños introducidos en la

costa oeste de América del Sur, durante el siglo XVII por los españoles, expandiéndose hacia el sur de Brasil, por la acción de los jesuitas (Pont, 1983). La raza Morada Nova data desde 1903 (Domingues, 1954). Se admite que el origen es debido al cruce de ovinos traídos por los colonizadores portugueses (Bordaleiro Churro), con influencia de animales de origen africano y la acción selectiva del ambiente, la misma se utiliza principalmente en producciones familiares. La raza Santa Inés es originada en el Nordeste del Brasil, producto del cruzamiento de ovejas nativas (Criolla, Bergamacia) y otras predominantemente de origen africano. Hoy es la raza de pelo más importante en la producción de carne de Brasil y ha tenido una importante difusión internacional, utilizándose en Venezuela, Colombia, Paraguay y Argentina. La raza Cairi, su origen es el producto del cruce de ovejas Blackbelly con hembras Santa Inés y Morada Nova, a inicios de la década de 1980 (Vaz y col., 2009). La Bergamacia Brasileira tiene origen italiano, a partir de la importación de animales ocurrida entre las décadas de 1930 y 1940 por el estado de Bahía. La Somális Brasileira, es una raza originada a partir de ovinos traídos de África en 1931 (Botelho, 1991). La Rabo Largo, resulta del cruce de ovinos sudafricanos con rebaños criollos. Los primeros ovinos de rabo ancho fueron, introducidos en Brasil en 1868 (Mendonça, 1951). La raza Barriga Negra o Blackbelly tiene origen desconocido, pero se supone que fue formada en el Nordeste brasileño durante el siglo XVII, siendo posteriormente conducida por los holandeses a la Isla de Barbados (Devendra, 1972). La raza Cabugi está compuesta por ovinos "cara corta", braquicéfalos que aparecieron en 1920 en el nordeste en Pernambuco y Piauí. (Vilar Filho, 2004). Angorá, es una raza local de aspecto similar a la Raza Ovina Criolla, que se observa en la región

Sudeste, en el bioma Cerrados. Se destaca por presentar lana suave y brillante, que se utiliza para el hilado y la confección de tejidos (Vaz y col., 2009). Los ovinos "pie-duro" del Pantanal, se utilizan principalmente para el consumo de carne. A su vez, con el cuero y la lana confeccionan monturas y otras artesanías (Vaz y col., 2009).

III.3.8 Chile

En 1557 abundaban los animales introducidos por los españoles en las cercanías de Santiago los cuales se multiplicaron con excesiva ligereza y se hicieron cimarrones (Philippi, 1885). Tan pronto como los indígenas conocieron las ovejas y pudieron conseguirlas, dieron preferencia a este animal. Las ovejas son hoy bastante numerosas y se observan con mucha frecuencia, carneros con tres, cuatro y hasta cinco cuernos. Hoy en día hilar y tejer la lana se realiza en forma artesanal. En la actualidad se reconocen dos razas ovinas criollas: la Araucana y la Chilota (Mujica, 2009). El ovino Araucano, es de doble propósito (carne y lana), de gran rusticidad y habilidad materna, criado y explotado principalmente por indígenas de la etnia mapuche en sistemas extensivos. La oveja criolla Chilota, se ha desarrollado como grupo racial en el archipiélago de Chiloé. Los primeros ovinos llegaron a Chiloé en 1568 procedentes de Perú pertenecientes al tronco ibérico-churro. Este ovino se desarrolló en condiciones de alta humedad ambiente y escasa calidad del alimento natural, en un sistema extensivo de economía de subsistencia de campesinos y comunidades indígenas. Su aislamiento reproductivo, generó una población con marcadas características locales. En el año 2004, el Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), con apoyo de

fundaciones locales y organizaciones de productores constituyeron un núcleo genético para su conservación y estudio (De la Barra y col., 2011).

III.3.9 Uruguay

En el siglo XVIII arriban a la Banda Oriental los primeros ovinos provenientes de Buenos Aires. Estos animales descendían de los ovinos españoles introducidos durante la colonización. No fue muy tenido en cuenta el ovino hasta la década de 1850, cuando se produce una mayor demanda de lana por la industria textil europea. Debido a esto se produjo una merinización de los rebaños Criollos originales. Actualmente no existe un censo oficial, pero se estima que existen aproximadamente 1500 individuos, concentrados la mayoría de ellos en Rocha y Lavalleja. Los de Rocha pertenecen a SEPAE y se encuentran en el Parque de San Miguel, mientras que los de Lavalleja pertenecen a establecimientos privados. El resto de los animales se encuentran dispersos en varias zonas del país, habiéndose notado una disminución de ovinos Criollos en el Norte, seguramente relacionada al declive del stock ovino nacional de los últimos años (Armstrong y col., 2010).

III.3.10 Estados Unidos

En 1598, Juan de Oñate llevó colonos y 2900 ovejas para formar la primera colonia permanente en el suroeste de EEUU. Los ranchos españoles prosperaron en Texas, Nuevo México y Arizona con rebaños que superaban los varios miles de cabezas, utilizadas exclusivamente para la producción de lana y carne. De los pueblos originarios, los Navajos fueron los que más se dedicaron a la cría del lanar, y en poco tiempo lograron consolidarse como hábiles pastores e incrementar el tamaño de sus rebaños. Estas ovejas de tipo Churro eran resistentes

y duraderas, adaptándose bien al desierto de Nuevo México. Los Navajos se consolidaron como tejedores y tenedores de ovejas Criollas y para 1930 sus hatos alcanzaron 574.821 cabezas. Durante 30 años se introdujeron razas de lana fina y de lana larga para determinar qué tipo de oveja podría prosperar en esa región. Se concluyó que la mejor lana para los tejedores y el ovino mejor adaptado para esa zona desértica alta era el Navajo-Churro de tipo antiguo. Los rebaños Navajo tradicionales se han incrementado y dentro de su cultura, existe una marcada conciencia de la herencia y la importancia de esta raza de ovejas. Los rebaños de la comunidad Hispánica son numerosos y se crían extensivamente, participando de canales comerciales convencionales. Los criadores Angloamericanos de ésta raza tienen rebaños más reducidos, por lo cual son determinantes en el manejo genético. Hacen un seguimiento de la variación del color del vellón, de las características de la lana y de la configuración de los cuernos. El intercambio de animales entre todos los tipos de hatos asegura que la raza seguirá funcionando como una sola unidad (Taylor y col., 2009).

III.4 El ovino criollo en la Argentina

III.4.1 Origen, introducción, primeros años de producción ovina. *Llegada de los primeros ejemplares. Difusión y distribución*

La conquista y colonización del actual territorio argentino fue llevada a cabo por tres vías distintas: la del Este, que luego de un intento fallido de establecerse en la desembocadura del Río de La Plata, fijó sus bases en Asunción; la del Norte que descendió de Lima y el Alto Perú y fundó distintas poblaciones en una vasta zona llamada del Tucumán y la del Oeste que desde Chile, extiende su influencia a

través de Los Andes. Por todos estos caminos abiertos por los conquistadores ingresaron en el país en distintos años el valioso recurso ovino (Montoya, 1984). En 1535 Mendoza y Ayolas introducen ovinos por primera vez en Argentina directamente desde Sevilla y en 1549, Nuño de Chaves, fundador de Santa Cruz de la Sierra, introdujo ovinos y caprinos en Asunción, desde donde llegaron a Santiago del Estero en 1556, la primera ciudad fundada en lo que es hoy el territorio argentino (Carrazzoni, 1997; Giberti, 1974). Luego, continúan ingresando ovinos al territorio nacional, en 1573 Juan de Garay lleva desde el Río de la Plata los primeros ejemplares al Litoral (Helman, 1951) y en 1587 Juan Torres de Vera y Aragón trajo desde el Perú 4000 ovejas que fueron diseminadas entre las provincias de Buenos Aires, Santa Fe y Corrientes (Zeballos, 1898). A la región de Cuyo fueron introducidos desde Chile por los indios Huarpes en el año 1561 (Carrazzoni, 1998). A la Patagonia los ovinos llegaron recién en 1703, llevadas por el jesuita Van der Meeren hasta los alrededores del lago Nahuel Huapi (Carrazzoni, 1998). En ninguna parte de América en los primeros momentos de la colonización española, el lanar alcanzó un mayor desarrollo que en las regiones del centro y noroeste argentino. En muy poco tiempo se formaron densos rebaños en Santiago del Estero, Tucumán, Córdoba, Salta, La Rioja, Jujuy y San Luis debido al importante incentivo económico que significaba el mercado de la Villa Imperial de Potosí (Montoya, 1984). Un factor de poderosa influencia en el progreso del ganado lanar en ésta región fue la presencia de aborígenes Andinos o Andinizados quienes confeccionaban variadas y coloridas piezas textiles y desarrollaron la industria de la lana, contrariamente a lo ocurrido en las provincias de Buenos Aires, Santa Fe y Mesopotamia donde los pueblos

originarios no desarrollaron estas habilidades (Montoya, 1984). En 1785 expresaba el gobernador intendente de San Luis el Marqués de Sobremonte: “...más de un millón de lanar, de buena calidad de lana que se la emplea en ponchos, frazadas, pellones, alfombras...”. En 1806 el Capitán del ejército inglés Alejandro Gillespie, fue confinado a la provincia de Córdoba y en su estadía en la localidad de Calamuchita expresaba: “La carne de aquellos animales era deliciosa y comúnmente tienen tres corderos, algunos con cuatro cuernos y otros con cinco y su lana se reconocía como de clase muy superior” (Montoya, 1984). Estos documentos contradicen lo expresado por Helman, (1951) quien sostiene que “se trataba de animales carentes de valor comercial, puesto que su carne no se consumía y su lana solo se empleaba para la fabricación de colchas y otros usos domésticos, los ovinos criollos fueron considerados como propiedad pública, propagándose en plena libertad sin recibir ningún cuidado”. En cuanto al origen genético de los ovinos introducidos en la Argentina, también existen algunas controversias, aunque de acuerdo a lo ocurrido en otros países de América lo más atinado parece ser que los animales pertenecían a las Razas Churra y Montañesas Españolas y también algunos ejemplares de Merino (Calvo, 1983). Estas ovejas abandonadas a su evolución natural produjeron la oveja de patas finas y peladas denominadas “ovejas pampas o criollas” (Zeballos, 1898). En 1810, en Argentina ya existían tres millones de lanares de raza criolla, de cuerpo menudo y lana de distintos colores (Helman, 1951). Los ovinos fueron muy importantes para la formación y el desarrollo de las primeras poblaciones humanas, debido a su facilidad para arrearlos y a su bajo costo utilizándose su lana y su cuero como pellones para montar, pero también fueron muy apreciados por los indígenas,

quienes lograron mejorar su calidad lanera como los tehuelches septentrionales (Carrazzoni, 1997).

III.4. 2 Mestización y absorción por razas europeas

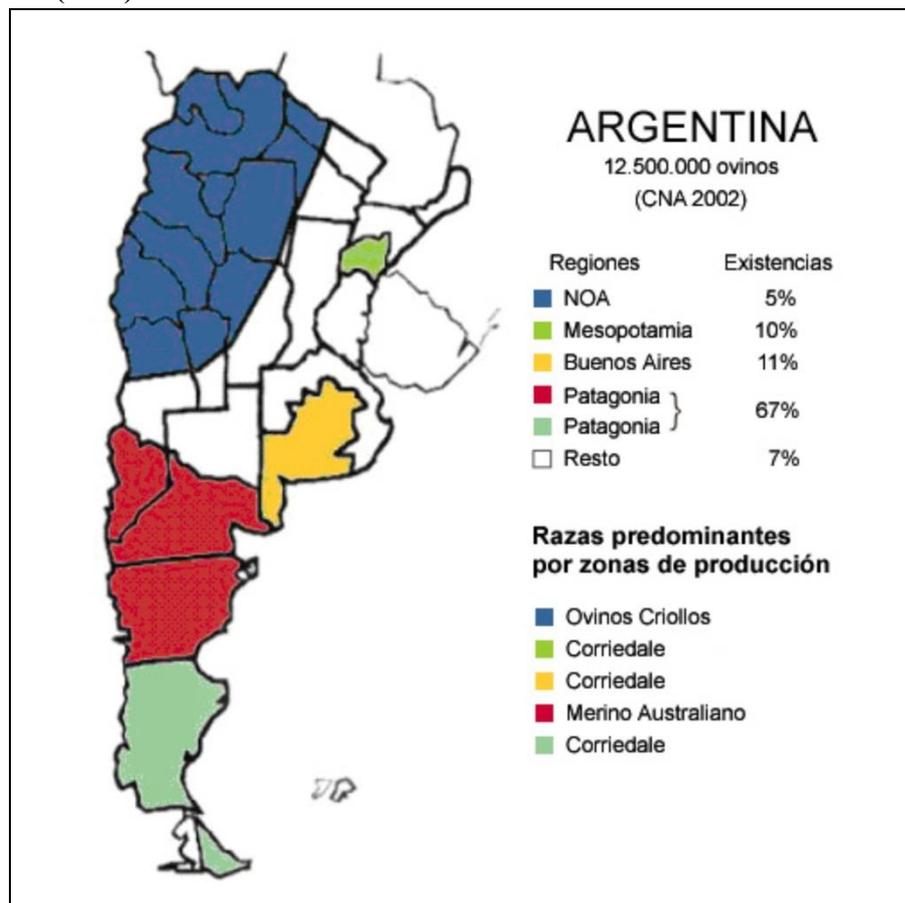
En 1810, existían en nuestro país dos tipos de ovejas de características dispares, la criolla muy numerosa, de cuerpo menudo, lana escasa, corta, enrulada y de colores diversos y la pampa con más cuerpo y lana más suave (Giberti, 1974). Luego de la Revolución de Mayo, comienza una etapa de mayor libertad comercial, que fomentó condiciones favorables para incrementar las exportaciones de lana. Aunque las condiciones comerciales para la lana comenzaron a mejorar, Harrat un estanciero inglés de esa época decía: *“No se conoce en ninguna parte del mundo una raza de ovejas que demuestre mas la falta de cuidado, o más bien el abandono total en que la han dejado, que la que hoy existe en la provincia de Buenos Aires”* (Giberti, 1974). Esta situación llevo a concretar distintas iniciativas para mejorar la producción de lana. En el año 1813 el cónsul de EEUU, Thomas Hasley introdujo en Argentina cien ovejas y carneros de raza merino provenientes de Alemania y formó la cabaña Los Altos en el partido de Morón, provincia de Buenos Aires. Esta iniciativa no tuvo un éxito duradero y pocos años después se perdieron todos los animales (Macchi, 1974). En 1824 Rivadavia introdujo cien merinos procedentes de España y 30 Southdown de Inglaterra. Estos merinos, fueron fundadores de la majada del establecimiento conocido como Los Galpones en San Vicente, provincia de Buenos Aires, cuyo nombre se debió a la instalación de Galpones para albergar a las majadas finas. Al plantel fundador de la cabaña también se incorporó un lote de ovejas pampas seleccionadas en 1825 por un asesor escocés. Como estas eran

pocas, paulatinamente y en la medida que la demanda fue creciendo se fueron incorporando también ovejas criollas que existían en gran abundancia (Giberti, 1974). Aunque ha pasado desapercibido y toda la mejora obtenida se le ha atribuido a la raza introducida, es importante observar como desde el principio de las importaciones, la contribución genética de las ovejas criollas ha sido crucial en la formación de la majada ovina nacional. A fines de 1826, Rivadavia importó otra majada fina de 150 merinos, que junto con el éxito de la cabaña “Los Galpones”, contribuyeron a iniciar el proceso denominado “merinomanía” o “merinización”, que se afianza más adelante con la importación de mayor número de reproductores merinos. En 1836 se importaron 4200 negretes, y en 1837 y 1838 entraron al país 3648 reproductores (Giberti, 1974). No todas fueron buenas noticias ya que se atribuye a una majada de merinos sajones ingresada en 1830 la difusión de la sarna en la argentina ya que esta epizootia no existía antes en el país (Giberti, 1974). Durante las décadas de 1830 y 1840 se afianzó la demanda de lanas finas para satisfacer las industrias europeas (Carrazzoni, 1997), lo cual favoreció el proceso de absorción de las ovejas criollas de la región pampeana con la introducción de razas mejoradas procedentes de Europa. Entre 1835 y 1838 se generó un gran entusiasmo que provocó la introducción de ovejas y carneros desde Sajonia, Estados Unidos, Francia y España (Hernández, 1868). Este proceso disminuyó su intensidad desde 1839 hasta 1848, debido a los bloqueos comerciales anglo-franceses. En 1855, ya normalizado el comercio internacional, comienza una etapa con importantes importaciones de reproductores ovinos que alcanza su punto más alto en 1865, acelerando el proceso de absorción de las ovejas criollas (Hernández, 1868). El volumen de lana exportado en 1865

ascendió a 40.000 toneladas, siendo Bélgica nuestro principal comprador y el stock ovino nacional era en ese momento de 40.000.000 de cabezas. La lana, se había convertido en el principal producto de exportación, del país. Argentina fue el proveedor más importante de lanas al mercado europeo entre 1863 y 1873, año en que Australia pasó a ocupar el primer puesto (Calvo, 1983). Hacia fines del siglo XIX, con la incorporación del alambrado en las explotaciones agropecuarias, la producción ovina de la región pampeana se fue especializando, formándose dos grandes grupos, uno de majadas generales dedicado a la producción de lana y carne, y el otro al manejo de plantales para la obtención de reproductores mejorados (cabañas). Diversos factores ambientales influyeron sobre la baja productividad de la raza Merino en la región pampeana (sarna, inundaciones, intensas lluvias), lo cual provocó la desmerinización de esa región y su paulatino reemplazo por la raza Lincoln que fue introducida desde Inglaterra en 1881 (Calvo, 1983). La raza Merino lentamente fue trasladada a otras zonas como la Mesopotamia y la Patagonia (A.A.C.M., 1998). La demanda de carne ovina en el mercado internacional y el desarrollo de la industria frigorífica favorecieron el crecimiento de la raza Lincoln y sus cruces en la zona pampeana. Durante las dos primeras décadas del siglo XX se produjo un leve descenso de la producción ovina en aquella zona. Contrariamente durante ese período, la región patagónica se consolidó como la principal zona ovina del país (Lynch y col., 2010). Al período entre 1880 a 1930 se lo denominó “años de oro”, donde existía una gran demanda de lana, cuero y luego de carne congelada, los precios de estos productos eran altos y el acceso a los mercados europeos era posible, con lo cual el censo ovino registrado en el INDEC (Instituto Nacional de Estadísticas y Censos) y en

la SAGPyA (Secretaría de Agricultura, Ganadería, Pesca y Alimentación) en el año 1895 ascendía a 74.379.000 de cabezas ovinas. A partir de ese momento, el número de ovinos en el país fue disminuyendo, en 1930 se registraban 56 millones y en 1963, 44 millones de cabezas. Luego, siguió descendiendo y a fines de la década del 80 existían unos 28 millones de ovinos (USDA, 1999). Este proceso de disminución se agudizó durante la década del 90, cuando el mercado internacional de la lana sufrió una fuerte crisis que se manifestó en una pérdida a nivel mundial de 200 millones de cabezas ovinas (-16%), esta reducción fue importante en aquellos países de mayor producción: Australia, Nueva Zelanda, Uruguay y Argentina (Salgado, 2000). Los datos de existencias ovinas más confiables son los que reporta el Censo Nacional Agropecuario (C.N.A.) del año 2002, que arrojó un stock de 12.558.904 cabezas, distribuidos en 55.843 establecimientos agropecuarios (CNA, 2002). En la Figura N° 2, se observan las existencias ovinas por región y la composición racial de las mismas según los datos del Censo Nacional Agropecuario 2002.

Figura N°2: Regiones de producción ovina en Argentina y razas predominantes
Lopez G. (2010).



La región patagónica es la que concentra la mayor proporción 67 % (-8,3 millones de ovinos-), la región pampeana el 11% (-1,4 millones-), la región mesopotámica el 10% (-1,2 millones-) y el NOA el 5% (-750 mil-) en tanto que el 7% (- 875 mil-) restante corresponde al resto del país (INDEC, 2002). A pesar de no disponer de datos más recientes, se estima que el censo ha dejado de disminuir y comenzó a crecer, estimándose que actualmente el stock está alrededor de los 15 millones de cabezas (MINAGRO, 2017). Este proceso de disminución del stock ovino nacional que abarca casi todo el siglo XX (principalmente la segunda mitad), fue acompañado por la desvalorización sistemática de la raza ovina criolla

y el intento de sustituirla de manera definitiva por razas mejoradas procedentes de otros países. Siguiendo las descripciones zootécnicas de los especialistas acerca de la raza ovina criolla: *“zootécnicamente considerados representan escaso valor económico, estando expuestos a desaparecer por cruzamientos con otras razas”* (Helmann, 1951); *“tienen una conformación física muy pobre, de esqueleto insuficiente”* (Calvo, 1983); *“Las cabezas, barrigas y patas peladas y las colas largas dan a estos animales en su adultez un aspecto rayano en lo lastimoso. Con esto queda entendido que también los corderos son impresentables para el consumo y solo sirven llegando adultos para conservar la especie”* (Calvo, 1983). Se introdujeron a la Argentina desde las razas Merino y Lincoln (siglo XIX), que fueron las primeras como ya fue descrito y una innumerable cantidad de razas con el objetivo de mejorar a la raza criolla. La raza Polwarth o Ideal que fuera ingresada desde Australia entre 1914 y 1920 (Calvo, 1983), es de doble propósito con lana entrefina a fina (23 a 26 micrones) que pudo desarrollarse solo en el Litoral por su adaptación a zonas de alta humedad ambiente. La Romney Marsh ingresó a fines del siglo XIX procedente de Inglaterra y según el censo de 1937 existían en ese momento 24.674 animales puros y 6.053.573 mestizos (Helmann, 1951). Se ha desarrollado principalmente en el Litoral y en la región Pampeana, donde se circunscribe a la zona de la Cuenca del Salado. Se adapta a ambientes húmedos, es de doble propósito con tendencia a producción de carne. La raza Corriedale ingreso a nuestro país a comienzos del siglo XX, de manera simultánea a Tierra del Fuego y a Buenos Aires y según el censo de 1937 existían en ese momento 7.411 animales puros y 6.124.787 mestizos (Helmann, 1951). La cantidad de mestizos en relación a los puros y su presencia en todas las regiones

del país revela que ha sido quizás la raza más utilizada para sustituir a la raza criolla. Son animales de doble propósito equilibrado (carne y lana). La raza Hampshire Down llega a Argentina a fines del siglo XIX (Lynch y col., 2010) y en el censo de 1937 contaba con 10.345 ejemplares puros y 476.832 mestizos, es una raza típicamente carnicera que se ha desarrollado en la región central, o pampeana y el litoral con climas templado. En este contexto, cabe mencionar las distintas iniciativas que han tenido lugar en el país para desarrollar razas ovinas compuestas o sintéticas, donde se puede observar que en ninguno de los casos se ha tenido en cuenta a la raza ovina criolla, siendo esta raza, por su historia, por el número de animales y por su adaptación a distintos ambientes una raza capaz de aportar genes valiosos al desarrollo de una raza compuesta. Por ejemplo la raza Pampinta, desarrollada por el INTA en la EAA Anguil (provincia de La Pampa), está formada por las razas Frisona del Este (3/4) y por la Corriedale (1/4) con fines de triple propósito, carne, lana y leche (Buseti y col., 2010). La raza Cormo Argentino formada con las razas Corriedale (75%) y Merino Electoral (25 %) (Lynch y col., 2010). La raza Magrario compuesta por la raza Ideal mejorada y la raza Texel desarrollada por la cátedra de Genética de la Facultad de Ciencias Agrarias de la UNR (Universidad Nacional de Rosario) como productora de carne para la región pampeana (Piccardi y col., 2011). La raza Comarqueña desarrollada por el INTA y el Ministerio de Asuntos Agrarios de la provincia de Buenos Aires reconocida en el año 2013 por la S.R.A. (Sociedad Rural Argentina) tiene en su composición genética a la raza Merino (25 %), a la raza Ile de France (37,5 %) y a la raza Texel (37,5 %) (Alvarez y col., 2015). En síntesis todo este largo período de mestización, absorción y desvalorización de la raza ovina criolla, lo que ha

hecho es confirmar el enorme valor que tiene como recurso genético ya que a pesar de todo, ha sobrevivido y se encuentra actualmente en prácticamente todas las provincias argentinas.

III. 4.3 Actualidad de la raza ovina criolla argentina

Aunque las políticas y acciones desarrolladas en nuestro país en relación a la ganadería ovina durante los últimos dos siglos han tenido como objetivo reemplazar a la raza ovina criolla, ésta ha sido mantenida y criada hasta hoy en casi todas las provincias argentinas por productores que han visto en ella un recurso genético valioso y en algunos ambientes insustituible debido a su capacidad adaptativa que le permite producir donde otros genotipos no pueden sobrevivir. Actualmente la raza ovina criolla es aquella que tiene mayor distribución geográfica en la argentina, y ocupa el tercer lugar en número de animales luego de la Merino y la Corriedale, con un 8 % de las existencias totales (Mueller, 2006). Sin embargo, otros autores (De la Rosa y col., 2016), estiman que las existencias de ovinos criollos en la argentina ronda los 2,5 millones de cabezas, cifra que es bastante superior al 8 % de 15.000.000 que son las existencias ovinas totales actuales. Contribuye además, de manera significativa al desarrollo y mantenimiento de las economías regionales con sus productos principales: su lana de varios colores y finuras para abastecer a la industria textil artesanal y su carne magra preferida por la gente del lugar. Afortunadamente en los últimos años en varias regiones de argentina se han desarrollado trabajos que incluyen el estudio y la caracterización de los ovinos criollos. En los trabajos de (De Gea, 1988); (De Gea y col., 1994) y (De Gea y col., 2000), se describe el ovino criollo de las Sierras de los Comechingones en la provincia de Córdoba.

Están situadas entre los 32° y 33° de latitud Sur y corresponden al territorio fitogeográfico del distrito Chaqueño Serrano. Alcanzan alturas máximas de 1.800 metros y su vegetación dominante es el bosque xerófilo interrumpido con pastizales de stipa y festuca. Los autores citados confirman que el ganado ovino criollo que ocupa esta vasta región (desfavorable para la actividad ganadera), aprovechan de manera óptima los recursos forrajeros naturales y su producción de carne y lana representan una importante fuente de ingresos para un elevado número de explotaciones familiares. También en la zona central de la provincia de Córdoba (Pampa de Olaen) se realizaron estudios sobre las características de las majadas, detectando un gran porcentaje de ovejas criollas generalmente ubicadas en las zonas con ambientes más difíciles (Hick y col., 2008; Hick y col., 2009). También se estudió el potencial textil de los ovinos criollos situados en la zona central de la provincia de Córdoba, resultando que el 88,5% de las muestras evaluadas registraron un diámetro medio mayor a 25 micras clasificada en el mercado nacional como tipo cruza (fina, mediana y gruesa) (Hick y col., 2016). Las ovejas “Linca” o “Pampa”, localizadas en las provincias de Neuquén, Río Negro y Chubut pertenecen a una población seleccionada por los pueblos originarios, a partir de ovinos criollos que presentan características laneras sobresalientes para la producción de artesanías. Estuvieron mucho tiempo olvidadas y en franco retroceso pero se han desarrollado varios trabajos de investigación y desarrollo rural orientados a revalorizarlas (Reising y col., 2008, Cardinaletti y col., 2011) y a describir los productos propios del sistema (Li y col., 2011; López y col., 2011). Se han caracterizado los animales y su sistema (Reising y col., 2008, Reising y col., 2011). También se desarrolló un esquema de

trabajo conjunto entre la organización de artesanas y las instituciones de I+D para el rescate y revalorización de esta población ovina, respondiendo a las necesidades de las mujeres artesanas y a su valoración cultural, con los objetivos de: incrementar el número efectivo y orientar la selección de reproductores hacia las preferencias de las artesanas (Lanari y col., 2012). En el oeste de Formosa fueron evaluadas 82 majadas de ovinos criollos a través de un relevamiento del número de machos y hembras, sus respectivas edades aproximadas, determinadas por cronometría dentaria y categoría. El estudio abarcó animales provenientes de majadas ubicadas en las localidades de Bazán, El Quemado, Pozo del Mortero, El Cañón, Laguna Yema, Los Chiriguano, El Yacaré, Pozo de Maza, El Quebracho, La Florencia, El Potrillo y General Mosconi, todas estas dentro de los departamentos Bermejo, Matacos y Ramón Lista. De cada una de estas majadas se muestrearon al azar dos hembras adultas y un reproductor macho con los cuales se realizó un trabajo de caracterización faneróptica, zoométrica y de las características del vellón. La mayor cantidad de las majadas criollas son propiedad de productores criollos, sin embargo son las mujeres de la etnia Qom las que utilizan casi la totalidad de la lana producida para la realización de tejidos artesanales (De la Rosa y col., 2016). Otro trabajo se realizó en el centro oeste de Argentina (Sierras Centrales de Córdoba y Llanos de la Rioja), donde se determinó el grado de pigmentación de los ovinos criollos en 8 cuencas de producción, utilizando 1.389 animales de un total de 3.682 pertenecientes a 49 majadas, considerando que la lana pigmentada y sus productos textiles (hilos) pueden contribuir a la eliminación del uso de colorantes químicos, con menos impacto ambiental, adecuado para la producción de prendas con denominación

ecológica (Riva de Neyra y col., 2017). En general, se observa que los ovinos criollos son animales que están adaptados a sistemas de bajos recursos (Mueller, 2005), pero esto lo han hecho por obligación y selección natural, no porque su genotipo no responda favorablemente a mejores ambientes y al buen trato. Como ejemplo podemos decir que hemos observado en el mes de septiembre de 2017 en el norte de la provincia de La Pampa una majada de 800 ovejas criollas con peso promedio de 78 kg y corderos de 3 meses de edad con un peso promedio de 27 kg.

III.4.4 Regiones de muestreo

III.4.4.1 Salta (SA)

La zona del Noroeste, donde se encuentra ubicada la Provincia de Salta, presenta paisajes escalonados, descendiendo el relieve de oeste a este, en tanto que la temperatura y la humedad aumentan en ese sentido. Se pueden diferenciar cuatro subregiones: la Puna, las Quebradas, los Valles y las Planicies. La Puna se ubica al oeste, se trata de una meseta muy alta rodeada de montañas, que presenta gran amplitud térmica. Es una zona sumamente seca, por lo cual los cursos de agua y la vegetación son escasos. Las Quebradas son profundos y estrechos tajos en la montaña, recorridos por ríos, que vinculan la Puna con los Valles y que sirven como vías de comunicación.

III.4.4.2 Santiago del Estero (SE)

La provincia de Santiago del Estero, posee una extensión de 145.690 km², su territorio es una planicie que presenta una pequeña inclinación en dirección noroeste-sureste. Es una provincia típicamente mediterránea, solo es cruzada por dos ríos el Dulce y el Salado, disímiles tanto en su caudal como en las posibilidades de aprovechamiento. El clima es cálido, corresponde al de regiones

subtropicales con una temperatura media anual de 21,5° C, con variaciones extremas hasta 45° C. Se distingue la estación lluviosa y de fuertes calores, y la seca de moderada temperatura. El período de lluvias empieza en octubre y termina en marzo. La mayoría de su relieve puede considerarse una llanura plana, en su mayor parte cubierta por bosque, monte y estepas arbustivas. La producción ganadera, es muy importante, siendo la de mayor desarrollo de la región noroeste, ya que cuenta con el 50% del stock ganadero regional, y presenta las mejores posibilidades pecuarias, luego de la región pampeana (Fernández y col., 2007).

III.4.4.3 Corrientes (CO)

La provincia de Corrientes presenta relieve generalmente llano, aunque con quebradas y cuchillas de escasa elevación. El clima es cálido y húmedo, oscilando la temperatura media anual alrededor de los 20°C y la precipitación media anual alrededor de los 1.000 mm. El tamaño de las majadas oscila entre 400-800 cabezas, donde el ovino tiene un rol complementario al vacuno pero de características muy definidas pues el aporte económico a los establecimientos es importante (Mueller, 2005). En esta región los ovinos integran sistemas de producción mixtos con los vacunos. Las principales razas ovinas son Corriedale, Romney Marsh, Ideal, Hampshire Down y pequeños grupos de ovinos criollos.

III.4.4.4 Buenos Aires (BA)

La provincia de Buenos Aires presenta un relieve plano a ligeramente ondulado, a excepción de dos sistemas orográficos independientes: Ventania y Tandilia, localizados en el sur. El clima es templado. Las precipitaciones aumentan de oeste a este y de sur a norte, siendo de aproximadamente 400 y 900 mm, respectivamente. Se trata del área más fértil y rica de la Argentina, en la que

llegaron a criarse más de 30 millones de cabezas ovinas a fines del siglo pasado (Calvo, 1983). En la actualidad, si bien muchos de los establecimientos agropecuarios poseen lanares, estas majadas son mantenidas para consumo propio. Dentro de la provincia de Buenos Aires, el área que nuclea la producción ovina se concentra en el sudeste bonaerense y Cuenca del Salado, donde quedan majadas comerciales que comparten la actividad con la ganadería vacuna y/o con la agricultura. La producción ovina bonaerense tiene tendencia carnicera (consumo y producción de corderos entre 22-30kg de peso vivo) (Etcheverry, 2017).

III.5 Caracterización Genética

El objetivo de la caracterización genética de los animales domésticos es lograr un mayor conocimiento de los mismos a efectos de poder realizar un manejo racional y adecuado a las características propias de cada población (FAO, 1984). Desde el comienzo de la década de 1990, los datos moleculares se han vuelto cada vez más relevantes para la caracterización de la diversidad genética (Groeneveld y col., 2010). Una vez realizado el genotipado de los individuos, con esta información se pueden estimar distintos parámetros para conocer la estructura genética de la población, la variabilidad entre y dentro de poblaciones, las distancias genéticas etc. (Aranguren Méndez y col., 2005). Muchas razas y poblaciones dentro de las razas ovinas a nivel internacional han sido caracterizadas mediante marcadores moleculares como por ejemplo la raza Canaria (Martínez y col., 2007); 11 razas austríacas (Baumung y col., 2006); cinco razas búlgaras (Kusza y col., 2010) y la raza ovina Pantaneira de Brasil (Amaral Crispim y col., 2014). Ninguna población

de la raza ovina criolla argentina ha sido caracterizada genéticamente hasta el presente.

III.5.1 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 col., 1995).

III.5.2. 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 procariotas (Hamada y col., 1982; Weber y col., 1989). 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 (Beckmann y col., 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). El polimorfismo de los microsatélites se debe a la variación en el número de unidades repetidas y se caracterizan por estar distribuidos por todo el genoma, ser muy abundantes y muy polimórficos por lo que son recomendados como marcadores genéticos (Aranguren Méndez y col., 2005). Fueron descritos por primera vez como marcadores de DNA polimórficos en 1989 (Tautz y col., 1986), y desde entonces, han probado ser una herramienta excelente para estudios forenses (Huang y col., 2003), estudios genéticos de manejo y conservación de poblaciones (Cañon y col., 2001; Halbert y col., 2005; Tapio y col., 2010), para control de paternidad en especies domésticas (Radko y col., 2004; Bouzada y col., 2008), 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, 1999).

III.5.2.1 Microsatélites para caracterizar genéticamente poblaciones ovinas

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 en el año 2011 recomienda una lista de 30 microsatélites para estudios de biodiversidad ovina (FAO, 2011). Utilizar este panel permitirá contar con evaluaciones más precisas y más oportunidades para comparaciones con resultados obtenidos de estudios de biodiversidad ovina previos.

III.5.2.2 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. 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 y col., 1976; Maniatis y col., 1982; David y col., 1986). En el caso de utilizar el DNA obtenido exclusivamente para amplificar secuencias microsatélites mediante la PCR, las exigencias de purificación disminuyen, habiéndose diseñado estrategias sencillas para preparar la muestra.

III.5.3 ADN Mitocondrial

El ADN mitocondrial posee una serie de características como la haploidía, la herencia materna y la falta de recombinación que lo convierten en una herramienta muy útil en estudios sobre el origen materno de las poblaciones domésticas (Pedrosa y col., 2007). Dos haplotipos se consideran distintos si difieren en al menos una posición de su secuencia. Un conjunto de haplotipos que comparten una serie de mutaciones que habrían estado presentes en un ancestro común se denomina haplogrupo (hg). Los hgs se nombran con letras mayúsculas del alfabeto latino, o mediante la combinación de letras y números alternados

(Motti y col., 2014). Actualmente, hay descritos cinco haplogrupos mitocondriales en el ovino doméstico (*Ovis aries*) denominados A, B, C, D y E (Meadows y col., 2007). El haplogrupo mitocondrial B, o haplogrupo europeo, es el más comúnmente extendido en los cuatro troncos. El haplogrupo A, o haplogrupo asiático, también se presenta en baja frecuencia en razas de los distintos troncos, mientras que el haplogrupo C, ha sido detectado en tan sólo algunos individuos de unas pocas razas (Pereira y col., 2006; Pedrosa y col., 2007). Se han descrito los haplogrupos presentes en diversas razas ovinas a nivel internacional, por ejemplo a 19 razas ibéricas (Pedrosa y col., 2007), al ovino criollo mexicano de Chiapas, Puebla, Morelos, Hidalgo y Veracruz (Ulloa-Arvizu y col., 2009), pero aún no hemos encontrado ningún trabajo que revele que haplogrupos presentan los ovinos criollos en la argentina.

III.5.4. Análisis de los resultados

Los resultados de la genotipificación de los animales se analizan mediante distintos parámetros que permiten cuantificar la variabilidad genética como por ejemplo: el 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 Méndez y col., 2002). Para comparar la diferenciación existente entre poblaciones, se estima la divergencia evolutiva entre ellas, sobre la base de sus frecuencias génicas, resultando indicado el uso de los índices de distancia genética (Aranguren-Méndez y Jordana., 2005). Los índices de fijación o estadísticos “F”, permiten determinar el déficit o exceso de heterocigosis en la población (Weir y Cockerham., 1984).

III.5.4.1 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., 2001). 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 equilibrio Hardy-Weinberg (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.

III.5.4.2. Equilibrio Hardy –Weinberg

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 (Falconer y Mackay., 2001).

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. Co ancestros, 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, o que existe migración o flujo de genes desde una fuente externa o se están produciendo apareamientos dirigidos (no aleatorios) (Bjorklund, 2005).

III.5.4.2.1. 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 (test de Chi cuadrado). En el caso de los microsátélites, 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). Se basan en la generación de 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).

III.5.4.3. Heterocigosis

Se acepta generalmente que un *locus* es polimórfico cuando el alelo más común tiene una frecuencia inferior a 0.95 o cuando en la muestra hay al menos dos individuos heterocigotas portadores (Ripoli y Villegas Castagnasso, 2010). Una

medida de la variación genética es la proporción de *loci* polimórficos. 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* (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).

III.5.4.3.1. 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.

III.5.4.3.2. 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 2 pq.

Se calcula como (Nei, 1973):

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

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

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 (Aranguren-Méndez y col., 2005).

III.5.4.4. 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).

III.5.4.5. 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 sub población, F_{IT} es la correlación relativa a la población total. F_{ST} es la correlación entre dos alelos tomando al azar uno de cada sub población. 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 sub poblaciones o desviación de las frecuencias genotípicas observadas en las sub poblaciones respecto a las esperadas considerando el equilibrio Hardy-Weinberg. F_{ST} indica del grado de diferenciación genética entre las sub poblaciones. 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:

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

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

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

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 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.

III.5.4.6. Análisis Molecular de la Varianza (AMOVA)

El análisis molecular de la varianza (AMOVA) es un método para estimar la diferenciación de la población directamente a partir de datos moleculares y probar hipótesis sobre dicha diferenciación. Una variedad de marcadores moleculares como los microsatelites, pueden analizarse usando este método (Excoffier y col., 1992). AMOVA trata cualquier tipo de datos moleculares como un vector booleano (p_i), es decir una matriz de 1x1 donde el 1 indica la presencia de un marcador y 0 su ausencia. Las distancias euclidianas entre pares de vectores se calculan substrayendo el vector booleano de un haplotipo de otro, de acuerdo con la fórmula $(p_j - p_k)$. Las distancias euclídeas cuadradas se calculan para todas las disposiciones por parejas de vectores booleanos, que luego se organizan en una matriz y se dividen en submatrices correspondientes a subdivisiones dentro de la población (Excoffier y col., 1992):

$$D^2 = \begin{bmatrix} \begin{bmatrix} c_{11}^2 & c_{12}^2 \\ c_{21}^2 & c_{22}^2 \end{bmatrix} & \dots & c_{1k}^2 \\ \dots & \dots & \dots \\ c_{j1}^2 & \dots & \dots & c_{jk}^2 \end{bmatrix}$$

Las submatrices en la diagonal de la matriz más grande son pares de individuos en la misma población, mientras que los que están fuera de la diagonal representan pares de individuos de diferentes poblaciones. Las sumas de las diagonales en la matriz y submatrices dan sumas de cuadrados para los diversos niveles jerárquicos de la población. Estas sumas de cuadrados se pueden analizar en un análisis

anidado de varianza. Un AMOVA anidado difiere de un ANOVA simple en que los datos se organizan jerárquicamente y los cuadrados medios se computan para agrupaciones en todos los niveles de la jerarquía. Esto permite realizar pruebas de hipótesis de diferencias entre grupos y dentro de grupos en varios niveles jerárquicos (Excoffier y col., 1992; Excoffier, 2001).

III.5.4.7. F_{ST} como distancia genética

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). 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, (Nalgylaki, 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.

Nalgylaki dice que F_{ST} es una medida adecuada de divergencia o distancia entre poblaciones si la diversidad genética es baja en un principio (Nalgylaki, 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.

III.5.4.8. Análisis Factorial de Correspondencia (AFC)

El Análisis Factorial de Correspondencia es un método de análisis multivariado equivalente al de Componentes Principales para variables cualitativas, que 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 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 Análisis Factorial de Correspondencia (AFC) tiene como objetivo encontrar una estructura más simple reduciendo la dimensionalidad de las variables sin perder información. Para simplificar el análisis de los datos se reduce el número de variables a un pequeño número de factores. El AFC enfatiza el estudio en las relaciones entre las variables explicadas con las covarianzas o correlaciones, entonces 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 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). 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. 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).

III.5.4.9 Asignación de individuos a poblaciones mediante modelos probabilísticos

Los métodos de asignación de individuos a poblaciones, 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. 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 más alta de la normal desde una población parental (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,

considerando dos modelos para la ascendencia de los individuos, un modelo no-combinado donde se asume que los individuos son tomados de forma pura de una de las k poblaciones y otro combinado, en el que se permite la mezcla de los ancestros; es decir, una fracción q_k del genoma de un individuo viene de la subpoblación K ($\sum_k q_k = 1$). El 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 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. Este método es usualmente utilizado en el estudio de razas y poblaciones ovinas (Kunene y col., 2014; Pons y col., 2015; Buchalski y col., 2016).

III.6. Caracterización morfológica

La Morfología Externa es una de las ramas más clásicas de las investigaciones que se llevan a cabo a nivel ganadero y a la vez una de las que más ha evolucionado en los últimos decenios, tanto en su concepto, como en sus posibles aplicaciones (Sañudo, 2009). En la zootecnia antigua, el “Exterior de los Animales Domésticos” se utilizaba fundamentalmente para el conocimiento del individuo a través de sus características particularmente externas, criterios que ayudaban principalmente a su identificación y diferenciación. Luego, se fue modificando este concepto y se adoptó el de “Morfología Externa”, que se basa en el conocimiento del individuo a través de su fenotipo, defectos y particularidades; criterios que ayudan a la identificación, diferenciación y juzgamiento de la posible aptitud productiva del animal (Sierra 2009; Bedotti y col., 2004; Salako 2006; De

la Barra y col., 2011). Por lo tanto, se puede decir, que la Morfología Externa, deberá tener en cuenta dos criterios: servir de base a la identificación natural del individuo o del grupo racial (para describirlos y diferenciarlos) y como consecuencia deberá proporcionar una valoración zootécnica que permita aproximarse o colaborar en la predicción de sus posibilidades productivas (Montes y col., 2013). En los intentos de identificar morfológicamente un grupo racial, podemos incluir la siguiente definición (Sierra, 2009): “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 trasmisibles a la descendencia, manteniendo por otra parte una cierta variabilidad y dinámica evolutiva”. De ahí se desprende la posibilidad de establecer una serie de criterios en los que se relaciona claramente la Morfología con la raza y las funciones que aquélla puede desarrollar:

- a) La Morfología como criterio descriptor de la raza.
- b) La Morfología como criterio diferenciador entre razas y dentro de razas.
- c) La Morfología como criterio identificador de razas e individuos.
- d) La Morfología como base de la diferenciación de grupos animales y creación de razas.

Así pues los caracteres morfológicos nos permiten describir y caracterizar un individuo o un grupo de individuos (raza) de características similares.

A la vez esta descripción, una vez conocida, posibilita diferenciar al individuo de otro u otros individuos y al grupo (raza) de otros grupos (razas).

En definitiva el individuo o el grupo (raza) descritos y diferenciados pueden ser identificados, de forma genérica o incluso muy concreta a través de particularidades morfológico-exterioristas (Sañudo, 2009).

Por otra parte la Morfología, y su valoración, han servido tradicionalmente a nivel de grupo como “hoja de ruta” o guión básico, a la hora de ordenar y clasificar los distintos grupos animales intraespecie, mantener o mejorar sus características exterioristas, utilizando adecuadamente la selección-reproducción, llegando finalmente a la consolidación o creación de razas. Por último, la Morfología juega todavía un importante papel en la actualidad tanto desde el punto de vista del individuo, ya que es básica en su descripción-caracterización (tradicional reseña) y en su consecuente identificación individual (sobre todo en algunas especies), como muy especialmente en la preparación y descripción del “estándar racial” (Sierra, 2009).

III.6.1 Zoometría y variables zoométricas

La Zoometría estudia las formas de los animales mediante mediciones corporales concretas que nos permiten cuantificar la conformación corporal (Pares i Casanova, 2009; Traoré, 2008; Capote, 1998). La misma comprende las medidas básicas en la descripción morfológica, ya que intentan determinar la morfología de una raza o un individuo a través de una serie de datos objetivos. Para llevarlas a cabo, se deberá tener siempre en cuenta:

1. Las medidas han de ser tomadas con el mismo instrumental, metodología y por la misma persona.
2. Según la especie y la aptitud, las medidas e índices pueden tener muy diferente valor e interés.

Según Aparicio (1960), las características étnicas y que reiteradamente utilizamos para la apreciación biométrica de un individuo, las deducimos de las siguientes medidas: alzas, diámetro de longitud y anchura y perímetros. Dada la importancia de la toma de variables para poder obtener la zoometría de los animales, se han considerado evaluar 13 medidas zoométricas (Riva, 2004; Carneiro, 2010; Bafowethu, 2016), que dependiendo de la región corporal se agruparon en dos categorías: cefálicas y del tronco.

Con todas estas medidas y los análisis estadísticos pertinentes, podremos caracterizar correctamente a nivel morfológico cuantitativo los ovinos (Avellanet, 2006). En ovinos, las características morfológicas, han sido utilizadas para caracterizar la raza Criolla Chilota. En este trabajo se tomaron 15 medidas corporales, para analizar la homogeneidad morfoestructural y realizaron la comparación de las variables entre la raza Chilota y otras 2 razas diferentes. Como resultado de ello, se observó que presentan una alta variabilidad en aquellas medidas como son: el peso vivo, la longitud grupa y el diámetro bicostal. (Mujica y col., 2012). En las ovejas Criollas Araucanas (Bravo y Sepúlveda, 2010), han utilizado medidas cefálicas (Ancho Cabeza, Longitud Cabeza, Longitud Cara, Longitud Cráneo), medidas del tronco, alzas (Alzada Cruz, Alzada Grupa), diámetro longitudinal y otras medidas como: Ancho Pecho, Ancho Grupa, Ancho Grupa Posterior, Longitud Grupa, Diámetro Dorso esternal, Perímetro Torácico y Perímetro Caña. Luego de su análisis, los resultados de las medidas cefálicas dieron a conocer un elevado grado de variabilidad, en cambio las medidas del tronco fueron más dispares, presentando diferentes coeficientes de variación (AG coeficiente de variación bajos, en cambio AGP y LG, coeficientes de variación

medios), por último las alzadas presentaron baja variación. Con respecto a las ovejas criollas de los Humedales, de Ite en Perú (Montesinos y col., 2015), los autores afirman que en la clasificación morfométrica obtuvieron en el análisis discriminante, una tasa de acierto superior (64%), indicando mayor homogeneidad corporal, quizás porque esos rebaños están más sometidos a la selección natural que a aquella manejada por el hombre. Por otra parte, al comparar las características zoométricas de la raza Blackbelly de México, con el ovino Pelibuey, no se han encontrado diferencias notables entre ambas. De acuerdo a los resultados obtenidos, las correlaciones fenotípicas entre las variables analizadas determinan que a mayor peso, aumenta la altura y el ancho del animal, pudiéndose indicar a estos animales con una tendencia a la producción de carne (Dzib y col., 2011). En Argentina, hasta el presente, se ha utilizado la zoometría para caracterizar la oveja criolla Linca en el noroeste patagónico, donde las majadas están aisladas y reducidas. Las mismas poseen características diferenciales con respecto a la raza predominante en la zona (Merino). También, se ha estudiado la oveja criolla del oeste formoseño (De la Rosa y col., 2012), obteniendo en un primer estudio que las ovejas de ese lugar poseían un grado de uniformidad apreciable para los caracteres evaluados (Peso vivo, Longitud de cabeza, Longitud de cara, Ancho de cabeza, Alzada a la cruz, Alzada a la grupa, Diámetro Longitudinal, Diámetro dorso esternal, Diámetro bicostal, Ancho de grupa, Longitud de grupa, Perímetro Torácico, Perímetro de la caña y Ancho de pecho), denotando que hay poca o nula influencia de razas exóticas en dicha zona y la selección aplicada por el hombre es escasa desde sus orígenes. El mismo autor, De la Rosa y col., 2016, obtuvo como resultado, que las variables medidas

poseían una importante correlación entre ellas, concluyendo que existe un grado de uniformidad apreciable para los caracteres evaluados.

III.6.2 Índices zoométricos

Los índices zoométricos son relaciones entre distintas variables morfológicas cuantitativas (Torrent, 1982). Los índices nos pueden aportar información para la diagnosis racial, o para la determinación de estados somáticos que darán lugar a determinadas funcionalidades, o para determinar el dimorfismo sexual de una raza (Hevia y Quiles., 1993). Los mismos, ponen de manifiesto las relaciones existentes entre algunos elementos de alzada, compacidad y longitud, usados generalmente en zootecnia para estimar proporciones y conformación de los animales (Bravo y Sepúlveda, 2010). Existen varios índices que surgen de algunas de las medidas lineales, los mismos se dividen en dos grandes grupos. El primero de ellos comprende a los Índices Etnológicos: Índice cefálico (ICE); Índice torácico (ITO); Índice corporal (ICO) e Índice Pelviano (IPE), se utilizan para determinar el grado de homogeneidad racial a partir de la información general sobre su estructura y proporciones (la compacidad, altura, longitud) (Pares i Casanova, 2009).

El ICO e ITO, nos dan idea de las proporciones o relación corporal entre las dimensiones de ancho y longitud del animal. (Aparicio Sánchez, 1960). Según Avellanet (2006), el ICO nos brinda una estimación de la proporcionalidad de la raza, permitiendo clasificar a los animales como brevilíneos o compactos ($ICO \leq 85$). Destacándose que a un menor valor de índice corporal el animal se aproxima más a un rectángulo, como presentan aquellos animales de aptitud carnívoros (Salako, 2006; Parés, 2007; Parés, 2009). IPE indica la relación entre el

ancho y longitud de la pelvis, nos da una idea de la conformación de la grupa, razón por la cual está muy relacionado con la aptitud reproductiva (Bravo & Sepúlveda, 2010). El ICE, permite clasificar a los animales en dolicocefalos (predomina la longitud sobre el ancho de cabeza), braquicefalos (predomina el ancho sobre la longitud de la cabeza) y mesocéfalos (las medidas de ancho y longitud de la cabeza son similares).

Los Índices Funcionales: Índice de profundidad relativa (IPR); Índice pelviano transversal (IPT); Índice pelviano longitudinal (IPL) e Índice de cortedad relativa (ICR), los cuales se utilizan para establecer las características funcionales de los animales en relación a la aptitud productiva, pudiendo indicar tres tipos de tendencias: carnicera-lanera, lechera y dinámica (Aparicio Sánchez, 1960).

Los valores que se obtienen para el IPR indican que el ovino presenta aptitud para la producción cárnica, tal como lo describe Aparicio Sánchez (1960), este índice, se considera mejor cuanto más exceda de 50 (Pares i Casanova, 2009). El IPT relaciona la amplitud de la grupa con la alzada del animal, y se considera mejor cuando el mismo supere 33 (Pares i Casanova, 2009). El IPL es un complemento del anterior, queriendo expresar con él la amplitud de la grupa; en este caso su resultado se recomienda que no supere 37 (Pares i Casanova, 2009). El ICR tiene su fundamento en el aspecto funcional de toda la tracción del animal, siempre favorecida en las morfologías brevilineas. Correspondiendo a animales brevilineos, aquellos en donde predomina la altura sobre la longitud, se inscriben en un rectángulo de base menor (García Herrera y col., 2005).

III.6.3 Análisis de los resultados

Se efectuaron análisis estadísticos descriptivos, que incluyeron Análisis de Componentes Principales (ACP) (Cuadras, 2012; Peña, 2002) con biplots (Greenacre y Hastie, 1987). Luego se realizaron análisis de varianzas (ANVA) y prueba de comparaciones múltiples de Tukey. Cuando no se cumplió el supuesto de homogeneidad de varianzas se emplearon modelos mixtos (Mc Culloch y Searle, 2001). Para los índices zoométricos también se efectuaron análisis de correlación de Pearson. Se trabajó con un nivel de significación del 5%.

III.7. Caracterización de la lana

La lana es una fibra natural renovable, no contaminante y biodegradable. Es uno de los pocos elementos que se utilizan para la finalidad para la que fue creada por la propia naturaleza: servir de aislante entre el rigor del clima, cálido o frío y un cuerpo vivo (De Gea, 2007). La lana se distingue por tener una compleja y muy versátil estructura química y excelente estructura física, posee alta capacidad para absorber humedad y repeler en su superficie agua y/o líquidos, las fibras tienen ondulaciones naturales y alta resistencia al fuego. Provee en su utilización confort debido a la aireación en los tejidos, resistencia a la suciedad y fácil limpieza, baja generación de electricidad estática, excelente "caída", suavidad y "tacto" en tejidos planos, habilidad para ser afieltrada, absorción de olores y/o filtración de químicos tóxicos (Elvira, 2009). La especie ovina presenta gran variabilidad de tipos de cobertura, desde ovejas deslanadas u ovejas de pelo, pasando por todos los tipos y características del vellón. La caracterización morfológica de las razas ovinas, implica estudiar las particularidades de su lana a efectos de determinar las posibilidades de uso. En el caso de la raza ovina criolla recientemente se han

realizado algunos trabajos en ese sentido (Reising y col., 2008) sobre la oveja Linca en el noroeste de la Patagonia y (Galdámez y col., 2012) sobre la oveja criolla de Formosa.

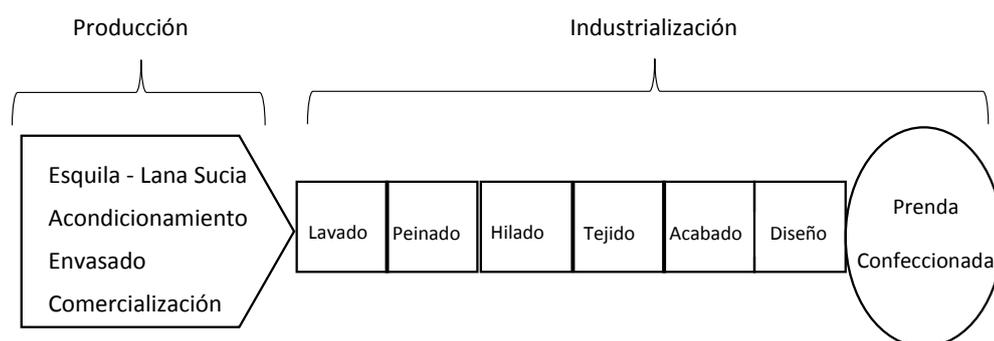
III.7.1. Usos de la lana

La variabilidad de fibras textiles que producen los ovinos tiene actualmente dos destinos bien definidos, la industria para la confección de artículos de consumo masivo y la actividad artesanal para la confección de prendas y tejidos para uso familiar y/o venta al turismo regional. La industria y los artesanos no compiten por el mismo producto, ya que tienen objetivos diferentes y por lo tanto requerimientos diferentes.

III.7.1.1 Lana para uso industrial

La elaboración de productos de indumentaria a partir de la fibra de lana requiere de distintos procedimientos que van desde la esquila en el establecimiento agropecuario hasta el diseño y confección de la prenda terminada (Figura N°3).

Figura N°3: Etapas en el procesamiento industrial de la lana



La industria textil a lo largo del tiempo, ha condicionado a los productores ovinos en cuanto al tipo de producto que les conviene producir a través del precio que ofrece pagar por sus productos. Este hecho ha determinado que su influencia sobre los

recursos genéticos ovinos ha sido muy importante, a tal punto que algunas razas han disminuido su número para encontrarse actualmente en riesgo de extinción, mientras que otras han logrado expandirse de tal forma que se distribuyen a lo largo de los cinco continentes. El ejemplo más notorio de esta marcada influencia se observa sobre la raza merino la que originariamente era de vellón negro, muy apreciado por los romanos (Camacho y col., 2009) y además tanto en España como en Portugal, el merino de lana negra, era mayoritario y en el caso de Portugal fue así hasta los años treinta del siglo XX, por considerar a la lana pigmentada de mayor calidad. En España la sustitución de animales negros por blancos fue mucho más precoz y cedió más fácilmente a las presiones de la industria lanera que buscaba la necesidad de un más complejo tratamiento tecnológico a las lanas negras que a las despigmentadas, lo que provocó la eliminación de los rebaños negros, de forma que aquellos ejemplares negros que nacían nunca se destinaban a la reposición como reproductores, práctica que se mantiene aún en la actualidad (Camacho y col., 2009). Así, es que con el desarrollo industrial la raza merino se registró en los cinco continentes y se transformó en la primera proveedora mundial de lana fina, pero su color original (raza merina negra), se encuentra catalogada actualmente como de protección especial y en riesgo de extinción (SERGA, 2009), aunque las características propias de la lana son idénticas en ambas variantes y su única diferencia es su color. Este hecho se debe solo a que la industria textil está interesada en la lana de color blanco, que permite su teñido a una gama de colores muy amplia. La industria textil ha avanzado y mejorado la tecnología de lavado, peinado, hilado y tejido, pero esta mejora no ha sido utilizada aún para el aprovechamiento integral de toda la diversidad de fibras que nos proveen los ovinos, lo cual favorecería la

conservación y utilización de todos los recursos ovinos existentes. La esquila suelta (Tally – Hi), el acondicionamiento de la lana y el enfardado son fundamentales para obtener un producto altamente confiable, libre de contaminantes, de fácil manipuleo, mejor aprovechamiento del transporte y de correcta presentación (Aguirre y Fernández, 2010), lo cual facilita todo el proceso industrial. Si bien es habitual evaluar de manera subjetiva la calidad de la lana, requiere de mucho conocimiento para evitar imprecisiones. Para predecir la performance de un lote de lana en su procesamiento textil se requiere información objetiva de las características cualitativas de la materia prima (Mueller y col., 2001). Los parámetros que definen la calidad textil y comercial de la lana se realizan en laboratorio y son:

- Rendimiento al lavado: Es la proporción de lana que queda luego de lavar la lana sucia. Este determina los costos de transporte, lavado y nivel de efluentes (Mueller y col., 2001). El método establece los siguientes índices: A) Contenido de lana limpia IWTO: es la cantidad de Base Lana ajustada a un contenido estándar de cenizas y extracto alcohólico de 2,77% y llevado a 17% de humedad estándar (regain). Contenido Lana Limpia IWTO = Base lana x 1,1972. B) Rinde teórico de top y noils: es definido como la cantidad máxima el cual puede teóricamente obtenerse si toda la lana de un lote puede ser convertido a top y noils sin pérdida de proceso - Peine Schlumberger Seco (1,0% TFM) = Base lana x 1,207 - Peine Schlumberger en Aceite (4,6% TFM) = Base lana x 1,257 - Peine Noble Seco (1,0% TFM) = Base lana x 1,205 - Peine Noble en Aceite (4,6% TFM) = Base lana x 1,255. C) Rinde comercial estimado de Top y noil: Es definido como el Rinde teórico de top y noils menos una cálculo apropiado de pérdida de fibras del procesamiento de lana durante el peinado. La conversión de

Rinde Teórico a Rinde Estimado se realiza de acuerdo a la siguiente fórmula:
 Rinde Estimado = Rinde Teórico - Pérdidas de proceso Donde: Pérdidas de proceso para Schulemberger = $2,5 + VA$ y Pérdidas de proceso para Noble = $2,0 + VA.VM$ es la Base Materia Vegetal excluyendo los núcleos duros. D) Rinde Japonés limpio: es un derivado de la Base Lana de acuerdo a la fórmula siguiente:
 Rinde Japonés Limpio = Base Lana x 1,1777. E) Fibra limpia presente ASTM: es un derivado de la Base Lana de acuerdo a la fórmula siguiente: Fibra limpia presente ASTM = Base Lana x 1,1628. (Sacchero, 2005).

- Finura: Se determina por el diámetro de la fibra (micrones). Cuanto menos diámetro poseen las fibras de lana, mayor valor comercial tienen (Aguirre y Fernández, 2010). El Diámetro Medio de Fibras (DMF) es el principal determinante del precio de la lana, debido a su influencia en la capacidad de producción de hilados y en la naturaleza y tacto de las prendas producidas con ellas porque define el grosor del hilo y en consecuencia el peso de la tela (Sacchero, 2005). El diámetro de fibra de la lana puede ser medido usando diferentes tecnologías: a) Microproyección, b) Airflow, c) OFDA, d) Sirolan Laserscan. El Microscopio de proyección es el único equipo que tiene trazabilidad en forma directa contra una referencia estándar primaria. Esto significa que se calibra con unidades de referencia de longitud y no con lanas estándar. Por otro lado el Airflow, Laserscan y OFDA deben ser calibrados usando lanas estándar (tops patrones) los cuales tienen “valores estándar” que fueron inicialmente determinados por Microproyección. Por lo tanto estos últimos representan sistemas secundarios. Todos estos instrumentos dan mediciones de DMF o Finura. Con excepción del Airflow, proveen también información acerca

de la distribución de diámetros: Desvío estándar (DS), Coeficiente de Variación (CV). La ventaja de los sistemas calibrados es que proveen mediciones más precisas ya que la variabilidad entre instrumentos es considerablemente menor que la variabilidad entre operarios en el microscopio de proyección (Sacchero, 2005)

- Longitud de Fibra: La longitud de la fibra se mide con una regla estirando la mecha y anulando las ondulaciones típicas de la lana. La longitud promedio de las fibras, varían en el mismo animal y los mejores tops se consiguen con lanas de mayor largo (Aguirre y Fernández, 2010). Desde el punto de vista industrial, el largo medio de fibras en la lana peinada (Altura Media o Hauteur del Top HM), tipifica la materia prima para la hilandería y junto con el diámetro de las fibras define el precio final de la lana peinada (Elvira, 2004). Se considera que cuando el Coeficiente de Variación del Largo de Mecha (LM) es menor a 12 % la uniformidad es excelente; de 13 a 20 % normal y 21% o mayor es desuniforme o hay mezcla de largos (Sacchero, 2005). El ritmo de crecimiento guarda estrecha relación con el diámetro, ya que las fibras finas crecen con menor intensidad que las más gruesas. Esta medida difiere cuando se trata de una hebra aislada o en la mecha. En el primer caso (hebra aislada) y haciendo desaparecer las ondulaciones se obtendrá la “Longitud Absoluta” y en el segundo caso la “Longitud Relativa” o “Largo de mecha”, que se refiere al largo de la mecha medida desde la raíz hasta la punta, tomada sobre la piel del animal ó en el laboratorio y se determina en cm y sin estirar las ondulaciones naturales. Esta característica se encuentra estrechamente relacionada con la finura (“mechas más cortas = mechas más finas” y “mechas más largas = mechas más gruesas”). El largo de mecha es importante

para el productor porque determina un mayor peso del vellón. Además, una mecha larga es más valiosa por sí misma debido a que su longitud, limita su utilización en la industria textil. La mayoría de las máquinas peinadoras, necesitan para el peinado mechas de por lo menos 7 cm de longitud, con lo cual se fabrican las prendas más valiosas como los trajes. Las mechas que miden menos de 7 cm se destinan a otro proceso, el “cardado”, con lo cual se fabrican prendas de menor calidad y por ende de menor valor comercial. Hoy en día, las máquinas más modernas pueden peinar mechas de hasta 3 cm, pero no es lo que sucede en la mayoría de los casos (Peinado Francés). Todas las lanas tienen un uso textil: las de mayor diámetro son utilizadas en la fabricación de hilos para la confección de alfombras, por ejemplo. Cada etapa de la transformación de la lana en prendas de vestir, tiene diferentes exigencias respecto de las características de la lana (Tabla N°2). En la etapa del lavado y peinado, el rinde al lavado, es decir el grado de contaminación con cera, suint y tierra es obviamente muy importante. El producto final de esta etapa, el top, tiene mayor valor si tiene una buena altura media (hauteur) con la finura solicitada. La altura media del top depende del largo de mecha, su resistencia a la tracción y punto de quebrado, diámetro y nivel de contaminación vegetal. En el teñido y terminado de telas claras importa la blancura de la lana y la ausencia de contaminantes plásticos. Finalmente en la etapa de la confección interesa nuevamente la finura por su efecto sobre la suavidad, peso y confort de la prenda.

Tabla N°2: Requerimientos de calidad en las etapas de industrialización de la lana.

Caract. de la lana sucia	Lavado y Top	Hilado	Tejido	Teñido y terminado	Confección
Diámetro de fibra	XXX	XXXXX	XXX	XXX	XXX
Contaminación: Cera, Suciedad	XXXX	XXXXX			
Contaminación: Materia vegetal	X	X		XXX	X
Resistencia a la tracción	XX	X	X	X	
Largo de mecha	XXX	XX	X		
Rizo (ondulaciones)	X	X			
Color (grado de blancura)	X			XXX	
Variación del diámetro		X	X	X	

Mayor número de X indica mayor importancia relativa.

III.7.1.2 Lana para uso artesanal

Desde los principios de la civilización, el ser humano utilizó una gran diversidad de fibras para elaborar hilos, lazos y tejidos, existiendo las de origen vegetal antes que las fibras de origen animal (Timón, 2003). En América los primeros tejidos confeccionados con fibras de origen animal provienen de los camélidos (llamas, alpacas y vicuñas), que eran utilizadas por las culturas indígenas unos 2000 años A.C (Hansen, 1994). Con la incorporación del ganado ovino a nuestro territorio, los nativos que ya habían desarrollado la cultura textil a partir de los camélidos, comenzaron a utilizar la lana de oveja para la confección de sus tejidos. La producción de los tejidos se iniciaba con la obtención del vellón de lana, el cual

era lavado con agua y desenredado manualmente. El paso siguiente era el hilado utilizando un huso. La lana hilada podía utilizarse para tejer en su color natural o teñida. Para su tinción se empleaban vegetales y minerales que se hallaban en el lugar en que eran realizados los tejidos. A partir del contacto con los colonizadores se incorporó el añil y hacia finales del siglo XIX las anilinas sintéticas también fueron utilizadas para la tinción. El tejido se realizaba generalmente en telares verticales (Figura N°4) y solo para la confección de algunas prendas especiales, se utilizaban “telares horizontales” (Chertudi y Nardi, 1961). La producción textil era efectuada exclusivamente por las mujeres, quienes realizaban esta tarea como parte de las actividades domésticas.

Figura N°4: Telar vertical. Cushamen, Chubut.



Este saber se transmitía dentro del ámbito familiar, de generación en generación, en forma oral, aunque también podía efectuarse entre mujeres que no pertenecían

a un mismo núcleo familiar. Las confecciones textiles eran de gran importancia para la economía de los nativos: se utilizaban como vestimenta y para el abrigo del hogar. Aunque su principal destino fue para el intercambio entre los grupos indígenas que tejían y aquellos que no lo hacían; luego de la instalación de los colonos en la zona también se llevó a cabo entre los nativos y los colonos. Ese intercambio permitía a los aborígenes obtener aquellos bienes que no producían y/o que tenían un gran aprecio, como los caballos. De esta manera, las mujeres eran muy valoradas por realizar esa tarea textil (Filkestein, 2008). En los últimos años en muchas provincias argentinas se han desarrollado trabajos de integración local a efectos de revalorizar y potenciar el trabajo textil artesanal. Esta es una típica actividad de agregado de valor a los productos de origen agropecuario y que por otro lado representa un abanico cultural auténticamente representativo de la diversidad nacional. La raza ovina criolla está presente en casi todas las provincias argentinas y juega un papel fundamental en la producción de fibras textiles utilizadas en tejidos artesanales. Como se explico en el apartado anterior, el valor comercial de la lana de uso industrial se determina principalmente por el diámetro medio de fibra y donde también se requieren fibras de color blanco, siendo castigada la presencia de fibras coloreadas (Aguirre y Fernández, 2010), mientras que para el uso artesanal las características que definen una mejor calidad de la lana, varían según la región, por ejemplo en el Borrego de Chiapas las mujeres indígenas establecen como prioridad para definir la calidad de la lana, el largo de la misma, el grosor y el color negro (Pérezgrovas y col., 2013) y las ovejas criollas norteamericanas de raza Navajo-Churro que son valoradas para la producción de tejidos regionales, famosos en los EEUU por sus cualidades únicas

y su pertinencia cultural, tienen variedad de colores (blanco, negro, distintas tonalidades de grises y marrones) (Sponenberg y Taylor, 2009). También en la oveja Linca del noroeste patagónico las hilanderas mapuches valoran el largo de mecha, la suavidad y la diversidad de colores (Reising y col., 2008), es decir que en el caso de los tejidos artesanales se tiende a conservar la variabilidad de las fibras ovinas, mientras que para el uso industrial se tiende a la uniformidad. La lana de ovinos criollos puede utilizarse para la confección de diversas prendas como ponchos, chales, bolsos, suéteres, gorros, calcetines, guantes, fajas, billeteras con todo tipo de diseño y colorido tal como ocurre en Rio Negro y Chubut a partir de la oveja Linca (Cardinaletti y col., 2011), o en el Centro-Oeste formoseño donde 1200 mujeres artesanas aprovechan la lana de la oveja criolla para fabricar distintos productos (Galdámez y col., 2012). La producción de tejidos artesanales mejora la economía de diversas regiones, promueve la integración social y tiende al mantenimiento de la diversidad genética ovina.

III.7.2. Clasificación de las lanas

La gran amplitud que constituyen las múltiples finuras de la lana ovina, carecía de un orden práctico hasta que en Inglaterra se diseñó la escala Bradford de clasificación de lanas que luego fue adoptada internacionalmente (Calvo, 1983). El reconocimiento internacional de la escala Bradford, hizo que nuestro país tuviese que establecer una concordancia entre la clasificación local y la citada escala para poder comercializar su lana para uso industrial con un criterio objetivo (Tabla N°3). En la misma se observa que la lana de más de

Tabla N°3: Escala Bradford y su equivalencia con la clasificación argentina. Adaptado de Calvo, 1983.

Escala Bradford	Diámetro (μ)	Ondulaciones por pulgada	Clasif. Argentina
80's	18.1 – 19.5	19 – 17	Extra Fina
70's	19.6 – 21.0	17 – 15	Super Fina
64's	21.1 – 22.5	13 – 12	Fina
60's	24.1 – 25.5	11 – 9	Prima
58's	25.6 – 27.0	9 – 7	Cruza Fina I
56's	27.1 – 28.5	7 – 6	Cruza Fina II
50's	30.1 – 31.7	5 – 4	Cruza Mediana 3
48's	31.8 – 33.4	4	Cruza Mediana 3
46's	33.5 - 35.1	4 – 3	Cruza Mediana 3 Fuerte
44's	35.2 – 37.0	3 – 2	Cruza Gruesa 4
40's	37.1 – 38.9	2 – 1	Cruza Gruesa 5
36's	39.0 – 41.3	1	Cruza Gruesa 6
Carpetwool	Más de 41.3	0	Criolla

41.3 micrones de diámetro es calificada como “carpetwool” (lana de alfombras), para la clasificación argentina toma el nombre de “criolla” y a partir de ahí se identifica a la raza ovina criolla con este tipo de lana, como lo refleja el manual de acondicionamiento de lanas MI G 03 2da Edición del Prolana (Aguirre y Fernández, 2010). Esta clasificación resulta contradictoria con la descripción zootécnica de sus fibras que se encuentra en la bibliografía especializada: “el examen macroscópico de una mecha de oveja criolla, revela ciertamente una importante cantidad de “chilla”, fibras pilosas, de 50 a 80 micrones, pero el análisis microscópico demuestra un mayor porcentaje de hebras de 20 a 30 micrones. Estas últimas clasificadas como finas, primas y cruza finas (70's, 64's, 60's, 58's) hacen, con las anteriores, una desuniformidad que las inutiliza para la industria del hilado de calidad (Calvo, 1983). En otros casos se observan ovejas criollas de tipo Merino con una lana cerrada, fina, compacta y muy corta, pero con

cuartos indefectiblemente poblados de pelos largos y muy gruesos. Las mechas son cortas, más o menos 7 cm., mucho más uniformes en longitud y aspecto. Presentan muy a menudo, 10 a 12 ondulaciones por pulgada (25 mm), color blanco grisáceo y leve suavidad al tacto. El examen de laboratorio las clasifica como 62's a 80's o sea fina prima a extra fina, con pocas fibras meduladas. La finura media en micrones para este tipo es de 18 a 24.5micrones (Calvo, 1983). En la Patagonia argentina, las ovejas Linca registraron un Diámetro Medio de Fibra = $27,5 \pm 4,3 \mu$, una Proporción de Down = $46,19 \pm 15$, un Diámetro Medio de Down = $22,7 \pm 3,0 \mu$, un Diámetro Medio del Pelo = $40,9 \pm 5,9 \mu$, un Largo Medio de la Mecha = $18,5 \pm 6,7 \text{cm}$. y un Largo Medio de Down = $8,9 \pm 2,3 \text{cm}$ (Reising y col., 2008). En el oeste Formoseño las ovejas criollas mostraron un vellón de doble capa con mechas cónicas. Las fibras largas-gruesas midieron $12,00 \pm 6,9 \text{ cm}$ y constituyeron el $20,67 \pm 1,3\%$ de la mecha. Las fibras cortas-delgadas midieron $8,99 \pm 4,5 \text{ cm}$ y conformaron el $79,01 \pm 21,3\%$ de la mecha, mientras que las fibras kemp resultaron cortas ($1,67 \pm 1,0 \text{ cm}$) y escasas ($0,31 \pm 0,8\%$). El diámetro de las fibras cortas-delgadas se concentró entre los 24 y los 36 μm , con un segundo grupo de fibras largas-gruesas entre los 40 y 52 μm . Se constató que los animales con lana color café presentaron fibras más delgadas ($26,9 \pm 8,6 \mu\text{m}$; $p < 0,05$), que el resto de los colores (Galdámez y col., 2012). Los estudios realizados sobre ovejas criollas, no concuerdan con la clasificación de lanas oficial que la considera solo como carpet wool o lana para alfombras.

III.7.3 Análisis de los resultados

Se efectuaron análisis descriptivos univariados y de correlación de Pearson, previo análisis de los supuestos. Además, se emplearon análisis de componentes

principales (ACP) con gráficos de biplot y de conglomerados (AC), (Cuadras, 2014; Peña, 2002). También se realizaron análisis de varianzas (ANVA) y pruebas de comparaciones múltiples de Tukey de cada variable, previo análisis de los supuestos. Cuando no se cumplió el supuesto de homogeneidad de varianzas, se emplearon modelos mixtos (Mc Culloch y Searle, 2001). Se efectuó un análisis discriminante (AD) (Cuadras, 2014; Peña, 2002). Se trabajó con un nivel de significación del 5 %. Se emplearon los software InfoStat (Di Rienzo y col., 2012) y SAS (SAS Institute Inc., 2009).

IV. MATERIALES Y METODOS

IV.1 Material Animal

Si bien no se ha formalizado aún un determinado patrón racial, hay características típicas bien identificadoras de los ovinos criollos (Cara limpia, patas peladas, panza limpia y comportamiento activo), que permiten reconocerlos de manera inequívoca. Para obtener el material a muestrear se realizaron numerosos viajes y entrevistas, con técnicos y productores de distintas regiones, algunos de ellos sin el éxito esperado, pero siempre con el objetivo de asegurar que los animales muestreados fuesen criollos. Se establecieron los siguientes criterios de muestreo: i. la información proporcionada por sus criadores; ii. el aislamiento reproductivo (disminuye la probabilidad de mestización) y iii. el tamaño de la majada (permite un muestreo más representativo). En todos los grupos las ovejas se muestrearon en forma aleatoria. Los motivos de descarte para la conformación de los grupos de estudio fueron principalmente: a) introducción a la majada de algún reproductor de otra raza; b) la ausencia en la majada de carneros criollos; c) desconocimiento por parte del criador del origen de la majada. Se han muestreado solo poblaciones en las que el criador pudo establecer que no hubo cruzamientos con otras razas. A efecto de poder realizar comparaciones entre animales de las distintas poblaciones se eligió muestrear solamente hembras adultas (ovejas de 4-6 dientes, según cronometría dentaria). Luego de una minuciosa búsqueda, se detectaron cuatro poblaciones en cuatro provincias distintas, que cumplían con las condiciones requeridas y sobre las cuales se efectuó el muestreo. A continuación se detallan:

IV. 1.1 Ovinos de Salta (SA)

La población de ovinos criollos con la cual se trabajó está ubicada en el Departamento de Iruya, localidad de Pueblo Viejo, a una altura de 3500 m.s.n.m. ($22^{\circ}47'27''S$, $65^{\circ}13'7''O$). Estos ovinos pertenecen a la comunidad aborígen colla, pueblo originario que ya se encontraba en el lugar mucho antes de la fundación de la ciudad de Iruya en 1753. Estas comunidades se caracterizan por mantener un sistema de producción familiar, básicamente para autoconsumo e intercambio y con poca inserción comercial. El sistema de producción es de tipo comunero, no hay alambrados perimetrales y el manejo de los animales tienen características trashumantes. Es realizado bajo la modalidad de veranada/invernada de acuerdo a la oferta forrajera. Las majadas son de tamaño pequeño (entre 20 y 300 ovejas), con servicio continuo, ya que los machos permanecen con las ovejas todo el año. Durante la noche, se las conduce para ser encerradas en corrales de pirca (ver Figura N°5), para protegerlas del ataque de depredadores.

Figura N°5: Ovinos criollos de Salta (SA)



IV. 1.2 Ovinos de Santiago del Estero (SE)

El muestreo de los animales se realizó en el Departamento de Figueroa ($27^{\circ}42'32''S$ $63^{\circ}46'25''O$), en el paraje El Pirucho. En el mismo habitan aproximadamente 16 familias, las cuales explotan la ganadería bovina como

principal recurso, y en forma secundaria la ganadería caprina y ovina (ver Figura N°6). Las majadas ovinas presentan entre 20 y 150 animales, y se utilizan básicamente para autoconsumo, venta de corderos y en forma secundaria se efectúa la venta de lana. Los animales son encerrados a la noche, en corrales de enramadas. Los carneros permanecen todo el año con la majada, y no se utiliza prácticamente planes sanitarios.

Figura N°6: Ovinos criollos de Santiago del Estero (SE)



IV. 1.3 Ovinos de Corrientes (CO)

El muestreo se realizó sobre una majada propiedad del productor Enrique Bouillon. El establecimiento donde se encuentran dichas ovejas es de producción ganadera mixta (ovino-bovino), llamado La Luisa de 2500 has de extensión, el cual se encuentra ubicado en la localidad de Sauce ($30^{\circ}5'9''S$, $58^{\circ}47'14''O$), cercano a la ciudad de Curuzú Cuatiá. Los animales se crían en forma extensiva (Figura N°7), siendo su finalidad la producción de corderos para venta local y consumo en el establecimiento. Se realiza servicio estacional en primavera y otoño. En el mismo, se realiza agricultura y ganadería bovina con ciclo completo.

Figura N°7: Ovinos criollos de Corrientes (CO)



IV. 1.4 Ovinos de Buenos Aires (BA)

Las ovejas muestreadas, pertenecen al productor Miguel Berreta, de la localidad de 25 de Mayo ($35^{\circ}25'00''S$, $60^{\circ}10'00''O$) en el centro de la provincia de Buenos Aires. El establecimiento se denomina La Juanita y allí mantiene la majada cerrada desde el año 1998. El número de animales se mantuvo relativamente estable desde su fundación en unas 800 ovejas. Los animales de dicho establecimiento se crían de manera extensiva, en los sectores del campo de menor aptitud agrícola y tiene como principal objetivo la producción de carne; no obstante, la lana es comercializada en barracas locales. Los corderos son vendidos a muy buen precio a carnicerías de la zona que aseguran una demanda sostenida. Carneros y ovejas se crían conjuntamente, no realizando un servicio estacionado.

Figura N°8: Ovinos criollos de Buenos Aires (BA)



IV.2 Caracterización Genética

IV.2.1 Tipo y Tamaño Muestral

Se tomaron muestras de sangre de la vena yugular, en tubos vacutainer con EDTA (ácido etilendiaminotetraacético) como anticoagulante, el cual se mantuvo a una temperatura entre 4°C y -20°C, hasta su procesamiento para la obtención del ADN. Para efectuar los análisis de microsatélites se tomaron 30 muestras de sangre por cada población: SA; BA; CO y SE, es decir que en total se analizaron 120 muestras. El análisis del ADN mitocondrial, se efectuó sobre la mitad de las muestras de sangre obtenidas, es decir sobre 15 muestras de cada población, o sea un total de 60 muestras.

Las muestras de sangre para la genotipificación de los microsatélites fueron acondicionadas y enviadas al Laboratorio de Genética Molecular de la Facultad de Veterinaria de la Universidad de Córdoba España y las correspondientes al análisis mitocondrial al Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET) de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Nacional de La Plata. En sendos laboratorios se realizaron todos los trabajos, desde la extracción del ADN hasta la obtención de los genotipos para cada animal.

IV.2.2 Microsatélites

IV.2.2.1 Técnicas utilizadas para la caracterización de alelos de microsatelites

El protocolo clásico que existe para extraer ADN del tejido sanguíneo, es el que utiliza el método ADN Gen Elute Kit Genomic Blood (Sigma Aldrich). El empleo de este método permite la obtención de una buena cantidad de ADN a partir de muestras de sangre. El proceso de extracción estuvo compuesto de los siguientes pasos: se colocó en un vial (tubo Eppendorf de 1,5ml), 200µl de sangre junto con

20 μ l de proteinasa K, y se agitó completamente en el vortex. Luego se añadió 20 μ l de ARNasa y se agitó nuevamente en el vortex. Posteriormente se incubó durante 2 minutos a temperatura ambiente. Se añadió a la muestra 200 μ l de solución de lisis y se incubó a 55°C durante 10 minutos. A continuación se añadió 200 μ l de etanol (95-100%) al lisado y se vortexeó. Se transfirió todo el contenido del tubo en una columna de mini-prep por extracción completa del tubo de 2ml (esta columna es propia del kit de extracción) el cual se activó previamente con la solución de preparación de las columnas. Luego se centrifugó a 8300 rpm durante un minuto y después se colocó la columna en un nuevo tubo de 2ml. Se añadió 500 μ l de solución de pre-lavado a la columna y se centrifugó a 8300 rpm durante un minuto y luego se colocó el contenido en un nuevo tubo de 2ml. Se añadió 500 μ l de solución de lavado a la columna y se centrifugó durante 3 minutos a 13000 rpm. A continuación, se descargó el producto de la centrifuga, se realizó el almacenamiento de la columna en el mismo tubo y se repitió la centrifugación durante 1 minuto a 13000 rpm. Se colocó la columna en un tubo nuevo de 2ml., se pipeteó 100 μ l de solución de elusión en el centro de la membrana interior de la columna, se incubó por 5 minutos y luego se centrifugó durante un minuto a 8300 rpm. Esta operación se realizó 2 veces. Al final se produjo la colonia y se guardó el ADN obtenido. Todas las muestras fueron sometidas a un análisis cuantitativo por espectrofotómetro y cualitativo mediante electroforesis en gel de agarosa. Luego de procesar todas las muestras, las mismas se diluyeron a una concentración final de 20ng/ μ l de ADN total y se almacenaron a -20°C para su utilización posterior (Villegas Castagnasso, 2017 com. pers.). Una vez obtenido el DNA molde, la siguiente etapa consistió 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 oligonucleotidos. 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. 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 oligonucleótidos 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. La detección de las bandas de migración se realizan actualmente utilizando cebadores marcados con sustancias fluorescentes, emisores de rayos láser y foto detectores de fluorescencia. Para ello se debe 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 oligonucleótidos 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 obtenidos por el secuenciador. Un protocolo clásico para la amplificación de las muestras y la obtención de las variantes con electroforesis es el siguiente: la amplificación se llevó a cabo mediante una serie de reacciones de PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa), utilizando la enzima Taq ADN “Hot Start” (Sigma Aldrich). Se llevó a cabo en el termociclador Biometra TGradient 96. Las condiciones de amplificación utilizaron el siguiente ciclado: 5´ a 95°C, seguido de 35 ciclos compuestos de: 30´ a 95°C, desnaturalización: 45´ a la temperatura de hibridación: 30´ a 72°C de extensión y un ciclo final de 15 minutos a 72°C. La mezcla de reacción se describe en la Tabla N° 3.

Tabla N°3: Preparación de la mezcla base para la reacción de PCR

Componente	Cantidad
DNA 20ng/µl	2 µl
PCR Buffer 10x	1.2 (1x final)
MgCl	1 µl (2.5 Mm)
Cebador 10µM	0.2pmol

DNTPs 10mM	0.25ul (200uM)
Taq 2.5 U/ μ l	0.20ul (0.05U/ μ l)
H ₂ O	Hasta completar
<i>Volumen</i>	10 μ l

Cada cebador lleva en su extremo 5' (5 end labelling techniques) una molécula de fluorocromo para poder ser detectada en la electroforesis capilar. Es en esta última instancia de sustancias específicas que, si se excitan por la luz laser del secuenciador, emiten una fluorescencia de diferentes longitudes de onda, de acuerdo a la molécula utilizada, que luego se muestran en colores diferentes. Esto permite, la electroforesis simultanea de fragmentos de ADN de igual longitud, que pudieron separarse por emplear diferentes fluorocromos FAM, HEX y NED con una lectura filtro D (modo de lectura de la cámara adquirida), que emite los colores azul, verde y amarillo respectivamente. El fluorocromo ROX (rojo) se utiliza como marcador de peso molecular (Genescan HD 400), que se caracterizó por diferentes fragmentos de hasta 400 pb de longitud. Las placas para efectuar la corrida electroforética con tecnología capilar, se prepararon de la siguiente forma: 1ml del amplicón de cada muestra, diluida con agua en la proporción 1:2, se adicionó 11 μ l de Formamida Altamente Dionisada (Hi-Di formamida) y 0.23 μ l del marcador de peso molecular Genescan 400 ROX HD. Las muestras se desnaturalizaron a 95°C durante 5 minutos, luego se colocaron en un baño de hielo, y posteriormente se cargaron en el Genetic Analyzer 3130xl para ser sometida a la electroforesis capilar automática. Los productos de amplificación generados por la PCR, fueron analizados mediante electroforesis capilar utilizando un secuenciador ABI 377xl (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA). La asignación de los genotipos para los diferentes microsátélites se llevó a

cabo utilizando el programa Gene Mapper versión 4.0 (Applied Biosystems) y el marcador interno LIZ 500 (500pb) (Villegas Castagnasso, 2017 com. pers.)

IV.2.2.2 Microsatelites analizados

La caracterización genética a nivel autosómico se realizó utilizando un panel de 30 microsatélites recomendados por la FAO para realizar estudios de variabilidad genética en ovinos (<http://www.fao.org/docrep/014/i2413e/i2413e00.pdf>). Dicho panel incluye los siguientes marcadores:

Tabla N°4: Microsatélites para la caracterización ovina

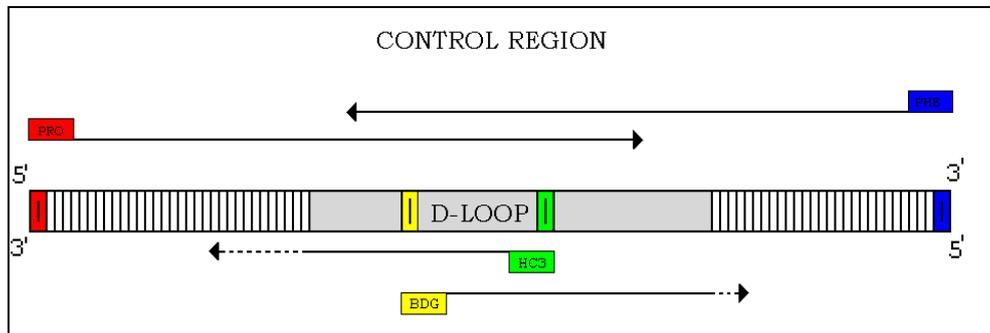
Microsatélite	Cromosoma	Rango bp	Referencia Bibliográfica(*)
BM1824	1	171-177	(Bishop y col., 1994)
BM6506	1	147-216	(Bishop y col., 1994)
BM6526	1	149-175	(Bishop y col., 1994)
CSRD247	14	213-259	(Davies y col., 1996)
CSSM66	9	163-215	(Moore y col., 1997)
D5S2	5	176-206	(Vaiman y col., 1994)
ETH010	5	201-221	(Solinas Toldo y col., 1993)
ETH225	9	132-160	(Steffen y col., 1993)
HSC	20	268-302	(Blattman y Beh, 1992)
ILSTS011	9	268-292	(Brezinsky y col., 1993)
INRA035	12	104-145	(De Gortari y col., 1997)
INRA63	14	157-195	(Vaiman y col., 1994)
MAF65	15	126-146	(Buchanan y col., 1992a)
MAF209	17	109-143	(Buchanan y col., 1992b)
MAF214	16	174-282	(Buchanan y Crawford, 1992c)
McM527	5	160-186	(Hulme y col., 1994)
OarAE129	5	133-159	(Penty y col., 1993)
OarCP20	21	66-92	(Ede y col., 1995)
OarCP34	3	106-126	(Ede y col., 1995)
OarCP49	17	79-107	(Ede y col., 1995)
OarFCB011	9	119-147	(Buchanan y Crawford, 1993)
OarFCB020	2	95-120	(Buchanan y col., 1994)
OarFCB048	17	139-171	(Buchanan y col., 1994)

OarFCB304	19	137-193	(Buchanan y Crawford, 1993)
RM006	5	115-139	(Kossarek y col., 1993)
SPS113	10	134-146	(Hoffman y col., 2004)
SPS115	15	236-254	(Byrne y Moore, 1993)
TGLA053	12	145-177	(Georges y Massey, 1992)
TGLA122	18	133-153	(Georges y Massey, 1992)
TGLA126	16	119-147	(De Gortari y col., 1997)

IV.2.3 ADN Mitocondrial

Para el análisis de los matrilineajes se utilizó un segmento de la región control del D-Loop mitocondrial de 15 muestras de cada población de forma aleatoria. La extracción de ADN se realizó por el método orgánico a partir de las muestras de sangre, las mismas fueron conservadas en tubos de ensayo rotulados, y fueron llevadas refrigeradas al Instituto de Genética Veterinaria "Ing. Fernando N. Dulout" Universidad Nacional de La Plata – CONICET, donde se estimó la variabilidad genética de matrilineajes presentes en los ovinos criollos argentinos analizando un segmento de 600 bp de la región control del ADN mitocondrial. La reacción de amplificación se realizó utilizando un cebador directo (PRO: 5'-CACTATCAACACCCAAAGCTGAAG-3') y uno reverso (PHE: 5'-GCATTTTCAGTGCCTTGCTT-3') (Pedrosa y col., 2005). El resultado de la misma dió un amplicón que comprende un fragmento entre las posiciones 15437 y 16616 de la secuencia nucleotídica de referencia AF010406 (Hiendleder, 1998). Este fragmento fue utilizado como molde para la reacción de secuenciación, que se realizó sobre ambas cadenas con los cebadores BGD (5'-CATCTGCTTCTTTCTTCAGGGCCATC-3') y HC3 (5'-AGACGGCCATAGCTGAGTCCAG-3') (Figura N°9)

Figura N°9: Representación del fragmento amplificado y la posición relativa de los cebadores utilizados. PRO y PHE cebadores de la reacción de amplificación y HC3 y BDG de la reacción de secuenciación.



Las reacciones de secuencia se procesaron en un secuenciador automático MegaBACE 1,000 utilizando el kit DYEnamic ET DyeTerminator (GE Healthcare U.S.A.).

IV.2.4 Análisis de la Diversidad Genética

A partir de los genotipos se determinaron los siguientes parámetros de diversidad genética para la totalidad de los loci microsatélites: Proporción de loci polimórficos;

- Número de alelos totales (N_{at}): se realiza por conteo directo.
- Número de alelos por locus para cada población (N_a): se realiza por conteo directo.
- Número de alelos efectivos (A_e):

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

p_i : frecuencia del alelo i

- Heterocigosidad esperada (H_e): es la probabilidad de que dos alelos tomados al azar de la población sean diferentes.

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

- Heterocigosidad Observada (H_o): es la frecuencia relativa de individuos heterocigotos observados en la muestra para cualquiera de los loci.

$$H_o = \frac{\text{individuos heterocigotos}}{\text{número total de individuos analizados}}$$

- Contenido de Información Polimórfica (PIC): Este índice varía entre 0 y 1, permite evaluar la información de un marcador en la población de acuerdo a las frecuencias de los alelos. Se obtiene de multiplicar la probabilidad de cada posible cruzamiento (estimado a partir de las frecuencias alélicas) por la probabilidad de que sean informativos, es decir, que se pueda identificar al progenitor del que procede el alelo.

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

Donde $p_1 \dots p_n$ son las frecuencias de los n alelos.

IV.2.5 Estructura Poblacional y Distancias Genéticas

La estructura de las poblaciones se estudió utilizando los estadísticos F de Wright:

$$F_{IS} = 1 - \frac{\bar{H}}{\bar{H}e_S}$$

F_{IS} : mide la subdivisión intrapoblacional.

$$F_{IT} = 1 - \frac{\bar{H}}{\bar{H}e_T}$$

F_{IT} : mide la endogamia total

$$F_{ST} = 1 - \frac{\bar{H}e_S}{\bar{H}e_T}$$

F_{ST} : mide la subdivisión geográfica

Para establecer gráficamente las relaciones genéticas entre las poblaciones se empleó un Análisis Factorial de Correspondencia (AFC) que permitió clasificar los 120 individuos pertenecientes a las 4 poblaciones, a través de la totalidad de los alelos de los diferentes *loci* estudiados. La estructura de la población y el grado de mezcla se estudió mediante un modelo de mezcla con frecuencias alélicas correlacionadas (Pritchard y col., 2000; Zuccaro y col., 2008). También se utilizó en este sentido el análisis molecular de la varianza (AMOVA). Las distancias genéticas entre poblaciones se estimaron utilizando la distancia F_{ST} .

IV.2.6 Análisis estadístico de la información y software empleados

El (P), (N_{at}), (N_a), (A_e), (H_e) (H_o) y (PIC), para cada marcador se estimó con el programa Excel Microsatellite Toolkit V3.1.1 (Park, 2001). Las desviaciones del equilibrio Hardy Weinberg (HW) se estimaron utilizando las pruebas exactas que emplean Montecarlo vía cadenas de Markov, incluidas en el programa estadístico Genepop 4.2 (Rousset, 2008). La estructura de la población y el grado de mezcla se estimaron mediante un modelo de agrupación Bayesiano que incluye frecuencias alélicas correlacionadas (Pritchard y col., 2000; Zuccaro y col., 2008), utilizando el programa STRUCTURE (Pritchard y col., 2000). El número más probable de agrupaciones o K poblaciones presentes en el conjunto de datos se calculó con el algoritmo ΔK propuesto por (Evanno y col., 2005). El análisis factorial de correspondencias (AFC) se realizó mediante el software Genetix (Belkhir y col., 2003). Los análisis moleculares de la varianza (AMOVAS) se realizaron con el programa Arlequin, 2000 (Schneider y col., 2000). En organismos diploides la información de cada genotipo consiste en dos alelos por locus, por lo tanto, durante la construcción de la matriz de datos moleculares, cada

genotipo posee dos filas (una para cada alelo) por lo tanto, el número de datos se duplica ($2N$). La Suma de cuadrados (SC) total fue particionada en “SC entre Poblaciones” y “SC dentro de poblaciones” con los grados de libertad $P-1$ y $2N-P$ respectivamente, siendo P : número total de poblaciones y N : número total de individuos. Las varianzas para cada fuente de variación fueron estimadas a partir de las esperanzas matemáticas de los CM, y sus porcentajes relativos se calcularon dividiendo cada una de ellas por la varianza total. Para estimar el nivel de significancia de los índices, se usaron permutaciones aleatorias (10.000) de los genotipos entre las muestras (Jackknifing) (Excoffier y col., 1992). Para el análisis de las secuencias obtenidas del D-Loop mitocondrial se utilizó el programa Chromas Pro. El análisis de similitud se realizó mediante los programas CLUSTALW2 y ARLEQUIN, incluyendo en este análisis los haplogrupos nodales ovinos relacionados con el origen de los ovinos que ingresaron al continente americano (A, B y C).

IV.3. Caracterización morfológica

IV.3.1 Tipo y Tamaño Muestral

La caracterización morfológica se realizó sobre un total de 203 ovejas adultas, consideradas como tal, aquellas que presentaron de cuatro a seis dientes según cronometría dentaria. Las mismas se distribuyeron por región de la siguiente manera: Salta (SA=44); Santiago del Estero (SE=60); Corrientes (CO=40) y Buenos Aires (BA=59).

IV.3.2 Medidas Zoométricas

En todas las poblaciones se tomaron 13 medidas zoométricas, que dependiendo de la región corporal, se agruparon en dos categorías: cefálicas y del tronco. Las

medidas del tronco fueron tomadas con una regla métrica, salvo el perímetro torácico que se midió con una cinta métrica. El peso (PE) se registro en todos los casos sin considerar un periodo de ayuno con una balanza digital. Se tomaron las siguientes medidas zoométricas:

Longitud de la cabeza (LC): distancia desde la protuberancia del hueso occipital (región de la nuca) hasta el labio superior;

Ancho de la cabeza (ANC): distancia entre los ángulos mediales de los ojos.

Alzada a la cruz (ACR): distancia entre el suelo y el punto más elevado de la cruz.

Alzada al dorso (ADO): distancia desde el punto medio de la región dorsal al suelo.

Alzada a la grupa (AGR): distancia desde el suelo hasta el punto de unión de la región del lomo con la grupa.

Diámetro longitudinal (DLO): distancia entre la punta de la articulación escapulo-humeral y la punta del isquion.

Diámetro dorso-esternal (DDE): distancia vertical entre la parte más culminante de la cruz y la región esternal inferior.

Diámetro entre encuentros (DEE): diámetro entre los puntos más craneales y laterales del humero.

Diámetro bicostal (DBI): distancia entre ambos planos costales tomando como referencia los límites de la región costal respecto a las proximidades de la articulación del codo.

Ancho de la grupa (ANGR): distancia entre las tuberosidades coxales.

Longitud de la grupa (LGR): distancia entre la punta del anca y la punta del isquion.

Perímetro torácico (PTO): perímetro del tronco a la altura de la cruz y la región esternal inferior.

Peso (PE): peso corporal.

IV.3.3 Índices Zoométricos

Los índices zoométricos expresan relaciones entre dos dimensiones lineales (Aparicio, 1960). A partir de las medidas tomadas se calcularon 8 índices zoométricos. Cuatro de ellos denominados *Índices Etnológicos* que están orientados a indicar el grado de homogeneidad racial a partir de la información general sobre su estructura y proporciones (la compacidad, altura, longitud) (Aparicio, 1960). Ellos son el Índice cefálico (ICE), Índice Pelviano (IPE), Índice Torácico (ITO) e Índice Corporal (ICO), Las fórmulas de cálculo son:

$$\text{Índice cefálico (ICE): } \frac{\text{Ancho de la cabeza (ANC)}}{\text{Longitud de la cabeza (LC)}} \times 100$$

$$\text{Índice pelviano (IPE): } \frac{\text{Ancho de la grupa (ANGR)}}{\text{Longitud de la grupa (LGR)}} \times 100$$

$$\text{Índice torácico (ITO): } \frac{\text{Diámetro bi costal (DBI)}}{\text{Diámetro dorso – esternal (DDE)}} \times 100$$

$$\text{Índice corporal (ICO): } \frac{\text{Diámetro longitudinal (DLO)}}{\text{Perímetro torácico (PTO)}} \times 100$$

Los otros cuatro denominados *Índices Funcionales*, se utilizan para establecer las características funcionales de los animales en relación a la aptitud productiva, pudiendo indicar tres tipos de tendencias: carnicera-lanera, lechera y dinámica o para trabajo (Aparicio, 1960). Ellos son el Índice de Profundidad relativa del tórax

(IPR), Índice pelviano transversal (IPT), Índice pelviano longitudinal (IPL) y el Índice de cortedad relativa (ICR). Su fórmula de cálculo es:

Índice de la profundidad relativa del tórax (IPR):

$$\frac{\text{Diámetro dorso-esternal}(DDE)}{\text{Alzada a la cruz}(ACR)} \times 100$$

$$\text{Índice pelviano transversal (IPT): } \frac{\text{Ancho de grupa}(ANGR)}{\text{Alzada a la cruz}(ACR)} \times 100$$

$$\text{Índice pelviano longitudinal (IPL): } \frac{\text{Longitud de grupa}(LGR)}{\text{Alzada a la cruz}(ACR)} \times 100$$

$$\text{Índice de cortedad relativa (ICR): } \frac{\text{Alzada a la cruz}(ACR)}{\text{Diámetro bi costal}(DBI)} \times 100$$

IV.3.4 Análisis estadístico y software empleado

Se efectuaron análisis estadísticos descriptivos para todas las variables en cada región, que incluyeron Análisis de Componentes Principales (ACP) (Cuadras, 2012; Peña, 2002). Los resultados del ACP se graficaron en un biplot que permite la representación de los perfiles filas y columnas en simultáneo (ponderados por sus respectivos pesos) (Greenacre y Hastie, 1987). Luego se realizaron análisis de varianzas (ANVA) de cada variable bajo estudio. Cuando no se cumplió el supuesto de homogeneidad de varianzas se emplearon modelos mixtos con una matriz de errores diagonal heterogénea según región, en el ANVA (Mc Culloch y Searle, 2001). En todos los casos se empleó la prueba de comparaciones múltiples de Tukey. Se trabajó con un nivel de significación del 5%. Se emplearon los software InfoStat y SAS (Di Rienzo y col., 2008; SAS Institute Inc., 2009).

Para los índices zoométricos también se efectuaron análisis descriptivos univariados y de correlación de Pearson. Se realizaron análisis de varianzas (ANOVA), verificándose previamente sus supuestos. Cuando no se cumplió el supuesto de homogeneidad de varianzas, se emplearon modelos mixtos con una matriz de errores diagonal heterogénea según región (Mc Culloch y Searle, 2001). Se emplearon las pruebas de comparaciones múltiples de Tukey (varianzas homogéneas) o Tukey-Cramer (varianzas heterogéneas). Además, se empleó la técnica multivariada de Análisis de Componentes Principales (ACP) (Cuadras, 2014; Peña, 2002). Los resultados de los ACP se grafican en un biplot que permite la representación en dos dimensiones (primera y segunda componente principal) de los ovinos y variables medidas en simultáneo (Cuadras, 2014; Peña, 2002). Se trabajó con un nivel de significación del 5%. Se emplearon los software InfoStat (Di Rienzo y col., 2012) para ACP y SAS (SAS Institute Inc., 2009), para los ANOVA (procedimientos GLM y MIXED).

IV.4 Caracterización de la lana

IV.4.1 Tipo y Tamaño Muestral

La caracterización de la lana se realizó sobre un total de 203 ovejas adultas, consideradas como tal, aquellas que presentaron de cuatro a seis dientes según cronometría dentaria. El período medio del crecimiento de la lana fue de 330 ± 18 días. Las ovejas se distribuyeron por región de la siguiente manera: Salta (SA=44); Santiago del Estero (SE=60); Corrientes (CO=40) y Buenos Aires (BA=59). Las muestras individuales de lana de cada oveja, se obtuvieron de la región del costillar del lado izquierdo utilizando una tijera de esquilar, una vez obtenidas, las mismas se colocaron en bolsitas individuales con los datos

identificatorios del animal al que pertenecía la muestra y se almacenaron en un lugar adecuado para su óptima preservación.

IV.4.2 Determinación de las características de la lana

Las muestras de lana de las 203 ovejas fueron enviadas al Laboratorio de Fibras Textiles del INTA Bariloche donde se realizaron los procedimientos necesarios para las determinaciones de calidad de lana. Las muestras se analizaron utilizando un equipo OFDA2000®. De las muestras de lana se extrajeron mechas, las cuales se desengrasaron mediante un baño ultrasónico anexo al equipo en una solución de hexano/isopropílico (80:20) durante 60 segundos. Las mechas desengrasadas se colocaron en una gradícula ad hoc y se realizaron las mediciones de diámetros en secciones transversales de las mechas de lana cada 5 mm hasta recorrer toda su longitud. El equipo proveyó los valores de las siguientes cinco variables para el total de las muestras de lana:

Diámetro medio de fibra (DMF; μm): es una medida del grosor de las fibras individuales de cada oveja.

Desvío estándar del diámetro medio de fibra (DE_DMf; μm): es una medida de dispersión de las mediciones individuales mencionadas anteriormente

Factor de confort (FC; %): que representa el porcentaje del total de las fibras que tiene menos de 30 micrones, su importancia radica en la estimulación nerviosa que producen sobre la piel las fibras gruesas (picazón).

Curvatura media de la ondulación (CU; $^{\circ}/\text{mm}$): es una medida usada para describir la ocupación de espacios de una masa de fibras, relevante tanto para prendas de vestir como para tapicería y alfombras.

Largo de mecha (LM; mm): es una medida de la longitud de las mechas sobre su eje longitudinal sin estiramientos, que influye sobre su capacidad de procesamiento textil.

IV.4.3 Análisis estadístico y software utilizado

Se efectuaron análisis descriptivos univariados y de correlación de Pearson, previo análisis de los supuestos. Además, se emplearon las técnicas de análisis multivariado de análisis de componentes principales (ACP) y análisis de conglomerados (AC), (Cuadras, 2014; Peña, 2002). Los resultados del ACP se graficaron en un biplot que permite la representación en dos dimensiones (Cebadora y segunda componente principal) de las ovejas y las variables medidas en forma simultánea (Cuadras, 2014). Para AC se empleó la matriz de distancias euclídeas; la selección del método jerárquico de agrupamiento se realizó a través del coeficiente de correlación cofenética (Sokal y Rohlf, 1962); el número de conglomerados se determinó mediante el criterio de conglomerado cúbico (CCC) y el valor pseudo F (SAS Institute Inc., 2009). También se realizaron análisis de varianzas (ANVA) de cada variable bajo estudio, previo análisis de los supuestos. Cuando no se cumplió el supuesto de homogeneidad de varianzas, se emplearon modelos mixtos con una matriz de errores diagonal heterogénea según región, en el ANVA (Mc Culloch y Searle, 2001). Se emplearon las pruebas de comparaciones múltiples de Tukey (varianzas homogéneas) o Tukey-Cramer (varianzas heterogéneas). Se efectuó un análisis discriminante a los efectos de estudiar el grado de diferenciación entre las regiones a través de la tasa de error por validación cruzada (Cuadras, 2014; Peña, 2002). Se trabajó con un nivel de

significación del 5 %. Se emplearon los software InfoStat (Di Rienzo y col., 2012) y SAS (SAS Institute Inc., 2009).

V. RESULTADOS

V.1 Caracterización genética del ovino criollo

V.1.1 Variabilidad genética

En la población total de ovinos criollos muestreados (n=120), se detectó un total de 294 variantes alélicas en los treinta marcadores microsatélites tipificados. La población con mayor número de alelos (Na) fue CO=226 (Tabla N°5). La media general de alelos por locus (Nam) fue de 9,8. Esta particularidad puede explicarse porque todas las poblaciones presentaron alelos privativos o únicos (Ap). También CO mostró el mayor número de alelos efectivos (Ae) =

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

p_i: frecuencia del alelo i.

Tabla N°5: Valores de cada parámetro para cada población.

Poblacion	Na	Nam	Ap	Ae
Buenos Aires (BA)	172	5,73	14	3,193
Corrientes (CO)	226	7,53	31	4,078
Salta (SA)	201	6,7	15	4,036
Santiago del Estero (SE)	185	6,16	9	3,856

El microsatélite ETH010 fue el que presentó el menor número de alelos (Na = 3) en el total de las poblaciones, mientras que el marcador OarCP49 presentó el mayor número de variantes (Na = 21). BA mostró todos los alelos presentes en los loci BM1824 (Na=5), ETH10 (Na=3) y OarAE0129 (Na=7), CO tiene todos los alelos presentes en los loci BM1824 (Na=5), D5S2 (Na=5) y McM527 (Na=7), SE solo tiene todos los alelos presentes de BM1824 (Na=5) y SA no presento la totalidad de los alelos en ninguno de los marcadores analizados. La Tabla N°5, muestra la Heterocigosidad Observada (Ho), la Heterocigosidad Esperada (He) y el Contenido

de Información Polimórfica (PIC) por *loci* y por población. De los treinta marcadores microsatélites tipificados, veinticuatro presentaron valores mayores a 0.50 mostrando la utilidad de los mismos para analizar diversidad genética ya que son altamente informativos.

Tabla N°6: Parámetros poblacionales para cada microsatélite.

Locus	PIC	Población							
		CO		SE		SA		BA	
		Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He
BM1824	0.719	0.724	0.738	0.68	0.753	0.5	0.626	0.552	0.688
BM6506	0.674	0.667	0.701	0.621	0.625	0.633	0.746	0.714	0.625
BM6526	0.727	0.8	0.757	0.7	0.674	0.7	0.566	0.767	0.766
CSRD247	0.707	0.5	0.731	0.75	0.751	0.64	0.671	0.69	0.656
CSSM66	0.847	0.931	0.876	0.667	0.713	0.586	0.807	0.759	0.764
D5S2	0.633	0.75	0.678	0.63	0.698	0.643	0.621	0.633	0.61
ETH010	0.149	0.067	0.064	0.167	0.153	0.133	0.124	0.3	0.265
ETH225	0.528	0.567	0.525	0.379	0.432	0.759	0.708	0.567	0.527
HSC	0.832	0.852	0.805	0.786	0.768	0.852	0.849	0.793	0.732
ILSTS01	0.698	0.619	0.642	0.714	0.729	0.704	0.75	0.643	0.719
INRA35	0.791	0.867	0.797	0.667	0.796	0.862	0.754	0.759	0.651
INRA63	0.747	0.733	0.743	0.481	0.607	0.962	0.804	0.821	0.652
MA065	0.74	0.767	0.716	0.731	0.73	0.933	0.667	0.733	0.777
MAF209	0.769	0.759	0.699	0.759	0.744	0.929	0.78	0.69	0.76
MAF214	0.444	0.5	0.471	0.433	0.391	0.467	0.562	0.3	0.263
McM527	0.731	0.967	0.824	0.867	0.802	0.8	0.651	0.733	0.563
OarAE0129	0.652	0.533	0.614	0.19	0.499	0.379	0.551	0.667	0.688
OarCP20	0.711	0.448	0.69	0.5	0.774	0.633	0.669	0.12	0.254
OarCP34	0.642	0.7	0.654	0.621	0.64	0.759	0.735	0.567	0.641
OarCP49	0.873	0.867	0.874	0.897	0.88	0.828	0.872	0.655	0.763
OarFCB011	0.758	0.931	0.766	0.833	0.778	0.767	0.768	0.517	0.561
OarFCB020	0.81	0.867	0.86	0.667	0.624	0.926	0.818	0.724	0.757
OarFCB048	0.77	0.833	0.719	0.759	0.674	0.967	0.832	0.8	0.814
OarFCB304	0.837	0.733	0.725	0.862	0.851	0.897	0.832	0.643	0.661
RM006	0.637	0.679	0.67	0.63	0.627	0.69	0.646	0.552	0.546
SPS113	0.703	0.633	0.709	0.7	0.628	0.786	0.753	0.7	0.705
SPS115	0.772	0.931	0.814	0.833	0.788	0.769	0.765	0.759	0.765
TGLA053	0.878	0.821	0.807	0.897	0.878	0.867	0.873	0.821	0.793
TGLA122	0.758	0.759	0.822	0.5	0.692	0.417	0.614	0.5	0.556
TGLA126	0.853	0.633	0.747	0.52	0.845	0.462	0.76	0.517	0.747

PIC=Contenido de Información Polimórfica; H_o =Heterocigosidad Observada; H_e =Heterocigosidad Esperada; CO=Corrientes; SE=Santiago del Estero; SA=Salta y BA=Buenos Aires.

El marcador con mayor contenido de información polimórfica fue el TGLA053 (PIC= 0,877) y los de menor valor ETH010 (PIC=0,148) y MAF214 (PIC=0,444). Los valores encontrados de H_o variaron entre 0.067 para el marcador ETH010 en CO y 0,967 para los marcadores McM527 y OarFCB048 en CO y SA, respectivamente. En el caso de la H_e , los valores obtenidos oscilaron entre 0,064 para el marcador ETH010 en CO y 0,88 para el marcador OarCP49 en SE. Todas las poblaciones presentaron loci con desequilibrio de Hardy-Weinberg ($p < 0,05$): BA= 2 (OarCP20; OarFCB304), SE= 6 (OarAE0129; OarCP20; TGLA126; ILSTS01; INRA35; SPS115) y las de mayor número fueron CO y SA= 9 (CSR247; CSSM66; ETH225; OarAE0129; OarCP20; OarFCB011; OarFCB048; SPS113; TGLA126) y (CSSM66; OarAE0129; OarFCB011; TGLA126; BM1824; BM6506; BM6526; CSR247; OarFCB304), respectivamente. Ningún marcador presentó desequilibrio simultáneamente en las cuatro poblaciones. El valor de F_{is} multilocus (índice de fijación de Wright), que describe el exceso o déficit de heterocigotas de la población fue = 0,0305 (desde -0,008 hasta 0,069), valor bajo y con un intervalo que incluye el cero, lo que indica que en promedio la distribución de los genotipos no se aleja del equilibrio H-W. La población con mayor diversidad genética resultó CO, presentando mayor heterocigosis y menor valor F_{is} , en segundo lugar se ubicó SA, mientras que SE y BA presentaron menores valores de heterocigosidad y mayores valores de F_{is} , lo que indicaría una menor variabilidad genética, debido quizás a un incremento de la homocigosis por fijación de alelos o endogamia. Sin embargo, los F_{is} calculados para las poblaciones estudiadas pueden ser considerados bajos en general (Tabla N°7).

Tabla N°7: Indicadores de diversidad genética por población

Población	H _e	H _o	F _{is}	
CO	0.715	0.708	0.00835	(-0.05573 - 0.04374)
SE	0.648	0.685	0.07264	(0.01056 - 0.10591)
SA	0.708	0.706	0.01470	(-0.03601 - 0.05084)
BA	0.633	0.642	0.03180	(-0.02844 - 0.05222)
Promedio	0.676	0.685	0.03048	(-0.00782 - 0.06862)

CO=Corrientes; SE=Santiago del Estero; SA=Salta; BA=Buenos Aires. H_e=Heterocigotas promedio esperados; H_o= Heterocigotas promedio observados; F_{is}= valores con su Intervalo de Confianza.

V.1.2 Estructuración Poblacional

Para estimar la distancia entre las poblaciones se construyó la matriz de distancias genéticas entre las cuatro regiones geográficas, utilizando el parámetro F_{ST} (Tabla N°8).

Tabla N°8: Matriz de distancia genética entre las poblaciones utilizando el método de diferentes alelos (F_{st})

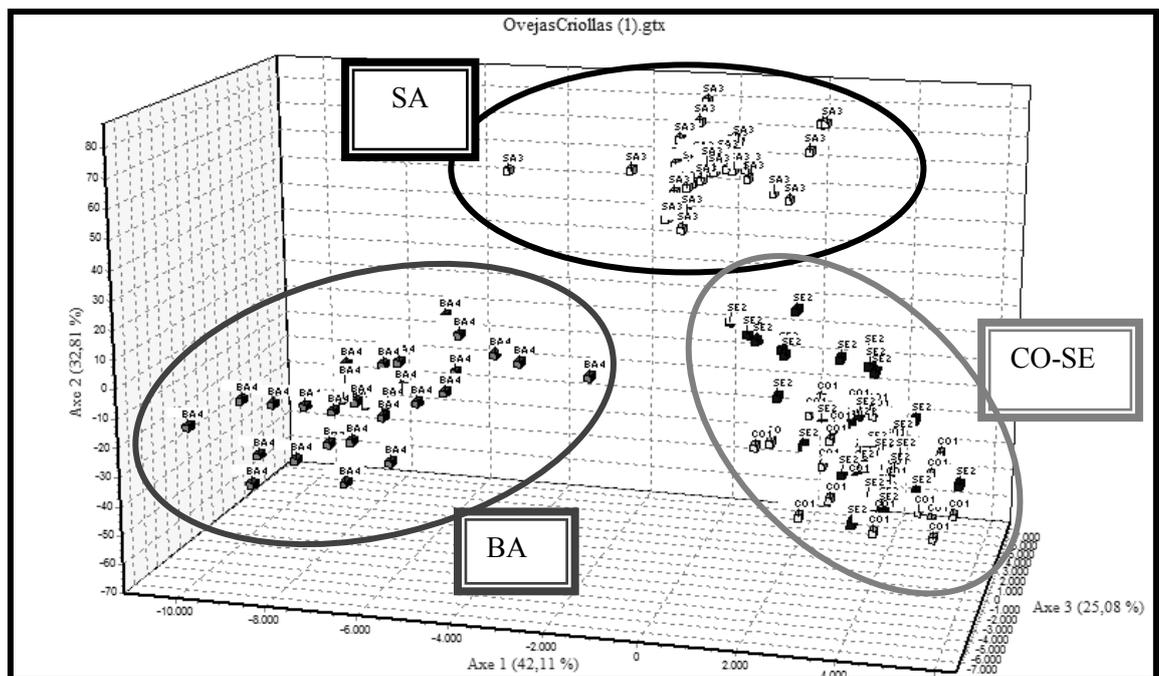
	CO	SE	SA	BA
CO	0.00000			
SE	0.03273	0.00000		
SA	0.06493	0.07156	0.00000	
BA	0.07989	0.10414	0.09821	0.00000

CO=Corrientes; SE=Santiago del Estero; SA=Salta; BA=Buenos Aires).

Las poblaciones CO y SE fueron las que presentaron menor distancia genética (0,033), mientras que las más alejadas fueron BA y SE (0,104) y BA con SA (0,098). BA fue la población más diferente del resto de las regiones. En concordancia con la matriz de distancias genéticas, el AFC permitió identificar a las poblaciones más distanciadas del centro de coordenadas del *biplot* como las más divergentes. Además, el *biplot*, construido con el primer y segundo eje, explicó un alto porcentaje de la variabilidad total (75 %). La Figura N°10, muestra a CO y SE como las más próximas entre sí, mientras que BA y SA se mantuvieron

como grupos separados. El *biplot* demostró la existencia de un arreglo poblacional particular, los individuos pertenecientes a una población siempre se agruparon juntos y no se mezclaron con individuos de otra población, a excepción de las poblaciones CO y SE, cuyos individuos se solaparon y quedaron formando un solo grupo. De esta forma, se pudo comprobar gráficamente la existencia de 3 grupos, que según su ubicación geográfica los hemos denominado: CO+SE (Centro), SA (Norte) y BA (Sur). (Figura N°10, Peña y col. 2017).

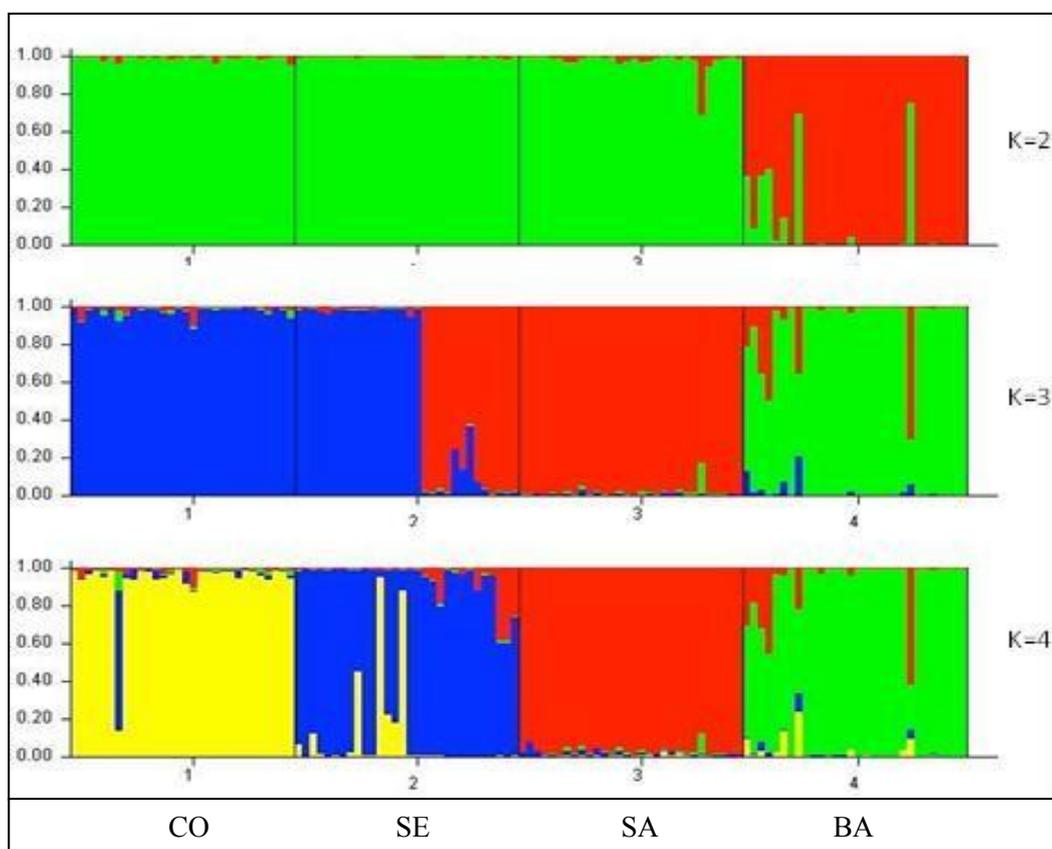
Figura N°10: Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples (AFC) entre los individuos de las diferentes poblaciones: Corrientes - Santiago del Estero (CO- SE) = Centro; Salta (SA) = Norte y Buenos Aires (BA) = Sur.



Por otra parte, la aplicación del modelo bayesiano, de acuerdo al método propuesto por Evanno y col. (2005) reveló un número esperado de clusters (K) entre 1 y 6. En este análisis se asumió que K= 4 ya que resultó ser el número de poblaciones que se diferenciaron en función de la variabilidad genética encontrada (Figura N°11). La población de Buenos Aires resultó ser la más distante de acuerdo a su composición genética en relación con las otras poblaciones analizadas. Al aumentar el K, se fue

diferenciando primero con la población Salteña y subsiguientemente con las poblaciones de Corrientes y Santiago del Estero (Figura N°11). Para definir la estructura poblacional, se utilizaron dos análisis moleculares de la varianza (AMOVAS). El primero, consideró las cuatro poblaciones pertenecientes a un mismo grupo y se estimó particionando la diversidad genética total en “Suma de Cuadrados entre poblaciones” y “Suma de Cuadrados dentro de poblaciones”.

Figura N°11: Estructura poblacional analizada por STRUCTURE para las poblaciones. (CO: Corrientes; SE: Santiago del Estero; SA: Salta; BA: Buenos Aires) con los valores de K= 2, 3 y 4.



Posteriormente, se computó un segundo AMOVA, estructurando los datos en función del AFC, el número de clusters esperado y la matriz de distancia genética (FST). Entonces se consideraron tres grupos de poblaciones o Regiones: 1- Buenos Aires (Sur); 2- Salta (Norte); 3- Corrientes + Santiago del Estero (Centro). En el

modelo jerárquico, la “Suma de Cuadrados entre poblaciones” considerada en el primer modelo, se dividió en: “Suma de Cuadrados entre Regiones” y “Suma de Cuadrados entre Poblaciones dentro de Regiones” (Schneider y col., 2000). El AMOVA (sin estructura) mostró diferencias significativas entre las cuatro poblaciones. Sin embargo, el porcentaje de variación que explicó dicha fuente fue sólo del 7,6 %, mientras que la mayor variabilidad se expresó “dentro de poblaciones” con un porcentaje del 92,5 % (Tabla N°9 -a). El AMOVA (con estructura) mostró diferencias significativas entre grupos (regiones) y dentro de poblaciones, pero las poblaciones dentro de los grupos no fueron diferentes, señalando que Corrientes y Santiago pueden ser consideradas integrantes de una misma población (Centro). Posteriormente, un segundo AMOVA fue computado, estructurando los datos en función del AFC y la matriz de distancia genética (FST), es decir, considerando tres grupos: 1- Buenos Aires, 2- Salta, 3- Corrientes-Santiago del Estero. En el primero de los análisis (sin estructura), se observan diferencias significativas entre las 4 poblaciones. Sin embargo, el porcentaje de variación que explicó dicha fuente fue sólo del 7,6 %, mientras que la mayor variabilidad se expresó “dentro” con un porcentaje del 92,45% (Tabla N°9 -a). El segundo AMOVA (con estructura) mostró diferencias significativas entre grupos y dentro de poblaciones, pero las poblaciones dentro de los grupos no fueron diferentes, señalando que Corrientes y Santiago pueden ser consideradas integrantes de una misma población. La máxima variabilidad también fue explicada por la fuente de variación “dentro de poblaciones” (Tabla N°9 -b).

Tabla N°9: Análisis Molecular de la Varianza (AMOVA) a- Análisis sin estructura poblacional. b- Análisis con estructura poblacional.

Fuentes de variación	gl ⁽¹⁾	Suma de Cuadrados	Componentes de Varianza	p ⁽²⁾	Porcentaje de variación
a					
Entre poblaciones	3	105,71	0,49 (Va)	<0.01	7,55
Dentro de poblaciones	236	1.411,05	5,98 (Vc)		92,45
Total	239	1.516,82	6,47 (Vt)		
b					
Entre regiones (Norte-Centro y Sur)	2	87,48	0,98 (Va)	<0.01	5,2
Entre poblaciones dentro de regiones	1	18,3	0,32 (Vb)	0.16	3,15
Dentro de Poblaciones	236	1.411,05	10,16 (Vc)	<0.01	91,65
Total	239	1.516,82	11,46 (Vt)		

⁽¹⁾Grados de libertad; ⁽²⁾Nivel de probabilidad.; (Va): Varianza debida a diferencias entre genotipos de diferentes poblaciones; (Vb): Varianza debida a diferencias entre genotipos de diferentes poblaciones dentro de una región; (Vc): Varianza debido a diferencias entre genotipos dentro de una población; (Vt): Varianza molecular total.

V.1.3 Análisis de los Linajes Maternos

En el caso del análisis del D-Loop mitocondrial, las secuencias obtenidas se compararon con las bases de datos públicas de secuencias nucleotídicas utilizando el algoritmo BLAST. Esto permitió determinar su identidad con los haplotipos ovinos previamente reportados para el D-Loop mitocondrial. Posteriormente, se realizó el alineamiento de las secuencias empleando el programa DNAMAN versión 5.2.10 (Lynnon BioSoft, Quebec, Canadá, 2014) y se completó el análisis con las secuencias consensos representativos de los haplogrupos A, B y C. Estos haplogrupos se diferencian entre sí en 7 sitios polimórficos (Tabla N°10).

Tabla N°10: Sitios polimórficos para los Haplogrupos A, B, C y en las poblaciones locales.

Haplogrupo/Población	Posición							
	16250	16258	16285	16471	16482	16495	16576	16646
Haplogrupo A	C	C	A	C	G	G	C	C
Haplogrupo B	T	T	A	C	A	A	C	T
Haplogrupo C	T	T	A	T	A	A	T	T
Poblaciones Locales	C	C	G	C	G	G	C	C
Poblaciones Locales	C	C	A	C	G	G	C	C

Las muestras analizadas pertenecen al haplogrupo A, de origen asiático. Por su parte, durante el análisis de las secuencias propias se encontró un sitio polimórfico nuevo que se presentó en el 68 % de los animales analizados.

V.2 Caracterización Morfológica del ovino criollo

La caracterización morfológica se realizó utilizando variables e índices zoométricos y las características objetivas de la lana.

V.2.1 Variables Zoométricas

V.2.1.1 Estadística descriptiva de las variables zoométricas

La estadística descriptiva de las variables zoométricas además de las medidas resumen de posición y de dispersión, incluye Análisis de Componentes Principales (ACP) y biplot. En la Tabla N°11 se observan las medias, los desvíos estándar, el coeficiente de variación y las medianas para las 13 variables estudiadas en las 203 ovejas muestreadas. De todas las variables, fue el peso (PE), la que presentó mayor dispersión respecto de la media (CV=21,1 %), por el contrario la Alzada a grupa (AGR) presentó la menor dispersión (CV=5,1).

Tabla N°11: Estadísticos de posición y dispersión de las 13 variables zoométricas para todas las ovejas muestreadas.

Variable	Media	DS	C.V	Mediana
PE (kg)	34,3	7,3	21,1	33,0
ACR (cm)	63,2	4,1	6,5	63,0
ADO (cm)	64,0	3,7	5,8	64,0
AGR (cm)	64,3	3,3	5,1	64,0
DLO (cm)	65,2	4,5	7,0	66,0
DDE (cm)	29,4	3,2	11,0	30,0
DBI (cm)	19,2	2,5	13,1	19,0
ANGR (cm)	21,6	3,0	13,8	22,0
LGR (cm)	19,9	3,1	15,7	20,0
PTO (cm)	19,8	3,1	15,8	20,0
DEE (cm)	90,3	7,3	8,1	89,0
LC (cm)	21,4	2,3	10,7	21,0
ANC (cm)	12,6	1,4	11,2	13,0

DS=Desvío Estándar; CV=Coefficiente de Variación

Otras variables que presentaron una dispersión elevada respecto de su media fueron el perímetro torácico (PTO) (CV=15,8 %) y el largo de la grupa (LGR) (CV=15,7 %). El ACP requirió de 4 componentes (CP) para explicar el 69% de la variabilidad de los datos (Tabla N°12). El primer CP está determinado principalmente por seis variables: Alzada al dorso (ADO), Alzada a la Cruz (ACR), Alzada a la Grupa (AGR), Ancho de la cabeza (ANC), Peso (PE) y Diámetro Longitudinal (DLO), que describen la conformación de los animales principalmente en cuanto a su altura, ancho del cuerpo y al peso corporal.

Tabla N°12: Contribución de cada componente a la variabilidad total en el ACP

Componente	Autovalor	%	% Acumulado
1	41,8	0,32	0,32
2	22,52	0,17	0,49
3	13,53	0,1	0,6
4	12,45	0,1	0,69
5	0,92	0,07	0,77
6	0,66	0,05	0,82
7	0,59	0,05	0,86
8	0,47	0,04	0,9

9	0,39	0,03	0,93
10	0,33	0,03	0,95
11	0,27	0,02	0,97
12	0,23	0,02	0,99
13	0,12	0,01	1

El segundo CP está determinado principalmente por tres variables: Ancho de la Grupa (ANGR), Largo de la Grupa (LGR) y al Diámetro entre encuentros (DEE), que describen dimensiones relacionadas al tren posterior (Tabla N°13).

Tabla N°13: Correlaciones entre los componentes principales y las variables originales

VARIABLES	Componente 1	Componente 2	Componente 3	Componente 4
ADO	0,89*	0,06	0,07	0,01
ACR	0,86*	0,02	0,07	0,2
AGR	0,80*	0,12	0,12	0,13
ANC	0,68*	-0,26	0,36	-0,03
Peso	0,62*	0,47*	-0,03	0,11
DLO	0,53*	0	-0,15	0,50*
ANGR	-0,15	0,83*	0,1	0,27
LGR	-0,02	0,82*	-0,15	-0,04
DEE	0,38	0,67*	0,07	-0,17
LC	0,06	-0,2	0,82*	0,01
PTO	0,34	0,46*	0,58*	-0,1
DBI	0,02	0,33	0,55*	0,52*
DDE	0,16	-0,03	0,03	0,86*

Se marcan con * los valores mayores que 0.42 (raíz del cuadrado medio de los valores de la matriz).

V.2.1.2. Diferenciación zoométrica entre los ovinos de las distintas regiones

Los resultados del ANVA y el test de Tukey para las variables que determinan el primer componente principal se observan en la Tabla N°14. Allí se verifica que las ovejas de Salta (SA) son las de dimensiones más pequeñas, tanto en altura (ADO), (AGR) y (ACR), en peso (PE), en el ancho de cabeza (ANC) y en la longitud del cuerpo (DLO), aunque en ésta última variable no se diferencia significativamente

del grupo de Buenos Aires (BA). Los grupos restantes (BA, CO y SE) presentan alzadas similares entre sí, aunque en la variable (PE), se diferencian significativamente las ovejas de todas las regiones entre sí, siendo las más pesadas las ovejas de CO, las intermedias las de SE y BA y las más livianas las de SA. Las ovejas de SE, presentan el mayor ANC, diferenciándose significativamente de CO y BA que no se diferencian entre sí y de SA. En la longitud corporal (DLO), también SE es la que presenta el mayor valor, aunque no se diferencia estadísticamente de CO, siendo ambos grupos los de mayor longitud corporal, contraponiéndose a las ovejas de BA que resultaron las de menor DLO. Cabe destacar que las ovejas correntinas (CO) presentaron la mayor dispersión de valores (mayor DS) en todas las variables asociadas al componente principal 1, con la sola excepción de DLO, donde se ubica en segundo lugar luego de BA.

Tabla N°14: Prueba de Tukey para las variables asociadas a la componente principal 1

Grupo	ACR		AGR		ADO		PESO		ANC		DLO	
	Media	D.E	Media	D.E								
SA	60,04 a	2,9 1	62,42 a	2,4 5	60,64 a	2,6 2	25,56 a	4,0 5	10,73 a	0,7 2	64,22 ab	4,12
BA	62,95 b	3,8 8	63,93 b	3,1 3	64,23 b	3,5 2	29,85 b	7,2 8	12,75 b	1,1 3	62,83 a	4,85
CO	64,22 b	5,1 7	65,44 b	3,9 6	65,32 b	4,1 3	44,68 d	8,1 4	12,56 b	1,1 8	66,24 bc	4,32
SE	64,97 b	2,9 6	65,15 b	2,9 4	65,17 b	3,0 2	33,57 c	3,9 3	13,68 c	0,7 2	67,7 c	3,19

Medias con la misma letra no difieren significativamente al 5%

En la Tabla N°15 (resultados del ANVA y el test de Tukey para las variables que determinan el segundo componente principal) se visualiza que SE posee el menor valor en la variable ANGR, en contraposición con CO y SA que poseen los mayores. Con relación a LGR, todas las regiones se diferencian, teniendo SE el menor y CO el mayor. En cuanto a DEE, también se presentan diferencias entre

todas las regiones, la mayor media y el mayor DS corresponde a CO y la menor media y el menor DS a las ovejas de SA.

Tabla N°15: Prueba de Tukey para las variables asociadas a la componente principal 2.

	LGR		ANGR		DEE	
	Media	D.E.	Media	D.E.	Media	D.E.
SA	21,22 c	1,43	22,00 c	2,26	17,73 a	1,23
BA	19,5 b	3,06	19,4 b	2,89	19,37 c	2,06
SE	17,03 a	1,97	17,17 a	1,67	17,98 b	1,26
CO	22,56 d	2,61	22,39 c	2,3	22,29 d	2,83

Medias con la misma letra no difieren significativamente al 5%

En la Tabla N°16 (resultados del ANVA y el test de Tukey para las variables que determinan el tercer componente principal), se muestra que en cuanto al perímetro torácico (PTO), se conformaron dos subregiones que muestran diferencias significativas entre ambas: por un lado SE y SA con las medias menores y por el otro CO y BA con las dimensiones mayores. Con relación al LC, se ordenan de menor a mayor las regiones de: CO, SA, SE y BA. Las intermedias SA y SE no difieren significativamente entre sí, pero si lo hacen ambas con CO y BA que presentan las mayores dispersiones respecto de la media. El diámetro bicostal (DBI), no diferencia significativamente a las ovejas entre ninguna de las regiones, siendo nuevamente CO la que presenta la mayor dispersión respecto de su media.

Tabla N°16: Prueba de Tukey para las variables asociadas a la componente principal 3

Población	PTO		LC		DBI	
	Media	D.E.	Media	D.E.	Media	D.E.
SA	85,62 a	5,99	20,89 b	1,27	22,02 a	1,88
SE	88,08 a	5,21	21,12 b	1,11	21,17 a	2,66
CO	92,9 b	5,75	19,34 a	2,91	21,71 a	3,61
BA	94,22 b	8,64	23,32 c	1,81	21,68 a	3,44

Medias con la misma letra no difieren significativamente al 5%

En la Tabla N°17, se muestran los resultados del ANVA y el test de Tukey para la variable DDE, que determina el cuarto componente principal, se observa que SA y SE no se diferencian presentando las medias mayores, BA la menor y CO una situación intermedia y la mayor dispersión respecto de su media.

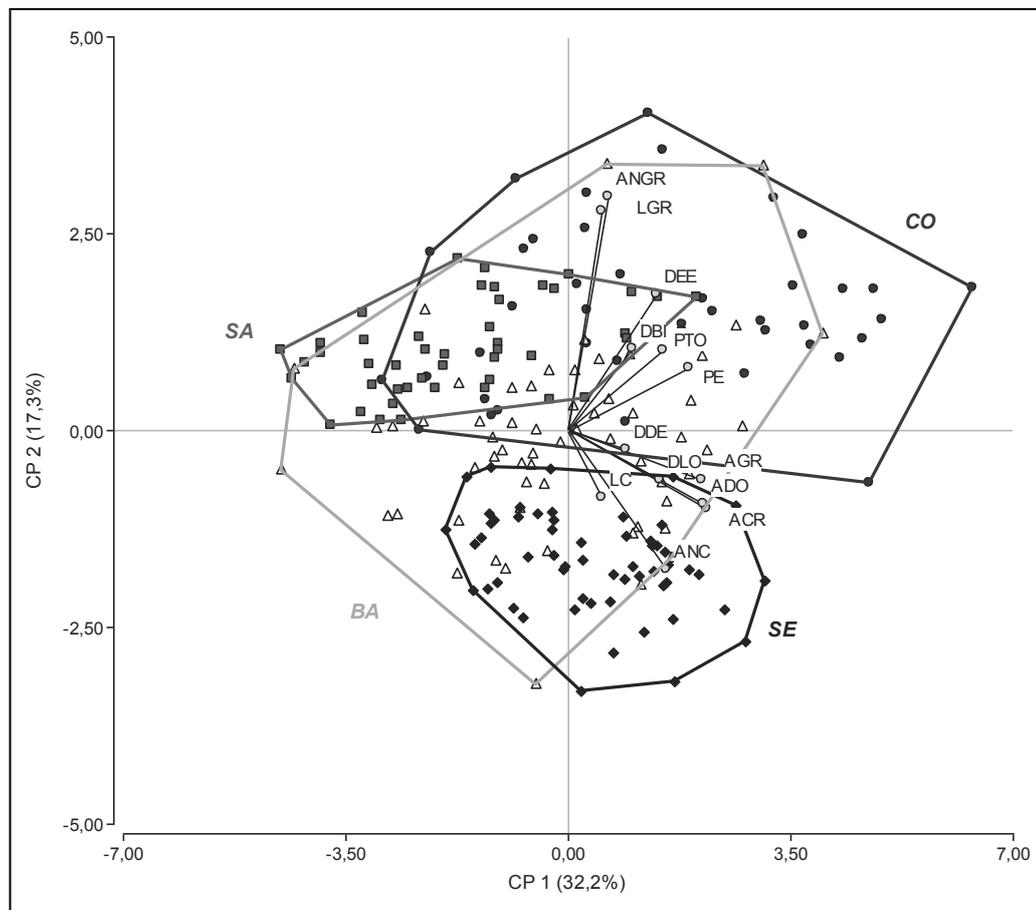
Tabla N°17: Prueba de Tukey para las variables asociadas a la componente principal 4

	DDE	
	Media	D.E.
BA	27,35 a	3,72
CO	29,12 ab	3,91
SA	30,44 b	1,42
SE	30,73 b	1,81

Medias con la misma letra no difieren significativamente al 5%

En el biplot asociado al ACP donde se incorporan las cuatro regiones muestreadas, se observa que las ovejas Salteñas (SA) y las Santiagueñas (SE) son más homogéneas que las ovejas Correntinas (CO) y las bonaerenses (BA) (Figura N°12, Peña y col. 2013). El primer componente ordena de mayor a menor, con relación a altura y peso, con cierta superposición, a CO, SE y SA, mientras que BA se encuentra en el centro presentando gran heterogeneidad. La segunda CP separa claramente SA y CO de SE en relación al tren posterior y la altura del tronco.

Figura N°12: Biplot de las variables zoométricas y los ovinos criollos según región



BA: Buenos Aires, SE: Santiagodel Estero, CO: Corrientes, SA: Salta.

V.2.2 Índices zoométricos

V.2.2.1 Estadística descriptiva de los índices zoométricos

Los índices zoométricos se dividen en índices etnológicos y funcionales. Luego de tomar las medidas zoométricas correspondientes, se calcularon los correspondientes índices zoométricos. En la Tabla N°18 se muestran los estadísticos descriptivos para todos los índices tomando como referencia a todas las ovejas muestreadas.

Tabla N°18: Estadísticos descriptivos de los Índices Zoométricos en todas las ovejas muestreadas.

Índices	Promedio	Desvío Estándar	Coef. Variación	Mediana	
ICE	59,3	7,9	13,4	59,1	
Etnológicos	IPE	101,6	15	14,7	100
	ITO	74,2	11,3	15,3	73,3
	ICO	72,7	7,5	10,2	72,9
	IPR	46,6	5,1	10,9	47,4
Funcionales	IPT	31,6	5,3	16,9	31,1
	IPL	31,4	5,3	16,9	32,3
	ICR	97,1	7,1	7,3	95,9

Dentro de los índices etnológicos, el índice corporal (ICO), que relaciona el largo y el ancho de las ovejas, mostró mayor homogeneidad que los tres restantes IPE, ITO e ICE donde se observa mayor dispersión de los registros individuales, aunque de forma diferencial en cada uno de ellos, como puede observarse en los gráficos de densidad de puntos (Figura N°13). Esta distribución podría indicar diferencias entre regiones geográficas.

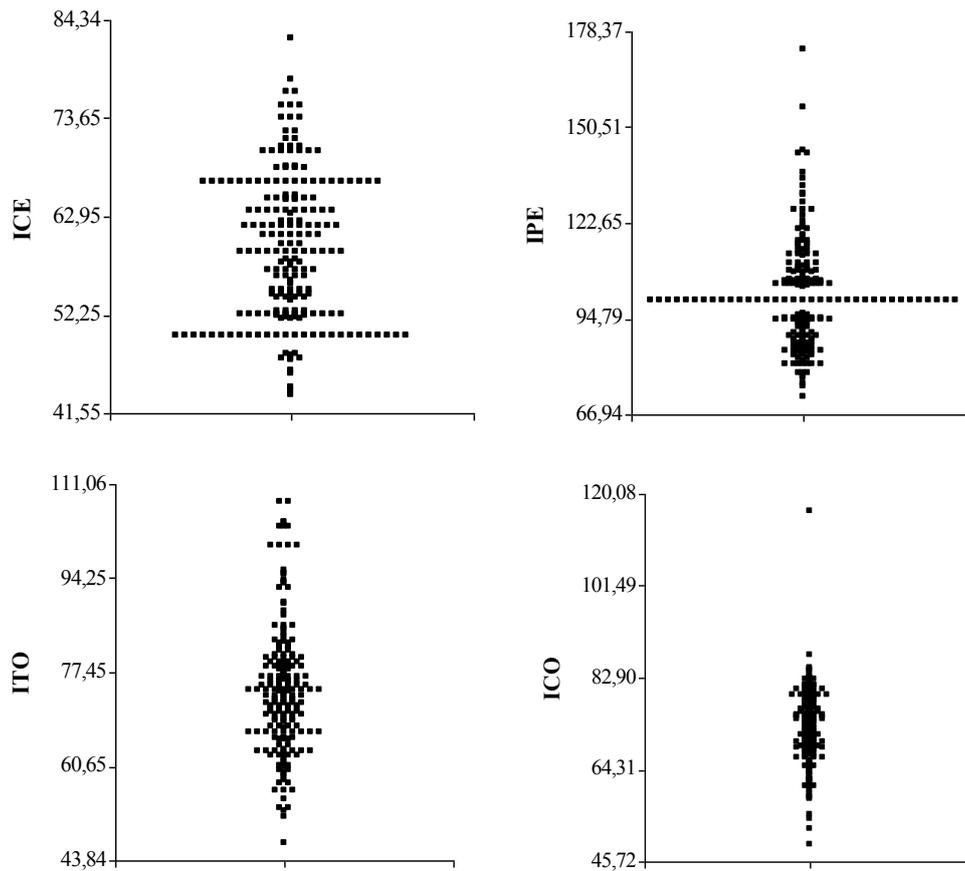


Figura N°13: Gráficos de densidad de puntos para los índices etnológicos en las cuatro regiones.

Los índices funcionales, presentan una distribución similar entre ellos (Figura N°14), aunque se destaca como el más homogéneo el índice de cortedad relativa (ICR) lo cual indica que predominan los animales brevilineos, de mejor conformación carnífera en sentido convencional. Este resultado concuerda con las características observadas mediante los índices etnológicos donde el índice corporal (ICO) mostró mayor homogeneidad. El resto de los índices funcionales presentan distribuciones poco concentradas lo cual podría indicar diferencias entre las distintas regiones geográficas estudiadas.

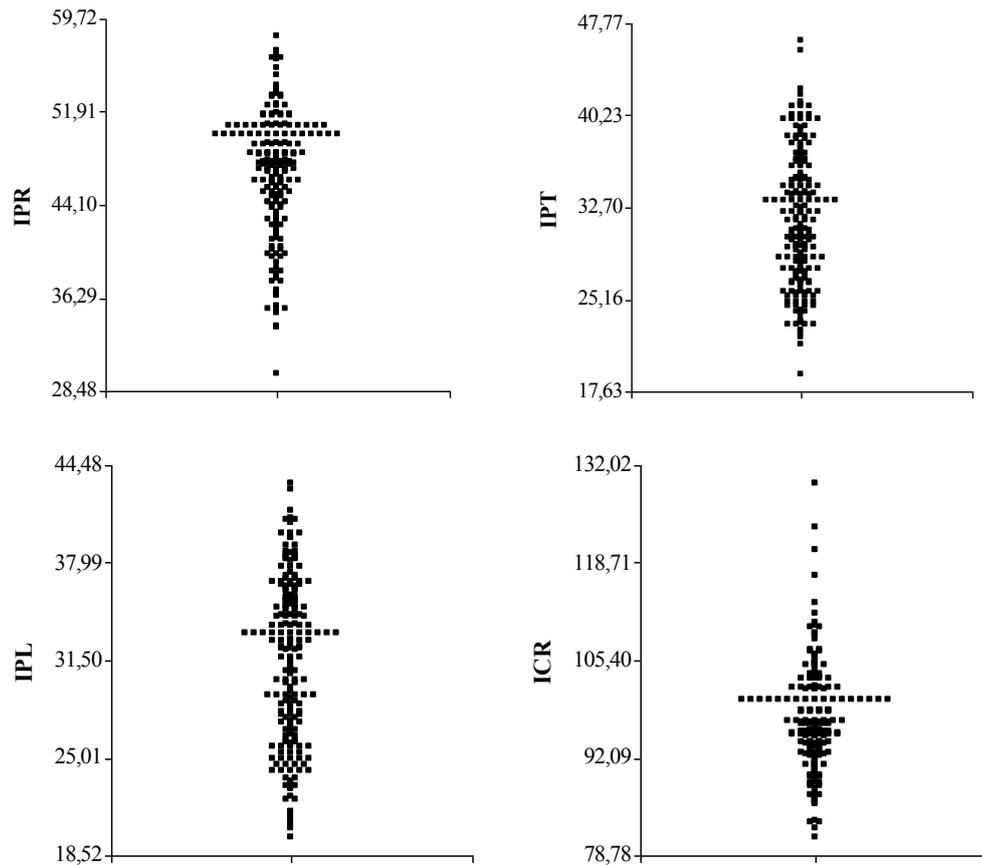


Figura N°14: Gráficos de densidad de puntos para los índices funcionales en las cuatro regiones.

V.2.2.2 Asociación entre índices zoométricos

En la Tabla N°19 se observan las correlaciones lineales encontradas entre los índices zoométricos estudiados, los etnológicos y los funcionales. Existen cuatro correlaciones altas, significativas y negativas entre los índices etnológicos y los funcionales ICE – IPT (-0,30); IPE – IPL (-0,43); ITO – IPR (-0,44) y ICO – ICR (-0,51). La correlación negativa entre el índice cefálico (ICE) y el índice pelviano transversal (IPT), significa que cuando los animales tienden a ser mesocéfalos-dolicocéfalos se asocian con las dimensiones de una pelvis más ancha y a la inversa si tienden a ser braquicéfalos su pelvis tiende a ser más alargada que

ancha, como se observa claramente en la Tabla N°19 para las cuatro regiones estudiadas.

Tabla N°19: Matriz de correlaciones entre índices.

	ICE (cm)	IPE (cm)	ITO (cm)	ICO (cm)	IPR (cm)	IPT (cm)	IPL (cm)	ICR (cm)
ICE	1							
IPE		1						
ITO			1					
ICO		-0,14*	-0,33*	1				
IPR	-0,14*	0,24*	-0,44*	0,15*	1			
IPT	-0,30*	0,38*	0,22*	-0,26*	0,27*	1		
IPL	-0,23*	-0,43*	0,17*	-0,17*		0,66*	1	
ICR				-0,51*	-0,30*	-0,17*	-0,21*	1

ICE = Índice Cefálico; IPE = Índice Pelviano; ITO = Índice Torácico; ICO = Índice Corporal; IPR = Índice Profundidad Relativa; IPT = Índice Pelviano Transversal; IPL = Índice Pelviano Longitudinal; ICR = Índice Cortedad Relativa. * ($p < 0,05$), se incluyen sólo correlaciones significativas.

La asociación negativa entre el índice pelviano (IPE) y el índice pelviano longitudinal (IPL), es lógica por cuanto valores bajos de IPE indican animales longilíneos y valores altos de IPL indican animales con pelvis longilíneas. La correlación negativa (-0.44) entre el índice torácico (ITO) y el índice de profundidad relativa IPR, reflejan que los animales que presentan el tórax con tendencia cilíndrica poseen mayor despeje del piso y los que tienen el tórax con formas más elípticas menor despeje. La correlación negativa más alta (-0.51) se encontró entre el índice corporal (ICO) y el índice de cortedad relativa (ICR), resultando un valor lógico si tenemos en cuenta que la variable diámetro longitudinal en el ICO se encuentra en el numerador de la fórmula de cálculo y en el índice de cortedad relativa (ICR) se ubica en el denominador, por lo cual los

animales brevilineos (con menores valores de ICO), presentan mayores valores de ICR, es decir que tenderán a ser caracterizados como longilineos o sublongilineos para ese índice. Hay una correlación medianamente alta, positiva y significativa (0,38), entre un índice etnológico (IPE) y uno funcional (IPT), ya que valores elevados de ambos índices, tienen el mismo significado zootécnico, es decir que en las dimensiones pelvianas predomina el ancho sobre el largo. Se observa además una asociación alta y significativa entre dos índices funcionales (IPT – IPL= 0,66), lo cual obedece a que ambos índices tienen como finalidad obtener una cifra indicadora de la amplitud de la grupa, que en el caso de las cuatro poblaciones estudiadas, los dos índices resultaron con valores muy similares entre sí. Esta correlación indica que la amplitud de grupa es una característica racial homogénea o típica, ya que se mantiene por igual en las cuatro regiones estudiadas.

V.2.2.3 Diferenciación mediante índices zoométricos entre las ovejas de las distintas regiones

Las medias mínimo cuadráticas y los errores estándar, más el resultado de las pruebas de Tukey de diferenciación entre regiones para los índices zoométricos etnológicos, se muestran en la Tabla N°20. Se puede distinguir que IPE no presenta diferencias entre las regiones estudiadas, indicando que en todas ellas, las ovejas se caracterizan por poseer la pelvis mesolínea con cierta tendencia a ser más ancha que larga, lo cual indicaría que se trata de una característica típica de la raza que se mantiene constante independientemente de la región a la que estén adaptados los animales.

Tabla N°20: Medias mínimo cuadráticas, errores estándares y resultado de la prueba de Tukey para los índices etnológicos en las cuatro regiones.

Índices	Región			
	SA (n = 44)	SE (n = 60)	BA (n = 59)	CO (n = 40)
ICE	51,3 ± 0,4 ^c	65,1 ± 0,6 ^a	55,1 ± 0,7 ^b	65,9 ± 1,2 ^a
IPE	103,8 ± 1,2 ^a	101,7 ± 1,6 ^a	101,1 ± 2,8 ^a	100,1 ± 2,0 ^a
ITO	72,3 ± 0,7 ^a	69,1 ± 1,1 ^a	80,3 ± 1,8 ^b	75,3 ± 2,0 ^b
ICO	75,1 ± 1,0 ^a	77,1 ± 0,8 ^a	67,4 ± 0,8 ^c	71,6 ± 1,0 ^b

SA: Salta; SE: Santiago del Estero; BA: Buenos Aires; CO: Corrientes ICE = Índice Cefálico; IPE = Índice Pelviano; ITO = Índice Torácico; ICO = Índice Corporal. Medias en la misma fila con la misma letra no difieren, prueba de Tukey ($p < 0,05$)

Los índices ICO e ITO expresan el mismo concepto, es decir que relacionan las dimensiones de anchura y longitud de un individuo. En ICO las ovejas de las cuatro regiones manifiestan características brevilineas ($ICO < 0,85$), aunque es más marcado en las regiones de BA y CO. En ITO las cuatro regiones presentan características de tipo elíptico ($ITO < 0,85$), pero es más marcado en SA y SE. El índice cefálico (ICE) marca una característica mesocéfala en las ovejas de las cuatro regiones ($ICE > 50$) y con cierta tendencia a la braquicefalia en las ovejas de SE y CO. En la Tabla N°21 se presentan las medias mínimos cuadráticas, los errores estándar y los resultados de la prueba de Tukey para la diferenciación mediante los índices funcionales, para las cuatro regiones. El índice de profundidad relativa (IPR), es un indicador de aptitud carnífera cuando su valor es de 50 o superior. En este sentido, se observa que las ovejas de Salta (SA) presentan dimensiones con mayor aptitud carnífera que las otras tres regiones evaluadas, alejándose particularmente de BA que presenta el menor IPR.

Tabla N°21: Medias mínimo cuadráticas, errores estándares y resultado de la prueba de Tukey para los índices funcionales en las cuatro regiones.

Índices	Región			
	SA (n = 44)	SE (n = 60)	BA (n = 59)	CO (n = 40)
IPR	50,8 ± 0,4 ^a	47,4 ± 0,4 ^b	43,3 ± 0,7 ^c	45,4 ± 0,9 ^{bc}
IPT	36,5 ± 0,5 ^a	26,5 ± 0,5 ^c	30,8 ± 0,5 ^b	35 ± 0,6 ^a
IPL	35,3 ± 0,3 ^a	26,3 ± 0,4 ^c	31,1 ± 0,6 ^b	35,4 ± 0,7 ^a
ICR	93,7 ± 0,8 ^c	96,1 ± 0,6 ^{bc}	100,8 ± 1,2 ^a	97,1 ± 0,9 ^{ab}

SA: Salta; SE: Santiago del Estero; BA: Buenos Aires; CO: Corrientes. IPR = Índice Profundidad Relativa; IPT = Índice Pelviano Transversal; IPL = Índice Pelviano Longitudinal; ICR = Índice Cortedad Relativa. Medias en la misma fila con la misma letra no difieren, prueba de Tukey ($p < 0,05$).

El índice pelviano transversal (IPT) y el índice pelviano longitudinal (IPL), presentan valores altos en la regiones de SA y CO, indicando que estas ovejas tienen una mayor tendencia al desarrollo de tejido muscular en los cuartos traseros donde se ubican los cortes carniceros más valiosos y al mismo tiempo un canal de parto amplio que favorece la parición de los corderos ya que manifiestan dimensiones de la pelvis donde predomina la anchura sobre el largo (IPT= 36,5 y 35 en SA y CO respectivamente). Las ovejas bonaerenses (BA) presentaron valores intermedios (IPT=30,8) y las santiagueñas (SE), mostraron el valor más bajo (IPT= 26,5). En las ovejas de las cuatro regiones estudiadas, se observa que los valores de IPT y IPL son muy similares dentro de cada región (Tabla N°21), lo cual denota que para estas dimensiones se mantiene la homogeneidad racial entre los grupos regionales. Los valores registrados para el índice de cortedad relativa (ICR), indican que las ovejas salteñas (SA) muestran nuevamente mayor aptitud carnicera que las otras tres poblaciones estudiadas ya que su ICR = 93,7 es inferior a 95, lo cual hace que su morfotipo se asemeje a un rectángulo, considerándose brevilíneo y de mejor conformación carnicera. En las otras tres

poblaciones, las ovejas presentan valores de ICR un poco superiores a 95 (SE = 96,1; CO = 97,1 y BA = 100,8) por lo cual pueden considerarse como de morfotipo sub longilíneo, de menor conformación carnicera.

El ACP de los índices etnológicos explica un 84% de variabilidad total considerando los primeros 3 componentes (Tabla N°22) y el ACP de los índices funcionales explica un 93% de la variabilidad total, teniendo en cuenta también los primeros 3 componentes (Tabla N°23).

Tabla N°22: Valores propios y proporción de varianza explicada por cada componente principal (CP) del ACP de los Índices etnológicos.

CP	Valor propio	Proporción explicada	Proporción acumulada
1	1,46	0,36	0,36
2	0,96	0,24	0,6
3	0,92	0,23	0,84

La primer CP de los índices etnológicos explica un 36 % de la variación y está asociada al índice torácico (ITO = 84) y al índice corporal (ICO = -78) (Tabla N°23).

Tabla N°23: Valores propios y proporción de varianza explicada por cada componente principal (CP) del ACP de los Índices funcionales.

CP	Valor propio	Proporción explicada	Proporción acumulada
1	1,87	0,47	0,47
2	1,1	0,28	0,74
3	0,74	0,18	0,93

La segunda CP explica un 24 % de la variación y está asociada al índice cefálico (ICE = 99) (Tabla N°24).

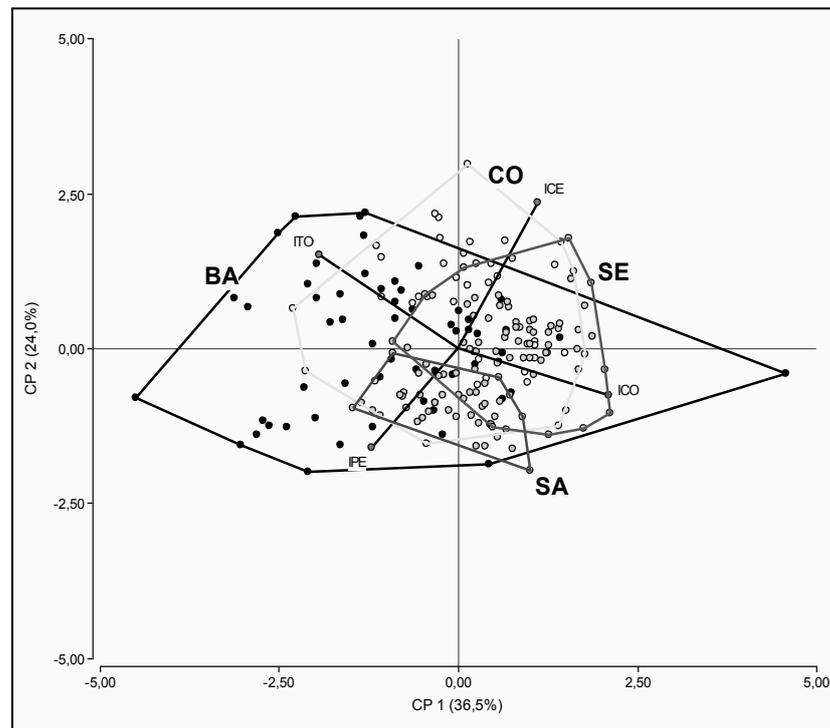
Tabla N°24: Coeficiente de correlación entre los índices etnológicos y los 3 primeros componentes principales.

Variables	Factor 1	Factor 2	Factor 3
ITO (cm)	84*	3	-2
ICO (cm)	-78*	13	-13
ICE (cm)	7*	99*	-3
IPE (cm)	7	3	99*

Se marcan con (*) los valores mayores que 0,52 (raíz del cuadrado medio de los valores de la matriz)

En el biplot de los índices etnológicos (Figura N°15) (Peña y col. 2017), se observa una marcada contraposición entre el índice torácico (ITO) (asociado con la región BA) y el índice corporal (ICO) (asociado con las otras regiones pero en mayor medida con SE). La CP asociada al ICE diferencia claramente a las ovejas salteñas (SA), constituyéndose éste en el grupo más homogéneo de todos (Figura N°15). Al mismo tiempo, puede observarse en el biplot de los índices etnológicos que las ovejas de todas las regiones se encuentran superpuestas, es decir que comparten las características típicas de la raza ovina criolla argentina, con distinta variabilidad intragrupo que se justifica por su diferente evolución dentro de cada región. Se observa que las ovejas salteñas (SA) son las menos variables probablemente debido a que las características ambientales de esa región impliquen la presencia de animales muy adaptados o especializados en ese ambiente (lo cual limita la variación fenotípica posible), de lo contrario se les dificultaría su supervivencia.

Figura N°15: Biplot. Índices etnológicos según región.



(BA●; SA ●; SE ●; CO ●). ICE = Índice Cefálico; IPE = Índice Pelviano; ITO = Índice Torácico; ICO = Índice Corporal.

Con este mismo argumento se puede justificar que las ovejas de la región bonaerense (BA) presentan la mayor variación fenotípica, siendo ésta la región donde justamente el ambiente tiene menores restricciones que permiten la expresión de mayor variabilidad fenotípica. Las ovejas correntinas (CO) y las santiagueñas (SE) mantienen un comportamiento intermedio entre las salteñas (SA) y las bonaerenses (BA) que se contraponen por su variabilidad diferencial. La primer CP de los índices funcionales explica un 47% de la variación total (Tabla N°25) y se asocia con el índice pelviano longitudinal (IPL= 92) y con el índice pelviano transversal (IPT = 89) en el mismo sentido. En el biplot de los índices funcionales (Figura N°16) (Peña y col. 2017) se observa que el primer componente (CP1), mantiene a Salta (SA) como la región con las ovejas más

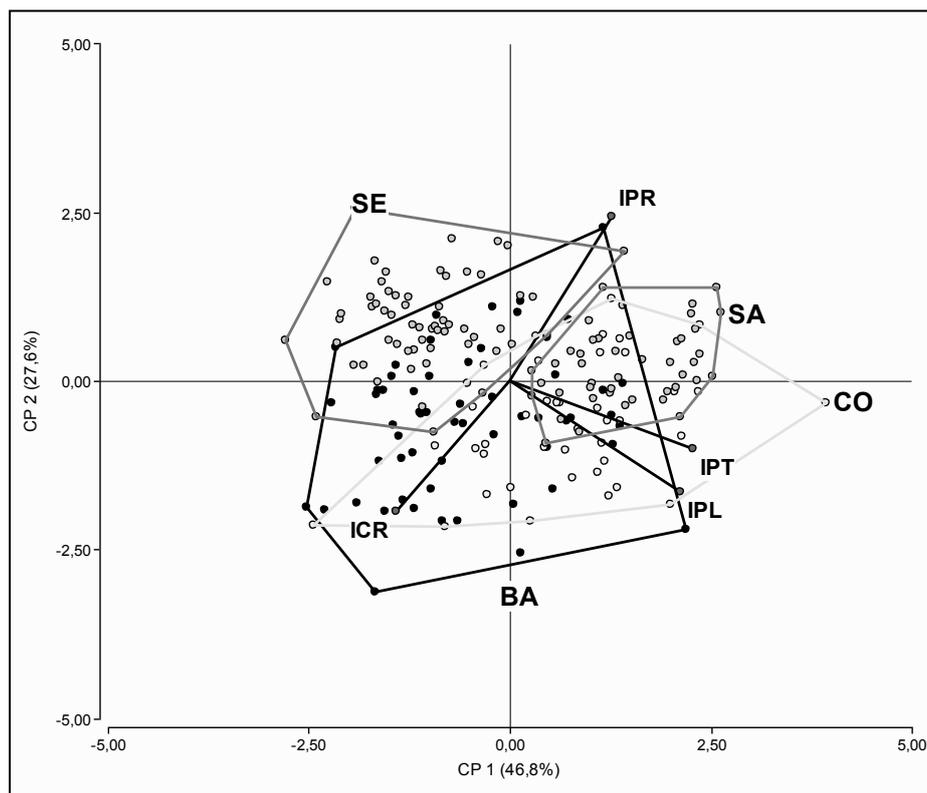
homogéneas y al mismo tiempo la diferencia casi totalmente de Santiago del Estero (SE). El segundo componente principal (CP2) explica un 28% de la variación total y se asocia con el índice de proporcionalidad relativa (IPR = 97), con el índice de cortedad relativa (ICR = -15) y con el índice pelviano longitudinal (IPL = -11) (Tabla N°25). En la Figura N°16, se observa el comportamiento de estos tres índices y al mismo tiempo la dispersión de los animales de las distintas regiones, mostrando que el CP2 no diferencia claramente a ninguna de ellas, sino que se superponen las ovejas de las cuatro regiones de manera similar a lo observado en los índices etnológicos (Figura N°15).

Tabla N°25: Coeficiente de correlación entre los índices funcionales y los 3 primeros componentes principales.

Variables	Factor 1	Factor 2	Factor 3
IPL (cm)	92*	-11	-16
IPT (cm)	89*	26	-1
IPR (cm)	7	97*	-16
ICR (cm)	-11	-15	98*

Se marcan con (*) los valores mayores que 0,56 (raíz del cuadrado medio de los valores de la matriz).

Figura N°16: Biplot de los índices funcionales según la región



(BA●; SA ●; SE ●; CO ●). IPR = Índice Profundidad Relativa; IPT = Índice Pelviano Transversal; IPL = Índice Pelviano Longitudinal; ICR = Índice Cortedad Relativa.

V.2.3 Características de la lana

V.2.3.1 Estadística descriptiva de las características de la lana

En la Tabla N°26 se muestran las medias, los desvíos estándar, los valores mínimos, los valores máximos y las medianas para las cinco variables estudiadas en todas las ovejas muestreadas. El DMF, que es el parámetro que determina el valor comercial de la lana industrial, tuvo una media de $32,25\mu\text{m}$, que corresponde a una lana de tipo crusa mediana según la clasificación oficial argentina. El mínimo DMF fue de $21,9\mu\text{m}$ que corresponde a una lana clasificada como fina y el máximo de $45,6\mu\text{m}$ que se clasifica como “carpet – wool” o “criolla”. Esta dispersión de valores puede observarse en la Figura N°17 y podría estar asociada a diferencias regionales y a su evolución histórica, ya que el Desvío

Estándar del Diámetro Medio de Fibra (DEDMF), acompaña la misma distribución que el DMF (Figura N°17). El Factor de Confort (FC), indica en porcentaje la mayor o menor cantidad de fibras gruesas (a mayor valor menor proporción de fibras gruesas), lo cual produce distinta sensación o “picazón” sobre la piel (aumenta cuando la proporción de fibras gruesas es mayor), muestra una dispersión importante con un mínimo de 10,3% (alta proporción de fibras gruesas) y un máximo de 96,4% (alta proporción de fibras finas), siendo la media de 52,13%.

Tabla N°26: Estadística descriptiva de las características de la lana de todas las ovejas muestreadas.

Variable	n	Media	D.E.	Mínimo	Máximo	Mediana
DMF (µm)	203	32,25	4,79	21,9	45,6	32,3
DEDMF (µm)	203	9,13	2,8	4,1	15,2	9,1
CU (°/mm)	203	51,06	18,97	21,2	106,2	45,1
FC (%)	203	52,13	21,1	10,3	96,4	50,6
LM (mm)	203	70,82	41,12	10	199	55

DMF=Diámetro Medio de Fibra; DEDMF=Desvío Estándar del Diámetro Medio de Fibra; CU=Curvatura de Ondulación; FC=Factor de Confort; LM=Largo de Mecha.

La Curvatura Media de la Ondulación (CU) es una medida usada para describir la ocupación de espacios de una masa de fibras, relevante tanto para prendas de vestir como para tapicería y alfombras.

Figura N°17: Gráfico de densidad de puntos para el Diámetro medio de fibra (DMF) y para el Desvío Estándar del Diámetro Medio de Fibra (DEDMF) en todas las ovejas muestreadas.

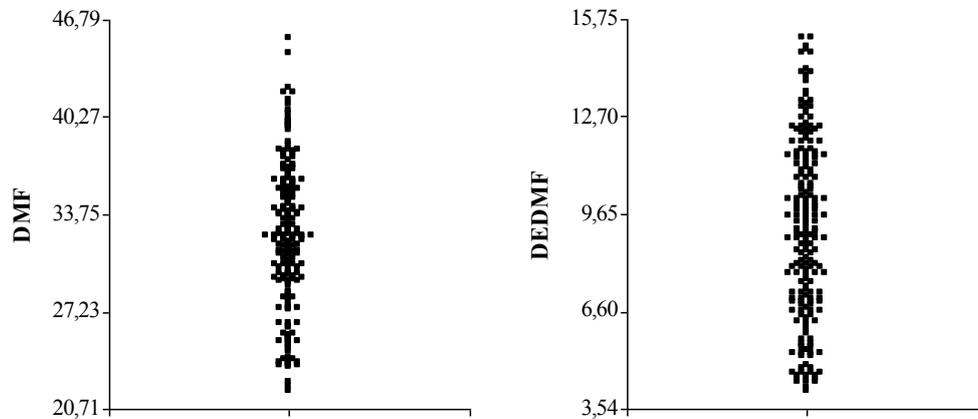
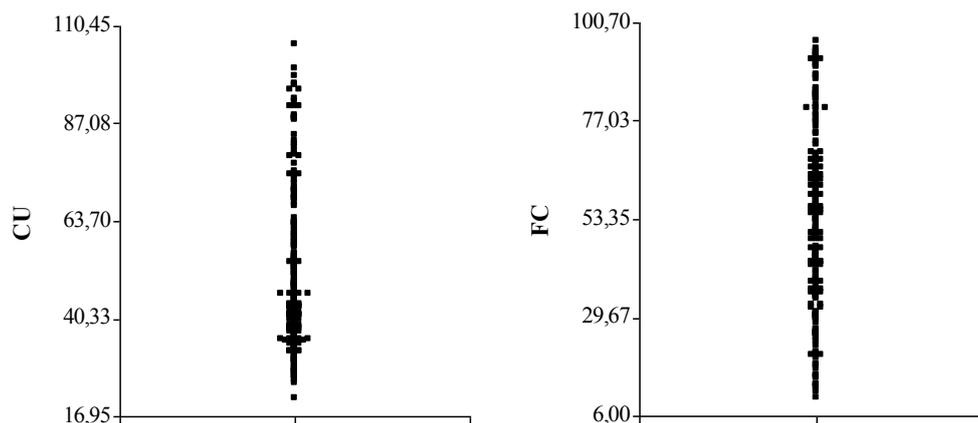


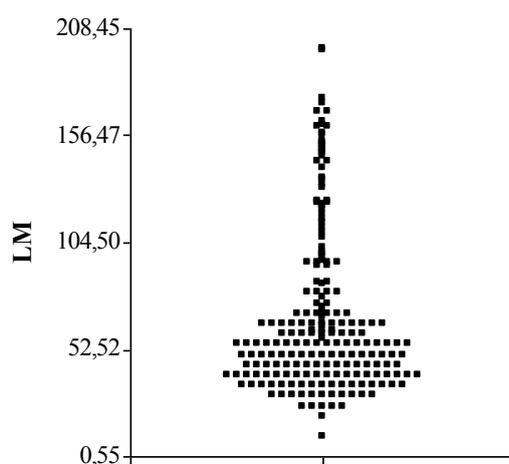
Figura N°18: Gráfico de densidad de puntos para la Curvatura de Ondulación de la fibra (CU) y para el Factor de Confort (FC) en todas las ovejas muestreadas.



Esta variable también muestra una importante dispersión en la población, va desde un valor mínimo de 21,2 %/mm hasta un valor máximo de 106,2 %/mm, siendo la media de 51,06 %/mm, aunque la mediana se ubicó un poco por debajo de ese valor 45,1 %/mm. La dispersión de FC y CU se observan en la Figura N°18. El Largo de mecha (LM) es una medida de la longitud de las mechas sobre su eje longitudinal sin estiramientos e influye sobre la capacidad de la lana para su procesamiento textil. Esta fue la variable que mayor dispersión manifestó, siendo su valor

mínimo de 10 mm, su valor máximo de 199 mm y su media de 70,82, que fue significativamente distinta que la mediana que se ubicó en 55mm y revela una asimetría donde predominan los largos de mecha inferiores como se observa en la Figura N°19.

Figura N°19: Gráfico de densidad de puntos para el Largo de mecha (LM) en todas las ovejas muestreadas.



V.2.3.2 Asociación entre las características de la lana

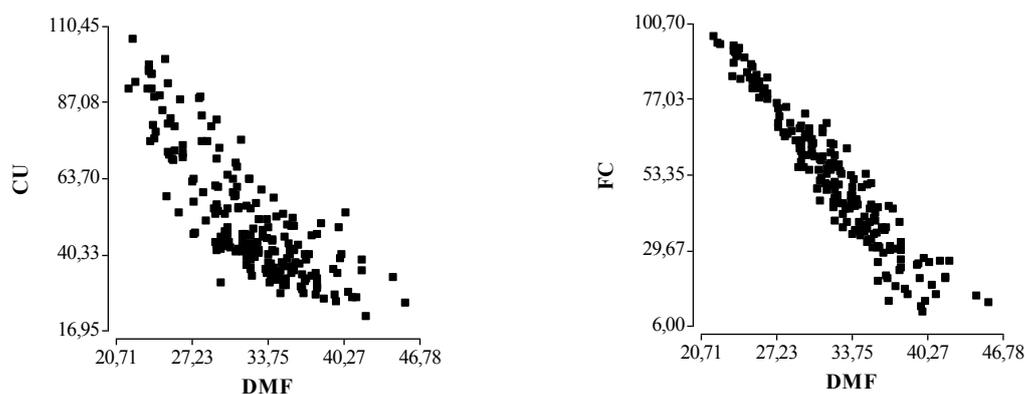
La Tabla N°27 muestra las correlaciones fenotípicas entre todas las variables. El diámetro medio de fibra (DMF) resultó estar asociado con todas las variables. En particular, con el Factor de Confort (FC) se correlaciona fuertemente de forma negativa ($r = -0.95$) es decir que el FC, es mayor para valores pequeños de DMF como era lógico esperar (Figura N°20).

Tabla N°27: Matriz de correlaciones entre variables.

	DMF (μm)	DE DMF (μm)	CU ($^{\circ}/\text{mm}$)	FC (%)	LM
DMF (μm)	1				
DE_DMF (μm)	0,70*	1			
CU ($^{\circ}/\text{mm}$)	-0,82*	-0,71*	1		
FC (%)	-0,95*	0,52*	0,77*	1	
LM (mm)	0,23*	0,60*	-0,33*	-0,10	1

DMF = Diámetro Medio de Fibra; DE_DMF = Desvío Estándar del Diámetro Medio de Fibra; CU = Curvatura de Ondulación; FC = Factor de Confort; LM = Largo de Mecha. * ($p < 0,05$)

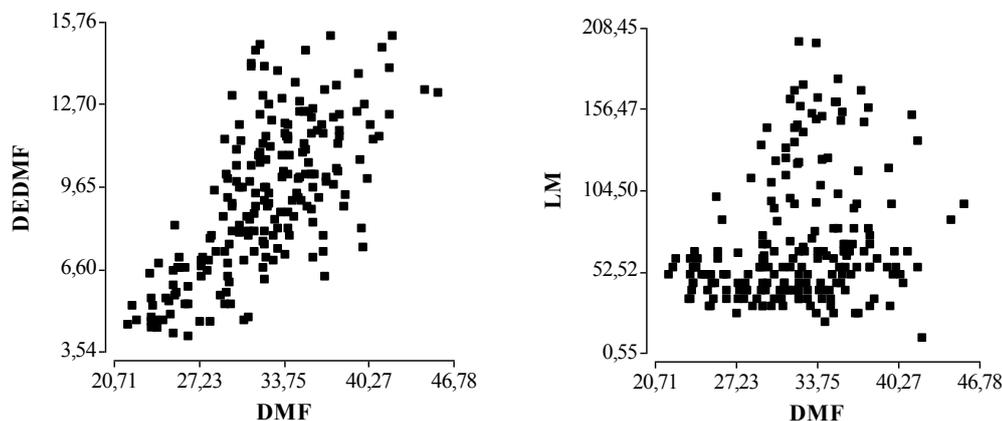
Figura N°20: Gráfico de dispersión para las variables Diámetro Medio de Fibra (DMF) con Factor de Confort (FC) y con Curvatura de Ondulación (CU)



También el DMF se correlaciona negativamente con la Curvatura de Ondulación CU ($r = -0,82$), es decir que las fibras más finas (menor DMF) tienen mayor CU, siendo también un resultado esperable ya que las fibras más finas tienden a ocupar mayor espacio (Figura N°20). Por otro lado, el DMF y DE_DMF se correlacionan de forma fuerte y positiva ($r = 0,70$), lo cual indica una variación uniforme del DMF en la población (Figura N°21). El Largo de Mecha (LM) también se asoció de forma positiva y significativa con el DMF ($r = 0,23$), como es esperable es decir a mayor largo de la fibra, también mayor diámetro, aunque esta asociación resultó bastante débil (Figura N°21). La CU mostró una correlación positiva con FC ($r = 0,77$), lo cual también resulta lógico si consideramos que las fibras con mayor CU tienen menor DMF. El Largo de Mecha (LM) y la Curvatura de Ondulación (CU), resultaron asociadas negativamente ($r = -0,33$), si bien no es una asociación extremadamente fuerte, muestra una tendencia lógica ya que la lana de fibra más

larga es generalmente de diámetro más grueso, lo cual hace que estas fibras ocupen menor espacio.

Figura N°21: Gráfico de dispersión para las variables Diámetro Medio de Fibra (DMF) con el Desvío Estándar de Diámetro Medio de Fibra (DEDMF) y con el Largo de Mecha (LM)



V.2.3.3 Diferenciación mediante las características de la lana entre las ovejas de las distintas regiones

En la Tabla N°28 se presentan los estadísticos descriptivos, medias mínimos cuadráticas, errores estándar y resultados de las pruebas de Tukey, para las cinco características de la lana en las cuatro regiones estudiadas. Se destacan claramente las ovejas salteñas (SA) del resto de las regiones por su menor DMF y DE_DMF y su mayor CU y FC, lo cual estaría indicando que las ovejas de ésta región presentan en promedio mejor calidad de lana para su procesamiento textil que las de las otras regiones. Las de Buenos Aires (BA), presentan un LM ampliamente superior a las otras regiones y las correntinas (CO) presentaron en promedio el mayor DMF.

Tabla N°28: Medias mínimo cuadráticas, errores estándares y resultado de la prueba de Tukey para cinco variables objetivas de la lana en cada una de las cuatro regiones.

Variable	Región			
	SA (n = 44)	SE (n = 60)	BA (n = 59)	CO (n = 40)
DMF (μm)	26,1 \pm 2,5 ^a	33,1 \pm 3,8 ^b	33,5 \pm 2,9 ^b	35,9 \pm 4,1 ^c
DE_DMF (μm)	6,2 \pm 1,5 ^a	9,0 \pm 2,5 ^b	11,2 \pm 2,2 ^c	9,4 \pm 2,1 ^b
CU ($^{\circ}/\text{mm}$)	78,5 \pm 13,5 ^a	45,5 \pm 15,0 ^b	41,9 \pm 7,3 ^b	42,7 \pm 12,1 ^b
FC (%)	78,8 \pm 12,7 ^a	47,5 \pm 16,2 ^b	49,2 \pm 13,8 ^b	34,0 \pm 16,2 ^c
LM (mm)	49,2 \pm 14,4 ^a	43,3 \pm 15,8 ^a	123,0 \pm 36,6 ^b	58,9 \pm 14,2 ^c

SA: Salta; SE: Santiago del Estero; BA: Buenos Aires; CO: Corrientes DMF = Diámetro Medio de Fibra; DE_DMF = Desvío Estándar del Diámetro Medio de Fibra; CU = Curvatura de Ondulación; FC = Factor de Confort; LM = Largo de Mecha. Medias en la misma fila con la misma letra no difieren, prueba de Tukey ($p < 0,05$).

El ACP permitió identificar 2 componentes principales (CP) (Tabla N°29) que explicaron el 90 % de la variabilidad de los datos. Las correlaciones entre las variables medidas y las CP (Tabla N°30), muestran como la primera está asociada a la calidad de la fibra para uso industrial (estadísticos asociados a diámetro medio de fibra, curvatura de ondulación y factor de confort) y la segunda CP a su largo (LM), relacionado principalmente a las preferencias de uso artesanal. La primera CP diferencia a las ovejas salteñas (SA) (el grupo menos variable) de las de Buenos Aires (BA) y muestra una alta superposición entre las santiagueñas (SE) y las correntinas (CO). La segunda CP diferencia a las ovejas bonaerenses (BA) del resto de las regiones (Figura N°22).

Tabla N°29: Valores propios y proporción de varianza explicada por cada componente principal (CP).

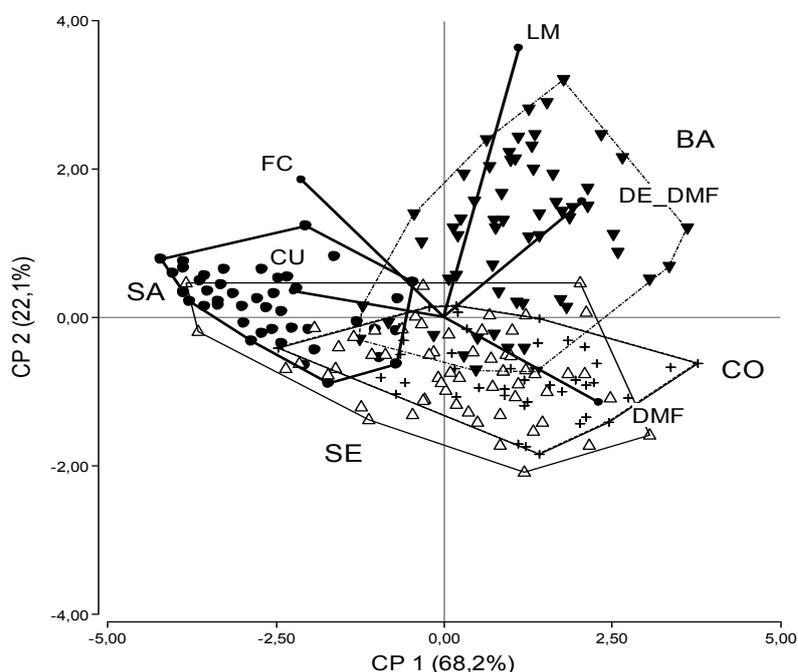
CP	Valor propio	Proporción explicada	Proporción Acumulada
1	3,41	0,68	0,68
2	1,10	0,22	0,90
3	0,26	0,05	0,95

Tabla N°30: Coeficiente de correlación entre las variables originales y los 2 primeros componentes principales.

Variables	CP 1	CP 2
DMF	0,94	-0,27
DE_DMF	0,85	0,36
CU	-0,91	0,08
FC	-0,87	0,43
LM	0,46	0,84

DMF = Diámetro Medio de Fibra; DE_DMF = Desvío Estándar del Diámetro Medio de Fibra; CU = Curvatura de Ondulación; FC = Factor de Confort; LM = Largo de Mecha.

Figura N°22: Biplot de las características de la lana y ovinos según la región



(BA ▼; SA ●; SE Δ; CO +). DMF = Diámetro Medio de Fibra; DE_DMF = Desvío Estándar del Diámetro Medio de Fibra; CU = Curvatura de Ondulación; FC = Factor de Confort; LM = Largo de Mecha.

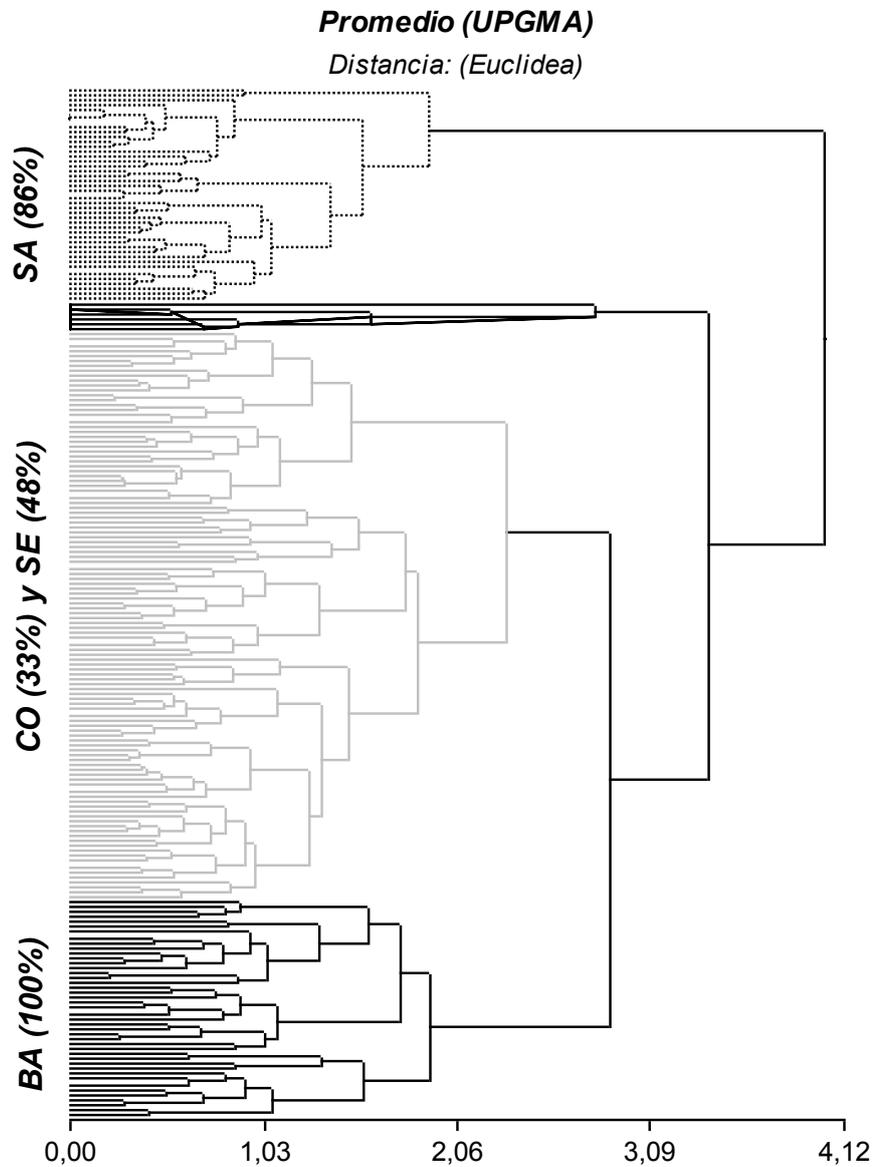
En el análisis de conglomerados (AC), el método elegido por el coeficiente de correlación cofenética (0,728) fue encadenamiento promedio o UPGMA (sus siglas en inglés) y el número de conglomerados seleccionados fue cuatro (Figura N°23) (Peña y col. 2016). El primer conglomerado (21 % del total de ovinos) está conformado exclusivamente por las ovejas de BA, capturando el 73 % del total de esa región, la cual se caracteriza por tener el mayor largo de mecha promedio (LM) (Tabla N°31). El segundo conglomerado es irrelevante debido a que representa el 3 % del total de las ovejas (6 animales). El tercer conglomerado (55 % de las ovejas), está conformado principalmente por las regiones SE (48 %) y CO (33 %), aportando la primera el 90 % de sus ovejas y CO el 93 %. El cuarto conglomerado (21 % del total) básicamente se conforma por ovinos de Salta SA (86 %), representando el 82 % de los ovinos de esa región. Este último conglomerado presenta los mayores promedios en CU y FC y los menores promedios en las restantes variables medidas (Tabla N°31).

Tabla N°31: Valores medios y desvíos estándar para las cinco variables en cada uno de los cuatro conglomerados.

Variable	Conglomerado			
	1 (n = 43)	2 (n = 6)	3 (n = 112)	4 (n = 42)
DMF (μm)	33,1 \pm 2,3	42,5 \pm 2,2	33,9 \pm 3,4	25,4 \pm 1,9
DE_DMF (μm)	11,8 \pm 1,7	14,0 \pm 0,8	9,2 \pm 2,0	5,6 \pm 1,0
CU (%/mm)	42,0 \pm 6,5	28,1 \pm 5,1	44,4 \pm 11,3	81,5 \pm 12,1
FC (%)	52,2 \pm 12,6	21,1 \pm 5,8	42,4 \pm 14,9	82,4 \pm 9,3
LM (mm)	137,8 \pm 27,2	99,3 \pm 50,3	52,3 \pm 16,5	47,6 \pm 14,5

DMF = Diámetro Medio de Fibra; DE_DMF = Desvío Estándar del Diámetro Medio de Fibra; CU = Curvatura de Ondulación; FC = Factor de Confort; LM = Largo de Mecha.

Figura N°23: Dendrograma construido según el método UPGMA que identifica tres conglomerados o grupos donde se indica el porcentaje de preponderancia de cada región.



Dado la presencia de heterogeneidad de varianzas entre los grupos, se empleó análisis discriminante cuadrático en lugar de lineal. Al utilizar las cuatro regiones no resulta adecuada pues la tasa de error fue del 21 %. En cambio si se juntan CO y SE (en base a los resultados del AC) la tasa se redujo al 11 %, no superando en cada una de las tres regiones el 13 % (el 9 % en SA, el 12 % en BA, y el 13 % en

la nueva región CO-SE). Esta similitud en las características de la lana entre las ovejas correntinas y las santiagueñas, concuerda con la similitud encontrada mediante los marcadores microsátélites entre las dos regiones.

VI. DISCUSIÓN

VI.1 Caracterización Genética

Considerando que se han estudiado cuatro poblaciones pertenecientes a una sola agrupación racial, involucrando en total a 120 individuos (30 por población), podemos decir que todos los marcadores estudiados presentaron en promedio 9,8 variantes alélicas. Esto estaría indicando que a pesar de la reducción en el número de ovinos criollos ocurrida en Argentina, éstos aún conservan un alto grado de variabilidad, lo cual puede dimensionarse adecuadamente si tenemos en cuenta que en un estudio sobre 1675 ovejas pertenecientes a 52 razas del norte de Eurasia se describieron en total 342 variantes alélicas (Tapio y col., 2010). Para la caracterización molecular hemos utilizado un elevado número de microsatélites (30) si se compara con otros trabajos que utilizaron 11 y 12 marcadores para caracterizar 11 razas ovinas de Colombia y seis razas Pireanicas, respectivamente (Ocampo y col., 2016; Ferrando, 2014). El rango encontrado de alelos por marcador fue de 3 a 21, el primero asociado al microsatélite ETH010 y el segundo a OarCP49. Para ETH010 se han reportado un mayor número de variantes, como por ejemplo en las razas ovinas de las Islas Baleares donde fueron descritas siete (Pons y col., 2015). El número de variantes encontradas para OarCP49 coincidió con el número reportado para el ovino criollo Pantaneiro (Crispim y col., 2014) y ambos se diferenciaron de la raza ovina Xisqueta donde el número de variantes para este marcador fue sustancialmente menor ($N_a = 8$) (Avellanet Torres, 2006). El número medio de alelos y la heterocigosidad son los parámetros más usuales en la evaluación de la diversidad genética. El número medio de alelos en la población total ($N_{am} = 9,8$) puede considerarse alto si lo comparamos con los resultados

obtenidos para 11 razas ovinas austríacas que mostraron los siguientes valores: Alpines Steinschaf= 9,43; Texel= 6,19; Montafoner Steinschaf= 7,10; Krainer Steinschaf=7,38; Kärntner Brillenschaf= 8,71; Waldschaf= 10,71; Zackelschaf= 7,81; Tiroler Steinschaf= 6,19; Braunes Bergschaf= 8,62; Tiroler Bergschaf= 7,95; y Juraschaf= 7,57 (Baumung y col., 2006). Entre las cuatro regiones, las ovejas correntinas (CO) resultaron las de mayor diversidad debido a que registraron mayor número de alelos ($N_a= 226$), con mayor número de alelos privativos ($A_p= 31$), mayor heterocigosidad ($H_e= 0,715$) y menor endogamia ($FIS= 0,008$). Las ovejas salteñas (SA), también resultaron tener alta variabilidad genética, mientras que las de Buenos Aires (BA) resultaron ser las menos diversas con $N_a= 172$, $A_p= 14$ y $H_e= 0,633$. La matriz de distancia genética demostró que los grupos más alejados entre sí fueron SE y BA ($FST= 0,10414$) y en segundo lugar SA y BA ($FST= 0,098$), mientras que los grupos más parecidos entre sí fueron SE y CO ($FST= 0,033$). Coincidentemente con la matriz de distancia genética, el AFC definió tres grupos de individuos: SA (Norte), BA (Sur) y CO+SE (Centro), ubicando a las ovejas de Buenos Aires (BA) y a las de Santiago del Estero (SE) en los extremos opuestos del primer eje del biplot (que explica el mayor porcentaje de variabilidad total), permitiendo inferir que ambas poblaciones son las que más divergen en sus frecuencias alélicas. Las ovejas de Salta (SA) están alejadas de las ovejas de las restantes regiones sobre el segundo componente, esto podría explicarse por su estructura y diversidad diferencial relacionada a una variabilidad genética media, un índice de diversidad alto y la existencia de un exceso o déficit de heterocigotas especialmente en aquellos loci que presentaron ausencia de desequilibrio en las otras poblaciones. Los resultados

observados mediante el cálculo de las distancia genéticas entre regiones y mediante el AFC, donde se establecen tres grupos de ovejas genéticamente diferenciadas por las regiones de pertenencia SA; CO+SE y BA, vuelven a confirmarse mediante el análisis del modelo bayesiano de asignación de individuos a grupos realizado mediante el programa Structure donde las ovejas de Buenos Aires (BA) resultaron ser la más distantes de acuerdo a su composición genética en relación con las otras poblaciones analizadas y en $K=3$ y $K=4$ se observa la superposición parcial entre CO y SE. Las divergencias entre regiones podrían atribuirse a que las poblaciones se encuentran adaptadas a ambientes particulares. Esto explicaría porque a distancias mayores se observaron mayores diferencias genéticas, siendo una de las posibles causas una reducción en el flujo génico (Wright, 1943). Aunque los marcadores microsatélites son de naturaleza neutral, las variantes únicas encontradas en cada población podrían estar asociadas a variaciones funcionales que podrán explorarse en el futuro. Sin embargo, debe destacarse que la diversidad alélica total del ovino criollo está particionada entre las diferentes regiones geográficas, variando el N_m entre 5,7 en BA y 7,5 en CO, observándose un considerable número de alelos privativos (A_p) dentro de cada población. No obstante, estos valores son similares a los registrados en distintas razas como por ejemplo las italianas Cornigliese= 6,64 y Bergamasca= 5,56 o la Merino española= 7,41 (Ceccobelli y col., 2015). La heterocigosidad esperada (H_e) es considerada como el mejor estimador de la diversidad genética en una población (Kim y col., 2002). Los valores de heterocigosidad media esperada en cada población variaron entre 0,63 para BA y 0,715 en CO, indicando alta diversidad genética con similares valores a los obtenidos en diez razas de las

islas Baleares (rango de 0,62 para la Ibicenca a 0,75 para la Churra) (Pons y col., 2015). Los análisis de la varianza molecular (AMOVAS), con y sin estructura poblacional, evidenciaron que la mayor parte de la variación genética total correspondió a diferencias entre individuos (con 91,6 y 92,4%, respectivamente), mientras que las diferencias entre regiones explicó poco de la variabilidad total (7,6 y 5,2%, respectivamente). Este grado de diferenciación genética entre las poblaciones fue suficiente para diferenciar claramente tres grupos según región: SA; SE+CO y BA confirmado lo observado en los análisis anteriores. Incluso, este grado de diferenciación encontrado, fue mayor que el observado en los ovinos criollos colombianos donde la variación genética entre las poblaciones estudiadas resultó ser de 3,8% (Ascue Vivas, 2013), y que entre 13 razas ovinas en Colombia donde las diferencias entre las razas explicaron el 4% de la variación total (Campos y col., 2016). Por otra parte, el análisis del D-loop mitocondrial puso en evidencia que los sitios polimórficos hallados son compartidos con el haplogrupo A (asiático). Esto puede deberse a que este haplogrupo se encuentra presente en varias razas españolas actuales (Pedrosa y col., 2007; Ferrando y col., 2009), cuyos antecesores podrían ser compartidos con los ovinos criollos de nuestro país. La homogeneidad de los ovinos criollos, manifestada a través del ADN mitocondrial es mayor que la hallada con los microsatélites. Además, es de destacar que las secuencias obtenidas presentaban sitios polimórficos que sólo se presentan con una alta frecuencia en las poblaciones locales. Los resultados obtenidos con diferentes análisis estadísticos (AMOVA y AFC) y los parámetros estudiados (F_{ST} , K , N_m , etc.) confirman que la máxima variabilidad genética es explicada por diferencias en los patrones moleculares de los individuos, señalando

una alta variación intrapoblacional. Por otro lado, los bajos porcentajes de variación encontrados para las fuentes “Entre poblaciones” y “Entre grupos (Regiones)” presentadas en los AMOVAS con y sin estructura, respectivamente, confirman los resultados encontrados mediante el análisis del ADN mitocondrial. Ello revela cierta homogeneidad entre las poblaciones estudiadas justificando que las ovejas de las cuatro regiones comparten su pertenencia a la misma agrupación racial criolla.

VI.2 Caracterización Morfológica

VI.2.1 Caracterización mediante variables zoométricas

La historia evolutiva de los ovinos criollos en Argentina, con su presencia en todos los ambientes del territorio y la ausencia de planes selectivos tendientes a uniformar las majadas, ha favorecido la manifestación de una gran variabilidad fenotípica entre regiones, que queda reflejada en los resultados presentados. Por ejemplo las ovejas de Salta (SA), se diferencian claramente del resto por ser las ovejas más livianas en promedio ($25,56 \pm 4,05\text{kg}$) y al mismo tiempo las de menor alzada ($\text{ACR} = 60.04 \pm 2.91\text{cm}$ y $\text{AGR} = 62.42 \pm 2.45\text{cm}$). Esta característica puede considerarse una ventaja adaptativa para la región donde habitan, situada a 2800 m.s.n.m, con clima predominantemente frío, aunque con veranos calurosos, ya que a la misma altitud vive y se desarrolla en la sierra madre occidental de la región de Chihuahua México, la raza criolla Tarahumara que posee características fenotípicas muy similares y un peso medio de las hembras de $20,26 \pm 2,98\text{kg}$ (Jaramillo y col., 2009). En el otro extremo de peso se observan las ovejas de Corrientes (CO) con $44,68 \pm 8,14\text{kg}$ siendo sus condiciones ambientales muy diferentes a las de Salta, ya que éstas se encuentran a nivel del

mar y con un clima húmedo. Esta diferencia entre los dos grupos puede justificarse debido a la relación inversa que existe entre el peso de los ovinos y la altitud, es decir que a mayor altitud menor peso y a menor altitud mayor peso (Chávez y col., 1989). Otra diferencia importante que se ha observado entre estos dos grupos es el diferente grado de variabilidad intragrupo, las ovejas de SA son claramente más homogéneas que las de CO, hecho que se observa si consideramos que los valores de desvío estándar en las ocho variables estudiadas es superior en las ovejas correntinas respecto de las salteñas. Los grupos de ovejas de BA, SE y CO no presentaron diferencias en cuanto a su alzada, aunque si los tres se diferenciaron respecto de su peso corporal (PE) en orden creciente ($29,85 \pm 7,28\text{kg}$); ($33,97 \pm 3,93\text{kg}$) y ($44,68 \pm 8,14\text{kg}$), siendo SE el grupo más uniforme de los tres. De la Rosa y col., (2012) informan que los ovinos criollos de la región semiárida de Formosa tienen un peso medio de 42,04kg. Por otra parte, Brunschwig (2004) describe pesos de 30 a 35kg en la región de Cuzco, Perú. Las medidas de la cabeza (largo y ancho) presentan un coeficiente de variación bajo; esto se contrapone con estudios realizados en Chile en ovejas criollas Araucanas las cuales presentan gran variabilidad debido a la cruce con animales de raza Suffolk (Bravo y Sepúlveda, 2010). Con relación a las medidas de la cabeza, el ANC promedio de las ovejas criollas de Formosa (De la Rosa y col., 2012) es similar a los valores encontrados para las ovejas de Buenos Aires (BA) y Corrientes (CO); en cambio el LC promedio formoseño supera a las medias encontradas en las cuatro regiones estudiadas: SA, SE, CO y BA. Por otro lado, el LC promedio de los ovinos criollos de Tarahumara (Jaramillo y col., 2009) son similares a los de las regiones de SE y BA. Con relación a las medidas

de altura (ACR) y (AGR), las ovejas de Tarahumara (Jaramillo y col., 2009), son en promedio más petizas que las ovejas de SA. Por otro lado, las alzas de los ovinos formoseños (De la Rosa y col., 2012), superan los valores promedios de las ovejas de las cuatro regiones estudiadas. SE, CO y BA presentan valores medios de ACR similares a los descriptos por Mernies y col. (2007) para las ovejas criollas uruguayas (65cm). Pareciera que las alzas (ACR) y (AGR), muestran un comportamiento similar al del peso (PE) de los animales, en el sentido que observan una relación inversa con su ubicación geográfica respecto del nivel del mar. Los resultados indican que las ovejas de Salta (SA) y de Santiago del Estero (SE), son más homogéneas que las de Buenos Aires y Corrientes, lo cual quizás esté relacionado con que los sistemas de explotación del primer grupo son de tipo familiar con majadas pequeñas (20 a 40 ovejas), mientras que el sistema de explotación del segundo grupo es con majadas numerosas (más de 500 ovejas), además, las adaptaciones funcionales no se producen únicamente con la evolución en el tiempo de una raza, sino con distintas aptitudes según el entorno en que se desenvuelva y según su diferente grado de versatilidad, habrá grupos raciales más o menos heterogéneos (Gines R, 2009). Las ovejas bonaerenses (BA), mantuvieron en promedio valores intermedios para las variables que miden la altura (ADO, ACR y AGR) respecto de las salteñas que fueron las más petizas y las de CO y SE que mostraron los valores mayores. De las variables estudiadas la única que no permite diferenciar entre regiones es el Diámetro Bicostral (DBI), que se mantiene en todas las regiones con valores similares, pudiendo considerarse una variable constante a nivel racial relacionada con el ancho del costillar de las ovejas a nivel del codo. Por el contrario las

variables Peso (PE), Longitud de la Grupa (LGR) y Diámetro entre encuentros (DEE) establecieron diferencias entre las ovejas de las cuatro regiones.

VI.2.2 Caracterización mediante índices zoométricos

Los índices etnológicos (ICE, IPE, ITO e ICO), se utilizan para indicar el grado de homogeneidad racial de los animales estudiados, a partir de la información sobre su estructura y proporciones zoométricas: la compacidad, altura, longitud etc. Los índices funcionales (IPR, IPT, IPL e ICR) en cambio se utilizan para establecer las características funcionales de los animales en relación a la aptitud productiva, pudiendo indicar tres tipos de tendencias: carnicera-lanera, lechera y dinámica. Los índices etnológicos ICO e ITO, expresan la relación entre las dimensiones de anchura y longitud de un individuo. IPE indica la relación entre el ancho y longitud de la pelvis e ICE, permite clasificar a los animales en doliocéfalos (predomina la longitud sobre el ancho de cabeza), braquicéfalos (predomina el ancho sobre la longitud de la cabeza) y mesocéfalos (las medidas de ancho y longitud de la cabeza son similares). Los índices funcionales medidos tienden a determinar la mayor o menor aptitud carnicera-lanera de los animales: el IPR, relaciona el diámetro dorso esternal y la alzada a la cruz; ICR, señala que a menor valor el animal se aproxima más a un rectángulo, forma predominante en los animales de aptitud carnicera. El IPT relaciona la amplitud de la grupa (rica en masas musculares) y la alzada del animal, y el IPL es un complemento del anterior. Los resultados revelan que el IPE no presentó diferencias entre las ovejas de las cuatro regiones estudiadas, indicando homogeneidad racial en la conformación de la pelvis, presentando todas ellas una pelvis mesolínea con cierta tendencia a ser más ancha que larga. Esta característica racial de la oveja criolla

argentina no coincide con lo informado para la oveja criolla uruguaya (Mernies y col., 2007) y para la oveja criolla sin orejas de las Sierras de Puebla México (Hernández y col., 2013) donde los valores de IPE < 100 , indican que la pelvis de estas razas presentan formas longilíneas. ICO e ITO expresan el mismo concepto, en cuanto a que relacionan las dimensiones de anchura y longitud de un individuo. En ICO las ovejas de las cuatro regiones manifiestan características brevilineas (ICO $< 0,85$), aunque es más marcado en las regiones de BA y CO. En ITO las cuatro regiones presentan características de tipo elíptico (ITO $< 0,85$), pero es más marcado en SA y SE. En los índices ICO e ITO las ovejas de las cuatro regiones presentan valores similares a las ovejas de la raza ovina Palmera (Alvarez y col., 2000a) y de la raza Ovina Canaria (Alvarez y col., 2000b). El ICE marca una característica mesocéfala en las ovejas de las cuatro regiones (ICE > 50) y con cierta tendencia a la braquicefalia en las ovejas de SE y CO. Estos valores son similares a los encontrados en la raza Ripollesa (ICE=58,4) (Esquilvelzeta y col., 2011), en la oveja criolla sin orejas de las Sierras de Puebla México (ICE = 57,30) (Hernández y col., 2013) y en la raza Aranosa (ICE = 50,1) (Pares i Casanova y col., 2007), pero se contraponen con las características cefálicas de la oveja criolla uruguaya (ICE = 37,39) (Mernies y col., 2007), con la raza Canaria (ICE = 46,77) (Alvarez y col., 2000b), con la oveja Palmera (Alvarez y col., 2000a) y con la oveja criolla formoseña (ICE = 47,39) (De la Rosa y col., 2012), todas ellas con valores de ICE < 50 , es decir con tendencia a la dolicocefalia. En resumen, desde el punto de vista etnológico las ovejas criollas pueden definirse como una raza de dimensiones intermedias, de pelvis mesolínea, cuerpo brevilineo, tórax elíptico y cabeza mesocéfala. En cuanto a los índices funcionales, el IPR es un indicador de

aptitud carnicera cuando su valor es igual a 50 o superior. En este sentido, se observa que SA presenta dimensiones con mayor aptitud carnicera que las otras tres regiones evaluadas, alejándose particularmente de BA que presenta el menor IPR. No obstante estos valores, puede verificarse que hay razas que se utilizan para la producción cárnica que presentan valores de IPR menores a 50 como por ejemplo la raza Aranesa (IPR=44,6) (Pares i Casanova., 2007), la Ripollesa (IPR=44,2) (Esquivelzeta y col., 2011), la Chilota (IPR = 48,87) (Pineda y col., 2011), la Criolla uruguaya (IPR = 41,42) (Mernies y col., 2007) y la Araucana (IPR= 40,23) (Bravo y col., 2010). El IPT y el IPL, presentan valores altos en SA y CO, indicando una mayor tendencia al desarrollo de tejido muscular en la región con los cortes carniceros más valiosos y al mismo tiempo un canal de parto amplio que favorece la parición de los corderos ya que manifiestan dimensiones de la pelvis donde predomina la anchura sobre el largo (IPT= 36,5 y 35 en SA y CO respectivamente), valores similares a los observados en la oveja Chilota (IPT = 34,50) (Pineda y col., 2011). En tanto que BA presento valores intermedios (IPT=30,8) , similar a la oveja Criolla uruguaya (IPT= 30,28) (Mernies y col., 2007) y a la oveja Araucana (IPT=29,55) (Bravo y col., 2010), mientras que SE mostró el valor más bajo (IPT= 26,5), similar al ovino Criollo de Pelo Colombiano (IPT=26,3) (Moreno Meneses y col., 2013), pero muy superior a la oveja Criolla sin Orejas de las Sierras de Puebla México (IPT = 19,82) (Hernández y col., 2013). En las ovejas de las cuatro regiones se observó que los valores de IPT e IPL son muy similares entre sí, lo cual afirma la homogeneidad racial observada mediante los índices etnológicos. Una situación inversa se da en la oveja Criolla sin Orejas de las Sierras de Puebla México donde (IPT = 19,82 e

IPL= 34,74) (Hernández y col., 2013) o en la raza Rommey Marsh (IPT = 27,32 e IPL = 34,27) (Pineda y col., 2011) y también en la raza Palmera (IPT = 28,08 e IPL = 36,51) (Alvarez y col., 2000a), y en la raza Canaria (IPT = 28,28 e IPL = 35,80) (Alvarez y col., 2000b) siendo en todos los casos el IPT inferior al IPL. El ICR indica que las ovejas de SA muestran mayor aptitud carnicera que las otras tres poblaciones estudiadas ya que su ICR = 93,7 es inferior a 95, lo cual hace que su morfotipo se asemeje a un rectángulo y se considere brevilíneo de la misma manera que la raza ovina criolla uruguaya (ICR=90,86) (Mernies y col., 2007), la oveja Palmera (ICR = 92,63) (Alvarez y col., 2000a), la oveja Canaria (ICR = 91,53) (Alvarez y col., 2000b) y la oveja Chilota (ICR = 89,42) (Pineda y col., 2011). En las otras tres poblaciones, las ovejas presentan valores de ICR superiores a 95 (SE = 96,1; CO = 97,1 y BA = 100,8) por lo cual pueden considerarse como de morfotipo sub longilíneo. Se presentaron cuatro correlaciones altas, significativas y negativas entre los índices etnológicos y los funcionales ICE – IPT (-0,30); IPE – IPL (-0,43); ITO – IPR (-0,44) y ICO – ICR (-0,51). La correlación negativa entre ICE e IPT significa que cuando los animales tienden a ser mesocéfalos-dolicocéfalos se asocian con las dimensiones de una pelvis más ancha y a la inversa si tienden a ser braquicéfalos su pelvis tiende a ser mas alargada que ancha. La asociación negativa entre IPE e IPL, es lógica por cuanto valores bajos de IPE indican animales longilíneos y valores altos de IPL indican animales con pelvis longilíneas. Un valor de asociación negativa pero más alto que el observado en éste trabajo, fue hallado en la oveja Chilota entre IPE – IPL (-0,82) (Pineda y col., 2011). La correlación negativa entre ITO y IPR, reflejan que los animales que presentan el tórax con tendencia

cilíndrica poseen mayor despeje del piso y los que tienen el tórax con formas más elípticas menor despeje. La correlación negativa más alta se encontró entre ICO e ICR, resulta un valor lógico si tenemos en cuenta que el diámetro longitudinal en el ICO se encuentra en el numerador de la fórmula de cálculo y en el ICR en el denominador, por lo cual los animales brevilíneos (con menores valores de ICO), presentan mayores valores de ICR, es decir que tenderán a ser caracterizados como longilíneos o sublongilíneos para ese índice. Hay una correlación medianamente alta, positiva y significativa (0,38), entre el índice etnológico (IPE) y el funcional (IPT), lo cual también es un resultado lógico ya que valores elevados de ambos índices, tienen el mismo significado zootécnico; que en las dimensiones pelvianas predomina el ancho sobre el largo. En la oveja Chilota también se observó una correlación positiva y significativa entre estos dos índices $IPE - IPT = 0,79$ (Pineda y col., 2011), pero de mayor magnitud que la observada en este trabajo. Se observó además, una asociación alta y significativa entre dos índices funcionales ($IPT - IPL = 0,66$), lo cual obedece a que ambos índices tienen como finalidad obtener una cifra indicadora de la amplitud de la grupa, que en el caso de las cuatro poblaciones estudiadas, los dos índices resultaron con valores muy similares entre sí. En líneas generales pueden definirse a las ovejas criollas desde el punto de vista funcional como de doble aptitud carne-lana.

VI.2.3 Caracterización de la lana

El mayor porcentaje de la lana producida en nuestro país, tiene como destino la exportación, el resto tiene dos destinos bien definidos, la industria para la confección de artículos de consumo masivo y la actividad artesanal para la confección de prendas y tejidos para uso familiar y/o venta al turismo regional. La

industria y los artesanos no compiten por el mismo producto, ya que tienen objetivos diferentes y por lo tanto requerimientos diferentes (Peña y col., 2017). Sin embargo, cuando se trata de definir las propiedades de la fibra que son importantes para otorgarle un valor comercial, la principal característica que se utiliza es el diámetro medio de fibra (Latorraca 2005; Mueller 2015).

En los ovinos criollos, el diámetro medio de fibra (DMF), resultó estar asociado fenotípicamente con el desvío estándar del diámetro medio de fibra (DEDMF), con la curvatura de ondulación (CU), con el factor de confort (FC) y con la longitud de mecha (LM). De forma negativa con el FC ($r = -0.95$) y con CU ($r = -0.82$), es decir que las fibras más finas (menor DMF) están asociadas a un mejor FC y a una mayor CU, coincidiendo con los valores registrados por Guzmán Barzola y Aliaga Gutiérrez (2010) ($r = -0.32$) en ovejas Corriedale y por Pickering y col., (2013) ($r = -0.55$) en ovejas de doble propósito carne-lana en Nueva Zelanda. Por otro lado, DMF y DEDMF se correlacionaron positivamente ($r = 0.70$), con un valor similar a ($r = 0.64$) obtenido en Nueva Zelanda para cuatro razas doble propósito Pickering y col., (2013) e inferior, pero de igual signo y significado estadístico que el valor obtenido por Safari y col., (2005) ($r = 0.40$), lo cual indica que el DMF generalmente varía de manera pareja. La CU mostró una correlación positiva con FC ($r = 0.77$), lo cual también resulta lógico si consideramos que las fibras con mayor CU tienen menor DMF. Entre el LM y el DMF la correlación resultó positiva, pero baja ($r = 0.23$), concordante con los valores obtenidos por Pickering y col., (2013) ($r = 0.21$), Safari y col., (2005) ($r = 0.19$) y Vaillemans (2003) ($r = 0.17$). Otros autores han reportado correlaciones negativas aunque bajas, como Steinhagen y col., (1986) en la raza Dohne Merino

($r = -0,12$) y en la raza Merino ($r = -0,15$), o Guzmán Barzola y Aliaga Gutiérrez (2010) en ovinos Corriedale ($r = -0,004$). En otro trabajo Lembeye y col., (2014), calcularon en la raza Merino Precoz una correlación entre LM y DMF de $0,035 \pm 0,10$; pareciera que entre ambas características no existe una influencia mutua (Guzmán Barzola y Aliaga Gutiérrez, 2010). Respecto del diámetro medio de fibra (DMF), es importante resaltar que las ovejas criollas en ninguna de las regiones estudiadas mostraron promedios de DMF superiores a los $40 \mu\text{m}$ o más, como se establece en la clasificación lanera argentina para ser considerada como lana para alfombras, “*carpet wool*” o “Criolla” (Calvo, 1983; Aguirre y col., 2010). El promedio del DMF de las ovejas criollas, se ubica según la clasificación lanera argentina en categorías que van desde: cruza fina en el caso de las ovejas salteñas ($\text{DMF} = 26,1 \pm 2,5$), cruza mediana en el caso de las ovejas santiagueñas y las bonaerenses ($\text{DMF} = 33,1 \pm 3,8$) y ($\text{DMF} = 33,5 \pm 2,9$) respectivamente y cruza gruesa en el caso de las correntinas ($\text{DMF} = 35,9 \pm 4,1$). A las razas que generalmente se les atribuyen estas categorías de finura son: a la Corriedale, Romney Marsh y Lincoln respectivamente. Por ejemplo el DMF en ovejas Corriedale en Perú, fue estimado en $26,06 \pm 5,84 \mu\text{m}$ (Guzman Barzola y col., 2010), sin embargo en la región mesopotámica argentina para la misma raza, los indicadores productivos son bajos y predominan lanas entre 25 y $32 \mu\text{m}$ de diámetro (Gambetta y Pueyo, 2004) y en la localidad de Monte Caseros provincia de Corrientes Argentina para la misma raza valores promedio de $29,4 \mu\text{m}$ (Flores Quintana y col., 2012), todos valores similares o superiores a los observados en las ovejas criollas salteñas. Para las razas doble propósito Romney Marsh, Coopworth, Perendale y Texel, en Nueva Zelanda el DMF, teniendo en cuenta

1271 observaciones fue estimado en $33,30 \pm 2,54 \mu\text{m}$ y el DE DMF en $8,60 \pm 2,54 \%$ (Pickering y col., 2013), valores similares a los obtenidos por las ovejas Criollas santiagueñas y bonaerenses. Los resultados de DMF obtenidos, son concordantes con los de la oveja Criolla formoseña que registraron una media de $26,9 \pm 8,6 \mu\text{m}$ para los animales de color café y de 31 a 33 μm para los fenotipos blanco, gris y negro (Galdamez y col., 2012) y también con los reportados para la oveja Criolla Linca donde se obtuvo una media para el DMF= $27,5 \pm 4,3 \mu\text{m}$ (Reising y col., 2008), lanas que de acuerdo a estos valores, tampoco pueden ser clasificadas como “*carpet wool*” o “lana de alfombras”. La curvatura de ondulación (CU), está directamente relacionada con la ondulación de la lana y las lanas con ondulaciones bien marcadas son aquellas que tienen buen carácter. Las lanas pueden clasificarse según su CU en: Baja Curvatura (valores menores a 50 $^{\circ}/\text{mm}$); Media Curvatura (valores de 60 a 90 $^{\circ}/\text{mm}$) y de Alta Curvatura (valores mayores a 100 $^{\circ}/\text{mm}$). Lanas cruzas de 30 μm o más, generalmente tendrán baja curvatura, la lana Merino típica tendrá una curvatura media y las Merino superfina una curvatura alta (Sacchero, 2008). La CU de las ovejas criollas salteñas (CU = $78,5 \pm 13,5$) mostró una Curvatura Mediana, compatible con una lana fina, mientras que las santiagueñas, las bonaerenses y las correntinas presentaron valores de (CU = $45,5 \pm 15,0$); (CU = $41,9 \pm 7,3$) y (CU = $42,7 \pm 12,1$) respectivamente, lo cual las ubica en una clasificación como de Curvatura Baja, compatible con lanas Cruza mediana y Cruza gruesa. El factor de confort (FC) observado en las ovejas criollas de Salta se ubicó en valores superiores a las ovejas del resto de las regiones, lo cual indica que tienen una proporción significativamente mayor de fibras menores de 30 μm que SE, CO y BA. La

longitud de mecha (LM) es una característica de gran importancia desde el punto de vista textil, ya que si las fibras son largas (>50 mm) se utilizan para el sistema de peinado y si son cortas (<50 mm) se utilizan en el sistema de cardado (Guzman y col., 2010). Solamente las ovejas bonaerenses y las correntinas superaron los 50 mm promedio de LM, requeridos para el sistema de peinado. Las bonaerenses (LM = 123mm) registraron un valor significativamente mayor al resto de las ovejas estudiadas y se asemejaron a los valores reportados para la raza Corriedale ($130,48 \pm 15,32\text{mm}$) por Flores y col., (2012). Considerando las cinco variables estudiadas que determinan las características de la lana de las ovejas criollas en forma conjunta, quedaron definidos tres grupos de ovejas: en el primer grupo se ubicaron mayoritariamente las ovejas salteñas (86 %), en el segundo grupo mayoritariamente las ovejas correntinas y las santiagueñas (81 %) y en el tercer grupo las ovejas bonaerenses (100 %). El primer grupo conformado por las ovejas salteñas, son las que presentaron valores superiores en cuanto a finura (DMF), factor de confort (FC) y curvatura de ondulación (CU). La variable que claramente distingue a las ovejas bonaerenses que se ubican en el tercer grupo es la longitud de mecha (LM). Por último, es interesante destacar que los tres grupos que se definieron teniendo en cuenta las características de la lana de las ovejas criollas, coinciden con los tres grupos que se formaron considerando los 30 microsatélites analizados.

VII. CONCLUSIÓN

La conservación y uso sustentable de los recursos zoogenéticos locales se ha convertido en una prioridad mundial, principalmente porque las poblaciones de animales adaptados al ambiente de la región en la que han evolucionado, están siendo sustituidas por razas especializadas procedentes de otros ambientes. Si este proceso de sustitución se realiza de manera automática, sin considerar el aporte de las razas locales, adaptadas a los distintos ambientes, es muy probable que la intención de mejorar la productividad regional termine en un fracaso. Antes de plantear planes de mejora productiva en una determinada región, es importante considerar los recursos genéticos con los que contamos y el ambiente que presenta el lugar. Si existen razas locales que han tenido un largo período de selección natural en un determinado ambiente, significa que contamos con genes y combinaciones de genes que han podido convivir con los factores ambientales imperantes en la zona, lo cual favorece la sustentabilidad de la producción ya que genotipo y ambiente son complementarios. Lo contrario ocurre al subestimar el aporte de las razas locales introduciendo razas no adaptadas, ya que habrá que modificar el ambiente de acuerdo a los requerimientos del genotipo introducido, lo cual además, conduce a incrementar los costos de producción. La raza ovina criolla, fundadora de la producción ovina argentina, hace 500 años, ha logrado adaptarse a los más diversos climas y a pesar de la desvalorización a la que fue sometida durante los últimos doscientos años, actualmente está presente en casi todas las provincias argentinas ocupando un destacado lugar en las economías regionales. Este trabajo nos ha permitido confirmar su importancia actual y aportar información valiosa que podrá ser utilizada por productores y técnicos a la

hora de desarrollar planes de cría en distintas regiones de nuestro país. En general las ovejas criollas muestran una importante variabilidad genética y morfológica que coincide con su evolución histórica en los distintos ambientes. Esta diversidad, constatada con los resultados objetivos presentados en esta tesis, lejos de constituir un problema para nuestro país como se ha considerado durante mucho tiempo y se ha tratado de resolver uniformando los animales mediante cruzamientos absorbentes con razas importadas, viene a darnos la posibilidad de elaborar planes de mejora genética intrapoblacional y/o interpoblacional para desarrollar producciones regionales de manera sustentable favoreciendo el desarrollo económico y social local. Este trabajo, además ha aportado una clara evidencia en cuanto a que la raza ovina criolla ha sido mal clasificada por las autoridades laneras argentinas en cuanto a que la finura de su lana se considere “carpet wool” “lana de alfombras” o “criolla”. Este calificativo genera un prejuicio claramente despreciativo sobre este valioso recurso genético argentino. Consideramos que las autoridades laneras argentinas, deberían tener presente estos datos y corregir esta errónea denominación, aclarando que la raza ovina criolla puede abarcar distintos tipos de finura de lana. Los índices zoométricos de tipo etnológico revelaron que las ovejas de las cuatro regiones estudiadas comparten características raciales en común, aunque presentan variabilidad intrapoblacional, siendo las más homogéneas las ovejas salteñas y las de mayor variabilidad las bonaerenses, probablemente obedeciendo a la adaptación de los animales a los ambientes de cada región. Los índices zoométricos funcionales, describieron que las ovejas criollas de las cuatro regiones tienen aptitud de tipo doble propósito: carne-lana. El hecho de haberse verificado que el agrupamiento

genético y el agrupamiento lanero de las ovejas criollas es coincidente (los mismos tres grupos: Salta, Corrientes-Santiago del Estero y Buenos Aires), abre la posibilidad de indagar con mayor profundidad en esta aparente asociación. Estos resultados, pueden servir de estímulo para ampliar los estudios acerca de los ovinos criollos y extenderlos a las distintas poblaciones existentes en los distintos ambientes de nuestro país, de tal forma de favorecer el uso racional de este recurso. En líneas generales, creemos que la realización de esta tesis ha sido un valioso aporte para la zootecnia argentina, contribuyendo al conocimiento de las ovejas criollas argentinas, destacando su diversidad genética, brindando información sobre su estructura genética poblacional, sobre su conformación zoométrica y sobre las características objetivas de su lana.

VIII. BIBLIOGRAFIA

- Aguirre A. y Fernández R. (2010).** Manual de Acondicionamiento de lanas MI-G-03 2da. Versión. Prolana. Ley Ovina. Ministerio de Agricultura y Ganadería de la Nación 76 pág.
- Alvarez M., Giorgetti H., Garcia Vincent J., Miñon D., Rodríguez G., Ponce D., Antenao J., Enrique M., y Durañona G. (2015).** Evaluación genética de la raza Comarqueña. Información Técnica Nro. 37. INTA. EEA Valle Inferior del Río Negro.
- Álvarez, S., Fresno, M., Capote, J., Delgado, J.V. y Barba, C., (2000a).** Estudio para la caracterización de la raza Ovina Palmera. Arch. Zootec. 49: 217-222.
- Álvarez, S., Fresno, M., Capote, J., Delgado, J.V. y Barba, C., (2000b).** Estudio para la caracterización de la raza Ovina Canaria. Arch. Zootec. 49: 209-215.
- Aparicio Sánchez, G. (1960).** Exterior de los grandes animales domésticos. Imprenta Moderna. Córdoba. España.
- Aparicio Sánchez, G. (1960).** Zootecnia especial. Etnología compendiada. Imprenta Moderna. Córdoba.
- Aranguren-Méndez J. A., Gómez M. y Jordana J. (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 Jordana J. (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.
- Armstrong E., Postiglioni A. (2010).** Bovinos y ovinos Criollos del Uruguay. Estudios y perspectivas. Revista Agrociencia Uruguay Vol. 14, No 3. 33-41.
- Arroyo J. (2011).** Estacionalidad reproductiva de la oveja en Mexico. Tropical and Subtropical Agroecosystems, 14 (2011): 829-845

AscueVivas N. J. (2013). Diversidad genética de ovinos criollos colombianos. Tesis de Maestría Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias Agropecuarias. Coordinación general de posgrados Sede Palmira.

Asociación Argentina Criadores de Merino. (1998). La raza Merino en la Argentina. Artes gráficas Corín Luna S.A. Buenos Aires.

Avellanet Torres, R. (2006). Tesis doctoral: Conservación de recursos genéticos ovinos de la raza Xisqueta. Caracterización Estructural, racial y gestión de la diversidad en programas “In situ”. Universidad Autónoma de Barcelona. Bellaterra 2006. 282 pág.

Baudouin L., Piry S. y Cornuet J. M. (2004). Analytical bayesian approach for assigning individuals to populations. *J Hered* 95: 217-224.

Baumung R., Cubric-Curik V., Schwend K., Achmann R. y Solkner J. (2006). Genetic characterization and breed assignment in Austrian sheep breeds using microsatellite marker information. *J. Anim. Breed. Genet.* 123 pag. 265–271.

Bafowethu S. M., Sarti F. M., Lasagna E., Nokuthula. W. K. (2016) Morphological differentiation amongst Zulu sheep populations in KwaZulu-Natal, South Africa, as revealed by multivariate analysis. *Small Ruminant Research* 140. 50-56.

Beckmann J. S. y Saller M. (1990). Toward a Unified Approach to Genetic Mapping of Eucaryotes Based on Sequence Tagged Microsatellite Sites. *Biotechnology* 8: 930-932.

Bedotti D., Gómez Castro M., Sánchez R., Martos P.J. (2004). Caracterización morfológica y faneróptica de la cabra Colorada Pampeana. *Archivos de Zootecnia* (53): 261-271.

Belkhir K. P., Borsa L., Chikhi N. y Bonhomme F. (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 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.

Bidot A. (2004). La situación de la producción ovina caprina en Cuba. Curso “Taller Iberoamericano” Sistemas de alimentación sostenible para ovinos y caprinos”. Red XIX. “Red Iberoamericana para el Mejoramiento Productivo de Pequeños Rumiantes y Camélidos Sudamericanos”. 6 - 11 de Diciembre. Universidad de Ciego de Ávila, Cuba.

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., Yoo J. & Beattie C.W. (1994) A genetic linkage map for cattle. *Genetics* **136**, 619-39.

Bjorklund Mats (2005) A method for adjusting allele frequencies in the case of microsatellite allele drop-out. Molecular Ecology Resources. Department of Animal Ecology, Evolutionary Biology Centre, Uppsala University, Norbyvägen 18D, SE-752 36 Uppsala, Sweden.

Blin N. y Stafford D. W. (1976). Isolation of high molecular weight DNA. *Nucleic Acids Research* **3**: 2303-2308.

Bogucki, P. (1996). The spread of early farming in Europe. *American Science*, **84**: 242–253.

Botelho M. B. (1991). Não podem estragar a raça Somalis. *O Berro. Brás. De Caprinose Ovinos* N° 22, nov/dez. Uberaba, MG. p.25-27.

Botstein D., White R. L., Skolnick H. y Davis R. W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *American Journal of Human Genetics*. **32** 314-331.

Bouzada J. A., Lozano J. M., Maya M. R., Ossorio B., Trigo A., Estévez M., Mayoral T., Anadón E., Gómez-Tejedor C. (2008). Identificación genética y control genealógico en equinos mediante secuencias microsatélites de ADN. *ITEA* Vol. 104 (2), 249-255.

Bravo, S., Sepúlveda, N. (2010). Índices zoométricos en ovejas criollas araucanas. *Int. J. Morphol.* **28(2)**:489-495.

Bretting P. K. y Widrlechner (1995). Genetic markers and horticultural germoplasm management. *Hort Science* **30(7)**, 1349-1356.

Bruford M., Bradley D. Y Luikart G. (2003). “DNA markers reveal the complexity of livestock domestication”. *Nature Reviews Genetics* **4**, 900-910.

- Brunschwig G. (2004).** Entre geografía y zootecnia. Ejemplos de funcionamiento de sistemas ganaderos. En: Los Andes y el reto del espacio mundo: Hoamenaje a Olivier Dofffus (en línea). Lima: Institut français d'études andines. (Generado el 17 abril 2018). Disponible en Internet: <http://books.openedition.org/ifea/518>. ISBN: 9782821826489.
- Brezinsky L., Kemp S.J. & Teale A.J. (1993).** Five polymorphic bovine microsatellites (ILSTS010-014). *Animal Genetics* **24**, 75-6.
- Buchalski M. R., Sacks B. N., Gille D. A., Penedo M. C., Ernest H. B., Morrison S. A. y Boyce W. (2016).** Phylogeographic and population genetic structure of bighorn sheep (*Ovis canadensis*) in North American deserts. *Journal of Mammalogy*, 97(3):823–838.
- Buchanan F.C., Swarbrick P.A. & Crawford A.M. (1992a).** Ovine dinucleotide repeat polymorphism at the MAF65 locus. *Animal Genetics* **23**, 85-.
- Buchanan F.C. & Crawford A.M. (1992b).** Ovine dinucleotide repeat polymorphism at the MAF209 locus. *Animal Genetics* **23**, 183.
- Buchanan F. C. & Crawford A. M. (1992c).** Ovine dinucleotide repeat polymorphism at the MAF214 Locus. *Animal Genetics* **23**: 394
- Buchanan F.C. & Crawford A.M. (1993).** Ovine microsatellites at the OarFCB011, OarFCB128, OarFCB193, OarFCB266 and OarFCB304 loci. *Animal Genetics* **24** 145.
- Buchanan F.C., Galloway S.M. and Crawford A. M. (1994).** Ovine microsatellites at the OarFCB5, OarFCB019, OarFCB020, OarFCB048, OarFCB129 and OarFCB226 loci. *Animal Genetics* **25**:60
- Buseti M. R., Suárez V. H., Ortellado M. R. (2010).** La raza ovina Pampinta su rol en la lechería argentina. Ficha Técnica Nro. 11 proyecto lechero.
- Byrne K. & Moore S.S. (1993).** Dinucleotide polymorphism at the bovine calmodulin independent adenylcyclase locus. *Animal Genetics* **24**, 150.
- Calvo C. (1983).** Ovinos, ecología, lanas, cueros, carnes, razas. Talleres Gráficos Masiero Hnos. Buenos Aires Argentina. Pág. 304.
- Camacho M.E., León J.M., Fernández G., Barba C., Fresno M.R., Capote J.F., Bermejo L., Camacho A. y Mata J. (2009).** Biodiversidad ovina en el sur de España e Islas Canarias. En Biodiversidad ovina Iberoamericana:

Caracterización y uso sustentable. Editores Juan Vicente Delgado Bermejo y Sergio Nogales Baena. Universidad de Córdoba España. Pág 115

Campos R., Cardona H., Martínez R. (2016). Genetic diversity of Colombian sheep by microsatellite markers. Chilean Journal of Agricultural Research 76 (1): 40-46.

Camps J. (2011). Alimentos requeridos para el segundo viaje de Colón. Cálculos estimados en energía, su peso y volumen. Serie Nuestra Historia. Información Veterinaria (octubre) 28-30.

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 Moazami-Goudarzi K. (2001). Genetic diversity measures of local european beef cattle breeds for conservation purposes. Genetics Selection Evolution 33: 311-332.

Capote J., Delgado J.V., Fresno M., Camacho M.E., Molina A. (1998). Morphological variability in the Canary goat population. Small Ruminant Reserch 27. 167-172.

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.

Cardinaletti L., Von Thungen J. y Lanari M. R. (2011). Comercialización de artesanías fabricadas con lana de ovejas linca en la Patagonia Argentina. Añadiendo valor a la diversidad ganadera. FAO Producción y Sanidad Animal Nro 168. pag. 51- 57.

Cardozo A. (1995). Caracterización y funciones del ovino criollo en el sistema pastoril. Waira Pampa, Un sistema pastoril camélidos - ovinos del altiplano árido boliviano. Editores científicos: Genin D, Picht H J, Lizarazu R y Rodríguez T.; I.B.T.A. La Paz Bolivia. 57-63.

Carneiro H., Louvandini H., Paiva S.R., Macedo F., Mernies B., McManus C. (2010) Morphological characterization of sheep breeds in Brazil, Uruguay and Colombia. *Small Ruminant Research* 94. 58–65.

Carrazzoni J. (1997). Crónicas del Campo Argentino, nuestras raíces agropecuarias. SERIE DE LA Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria. Orientación Gráfica Editora SRL pag. 405

Carrazzoni J. (1998). “El bovino criollo”. Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria Tomo LII Nro. 16 pag. 1-53

Ceccobelli S., Karsli T., Di Lorenzo P., Marozzi G., Landi V., Sarti F.M., Sabbioni A., Lasagna E. (2015). Genetic diversity of Cornigliese sheep breed using STR markers. *Small Ruminant Research* 123: 62-69.

Cockerham C. (1969). Variance of Gene Frequencies. *Evolution* 23(1):72-84. DOI: 10.2307/2406485

Cockerham C. (1973). Analyses of gene frequencies. *Genetics*. 1973 August; 74(4):679-700.

Cortes López H. A. (2010). Situación del recurso ovino y caprino en Colombia. En Documento de trabajo elaborado en el marco del plan nacional de acción para la conservación mejoramiento y utilización sostenible de los recursos genéticos animales de Colombia. <https://sioc.minagricultura.gov.co/.../Situacion%20Recursos%20Ovino%20->

Crispim B., Seno de Oliveira L., Alves do Egito A., Miranda de Vargas F., Barufatti Grisolia A. (2014). Application of microsatellite markers for breeding and genetic conservation of herds of Pantaneiro sheep. *Electronic Journal of Biotechnology* 17: 317-321. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ejbt.2014.09.007>.

Crow, J. F.; Kimura, M. (1970). An Introduction to Population Genetics Theory. Burgess Ed. Minneapolis. 591 p.

Cuadras, C. M. (2012). “Nuevos Métodos de Análisis Multivariante”. Barcelona: CMC Editions, España. Versión obtenida el 18/03/2013. <http://www.ub.edu/stat/personal/cuadras/metodos.pdf>

Cuadras, C.M. (2014). Nuevos métodos de análisis multivariante. Barcelona: CMC Editions. España. <http://www.ub.edu/stat/personal/cuadras/metodos.pdf> (30/03/2014).

- Cymbron T., Freeman A. R., Malheiro M. I., Vigne J. D. y Bradley D. G. (2005).** Microsatellite diversity suggests different histories for Mediterranean and Northern European cattle populations. *Proceedings of the Royal Society of London B*, 272: 1837–1843.
- Chacón E. M., Velázquez F. J., Pérez E. y López Y. (2009).** Ovino Pelibuey Cubano. Biodiversidad ovina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Editor J. B. Delgado Bermejo. 263-274.
- 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.
- Chamero Serena J. (1996).** De Los Pedroches a Indias. Viajeros del Siglo XVI. Editorial Ciencia 3. Distribución S. L. Madrid, España
- Chávez, J.; Cabrera, F. y Polivera, E. (1989).** El ovino criollo y su sistema de crianza. Sistemas propios de manejo de tierras y animales en comunidades campesinas. Huancayo. Lluvia editores. 68 pp.
- Chertudi S. y Nardi R. (1961).** Tejidos Araucanos de la Argentina. En *Cuadernos del Instituto Nacional de Investigaciones Folklóricas*, 2: 97-182.
- Chikhi L., Goossens B., Treanor A. y Bruford M. W. (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.
- Davies K.P., Maddox J.F., Harrison B. & Drinkwater R. (1996).** Ovine dinucleotide repeat polymorphism at eight anonymous loci. *Animal Genetics* 27, 381-2.
- David L. G., Dibner M. D. y Battley J. F. (1986).** Basic methods in molecular biology. Elsevier, New York, USA.
- De Gea G. (1988).** Las mamellas en la especie ovina. *Correo Veterinario*, 121 (2) 8-9.
- De Gea G., Petryna A. y Mellano A. (1994).** Relevamiento de las producciones ovina y caprina en los departamentos Calamuchita y Río Cuarto, Pcia. de Córdoba. Informe Final. Consejo de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de la provincia de Córdoba (CONICOR).

- De Gea G., y Levrino, G. (2000).** La oveja tipo “Criollo” de las Sierras de Los Comechingones, XXV Jornadas Científicas de la Sociedad Española de Ovinotecnia y Caprinotecnia (SEOC), Córdoba, Argentina.
- De Gea, G. (2007).** El ganado lanar en la Argentina. 2da. Edición Río Cuarto, Córdoba. Universidad Nacional de Río Cuarto. 280 pag.
- De Gortari M., Freking B.A., Kappes S. M., Leymaster K. A., Crawford A. M., Stone R. T. y Beattie C. W. (1997).** Extensive genomic conservation of cattle microsatellite heterozygosity in sheep. *Animal Genetics*, 28, 274-290.
- De la Barra R., Carvajal A., Uribe H., Martínez M. E., Gonzalo C., Arranz J. y San Primitivo F. (2011).** El ovino criollo Chilote y su potencial productivo. *Animal Genetic Resources* Nro. 48, 93–99. FAO Rome Italy.
- De la Rosa S., Revidatti M.A., Tejerina E.R., Orga A., Capello J.S. y Petrina J.F. (2012).** Estudio para la caracterización de la oveja criolla en la región semiárida de Formosa, Argentina. *Revista AICA* Nro. 2: 87-94.
- De la Rosa-Carbajal S., Revidatti M. A., Cappello-Villada J. S. y Tejerina E. (2016).** La oveja formoseña: un recurso local de alto valor social. *Quehacer Científico en Chiapas* 11 (1) pag. 70-83.
- Devendra C. (1972).** Barbados Blackbelly Sheep of the Caribbean, in the Tropical Agriculture, Trinidad, 49, p. 23-29.
- Di Rienzo J.A., Casanoves F., Balzarini M.G., Gonzalez L., Tablada M., Robledo C.W. (2008).** InfoStat, versión 2008, Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
- Domingues O. (1954).** Sobre a origem do Carneiro Deslanado no Nordeste - Seção de Fomento Agrícola do Ceará, n.3 Fortaleza, 28p.
- Dzib C.A., Ortiz de Montellano A. y Torres-Hernández G. (2011).** Variabilidad morfoestructural de ovinos Blackbelly. Campeche. México. *Arch Zootec*, 60: 1291-1301.
- Ede A.J., Pierson C.A. & M. C.A. (1995)** Ovine microsatellites at the OarCP34, OarCP38, OarCP43, OarCP49, OarCP73, OarCP79 and OarCP99 loci. *Animal Genetics* 26, 129-31.

Elvira M. G. (2004). Mediciones Objetivas. Su Importancia en la comercialización e industrialización de la lana. Revista Idia XXI INTA Nro. 7. Diciembre. Pag.124 - 129.

Elvira M. G. (2009). De qué está hecha la lana y principales características textiles. Carpeta Técnica, Ganadería N° 33, EEA INTA Esquel, Chubut.

Estévez J. J. (1990). El Ganado Ovino en la historia de España (1). Anales de la Real Academia de Ciencias veterinarias de Andalucía oriental. Vol. 2. Pag. 21-46.

Evanno G., Regnaut S., Goudet J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Mol. Ecol. Jul; 14 (8):2611-20

Esquivelzeta C., Fina M., Bach R., Madruga G., Caja G., Casellas J., and Piedrafita J., (2011). Morphological analysis and subpopulation characterization of Ripollesa sheep breed. Animal Genetic Resources. 49, 9–17.

Etcheverry, M. (2017) Estudio técnico de las cadenas de valor ovina y porcina en el sudoeste bonaerense. Informe Final. Universidad Tecnológica Nacional. Facultad Regional Bahía Blanca.

Excoffier L., Smouse P. E., y Quattro J. M. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics 131: 479-491.

Excoffier L. (2001). Analysis of population subdivision, p. 271-307. In: Balding, D.J., Bishop, M., and Cannings, C., eds. Handbook of statistical genetics. Chichester (UK): John Wiley & Sons.

Falconer D. S. y Mackay T. F. C. (2001). Introducción a la Genética Cuantitativa. 4^{ta} Edición. Editorial Acribia SA.

Falush D., Stephens M. y Pritchard J. K. (2003). Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. Genetics 164: 1567-1587.

FAO (1984). Animal genetic resource conservation by management, databanks and training. Animal Production and Health Paper No. 44/1. Roma.

FAO (1993). An integrated global programe to establish the genetics relationships among the breeds of each domestic animal species Rome. Italia.

FAO (1999). Secondary guidelines for development of National Farm animal genetic resources. Management Plans. Measurements of Domestic Animal Diversity (MoDAD: Working group Report FAO Roma.

FAO (2010). Situación de la biodiversidad en el sector ganadero. La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura. Comisión de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura. Organización de las naciones unidas para la agricultura y la alimentación. Roma.

FAO (2011). Molecular genetics characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. No. 9. Rome.

Fernández Cirelli A., Pérez Carrera A., Moscuza C. H. (2007) Evaluación de la situación ambiental y socioeconómica a través de indicadores. Estudio de caso: Santiago del Estero, Argentina. Evaluación de los usos del agua en las tierras secas de Iberoamérica. Vol. XII El Agua en Iberoamérica. Mendoza, Argentina.

Ferrando A., Casas M., Marmi J., Parés P.M., Jordana J. (2009). Variabilidad del ADN mitocondrial en cinco razas ovinas pirenaicas. AIDA XIII Jornadas Españolas sobre Producción Animal Tomo I: 48-50.

Ferrando A., Goyache F., Parés P.M., Carrión C., Miró J., Jordana J. (2014). Genetic relationships between six eastern Pyrenean sheep breeds assessed using microsatellites. Spanish Journal of Agricultural Research 12 (4): 1029-1037.

Finkelstein D. (2008). Textiles Indígenas e Interculturalidad en la Patagonia. 3as Jornadas de Historia de la Patagonia. San Carlos de Bariloche, Argentina 6-8 de noviembre.

Flores Quintana C., Yañez E., Carlino M. y Bangher G. (2012). Morfología de la piel y producción de lana en cruzamiento absorbente con Merino multipropósito. J. Morphol., 30 (4): 1434-1441.

Gambetta R. y Pueyo J. (2004). Producción ovina en la Mesopotamia Argentina. Idia XXI. 4(7):16-21

Galdamez D., De la Rosa, S., Perezgrovas R., Revidatti M.A. y Rodriguez G. (2012). Características macroscópicas y microscópicas de la mecha y la fibra de lana en la oveja autóctona Formosa de Argentina. Actas Iberoamericanas de Conservación Animal. AICA, 2:309-312.

- García Herrera M., Peña Blanco F., Rodero Serrano E. (2005)** Etología aplicada, protección animal y etnología. Departamento de producción animal. Universidad de Córdoba, España.
- García Martínez B. (1994).** Los primeros pasos del ganado en México. Revista Relaciones. Estudios de historia y sociedad. Vol. XV Nro. 59. Pag. 11-44.
- Georges M. & Massey J. (1992).** Polymorphic DNA markers in bovidae. In: *WO Publication* (ed. by Org WIP), Geneva.
- Gerbert Marie-Claude. (2002).** La ganadería medieval en la Península Ibérica. Editorial Crítica. S L. Barcelona.
- Giberti H. (1974).** Historia económica de la ganadería argentina. Editorial Solar Hachete Buenos Aires.
- Gines, R. (2009).** Variación morfológica. En: Valoración morfológica de los animales domésticos. SEZ Coordinador Carlos Sañudo Astiz. 862 pp.
- Greenacre M.J., Hastie, T. (1987).** The Geometric Interpretation of Correspondence Analysis. *Journal of the American Statistical Association*, 82: 437-447.
- Gómez Urviola N. y Gómez Urviola J. (2009).** Importancia del recurso ovino peruano en el desarrollo rural sostenible. Biodiversidad ovina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Editor J B Delgado Bermejo. 387-404.
- Groeneveld L. F., Lenstra J.A., Eding H., Toro M. A., Scherf B., Pilling D., Negrini R., Jianlin H., Finlay E. K., Groeneveld E., Weigend Sand the Global Div. consortium. (2010).** Genetic diversity in livestock breeds. *Animal Genetics*, 41(suppl. 1): 6–31.
- Guzmán Barzola J.C. y Aliaga Gutiérrez J. (2010).** Evaluación del método de clasificación del vellón en ovino Corriedale (*ovis aries*) en la Sais Pachacutec. Facultad de Zootecnia Universidad Nacional Agraria La Molina. www.produccion-animal.com.ar
- Halbert N. D., Ward T. J., Schnabel R. D., Taylor J. F. y Derr J. N. (2005).** Conservation genomics: Disequilibrium mapping of domestic cattle chromosomal segments in north american bison populations. *Molecular Ecology* 14: 2343-2362.
- Hale John R. (1982).** La edad de la exploración. Primera edición. Time-Life International. B V Madrid. España.

- Hamada H., Seidman M., Howard B. H. y Gordman C. M. (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.
- Hansen E. W. (1994).** Los camélidos sudamericanos y la puna jujeña. Ed. Universidad Nacional de Jujuy. Jujuy Argentina.
- Helman M. (1951).** Ovinotecnia. Tomo 1. Editorial El Ateneo. Buenos Aires.
- Hernández I., Rodríguez J., Romero O., Hernández J., Macías A., López H., y Herrera J., (2013).** Morphometric Characterization of Creole Sheep without Ear of the Sierra North State of Puebla-Mexico. *Int. Res. J. Biological Sci.* Vol. 2(5), 1-8.
- Hernández J. (1868).** Instrucción del estanciero. Editorial Casavalle. Buenos Aires Argentina.
- Hevia M.L., Quiles A. (1993)** "Determinación del Dimorfismo Sexual en el Pura Sangre Inglés mediante Medidas Corporales". *Arch. Zootec.* 1993, núm. 42, p. 451-456
- Hick M. V. H., Frank E. N., Prieto A. y Castillo F. (2008).** Índices de Primariedad en majadas ovinas del centro de la provincia de Córdoba, Argentina. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal* Vol. 16, Número 3:115-121.
- Hick M. V. H., Frank E. N., Molina M. G., Prieto A. y Castillo M. F. (2009).** Grado de arcaísmo en majadas ovinas en relación a diferentes cuencas de producción de la provincia de Córdoba. *Revista Argentina de Producción Animal* Vol. 29 (1): 37-44.
- Hick M. V. H., Frank E. N., Castillo M. F., Prieto A. y Ahumada M. (2016).** Determinación del potencial textil de poblaciones primarias (criollas) de rumiantes menores en áreas desfavorecidas. *Revista Argentina de Producción Animal* Vol. 36 N° 2: 91-102.
- Hiendleder S., Lewalski H., Wassmuth R., Janke A. (1998)** The complete mitochondrial DNA sequence of the domestic sheep (*Ovis aries*) and comparison with the other major ovine haplotype. *J. Mol. Evol.* 47 (4): 441-8.
- Hoffmann I., Marsan P. A., Barker J. S. F., Cothran E. G. (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. Proceedings of the 29th International Conference on Animal Genetics, Tokyo, Japan. September 11-16, 2004 (Abstract 123).

Huang D., Yang Q., Yu C. y Yang R. (2003). Development of the x-linked tetrameric microsatellite markers humdxs6803 and humdxs9895 for forensic purpose. *Forensic Sci Int* 133: 246-249.

Hulme D.J., Silk J.P., Redwin J.M., Barendse W. & Beh K.J. (1994) Ten polymorphic ovine microsatellites. *Animal Genetics* 25, 434-5.

INDEC (2002). Anuario Estadístico. Censo Nacional Agropecuario. Instituto Nacional de Estadísticas y Censos. Buenos Aires.

Jara P. M. (2017). Biometría en ovinos cruce Criollo con Texel (3/4,1/4)". Tesis de grado Universidad Nacional del Altiplano Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Puno Perú. Pag. 90.

Jaramillo López E., Perezgrovas R., Rodríguez Galván G., Molinar Holgín F., Rubio Tabarez E., Tania Karola P. y Zaragoza, L. (2009). Caracterización del ovino tarahumara para su conservación biológica. *Ciencia de la frontera revista de ciencia y tecnología de la UACJ. Volumen VII: 51-56*

Kim K.S., Yeo J.S., Choi C.B. (2002). Genetic diversity of north-east Asian cattle based on microsatellite data. *Animal Genetics* 33 (3): 201-204.

Klein J. (1981). La Mesta. Alianza Universidad. Madrid, España.

Kossarek L.M., Grosse W.M., Finlay O. & Mc Graw R.A. (1993) Bovine dinucleotide repeat polymorphism RM006. *Journal of Animal Science* 71, 3176.

Kunene N. W., Ceccobelli S., Di Lorenzo P., Hlophe S., Bezuidenhout C. y Lasagna E. (2014). Genetic Diversity in Four Populations of Nguni (Zulu) Sheep Assessed by Microsatellite Analysis. *Italian Journal of Animal Science. Volume 13:3083. Pag. 76-82.*

Kusza S., Dimov D., Nagy I., Bősze Z., Jávora A. y Kukovics S. (2010). Microsatellite analysis to estimate genetic relationships among five Bulgarian sheep breeds. *Genetics and Molecular Biology*, 33, 1, 51-56.

Latorraca A. (2005). "Esquila desmaneada secuencial". Memorias del VII curso de actualización en producción ovina. EEA. Bariloche. INTA. 133-144

Lembeye F., Castellaro G., Magofke J.C. y Uribe H. (2014). Correlaciones

fenotípicas entre características de importancia económica en ovinos Suffolk Down y Merino Precoz en la zona central de Chile. *Archiv. Med. Vet.*, 46: 103-109.

Lewinshon R. (1954). *Animals, men and myths*. First edition. Harpers and Brothers. New York, U.S.A.

Li M. H., Sternbauer K., Haahr P. T. y Kantanen J. (2005). Genetic components in contemporary Faroe Islands cattle as revealed by microsatellite analysis. *Journal Animal Breeding and Genetics* 122: 309-317.

Li S. y Bottaro H. (2011). Lana Linca: innovación en extensión a partir de la revalorización de Conocimientos tradicionales. VII Jornadas interdisciplinarias de estudios agrarios y agroindustriales. Noviembre, Buenos Aires.

López S. y Monzón M. (2011). Propuestas para la producción y comercialización de lana artesanal en el Noroeste del Chubut. VII Jornadas interdisciplinarias de estudios Agrarios y Agroindustriales. Noviembre Buenos Aires.

Lopez G., Peña S., Genero E. y Lucero N. (2010). Brucelosis ovina en Argentina. *Revista Veterinaria Argentina*. Vol. XXVII. N°269.

Lynch G., Peña S., Mc Cormick M., Simonetti L., Donzelli V., De Gea G., Lanari M. y Martínez R. (2010). Recursos genéticos ovinos en la Argentina. Capítulo 20. Biodiversidad ovina iberoamericana. Universidad de Córdoba, España

Macchi M. (1974). *El ovino en la Argentina*. Acción de Urquiza intento de desarrollismo. Ediciones Macchi. Buenos Aires

Manel S., Schwartz M. K., Luikart G. y Taberlet P. (2003). Landscape genetics: Combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology and Evolution* 18: 189-197.

Maniatis T., Fritsch E. F. y Sambrook J. (1982). *Molecular cloning: A laboratory handbook*. Cold Spring Harbor, NY, New York

Martínez J. L. (1999). Pasajeros de Indias. Viajes transatlánticos en el siglo XVI. Sección obras de historia. Fondo de Cultura Económica. México D F pag. 323.

Martínez M. A., Quiroz J., Delgado J. V. y Vega-Pla J. L. (2007) Caracterización genética de la oveja Canaria con microsatélites de ADN. *Arch. Zootec.* 55 (216): 421-424.

- Martínez R. S., Vásquez R. R. y Ballesteros H. (2009).** El ovino criollo en Colombia Conservación, Caracterización y evaluación de la variabilidad genética. En Libro Biodiversidad ovina latinoamericana. Editor J V Delgado Bermejo. UCO España. 235-262
- Mason L. (1981).** Razas indígenas de ovinos y caprinos en América Latina. Recursos genéticos animales en América Latina. M -22 FAO Roma.
- Maudet C., Luikart G. y Taberlet P. (2002).** Genetic diversity and assignment tests among seven french cattle breeds based on microsatellite DNA analysis. Journal of Animal Science 80: 942-950.
- Mc Culloch C.E. and Searle S.R. (2001).** Generalized, linear and mixed models. John Wiley and Sons. New York. USA. 325 pp.
- Meadows J. R. S., Cemal I., Karaca O., Gootwine E., Kijas J. W. (2007).** Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near East. Genetics 175: 1371-1379.
- Mendonça A.S. (1951).** O carneiro Rabo Largo e sua introdução na Bahia. Secretaria da Agricultura, Indústria e Comércio. Vol. 4, Salvador, BA. 6pag.
- Melville Elinor G. K. (1994).** A plague of sheep: Environmental consequences of the conquest of México. Cambridge: Cambridge University Press. Pag. 220.
- Mernies B., Macedo F., Finolenko Y., Fernandez G. (2007).** Índices zoométricos en una muestra de ovejas criollas uruguayas. Archivos de Zootecnia 56 (suplemento 1): 473-478 pp.
- MINAGRO (Ministerio de Agroindustria) (2017).** “Existencias ovinas. Evolución serie 2005-2016.” Fecha consulta: 8 de Marzo de 2017. <http://www.agroindustria.gob.ar/>
- Mommens G., Peelman L. J., Van Zeveren A., D'Ieteren G. y Wissocq N. (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.
- Montes D., Moreno J., Hurtado Lugo N., Ramirez R., Celis A., y Garay G. (2013).** Caracterización Faneróptica Y Morfológica De La Hembra Ovina De Pelo Criollo (Camura) Colombiana, En La Sub Región Sabanas y Golfo De

Morrosquillo Departamento De Sucre. *Revista Colombiana de Ciencia Animal - RECIA*, 5(1), 104-115. doi:<https://doi.org/10.24188/recia.v5.n1.2013.475>

Montesinos I.S., Catachura A., Sánchez, J., Franco J.L., Arnhold E., McManus C., Fioravanti M.C.S. y Sereno J.R.B. (2015) Caracterización de ovinos en el litoral sur del Perú. *Animal Genetic Resources*, page 1 of 8. ©Food and Agriculture Organization of the United Nations. doi: 10.1017/S2078633614000563

Montoya A. J. (1984). Introducción de los lanares en los límites del actual territorio Argentino. En: Plus Ultra (Ed.), *Cómo evolucionó la ganadería en la época del Virreinato. Los ovinos durante los siglos XVI, XVII y XVIII*, pp: 71-107. Buenos Aires, Argentina.

Motti J. S., Ramallo V., Muzzio M., Bailliet G. y Bravi C. M. (2014). El ADN Mitocondrial como Indicador de Relaciones Biológicas entre Poblaciones Antiguas y Actuales del NOA. *Avances Recientes de la Bioarqueología Latinoamericana*. Editado por L. Luna, C. Aranda y J. Suby: Capítulo 13: 267-283. Buenos Aires.

Moore S.S., Byrne K. & Malcolm N. (1997) Three cDNA-derived bovine dinucleotide repeat polymorphisms: CSSME069, CSSME070 and CSSME076. *Animal Genetics* **28**, 376-7.

Moreno Meneses, J., Montes Vergara, D., Ucros Porras, J., Fernandez Quintero, A., y Cardona Alvarez, J., (2013) Variabilidad morfoestructural de la hembra ovina de pelo criollo colombiana. *Livestock Research for Rural Development*. Volume 26, article 83.

Mueller J. P., Duga L., Giraud C. y Bidinost F. (2001). Calidad de vellones en una majada Merino de la Patagonia. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Bariloche. Comunicación Técnica INTA Bariloche PA 391, 8 p. *Revista de Investigaciones Agropecuarias* 30: 101-113.

Mueller J. (2005). Síntesis de las razas ovinas y su uso en la argentina. Memorias del VII curso de actualización ovina. INTA Bariloche. Pág. 3-13 www.produccion-animal.com.ar

Mueller, J.P. (2006). Avances en el mejoramiento genético de ovinos en la Argentina. Comunicación Técnica INTA EEA Bariloche Nro. PA 493. 6 pp.

- Mueller J. (2015).** “Introducción a la producción ovina Argentina”. Sitio Argentino de Producción Animal. www.produccionanimal.com
- Mujica F. (2009).** Diversidad y conservación de los recursos zoogenéticos del país. Revista Agro Sur 37(3) 134-175.
- Mujica F., Mella J., de la Barra R., Blanco J.A. (2012).** Caracterización fenotípica de la raza ovina criolla chilota y dos razas ovinas predominantes en el sur de Chile. Actas Iberoamericanas de Conservación Animal. AICA 2. Páginas: 67-70
- Muñoz E. C. (2002).** El ovino en América. Participación del merino en la formación de la cabaña americana. La Habana, Cuba. Noviembre de 2002. V Congreso Iberoamericano de razas autóctonas.
- Nagamine Y. y Higuchi M. (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. (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. (1987).** Molecular Evolutionary Genetics. New York: Columbia University Press.
- Ocampo R., Cardona H., Martínez R. (2016).** Genetic diversity of Colombian sheep by microsatellite markers. Chilean Journal of Agricultural Research 76 (1): 40-47.
- Parés i Casanova, P.M. (2009).** Zoometría. En: Valoración Morfológica de los animales domésticos. Ed. Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino. Madrid, España.
- Parés i Casanova, P.M. (2007).** Análisis biométrico y funcional de la raza ovina aranesa. REDVET. Revista electrónica de Veterinaria. Volumen VIII Número 1. 1-8.

- Park S. (2001)** Animal Genomics Lab. University College, Dublin, Ireland. <http://animalgenomics.ucd.ie/sdepark/ms-toolkit/>. Excel Microsatellite Toolkit v. 3.1.
- Pedrosa S., Uzun M., Arranz J. J., Gutiérrez-Gil B., San Primitivo F. Bayón Y. (2005)** “Evidence of three maternal lineages in near eastern sheep supporting multiple domestication events” – Proceeding of the Royal Society 272: 2211-2217
- Pedrosa S., Arranz J., Brito N., Molina A., San Primitivo F. y Bayón Y. (2007)**. Mitochondrial diversity and the origin of Iberian sheep. *Genet. Sel. Evol.* 39: 91-103
- Penty J.M., Henry H.M. (1993)**. Ovine microsatellites at the OarAE16, OarAE54, OarAE57, OarAE119 and OarAE129 loci. *Anim. Genet.* 24: 219
- Peña D. (2002)**. Análisis de datos multivariantes. McGraw-Hill/Interamericana de España. S.A.U. Madrid. 539 pp.
- Peña S., López G., Martínez R., Abbiati N., Castagnasso E., Giovambattista G., Género E. (2013)**. Características zoométricas de ovinos criollos de cuatro regiones de la argentina. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal. AICA 3* (2013). 174-181.
- Peña S., Sacchero D., Maurino J., López G., Abbiati N., Género E., Martínez R. (2016)** Caracterización de la lana de ovejas Criollas argentinas en cuatro ambientes diferentes. *Archivos de zootecnia.* 65 (249): 13-19.
- Peña S., Martínez A., Villegas Castagnasso E., Aulicino M., Género E. R., Giovambattista, G. y Martínez R. D. (2017)**. Caracterización genética de cuatro poblaciones de ovinos criollos de argentina. *Journal of Basic and Applied Genetics.* Vol XXVIII (2): 19-21; December 2017. Páginas: 43-55
- Peña, S.; López, G.A.; Abbiati, N.N.; Género, E.R. y Martínez, R.D. (2017)** Caracterización de ovinos Criollos argentinos utilizando índices zoométricos. *Arch. Zootec.* 66 (254): AA-BB. 2017
- Pereira F., Davis S. J. M., Pereira L., McEvoy B., Bradley D. G. y Amorim A. (2006)**. Genetic signatures of a Mediterranean influence in Iberian Peninsula sheep husbandry. *Mol. Biol. Evol.* 23: 1420-1426.

- Perezgrovas Garza R. y Pares i Casanova P. M. (2013).** Razas autóctonas de ganado lanar en Iberoamérica. Desarrollo histórico y características de la lana. Universidad Autónoma de Chiapas. 1ra. Edición. 435 pag.
- Pérez Ripoll, M. (2001).** El proceso de domesticación animal en el Próximo Oriente: planteamiento y evolución. Archivo de Prehistoria Levantina, Vol. 24. Valencia: Diputación de Valencia, págs. 65-96
- Philippi R. A. (1885).** Sobre los animales introducidos en Chile desde su conquista por los españoles. Anales de la Universidad de Chile, Tomo LXVII. Santiago de Chile. Imprenta Nacional, Moneda, 112.
- Piccardi L.A., Zorzoli R., Pratta G., Rodríguez G. R., Nestares G. M. (2011).** Aportes de la Cátedra de Genética de la Facultad de Ciencias Agrarias de la UNR a la problemática del mejoramiento ovino, la calidad del fruto en el tomate y la resistencia a herbicidas en el girasol. Journal of Basic and Applied Genetics. Volumen 22 Nro. 1 pag. 1-5.
- Pickering N.K., Blair H.T., Hickson R.E., Dodds K.G., Johnson P.L. y McEwan J.C. (2013).** Genetic relationships between dagginess, breech bareness, and wool traits in New Zealand dual-purpose sheep. J. Anim. Sci., 91: 4578-4588.
- Pineda J.M., Mujica F., De la Barra R., Blanco J.A. (2011).** Evaluación zoométrica de la base materna de la raza ovina chilota comparada con dos razas ovinas predominantes en las regiones de los lagos y los ríos. Agrosur 39 (3): 143-156pp.
- Pons A.L., Landi V., Martínez A., Delgado J.V. (2015).** The biodiversity and genetic structure of Balearic sheep breeds. J. Anim. Breed. Genet. pp. 1-9.
- Pont R. (1983).** Campos Realengos. Formação da fronteira sudoeste do Rio Grande do Sul. Edigal.1:19-114. 450p.
- Pritchard J. K., Stephens M. y Donnelly P. (2000).** Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics, 155: 945-959.
- Quiroga B. (2005).** La ganadería como actividad sustentable en comunidades campesinas de Coro. Coro Provincia Pacajes del Departamento de La Paz (Altiplano Central de Bolivia). Tesis de Grado. Universidad Católica de Temuco. Temuco, Chile.157 p

- Radko A., Zyga A., Slota E., Koscielny M. y Brejta W. (2004).** Evaluating the efficacy of blood groups and DNA microsatellite sequences in parentage control in cattle. *Medycyna Weterynaryjna* 60: 1212-1214.
- Raymond M. y Rousset F. (1995).** Genepop (version 3.1c): A population genetics software for exact test and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86: 248-249.
- Reising C., Maurino M.J., Basualdo A. y Lanari M. R. (2008).** Calidad de lana de la oveja Linca en el Noroeste de la Patagonia. *Memorias del IX Simposio Iberoamericano de Recursos Genéticos, Mar del Plata.* pag. 397-400.
- Reising C., Zubizarreta J.L. y Lanari M.R. (2008).** Caracterización fenotípica de ovinos Linca en relación a un sistema rural en Patagonia norte (Argentina). En *Memorias IX Simposio Iberoamericano sobre conservación y utilización de recursos zoogenéticos. Mar del Plata Argentina Tomo I:* 193-196.
- Reising C., Zubizarreta J.L., Subiabre M., Von Thüngen J. y Lanari M.R. (2011)** Enfoque multidimensional de sistemas diversos de traspatio en el norte de la Patagonia, Argentina. En: *El Traspatio Iberoamericano.* Editores Perezgrovas R., Rodríguez G. y Zaragoza, L. Chiapas México pag.15-42.
- Reveron A. y Baldizan A. (2005).** Tipos y razas de ovejas. *Manual de producción de ovinos y caprinos.* INIA. Barquisimeto. Venezuela. Pag. 9-28.
- Ripoli M. y Villegas Castagnasso E. (2010).** Marcadores Genéticos. Capítulo 1. *Genética de Animales domésticos.* Giovambattista Guillermo y Peral García Pilar 1ra Ed. U. Intermédica Buenos Aires.
- Riva J., Rizzi R., Marelli S., Cavalchini L.G. (2004)** Body measurements in Bergamasca sheep. *Small Ruminant Research* 55. 221–227
- Riva de Neyra L.A., Hick M. V.H., Anes C., Bioglio D., Frank E.N. (2017).** Pigmentación de ovinos criollos en la región centro oeste de argentina. ALEPRYCS Punta Arenas. <https://www.researchgate.net/publication/316914592>
- Rodero F. A. y Rodero S. E. (2007).** Historia de la ganadería andaluza. La ganadería Andaluza en el siglo XXI. Volumen I. Patrimonio Ganadero Andaluz. Junta de Andalucía. 586 pag.
- Rousset F. (2008).** Genepop'007: a complete reimplement of the Genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources* 8: 103-106.

Rychlik W., Spencer W. J. y Rhoads R. E. (1993). Optimization of annealing temperature for DNA amplification in vitro. *Nucleic Acid Research*, Vol.18: 6409-6412.

Sacchero D. (2005). Utilización de medidas objetivas para determinar calidad en lanas. *Memorias del VII Curso de actualización ovina*. INTA Bariloche

Safari E., Fogarty N.M. y Gilmour A.R. (2005). A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science*, 92: 271-289.

Salako, A. E. (2006) Application of morphological indices in the assessment of type and function in sheep. *Int. J. Morphol.*, 24(1):13-8.

Salgado C. (2000). El Mercado de carne ovina. Cuadernos del CEAGRO II. Facultad de Ciencias Agrarias UNLZ. Buenos Aires.

Sañudo C. A. (2009). Valoración morfológica de los animales domésticos. Ministerio de medio ambiente y rural y marino. España

SAS Institute Inc. (2009). SAS Online Doc® 9.2. Cary, NC: SAS Institute Inc., USA.

Schneider S., Roessli D. and Excoffier L. (2000) ARLEQUIN a software for population genetics data analysis version 2.000. University of Geneva, Geneva, Switzerland.

SERGA (2009). Guía de campo de las razas autóctonas españolas. D. Fernando Orozco Piñan In memorian. Coordinadores: Miguel Fernández Rodríguez, Mariano Gomez Fernández, Juan Vicente Delgado Bermejo, Silvia Adán Belmonte y Miguel Jimenez Cabras. Editor Ministerio de Medio Ambiente, Medio Rural y Marino. España. 767 pág.

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

Sierra I. (2009) Importancia de la Morfología y su valoración en los animales domésticos. EN: Valoración morfológica de los animales domésticos. Ministerio del medio ambiente y medio rural marino. pp 23 – 45. España.

Sokal R.R. and Rohlf F.J. (1962). The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, 11: 33-40.

http://www.jstor.org/stable/1217208?seq=1#page_scan_tab_contents

(17/12/2008).

Solinas Toldo S., Fries R., Steffen P., Neibergs H.L., Barendse W., Womack J.E., Hetzel D.J. & Stranzinger G. (1993) Physically mapped, cosmid-derived microsatellite markers as anchor loci on bovine chromosomes. *Mammalian Genome* 4, 720-7.

Sponenberg D. P. y Taylor C. (2009). Navajo-Churro sheep and wool in the United States. Animal Genetic Resources Information © Food and Agriculture Organization of the United Nations. 45 99–105.

Steffen P., Eggen A., Dietz A.B., Womack J.E., Stranzinger G. & Fries R. (1993) Isolation and mapping of polymorphic microsatellites in cattle. *Animal Genetics* 24, 121-4.

Stemmer A. y Galarza B. (2009). La cría de ovinos en Bolivia. Biodiversidad ovina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Editor J B Delgado Bermejo. 299-320.

Steinhagen O. y de Wet P.J. (1986). Phenotypic correlations between wool traits of a Dohne Merino Flock. *S.Afr. J. Anim. Sci.*, 16(2): 99-100.

Tapio M., Ozerov M., Tapio I., Toro M. A. M., Marzanovs N., Cinkulov M., Goncharenko G., Kiselyova T., Murawski M., Kantanen J. (2010). Microsatellite-based genetic diversity and population structure of domestic sheep in northern Eurasia. *BMC Genetics*, 76: 1-11.

Tautz D., Trick M. y Dover G. A. (1986). Cryptic simplicity in DNA is a major source of genetic variation. *Nature* 14-20; 322 (6080): 652-656.

Taylor E., Sponenberg P. y Perezgrovas R. (2009). Razas Criollas Ovinas en los Estados Unidos. Biodiversidad ovina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Editor J B Delgado Bermejo. 447-462.

Timón Tiemblo M. P. (2003). Tejidos y fibras populares. CD del Curso sobre El textil y la Indumentaria. Instituto del Patrimonio histórico Español y la Universidad Complutense de Madrid. Madrid. España.

Torrent Mollevi M. (1982). “Identificación Animal” Capítulo 28 pág. 415-426. En “Zootecnia Básica Aplicada”. Editorial Biblioteca Técnica AEDOS. 1ra Edición

Traore A., Tamboura H.H., Kabore L.J., Royo L.J., Fernandez I., Alvarez I., Sangare M., Bouchel D., Poivey J.P., Francois D., Toguyeni A., Sawadogo L., Goyache F. (2008) Multivariate characterization of morphological traits in Burkina Faso sheep. *Small Ruminant Research* 80. 62-67.

Ulloa-Arvizu R., Gayosso-Vázquez A., Alonso Morales R. (2009). Origen genético del ovino criollo mexicano (*Ovis aries*) por el análisis del gen del Citocromo C Oxidasa subunidad I. *Téc. Pecu. Méx.* 47(3):323-328.

USDA (1999). *Livestock and Poultry. World Markets and Trade.*

Vaillemans B.A. (2003). Calidad de la lana de ovinos Corriedale en la zona húmeda de la XII Región: Efecto del hibridaje con líneas paternas Texel. Tesina. Pontifica Univ. Católica de Chile Facultad de Agronomía e Ing. Forestal. 50 pp.

Vaiman D., Mercier D., Moazami-Goudarzi K., Eggen A., Ciampolini R., Lépingle A., Velmala R., Kaukinen J., Varvio S.L., Martín P., Levéziel H. & Guérin G. (1994) A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mammalian Genome* 5, 288-97.

Vaz L. C., Santos S. A., Paiva S., Ribeiro M. N., Almeida C. C., Perelló F. J., Medeiros P. F., Ojeda B. D., Sereno B. J., Castro R. S., Mariante S. A. (2009). Estado da arte da conservação de ovinos no Brasil. Biodiversidad ovina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Editor J B Delgado Bermejo. 275-298.

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.

Vilar Filho M. D. (2004). A presença do Cabugi. Comunicação Oral, Taperoá, PB, Saiba mais sobre os recursos genéticos ovinos no Brasil. Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO), Avenida Sete de Setembro, 1159 CEP: 96400-901 Bagé/RS, Brasil. www.arcoovinos.com.br

Villegas Duran G., Bolaños Medina A. y Olgún Prado N. (2001). La ganadería en México. Editor Plaza y Valdez. Pag. 158.

- Vivas Ascue N. J. (2013).** Diversidad genética de ovinos criollos colombianos. Tesis de Maestría. Universidad Nacional de Colombia Facultad de Ciencias Agropecuarias. Escuela de Posgrado Palmira Colombia.
- Weber J. L. y May P. E. (1989).** Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *An. Journal Hum. Genet.* 44 (3): 388-396
- Weir B. S. y Cockerham C.C. (1984).** Estimating f-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358-1370.
- 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.
- Wright S. (1943)** Isolation by distance. *Genetics* 28: 114-138.
- Wright S. (1969).** Evolution and the genetics of populations. The theory of gene frequencies. No. 2. University of Chicago Press, Chicago.
- Zeballos E. (1898).** Descripción Amena de la República Argentina Tomo III “A través de las cabañas”. Editor Jacobo Peuser. La Plata, Argentina.
- Zohary D., Tchernov E., Kolska Horwitz L. (1998).** The role of unconscious selection in the domestication of sheep and goats. *Journal of Zoology* 245 (2): 129-135.
- Zuccaro A., Schoch C.L., Spatafora J.W., Kohlmeyer J., Draeger S., Mitchell J.I. (2008)** Detection and identification of fungi intimately associated with the brown seaweed *Fucus serratus*. *Appl. Environ. Microbiol.* 74 (4): 931-41.