



Universidad Autónoma de Querétaro
Facultad de Ciencias Naturales
Doctorado en Ciencias Biológicas

Caracterización genotípica y morfoestructural de la cabra criolla negra como recurso zoogenético de la caprinocultura mexicana.

Tesis

Que como parte de los requisitos para obtener el grado de
Doctor en Ciencias Biológicas

Presenta:

M en SPAS. Juan Carlos Silva Jarquin.

Dirigido por:

Dr. Héctor Mario Andrade Montemayor.

Dr. Héctor Mario Andrade Montemayor
Presidente

Dr. Sergio Iván Román Ponce
Secretario

Dr. Héctor Raymundo Vera Ávila
Vocal

Dra. Marina Durán Aguilar
Suplente

Dr. Víctor Hugo Cambrón Sandoval
Suplente

Centro Universitario, Querétaro, Qro.
Julio de 2019
México.

DEDICATORIAS

A mi familia, principalmente a mi esposa (Dioseline Girón), a mi hijo (Carlos David Silva) y a mi madre (Magdalena Jarquin), quienes han sido los principales testigos y participes de todo el esfuerzo y sacrificio que hay detrás de este trabajo.

Al Dr. Héctor Andrade Montemayor, asesor del trabajo y amigo, con quien he compartido buenos y malos ratos, pero lo mejor, es que compartimos el mismo gusto y pasión por las cabras.

A la Maestra en Agronegocios Carmina Ricardi De la cruz, que representa la base en mi formación y gusto por las cabras.

Finalmente y no menos importante, dedico este trabajo a los productores de ganado caprino que se han visto involucrados en mi formación compartiendo sus conocimientos y experiencias.

AGRADECIMIENTOS

- A Dios por permitirme vivir este momento y darme la fortaleza necesaria para cumplir esta meta.
- A mi esposa, mi hijo y mi madre, que son el motor de mi vida, les agradezco infinitamente todo su apoyo, sus consejos y sus regaños, todo ha influido para terminar este trabajo.
- Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada para cursar los estudios de doctorado.
- A los miembros del comité tutora; al Dr. Héctor Andrade Montemayor, Dr. Sergio Iván Román Ponce, Dra. Marina Durán Aguilar, Dr. Héctor Raymundo Vera Ávila y Dr. Víctor Hugo Cambron Sandoval. Gracias a todos por darme su apoyo y su confianza para realizar el trabajo.
- Al Fondo de Proyectos Especiales de la Rectoría de la Universidad Autónoma de Querétaro por financiar una parte del trabajo de investigación.
- A la Secretaría de Desarrollo Agropecuario del municipio de Querétaro por el acompañamiento para la identificación de las unidades de producción.
- A la Dra. Amparo Martínez Martínez, Dr. Juan Vicente Delgado Bermejo y a todo el equipo técnico del laboratorio de Genética Molecular de la Universidad de Córdoba en España, por la capacitación en el análisis de datos y la tipificación alélica de las muestras.
- A los señores: Roberto Suarez Espino, Alfredo González Rodríguez, J, Claudio Avilés Zamora, Miguel Avilés Escobedo, Apolonio Martínez Aguilar y Jesús Rodríguez Rico, por permitirme entrar a sus unidades de producción y trabajar con sus animales.
- A familiares, amigos y demás personas que prefiero omitir sus nombres para no olvidar a ninguno. Ustedes saben quiénes son y que les agradezco infinitamente su gran aporte a mis ganas de seguir adelante.

ÍNDICE

DEDICATORIAS.....	1
AGRADECIMIENTOS.....	2
ÍNDICE DE CUADROS.....	5
ÍNDICE DE FIGURAS.....	6
RESUMEN.....	7
ABSTRACT	8
1. INTRODUCCIÓN.....	9
2. ANTECEDENTES.....	12
2.1 Los recursos zoogenéticos	12
2.1.1 Importancia de los recursos zoogenéticos.	13
2.1.2 Situación actual de los recursos zoogenéticos.....	15
2.1.3 Valorización de los recursos zoogenéticos.....	17
2.2 El ganado caprino como recurso genético.....	21
2.3 El concepto de raza.	24
2.4 Criterios para la selección de razas a conservar.....	25
2.5 Caracterización zoométrica.....	29
2.6 Caracterización genética.....	31
2.7 Los marcadores moleculares como herramienta.....	33
2.8 Tipos de marcadores moleculares	35
2.8.1. Polimorfismo en la longitud de fragmentos de restricción RFLP	35
2.8.2 Microsatélites o repeticiones de secuencias simples (SSR)	36
2.8.3 Polimorfismo de un solo nucleótido (SNP)	37
2.8.4 Polimorfismo de ADN amplificados al azar (RAPD)	38
2.8.5 Polimorfismo de longitud de los fragmentos amplificados (AFLP).	38
3. HIPOTESIS.	40
4. OBJETIVOS.	41
4.1 Objetivo general.....	41
4.2 Objetivos específicos.....	41
5. METODOLOGÍA.....	42
5.1 Caracterización genética.....	42
5.1.1 Ubicación y toma de muestras	42
5.1.2 Extracción del ADN genómico.....	43

5.1.3 Elección de marcadores microsatélites.	44
5.1.4 Amplificación de microsatélites y electroforesis.....	46
5.1.5 Tipificación alélica.	46
5.1.6 Análisis estadístico.	47
5.2 Caracterización morfoestructural.	50
5.2.1 Ubicación y toma de muestras.	50
5.2.2 Variables morfométricas incluidas en el estudio.....	51
5.2.3 Índices zoométricos.	54
5.2.4 Análisis estadístico	55
6. RESULTADOS	56
6.1 Variación genética en la población Criolla Negra	56
6.2 Diferenciación genética entre poblaciones.....	62
6.3 Distancia genética y filogenia entre poblaciones.....	62
6.4 Análisis de la estructura genética en las poblaciones evaluadas.	65
6.5 Análisis de variables morfométricas.....	66
6.6 Armonía morfológica.....	68
6.7 Índices zoométricos.	69
6.8 Análisis de componentes principales.	69
7. DISCUSIÓN.....	73
7.1 Variación genética en la población Criolla Negra.	73
7.2 Diferenciación genética entre poblaciones.....	74
7.3. Distancia genética y filogenia entre poblaciones.....	74
7.4. Análisis de la estructura genética en las poblaciones evaluadas.	75
7.5 Análisis de variables morfométricas.....	76
7.6 Armonía morfológica.....	76
7.7 Índices zoométricos.	77
7.8 Análisis de componentes principales	79
8. CONCLUSIONES	81
9. BIBLIOGRAFÍA.....	83
10. ANEXOS.....	96
10.1 Artículos obtenidos	96
10.2 Constancias de ponencias	110

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1. Servicios ecosistémicos prestados por los recursos zoogenéticos	19
Cuadro 2. Principales características de los marcadores moleculares.....	34
Cuadro 3. Razas incluidas en el estudio para caracterización inter-racial	43
Cuadro 4. Características de los microsatélites y primers utilizados.	44
Cuadro 5. Número total de alelos y frecuencias alélicas (FA) obtenidos por microsatélite.	58
Cuadro 6. Microsatélites analizados, número de alelos detectados (NA), número efectivo de alelos (Ae), heterocigosidades esperada (He) y observada (Ho), contenido de información polimórfica (PIC) y las desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg (HWE).....	61
Cuadro 7. Coeficiente de diferenciación genética y estadísticos F para cada marcador compartido entre la Cabra Criolla Negra y las razas Retinta, Verata, Blanca serrana, Celtibérica, Malagueña, Murciano granadina, Florida, Payoya, Serrana, Formentera, Saanen, Alpina y Anglonubia.	63
Cuadro 8. Matriz de distancias genéticas de Reynolds entre las 14 razas caprinas incluidas en el estudio.	64
Cuadro 9. Estadísticas descriptivas de las variables morfométricas utilizadas en Cabras Criollas Negras mayores de un año de edad (n=226).....	67
Cuadro 10. Estadísticos descriptivos de índices zoométricos.	69
Cuadro 11. Valores propios, proporción de la varianza total y correlaciones entre variables y componentes principales (CPs) en la cabra Criolla Negra.	70
Cuadro 12. Matriz de distancias euclidianas entre localidades estudiadas.	72

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Ubicación de las localidades incluidas en el estudio.	51
Figura 2. Variables morfométricas incluidas en el estudio.	53
Figura 3. Árbol de distancias genéticas entre animales incluidos en el estudio.	57
Figura 4. Dendrograma Neighbor-Net construido con la distancia genética de Reynolds entre 14 razas caprinas.	65
Figura 5. Representación gráfica de la estructura genética de las 14 razas analizadas. Se muestran los resultados de K2 a K9.	66
Figura 6. Matriz de correlaciones de Spearman entre las variables morfométricas de la cabra Criolla Negra.	68
Figura 7. Análisis de componentes principales de las ocho localidades incluidas en el estudio.	71
Figura 8. Dendrograma por localidades elaborado con el método de Ward y distancias euclidianas.	72

RESUMEN

Los recursos zoogenéticos han sido considerados una prioridad y un componente clave de sustentabilidad. En México la cabra criolla negra es un ejemplo de estos recursos, ha sido reconocida por su elevada rusticidad, además de la excelente calidad de su leche. Sin embargo, al no contar con una caracterización formal, la población empieza a desaparecer a causa de la introducción de animales exóticos. Por lo anterior, el objetivo del presente trabajo fue caracterizar de forma genética y morfoestructural esta población. La caracterización genética se realizó utilizando ADN de 45 individuos y un panel de 30 marcadores microsatélite. Los resultados obtenidos mostraron que aún existe una gran diversidad genética en este ganado, esto al obtener 243 alelos en los 30 marcadores. Posteriormente se realizó la caracterización inter-racial incluyendo la información de 25 microsatélites localizados en 455 individuos de 13 poblaciones integradas en el proyecto de Biodiversidad Caprina Iberoamericana (BioGoat). Se calculó la matriz de distancias genéticas de Reynolds y se analizó la estructura genética de las poblaciones, mostrando que la cabra criolla negra se encuentra claramente diferenciada, además mantiene una estructura racial definida, motivo por el cual la población debe considerarse como una raza de cabras mexicanas. Para evaluar la caracterización morfoestructural se incluyeron 226 animales de ocho localidades y se tomaron 14 medidas corporales. Se realizó el estadístico descriptivo de las variables y se obtuvieron 9 índices zoométricos. La armonía morfológica de la población se determinó mediante el número de correlaciones positivas y significativas ($P < 0.05$). Se realizó un análisis de componentes principales y se obtuvo un análisis jerárquico de conglomerados empleando la distancia euclidiana. Los resultados mostraron que los animales evaluados presentan cierto grado de homogeneidad morfoestructural y mantienen un modelo altamente armónico que pueden distinguir a esta población de otras razas de animales.

Palabras clave: Recurso zoogenético, cabra criolla, genotipo, morfometría

ABSTRACT

Animal genetic resources have been considered a priority and a key component of sustainability. In Mexico, the black creole goat is an example of these resources; it has been recognized for its high rusticity, in addition to the excellent quality of its milk. However, in the absence of a formal characterization, the population begins to disappear due to the introduction of exotic animals. Therefore, the objective of the present work was to characterize this population in a genetic and morpho-structural way. The genetic characterization was performed using DNA from 45 individuals and a panel of 30 microsatellite markers. The results obtained showed that there is still a great genetic diversity in these cattle, this by obtaining 243 alleles in the 30 markers. Subsequently, the inter-racial characterization was carried out including the information of 25 microsatellites located in 455 individuals of 13 populations integrated in the Iberoamerican Caprine Biodiversity project (BioGoat). The genetic distance matrix of Reynolds was calculated and the genetic structure of the populations was analyzed, showing that the Black Creole goat is clearly differentiated, also maintains a defined racial structure, which is why the population should be considered as a race of Mexican goats. In order to evaluate the morphostructural characterization, 226 animals from eight localities were included and 14 body measurements were taken. The descriptive statistic of the variables was carried out and nine zoomometric indices were obtained. The morphological harmony of the population was determined by the number of positive and significant correlations ($P < 0.05$). An analysis of main components was performed and a hierarchical analysis of conglomerates using Euclidean distance was obtained. The results showed that the animals evaluated present a certain degree of morphostructural homogeneity and maintain a highly harmonic model that can distinguish this population from other animal breeds.

Keywords: Zoogenetic resource, Creole goat, genotype, morphometry.

1. INTRODUCCIÓN.

Partiendo desde un punto de vista histórico, el ganado caprino ha estado en estrecha relación con el hombre desde hace más de 10,000 años. Durante este tiempo ha sido participe en migraciones humanas y en actividades de comercio e intercambio, lo cual explica su resistencia al medio, su gran capacidad de adaptación y las más de 300 razas que existen en la actualidad (Luikart et al., 2001; Naderi et al., 2007).

Sin embargo, fue a finales del siglo XV durante el segundo viaje de Cristóbal Colón cuando las cabras llegaron al continente americano. Se cree que las primeras cabras traídas de España provenían de Granada, Murcia y Málaga, y que pertenecían a las razas Blanca Celtibérica o Serrana y Castellana de Extremadura (Mellado, 1997). Con el brote de fiebre aftosa en 1946 se cierran las fronteras para la importación y exportación de ganado, restringiendo la entrada de ganado europeo principalmente. En 1955 se reactiva la importación pero ahora la introducción de ganado se da mayormente de Estados Unidos, lo que poco a poco fue ocasionando el desplazamiento de poblaciones criollas por razas especializadas carentes de adaptación a las condiciones del agostadero mexicano. A pesar de esta y otras situaciones, aún existen poblaciones criollas como la cabra Pastoreña en la región mixteca y la cabra Criolla Negra en la región centro del país, ambas poblaciones que necesitan de forma urgente ser valorizadas y rescatadas, considerando que los recursos zoogenéticos se han convertido en una prioridad, además que representan un importante reservorio de diversidad genética (FAO, 2010).

Al hacer mención de los recursos zoogenéticos nos referimos a todo aquel material de origen animal que representa un acervo genético de valor real o potencial para hacer frente a los retos de la humanidad (cambio climático, incremento de la población mundial, demanda de alimentos, entre otros), que por

lo tanto necesita preservarse para futuras generaciones. Sin embargo, en el último siglo, tras la importancia que se le dio al concepto “Raza” las presiones de selección se hicieron muy fuertes, seguido de la normalización de la morfología y el rendimiento, por lo tanto todos los animales de la misma raza comenzaron a exhibir características fenotípicas similares (P. Taberlet et al., 2008; Pierre Taberlet, Coissac, Pansu, & Pompanon, 2011).

Hace algunas décadas las presiones de selección se incrementaron nuevamente y la eficiencia de los métodos modernos de selección aumentó con éxito la producción pero descuidó la preservación de la diversidad genética global. Además, con el desarrollo de las razas especializadas llegó una gran presión económica sobre los productores, provocando que muchos de ellos abandonaran sus rebaños locales, de los cuales algunos se han extinguido (P. Taberlet et al., 2008). Tal es el impacto provocado, que de manera general hoy en día dependemos de aproximadamente 40 especies de animales domésticos y de estas, solo 15 especies son responsables del 90% de la producción animal (Luque & Cardellino, 2007).

De acuerdo con la FAO (FAO, 2010) los recursos genéticos para la alimentación y la agricultura son una parte esencial de la base biológica para la seguridad alimentaria, dado que millones de hogares rurales en el mundo, mantienen ganado y a menudo dependen únicamente de sus animales para la provisión de productos y servicios. Por lo tanto, la caracterización fenotípica y genotípica de los recursos pecuarios locales es fundamental para la definición de estrategias de conservación y utilización sostenible.

Un ejemplo de estas poblaciones es la cabra Criolla Negra, que se distribuye principalmente en la región centro de México y representa una oportunidad como recurso zoogenético, destacando su adaptación a los agostaderos del semi-desierto y demostrando así su elevada rusticidad, aunado a su producción de

leche con excelentes características, como el mayor contenido de sólidos totales y el rendimiento quesero (H. H. Montaldo & Meza-Herrera, 1999; H. Montaldo, Jutiez, Berrueta, & Sánchez, 1995; H. Montaldo, Tapia, & Juárez, 1981). La cabra criolla negra durante muchos años ha representado la fuente de subsistencia para algunas familias de escasos recursos en la región del semi-desierto. A pesar de la importancia de este ganado y del potencial que representa como recurso zoogenético, hasta hace poco se desconocía el estado genético de la población. La información con la que se cuenta y sobre todo las características genéticas de la raza son muy limitadas. Además, las importaciones de animales de razas especializadas han incrementado y se han realizado cruzamientos de forma indiscriminada, poniendo en juego el estado de la población, al grado que pudiera perderse este material genético (H. H. Montaldo, Torres-Hernández, & Valencia-Posadas, 2010).

Por tal motivo el objetivo de este trabajo fue realizar una caracterización genética y morfoestructural de la cabra Criolla Negra, cimentando las bases para describir este tipo de cabras y complementar la evaluación productiva y reproductiva, para obtener finalmente un esquema más amplio de caracterización. Para cumplir con este objetivo se echó mano de marcadores moleculares del tipo microsatélite, que han demostrado ser de gran utilidad para los estudios de caracterización genética dentro y entre poblaciones (FAO, 2011). Además se utilizó la zoometría de los animales ya que representa una herramienta típica en la descripción de las poblaciones locales, estudiando la forma de los animales con base en medidas corporales e índices zoométricos que permiten cuantificar la conformación corporal de los individuos (Mavule, Muchenje, Bezuidenhout, & Kunene, 2013; Ogah, 2011).

2. ANTECEDENTES.

2.1 Los recursos zoogenéticos

Los recursos zoogenéticos, también llamados por la FAO recursos genéticos de animales de granja (AnGR, por sus siglas en inglés) incluyen aquellas especies animales que son usadas y/o que pueden usarse en un futuro para la producción de alimentos y la agricultura, además de las poblaciones dentro de cada una de ellas. Estas poblaciones dentro de cada especie pueden clasificarse como poblaciones silvestres y salvajes, razas locales y poblaciones primarias, razas estandarizadas, líneas seleccionadas, variedades, cepas y cualquier material genético conservado; todos los cuales están actualmente categorizados como razas (FAO, 2001). En otras palabras, al hablar de recursos zoogenéticos, nos referimos a todo aquel material de origen animal que representa un acervo genético de valor real o potencial para hacer frente a los retos de la humanidad (cambio climático, incremento de la población mundial, demanda de alimentos, etc.) y por lo tanto necesita preservarse para futuras generaciones.

En los países en vías de desarrollo, el ganado juega un papel muy importante, significando un bien multifuncional, suele ser un recurso fundamental para muchos aspectos de las estrategias de sustento de las personas pobres. Además de proporcionarles alimento, ingresos económicos, combustibles y fertilizantes, les permite utilizar recursos marginales que, de otro modo, sería difícil aprovechar, como pueden ser los residuos agrícolas, los restos de alimentos o las tierras comunales de pastoreo (FAO, 2010).

Los recursos zoogenéticos para la alimentación y la agricultura son una parte esencial de la base biológica para la seguridad alimentaria a escala mundial. Centenares de millones de hogares rurales desfavorecidos en el mundo, mantienen ganado y, a menudo, dependen únicamente de sus animales para la

provisión de productos y servicios. En ambientes y medios difíciles para la agricultura, el ganado suele ser el único medio de subsistencia posible. La producción ganadera contribuye actualmente con el 30% aproximado del producto interno bruto (PIB) agropecuario en los países en desarrollo, previéndose un incremento que rondará el 40% hacia el 2030. El Banco Mundial calcula que será necesario incrementar la producción de carne en un 80% entre manejo más cuidadoso y eficaz de los recursos y la implementación de medidas más exigentes para reducir los residuos y la contaminación ambiental (FAO, 2010b).

2.1.1 Importancia de los recursos zoogenéticos.

Se ha mencionado en algunos casos que uno de los retos más abrumadores que se esperan para el año 2050 es sin duda, el aumento de la población a 9 millones de personas. Esto impone prácticamente un aumento en la demanda mundial total de alimentos (McMichael, 2001).

El incremento poblacional mencionado solo representa la entrada a una gran cantidad de problemas en los que se puede echar mano de los recursos genéticos agrícolas y pecuarios para ayudar a solventarlos. Sin embargo, cada vez es mayor la pérdida de dichos recursos genéticos, atribuyendo gran parte de esto a las prácticas de producción ganadera mundial y a la creciente marginación de los sistemas de producción tradicionales y las razas locales asociadas. En los sistemas intensivos, los recursos genéticos son esencialmente obtenidos del sector privado. En los sistemas mixtos en los países en desarrollo, las presiones para intensificarse para satisfacer la demanda involucran cada vez más a los cruzados con razas exóticas, mientras que en los sistemas de pastoreo, a menudo se encuentran altos niveles de diversidad y rasgos de rusticidad, adaptación y resistencia a diferentes condiciones del ambiente e incluso de enfermedades. A pesar de estas ventajas que pueden ser clave para enfrentar los problemas futuros de la sociedad, la cantidad de ganado local está disminuyendo con frecuencia y

las poblaciones se encuentran en riesgo (Seré, van der Zijpp, Persley, & Rege, 2008).

Después de cinco siglos desde que arribaron al continente americano las principales especies pecuarias procedentes de la península Ibérica, las razas Criollas han tenido la oportunidad de adaptarse en condiciones ambientales muy diversas y adversas, lo que sugiere que esos animales poseen genes para adaptación en frecuencias distintas a las de razas exóticas. Lo anterior, subraya la importancia de caracterizar, conservar y utilizar de manera sostenible la diversidad genética que por tantos años ha sido base para el sostenimiento de las formas de vida en comunidades rurales (Núñez-Dominguez, Ramírez-Valerde, Saavedra-Jiménez, & García-Muñiz, 2016).

Además de las características puntuales que se han descrito de los recursos zoogenéticos, existen otras razones que los hacen importantes y que indican que estos deben ser conservados. Se menciona que la conservación de recursos como estos para las futuras generaciones debe ser tan importante como el arte y la arquitectura. Por otro lado, la diversidad de los recursos constituye la fuente de la riqueza biológica y es la base de nuestros alimentos, de muchas materias primas y de los materiales genéticos para la agricultura, la medicina y la industria (Segura-Correa & Montes-Pérez, 2001).

Actualmente la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO) menciona que la gestión efectiva de la diversidad genética animal es esencial para la seguridad alimentaria mundial, el desarrollo sostenible y el sustento de cientos de millones de personas. Además enfatiza lo antes descrito respecto a que muchas razas tienen características o combinaciones de características únicas (resistencia a enfermedades, tolerancia a climas extremos o suministro de productos especializados) que podrían contribuir a satisfacer los desafíos futuros (FAO, 2015).

2.1.2 Situación actual de los recursos zoogenéticos.

Actualmente la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO), es el organismo que a nivel mundial se ha interesado más por la conservación de los recursos genéticos tanto de plantas como de animales. Esto coloca a la FAO como la organización con la mayor cantidad de información al respecto.

Aproximadamente hace tres décadas, la FAO inició una serie de estudios sobre las razas a nivel mundial para obtener la mayor información posible sobre las siete especies principales de mamíferos domésticos (asno, búfalo, bovino, caballo, cerdo, ovino y caprino). En 1993 se iniciaron otros estudios que incluían al yak, las seis especies de camélidos y las 14 especies principales de aves. Se siguió con la recopilación de datos de especies de ciervo o conejo, que se incluyeron en la tercera edición de la Lista Mundial de Vigilancia para la Diversidad de los Animales Domésticos publicada en el año 2000. Con el fin de elaborar un inventario más completo, la FAO continuó durante 2005, con la recopilación de datos relativos a las razas a partir de 169 informes de países y su introducción en el Banco de datos mundial para los recursos zoogenéticos. Posteriormente, se pidió a los coordinadores nacionales que validaran y completaran sus bancos de datos nacionales sobre razas (FAO, 2010).

Según el último reporte del estado mundial de los recursos genéticos para la alimentación y la agricultura se notifica que la FAO contiene información de un total de 7616 razas de ganado. En este documento se menciona que aproximadamente el 20% de las razas en el mundo se encuentran en peligro de extinción. Lo que más impacto ha ocasionado de estos datos es que prácticamente en los últimos seis años se extinguieron 62 razas, que se traduce en la pérdida de una raza aproximadamente cada 34 días. Estas cantidades son sólo una parte del panorama de erosión genética, ya que en muchas partes del

mundo los inventarios de razas y particularmente los censos sobre el tamaño y la estructura poblacional a nivel de raza, son insuficientes; por ejemplo, para 36% de las razas no se cuenta con datos poblacionales. Un ejemplo claro se da en el caso del ganado bovino, donde las razas más productivas y más ampliamente utilizadas, están reduciendo su diversidad dentro de raza debido a la utilización de pocos sementales muy populares con fines de mejora genética (FAO, 2015).

En América latina y el Caribe, de la misma forma que en otros países subdesarrollados las poblaciones de las razas Criollas han ido poco a poco evolucionado en sistemas de producción con manejo tradicional, y debido a la percepción de que son poco productivas, están siendo gradualmente sustituidas por genotipos exóticos. Este hecho ha sido catalogado como erróneo en condiciones sanitarias y de alimentación limitadas, así como en condiciones climáticas extremas, ya que lejos de mejorar los rebaños se pierden algunos elementos de rusticidad. Sin embargo, desafortunadamente los estudios que comparan a las razas Criollas con exóticas sólo consideran pocas variables productivas, y no las del ciclo productivo completo de los animales como son: supervivencia, tasa reproductiva, longevidad, y más específicamente costos de mantenimiento en condiciones de producción adversas (Núñez-Domínguez et al., 2016).

En México aun cuando se cuenta con una amplia gama de ambientes naturales y una gran riqueza de animales autóctonos completamente adaptados al medio, son pocos los estudios que se han realizado sobre ellos a pesar que representan una fuente importante de proteínas. Respecto a esto en 1997 solo se reportaban para México 20 razas autóctonas en 6 especies animales, las cuales se fueron constantemente actualizando tomando en cuenta la información general, censo, morfología, origen de la raza, fin zootécnico, productividad, métodos de conservación utilizados, entre otros (Sierra Vázquez, 1998). Es evidente la falta de orden y coordinación para conocer estos recursos, por un lado, los pocos trabajos

realizados y por otro, la falta de organización en estos temas, ya que existen algunas razas autóctonas como la cabra Pastoreña (Domínguez et al., 2018), cabra salvaje de la isla de Guadalupe (Campbell & Donlan, 2005), oveja de Colima (Arredondo-Ruiz et al., 2013), entre otras, que están siendo estudiadas y que no aparecen reportadas en la lista de la FAO ni en ningún otro lado.

En 2001 la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA), presentó el informe sobre la situación de los Recursos Genéticos Pecuarios (RGP) de México. En dicho documento se reconoce que las acciones realizadas para la conservación de estos RGP han sido aisladas, y sólo se tienen documentadas algunas actividades específicas. Se menciona que no se dispone de un sistema de información para los RGP en programas de conservación. Según este documento, en la producción pecuaria de México se utilizan principalmente 45 razas de bovinos, 10 de équidos, 20 de ovinos, 9 de caprinos, 8 de porcinos, 23 de aves (líneas y razas), y 7 de abejas. Sin embargo este número de razas puede ser mayor debido a que algunas razas locales no se incluyen en el reporte (SAGARPA, 2002).

2.1.3 Valorización de los recursos zoogenéticos.

En los últimos años los beneficios no materiales generados por las razas locales, como su importancia sociocultural y las contribuciones educativas y recreativas, han ido poco a poco ganado reconocimiento. Estos beneficios pueden influir de manera directa en el desarrollo territorial de regiones desfavorecidas como las zonas áridas, montañosas y marginadas de países en desarrollo, ya que influyen directamente en las prácticas de manejo de la tierra en pequeña y consecuentemente en el funcionamiento ecológico (Marsoner et al., 2018).

Para lograr la correcta valorización de los recursos zoogenéticos la población interesada debe describir de forma clara los beneficios de la conservación de dichos recursos. Para esta tarea (Mendelsohn, 2003) plantea cuatro argumentos:

1. Existe la posibilidad que razas individuales ya no sean viables, pero pueden ser útiles para la creación de razas futuras.
2. Puede haber beneficios sociales externos de mantener las razas locales porque son parte entornos locales que la sociedad desea mantener.
3. El patrimonio cultural puede ser también importante, por el cual una sociedad quiera mantener actividades históricas y medios de vida tradicionales.
4. Una razón es el valor de la existencia. Las personas pueden simplemente querer que los animales que formaron parte de nuestro pasado se conserven para la posteridad futura, incluso si ya no tienen un uso directo.

En este contexto, el concepto de servicios ecosistémicos (SE) que se definen como las contribuciones directas e indirectas de los ecosistemas al bienestar humano, parecen tener un marco adecuado para evaluar los valores culturales vinculados a las razas locales, tanto desde un punto de vista ecológico como socioeconómico, y contribuir a la toma de decisiones y al desarrollo de estrategias de gestión sostenible de la tierra (Cuadro 1). La Clasificación Internacional Común de los Servicios de los Ecosistemas organiza los SE en tres secciones principales:

1. Servicios de aprovisionamiento.
2. Servicios de regulación.

3. Servicios culturales.

En el contexto de los SE rara vez han sido estudiadas las razas de ganado autóctono o local. La mayoría de los estudios de valoración de las razas y características del ganado se han basado en experimentos de elección y conservación de recursos. Sin embargo, es necesaria la evaluación económica total para obtener información un tanto más tangible. La información económica podría ayudar a definir los tipos de SE que se pudieran obtener de estos animales (Martin-Collado, Diaz, Drucker, Carabaño, & Zander, 2014).

Cuadro 1. Servicios ecosistémicos prestados por los recursos zoogenéticos

Servicios	Ejemplo de rasgos relevantes
<i>Servicios de aprovisionamiento</i>	
Comida	Crecimiento, producción de leche, contenido de grasa.
Fibra y/o pieles	Peso del paño grueso y suave
Fertilizante y combustible (estiércol y orina)	Comportamiento alimentario, tamaño corporal.
Recursos genéticos	Varios
<i>Servicios de regulación y mantenimiento</i>	
Aprovechamiento de residuos no consumidos por el hombre	Digestibilidad de la fibra
Control de malezas y manejo de residuos de biomasa.	Comportamiento de pastoreo, adaptabilidad.
Regulación y control de enfermedades animales y humanas.	Resistencia a enfermedades
Mantenimiento de la estructura y fertilidad del suelo.	Tamaño corporal
Degradación del suelo y prevención de la erosión.	Tamaño del cuerpo, capacidad para caminar
Provisión de hábitat y	Comportamiento al pastoreo, peso corporal,

Servicios	Ejemplo de rasgos relevantes
biodiversidad.	habilidad para caminar, adaptación.
Regulación climática / secuestro de carbono	Eficiencia alimenticia (mitigación), resistencia al estrés térmico (adaptación)
Servicios culturales	
Patrimonio cultural, valores espirituales y/o religiosos.	Rasgos morfológicos específicos.
Sistemas de conocimiento y valores educativos.	Comportamiento de pastoreo, adaptabilidad.
Oportunidades para la recreación.	Comportamiento, adaptación

Modificado de (Leroy et al., 2018)

Uno de los argumentos que más importancia ha obtenido para la conservación de los recursos zoogenéticos es el económico, el cual es un medio eficaz para obtener el apoyo público y político. En este sentido (Rege & Gibson, 2003) mencionan cinco puntos importantes:

1. Evaluar la contribución económica que los recursos zoogenéticos hacen a varias sociedades y proporcionar argumentos económicos para ayudar a evaluar los costos y beneficios de conservar la diversidad genética.
2. Evaluar el impacto de los pagos de incentivos, incluidos los subsidios, en la diversidad animal doméstica.
3. Análisis económicos de estrategias y acciones alternativas que podrían tomarse para conservar la diversidad animal doméstica y desarrollar enfoques para evaluar prioridades.
4. Desarrollar incentivos económicos para apoyar la conservación por parte de agricultores o comunidades individuales

5. Evaluar la contribución económica de los esfuerzos para conservar los parientes silvestres de los animales domésticos;

Muchas de las estrategias planteadas motivan a la conservación y a fomentar el rescate de las poblaciones locales, sin embargo, hay que recordar que el proceso desde la caracterización requiere un enfoque multidisciplinario, en el que los economistas y sociólogos juegan un papel importante.

2.2 El ganado caprino como recurso genético.

El ganado caprino representa uno de los primeros recursos zoogenéticos para la especie humana. Algunos autores consideran a este ganado como los primeros animales de granja en ser domesticados, desde los inicios de su proceso de domesticación, hace 10,000 años aproximadamente (Naderi et al., 2007; Zeder & Hesse, 2000), ha sido de gran importancia para el hombre al abastecerlo de carne, leche y pieles. La cabra ha participado también en diversas migraciones humanas que pudieran explicar las más de 300 razas actuales y su gran capacidad de resistencia y adaptación a diferentes ecosistemas (Luikart et al., 2001; Naderi et al., 2007; Pierre Taberlet et al., 2011).

El ganado caprino que jugó también un papel muy importante en la revolución agrícola del Neolítico, la cual transformó la forma de vida de la humanidad, pasando de ser nómadas a sedentarios y de tener una economía recolectora a productora (Nomura et al., 2013). Desde el inicio de este evento el caprino fue pieza clave tanto en el intercambio como en el transporte de animales y el comercio. Actualmente una larga historia de investigaciones arqueológicas y paleoecológicas basadas en el análisis de residuos de lípidos absorbidos, ha puesto de manifiesto que la producción de leche fue un componente importante en la cría de animales, durante la era del neolítico británico (Copley, Berstan,

Mukherjee, et al., 2005), la era de hierro (Copley, Berstan, Dudd, et al., 2005) y la era de bronce (Copley, Berstan, Straker, Payne, & Evershed, 2005).

La cabra se ha distribuido prácticamente en todo el mundo con excepción de la Antártida (Nomura et al., 2013). Con gran facilidad se adapta a temperaturas excesivas, subalimentación, niveles de altura, largas distancias para caminar y a sobrevivir en periodos largos de sequía (Boyazoglu, Hatziminaoglou, & Morand-Fehr, 2005). Esto hace importante el reservorio genético en cuanto adaptación y resistencia que presenta este ganado, por lo que sería importante considerarlo en programas de conservación (Nomura et al., 2013).

Desde hace tiempo la ganadería y la cría controlada de animales han hecho que el comportamiento y las características morfológicas de estos se presenten diferentes de sus antepasados salvajes, lo que ha conformado en gran medida la diversidad genética entre las poblaciones e incluso entre razas. Son de tal magnitud los efectos de la adaptación y la selección genética que la abundancia de la variación de fenotipos observada en los animales domésticos proporciona uno de los pilares que dio lugar a la biología evolutiva (Larson & Burger, 2013; Wang, Xie, Peng, Irwin, & Zhang, 2014).

Desde los trabajos de Darwin se ha argumentado que la adaptación y la selección natural de las especies, causan variedades que divergen de los rasgos morfológicos y ecológicos para contribuir a su rendimiento competitivo y que en última instancia, estas diferencias hereditarias son suficientes para elevar el nivel de las variedades de las especies (Pfennig & Pfennig, 2012; Schemske, 2010; Sobel, Chen, Watt, & Schemske, 2010). Se considera que estos efectos podrían influir sobre las poblaciones de cabras, permitiendo que se manifieste una gran colección de mutaciones en sus secuencias, lo cual intervendría en sus caracteres genotípicos y fenotípicos.

Debido a que las poblaciones de cabras se encuentran mayormente bajo un sistema abierto (que pueden intercambiar genes con otras poblaciones de la misma especie), es muy probable que este ganado presente transferencia de genes. Al estar la población bajo flujo genético con poblaciones cercanas, podría representar una alternativa para decir que sus características han cambiado haciendo diferente el ganado local, incluso diferenciándolo de la población que le dio origen (Mellado, 1997).

Sin embargo en los últimos años, debido al proceso de migración genética ocasionado por la introducción de animales de razas exóticas se podrían romper fácilmente los complejos genéticos de adaptación, alterar las frecuencias alélicas y en general todas las diferencias genéticas entre las poblaciones se reducirían. En este caso el impacto de la migración genética dependería de la estructura de la población de cabras criollas y del ganado introducido, del índice de migración y de las diferencias de frecuencias génicas entre las poblaciones. Para ejemplificar esto podemos considerar que la migración de ganado comercial es unidireccional y que el efecto de su introducción en rebaños de cabras criollas depende del índice de migración y de la diferencia genética entre poblaciones (P. Taberlet et al., 2008).

Otro elemento que puede influir en las diferencias de ganado local, aunque no en gran medida como la migración y mutación, es la selección, la cual provoca cambios principalmente en las frecuencias génicas. La suma de estas frecuencias constituye la eficacia biológica media de la población. Las características en las que se basa la selección de los animales locales son de interés económico y se atribuye que son codificadas por un sin número de genes, sin embargo al presentar un bajo porcentaje de reemplazo en los rebaños el proceso de selección no resulta tan significativo.

2.3 El concepto de raza.

El concepto raza es uno de los elementos que más ha causado controversia cuando hacemos referencia a los recursos zoogenéticos. Incluso el concepto ha creado gran controversia entre la comunidad científica, tanto es así que actualmente no existe una definición que satisfaga los distintos puntos de vista. Por tal motivo la definición del término "raza" sigue siendo subjetiva (Baumung, Cubric-Curik, Schwend, Achmann, & Sölkner, 2006).

En los países desarrollados, las razas están definidas de forma relativamente clara y más fácil elegir un concepto para este término. Cabe destacar a este respecto la importancia del papel que desempeñan las asociaciones de mejora ganadera, que supervisan los estándares de cría, proporcionan un registro de animales y promueven la utilización de la raza (FAO, 2010). Por el contrario, alrededor de dos tercios de las razas reportadas se encuentran en países en desarrollo y generalmente no están bien caracterizadas ni descritas, y rara vez están sujetas a programas de mejoramiento estructurado para mejorar el rendimiento (Hoffmann, 2010).

Actualmente el concepto de raza más utilizado es el planteado por FAO, que designa a una raza como un grupo subespecífico de ganado doméstico con características externas definibles e identificables que permiten separarlo por inspección visual de otros grupos definidos de manera semejante dentro de la misma especie, o bien un grupo cuya separación geográfica y/o cultural de grupos fenotípicamente similares ha llevado a aceptar su identidad separada (FAO, 2010).

A decir de otros autores, una raza es una entidad cultural más que un concepto biológico. Una raza cubre grupos de animales que tienen características similares las cuales dependen de la zona geográfica y el origen (Hoffmann, 2010).

A continuación se mencionan algunas definiciones que han sido propuestas por diferentes autores:

Es un grupo de individuos con caracteres homogéneos determinados genéticamente. Evidentemente estos caracteres son diversos, unos de tipo fisiológico-productivo y otros lógicamente morfológicos (Sierra, 2009).

Una raza es un grupo de animales domésticos, denominados así por consentimiento común de sus desarrolladores (Orren, 1915).

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

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

Raza se define como "un grupo de animales seleccionados por el hombre para tener una apariencia uniforme que los distingue de otros miembros de la misma especie (Hall & Bradley, 1995)

2.4 Criterios para la selección de razas a conservar.

La mayoría de los programas de conservación y de mayor éxito se basan en países desarrollados, donde existe colaboración entre el sector ganadero y la

industria. Sin embargo, en los países en desarrollo son muy pocas las razas que están cobijadas por programas de conservación que regularmente son de calidad variable (Hoffmann, 2010). Parte de este problema se debe a que actualmente existe una gran cantidad de razas en peligro de extinción y los recursos disponibles son limitados, por lo tanto, es prácticamente imposible establecer o apoyar programas de conservación para todas las razas que los requieren, aun cuando se ha considerado la importancia de estas. Debido a esto, las soluciones que se están tomando optan por repartir los pocos recursos entre todas las razas para las que se solicita el apoyo, ocasionando que no se cumplan objetivos totales o resolutivos. Por tal motivo es necesario priorizar las medidas de conservación entre las distintas razas (Ruane, 2000).

En la lista mundial de vigilancia para la diversidad de los animales domésticos (FAO, 2000), las razas son clasificadas en siete categorías:

Extinta: Cuando han desaparecido todos sus efectivos, tanto vivos como germoplasma crioconservado y no existe la posibilidad de recrear la población.

Crítica: El número total de hembras reproductoras es inferior a 100 o el número total de machos reproductores es inferior o igual a 5. También cuando el tamaño de la población es menor o igual a 120 y el porcentaje de hembras de raza pura es menor al 80%.

Crítica-Mantenida: Así se considera a las poblaciones que manteniendo las cifras anteriores, pero se encuentran dentro de programas activos de conservación y por lo tanto sus cifras se mantienen.

En peligro: El número total de hembras reproductoras está comprendido entre 100 y 1000 o el número total de machos es inferior o igual a 20 pero superior a 5. También cuando el tamaño total de la población está próximo de, pero ligeramente

inferior a 100 y creciente, y el porcentaje de hembras criadas en pureza es superior al 80 por ciento. También se considera en esta categoría la población ligeramente superior a 1000 y decreciente y el porcentaje de hembras criadas en pureza es inferior al 80 por ciento.

En peligro-Mantenida: Mantiene las cifras anteriores gracias a un programa de conservación y la actuación de diversas instituciones.

Sin riesgo: El número total de hembras y machos reproductores es superior a 1000 y 20, respectivamente. También si el tamaño de la población se acerca a 1000 y si el porcentaje de hembras criadas en pureza es próximo al 100 por ciento, y si la población total es creciente.

Desconocido: Cuando no existe información disponible que permita evaluar objetivamente el estado en el que se encuentra la población.

La clasificación está basada en el tamaño total de la población, el número de hembras reproductoras y la tendencia de la evolución del número de individuos (creciente, decreciente o estable). Si una raza está en el límite de dos categorías, se consideran otros factores, como el número de machos usados en IA (inseminación artificial), el número de dosis de semen o el número de embriones acumulados y el número de rebaños. Otro factor tomado en cuenta es la existencia de un programa de conservación (FAO, 2000).

La necesidad de fijar un criterio para definir si una raza se encuentra en diferentes estados de riesgo de desaparición ha creado una cierta inquietud en el ámbito ganadero y han surgido diferentes propuestas para priorizar las razas. Por ejemplo, existen propuestas del grupo de trabajo de la European Association for Animal Production (EAAP), de la FAO, de la Comisión de la Unión Europea, el Rare Breeds Survival Trust (RBST) del Reino Unido, del Comité Zootécnico

Permanente, así como de distintos especialistas a título personal (Rodero Franganillo, 2005).

Al intentar elegir razas específicas para programas de conservación algunos autores proponen considerar siete criterios: (1) grado de peligro; (2) especie de la raza; (3) adaptación a un entorno específico; (4) posesión de rasgos de importancia económica actual o futura; (5) posesión de rasgos únicos que pueden ser de interés científico; (6) valor cultural o histórico; (7) singularidad genética (Ruane, 1999, 2000).

Por otra parte, (Rodero Franganillo, 2005) propone también siete criterios: (1) tamaño efectivo; (2) la estructura de la raza y la selección que en ella se realiza; (3) la consanguinidad esperada, (4) la existencia o no de libros de registro; (5) la pureza de la raza; (6) la tendencia del censo; (7) el número de ganaderías.

Otros autores como (Barker, 1999) solo se basan en tres criterios: (1). la raza posee uno o más atributos altamente deseables en términos de productividad y/o adaptación; (2). la raza está en peligro o no está en peligro de extinción; (3). la raza debe ser aquella cuya mejora podría tener influencia a grandes poblaciones, ya sea la misma raza en uno o más países, u otros tipos de razas similares.

Debido a que los criterios para dar prioridad a las razas son muy diversos, cabe resaltar que todos tienen que ser enfocados a factores genéticos y del entorno. No deben priorizarse únicamente sobre la base de su singularidad, medida por marcadores moleculares. También se debe considerar una variedad de factores complejos, que incluyen su utilidad presente y futura y su importancia cultural e histórica (Ruane, 2000).

2.5 Caracterización zoométrica

Poco a poco, la necesidad y el interés de caracterizar y documentar las particularidades de los animales locales ha incrementado, esto debido a los programas de conservación, mejora y uso sostenible de los recursos que se han establecido a nivel mundial, convirtiéndose en una estrategia global que se focaliza en la identificación y caracterización de los recursos genéticos con miras a un correcto manejo y conservación de la diversidad (FAO, 2010).

Para los programas y trabajos enfocados a la caracterización fenotípica, un componente clave que continúa siendo una herramienta accesible y de fácil manejo es la zoometría, la cual estudia la forma de los animales basada en una serie de medidas corporales que permiten cuantificar la conformación corporal y proporcionan un mayor soporte a los parámetros genéticos para los rasgos que se desean estimar, obteniendo la descripción de la estructura morfológica del ganado y estableciendo los estándares raciales (Mavule et al., 2013; Ogah, 2011).

La descripción zoométrica constituye una herramienta típica en la descripción de razas, incluye una serie de variables que prácticamente cubren todo el cuerpo de los animales, estas variables van desde la parte anterior con la anchura y longitud de la cabeza y cara, continuando con la alzada a la cruz y el perímetro torácico, el diámetro longitudinal, bicostal y dorso esternal, la distancia entre encuentros, longitud y anchura de la grupa, anchura entre ancas, alzada a las palomillas y perímetro de caña (FAO, 2012a; Hernández et al., 2002; Sañudo, 2009).

Debido a que la zoometría incluye una muy amplia serie de parámetros, esta se ve reforzada por el llamado análisis de componentes principales o índices zoométricos, los cuales aportan información para la diagnosis racial, la determinación de estados somáticos, o bien para determinar el dimorfismo sexual de una raza. Estos índices examinan las relaciones entre las diferentes variables

cuantitativas medidas en un solo animal, lo que reduce el número de variables del análisis a un pequeño número de índices, es decir, algunas variables que de manera individual pueden no manifestar un poder discriminante, con el índice elaborado a partir de ellas sí lo manifiestan, esto al acumularse la información de dos o más variables. En particular, un gran número de variables zoométricas observadas pueden explicarse en su mayoría con un reducido número de índices, por lo tanto, los índices representan una forma de síntesis de los datos mediante la reorganización de los mismos para su fácil interpretación (Sañudo, 2009).

Actualmente la mayoría de los trabajos de caracterización incluyen a la zoometría como un fuerte pilar en la descripción y el establecimiento del fenotipo de las especies (Seid, Kebede, & Effa, 2016; Tsegaye, Belay, & Haile, 2013; Zaitoun, Tabbaa, & Bdour, 2005). Un aspecto importante es que la caracterización zoométrica va más allá de una simple descripción de mediciones corporales ya que proporciona diferentes tipos de información según el análisis de las variables y el objetivo que se persiga, puede ir desde una descripción racial hasta la comparación de poblaciones, incluso puede evaluar la evolución morfológica. La zoometría también permite conocer las capacidades productivas de los individuos y con ayuda de análisis multivariados pueden derivarse una gran variedad de resultados (Sañudo, 2009). Sin duda alguna, la relación que existe entre la zoometría y la caracterización de animales es muy amplia, un claro ejemplo de esto es que la diversidad genética y la similitud entre o dentro de las poblaciones ha podido ser estudiada mediante diferencias morfoestructurales, utilizando con éxito algunas medidas del cuerpo y concluyendo que el uso de diferentes tipos de análisis discriminantes en la diferenciación de razas es efectivo para el estudio de variables zoométricas dada la correlación existente entre las variables (Herrera, Rodero, Gutierrez, Peña, & Rodero, 1996; Okpeku et al., 2011; Traoré et al., 2008; Zaitoun et al., 2005).

Otro de los elementos utilizados en la caracterización fenotípica es la morfología cualitativa, la cual ha servido como base para clasificar los recursos caprinos y está enfocada prácticamente en los caracteres que no pueden ser medibles con una escala numérica y se toman como frecuencias absolutas, por ejemplo el perfil cefálico, tipo de cuernos, tipo de ubre, dirección de los pezones, dirección de las orejas, color de capa, etc. Estas variables cualitativas son también de gran importancia, ya que en la gestión de un estándar racial se busca alcanzar un equilibrio entre la fijación de determinados caracteres y la preservación de la morfología observada. Estos caracteres resultan apropiados para discriminar los animales criollos de las razas comerciales (Carné, Roig, & Jordana, 2007; Deza, C., Diaz, M.P., Varela, L., Pen, C., Bonardi, C., Romero, C., Benito, M., Barioglio, 2007; Hernández et al., 2002).

2.6 Caracterización genética.

Con el método de secuenciación de Sanger (Sanger, Nicklen, & Coulson, 1977) y ahora con el desarrollo de secuenciaciones masivas, el conocimiento del genoma de los animales se ha ido tejiendo poco a poco, ayudando a encontrar las diferencias entre individuos de una misma especie. Actualmente uno de los retos de la biología moderna es comprender las bases genéticas de la amplia diversidad dentro y entre especies (Andersson & Georges, 2004).

La utilización de marcadores moleculares como una herramienta en la genética molecular ha sido durante varios años la herramienta principal para la diferenciación racial en el ganado caprino (Baumung, Simianer, & Hoffmann, 2004). Se basa en el análisis de los fragmentos de ADN obtenidos por medio de marcadores y se analiza con software bioinformáticos para obtener los parámetros de variación y diferenciación genética (Miah et al., 2013). Los elementos más comunes para la diferenciación de especies son: el número medio de alelos (MNA) por población y la heterocigosidad observada (H_o), la frecuencia de individuos

heterocigotos en una población, o heterocigosidad esperada (H_e), la probabilidad de que los gametos, elegidos al azar de la reserva genética, son de diferentes alelos, son los parámetros más usuales en la evaluación de la diversidad intraracial y que presentan un resumen de la genética de poblaciones (Greenbaum, Templeton, Zarmi, & Bar-David, 2014).

Los parámetros para evaluar la diversidad interracial son los índices de diferenciación genética o de fijación, en este caso el estimador más usado es el índice de fijación F_{IS} que mide el grado de diferenciación genética de las subpoblaciones calculando las varianzas estandarizadas de las frecuencias alélicas entre poblaciones (Stoeckel & Masson, 2014). Los datos se usan también frecuentemente para evaluar relaciones genéticas entre poblaciones e individuos mediante el cálculo de las distancias genéticas. La medida más habitual de la distancia genética es la distancia genética estándar de Nei (Nei, 1973). Se suele visualizar la relación genética entre razas mediante la reconstrucción de una filogenia, un inconveniente importante de la reconstrucción de árboles filogenéticos es que presupone que la evolución de los linajes no es reticular, es decir, que los linajes pueden divergir, pero nunca ser resultado de cruces entre linajes. Este supuesto rara vez es aplicable al ganado, ya que a menudo las nuevas razas se originan por cruce entre dos o más razas ancestrales (FAO, 2010).

Dentro de la gran variedad de opciones de marcadores moleculares utilizados para la caracterización genética, los marcadores microsatélites han sido ampliamente utilizados en estudios de población y verificación del pedigrí, esto debido a su gran contenido de polimorfismos y su amplia distribución en el genoma. Los marcadores microsatelitales han sido eficaces en la evaluación de las diferencias raciales del ganado (Baumung et al., 2004; FAO, 2011).

2.7 Los marcadores moleculares como herramienta

Debido al gran avance en tecnologías y la rápida evolución de esta, actualmente contamos con una serie de técnicas moleculares que permiten conocer la información genética que portan los organismos. Dichas técnicas actúan como señalizadores de diferentes regiones del genoma y se les conoce generalmente como marcadores moleculares, los cuales son ampliamente utilizados en genética humana, vegetal, animal y microbiana (Hernández-Díaz & Jiménez García, 2011).

Existen diversos conceptos de marcador molecular, sin embargo la mayoría hacen referencia a un fragmento (secuencia) de ADN que puede ser físicamente localizado dentro del genoma de un organismo. Tales fragmentos pueden encontrarse cerca de un gen que codifica una característica de interés o en regiones que sin ser codificantes, contienen características estructurales particulares. Una de las características de los marcadores moleculares es que son específicos para cada individuo, grupo de individuos, especies o aún de grupos sistemáticos mayores, lo cual los convierte en herramientas útiles para el análisis tanto de individuos como de poblaciones (Rocha, 2003).

Para que una región pueda ser considerada como un buen marcador molecular debe presentar algunas características útiles (Cuadro 2). El marcador debe ser multialélico, es decir que un gen puede tener varios alelos; debe ser polimórfico, lo que significa analizar múltiples alelos de un gen entre una población; codominante, que un alelo no domina sobre el otro, sino que ambos expresan su información; no epistático, es decir que no debe estar influenciado en más de un carácter por condiciones ambientales o genéticas; y finalmente que el marcador sea neutral, que no esté influenciado por el medio ambiente (Hernández-Díaz & Jiménez García, 2011).

Cuadro 2. Principales características de los marcadores moleculares.

Característica	RFLP	RAPD	AFLP	SSR	SNP
ADN Requerido (µg)	10	0.02	0.5-1.0	0.05	0.05
Basado en PCR	No	Si	Si	Si	Si
Calidad del ADN	Alto	Alto	Moderado	Moderado	Alto
No. Loci polimórficos	1-3	1.5-50	20-100	1-3	1
Dominancia	Codominante	Dominante	Dominante	Codominante	Codominante
Reproducible	Alto	Poco fiable	Alto	Alto	Alto
Facilidad de uso y desarrollo	No es fácil	Fácil	Fácil	Fácil	Fácil
Automatización	Baja	Moderada	Moderada	Alta	Alta
Costo por análisis	Alto	Bajo	Moderado	Bajo	Bajo
Costo de desarrollo	Bajo	Bajo	Moderado	Alto	Alto
Necesidad de secuencia	Si	No	No	Si	Si
Precisión	Muy alta	Muy baja	Media	Alta	Muy alta
Detección radioactiva	Si	No	No	No	Si
Abundancia genómica	Alta	Muy alta	Muy alta	Media	Media
Nivel de polimorfismo	Bajo	Bajo a moderado	Bajo a moderado	Alto	Alto
Detección de alelos	Si	No	No	Si	Si
Utilidad de la selección asistida por marcadores	Moderada	Baja a moderada	Baja a moderada	Alta	Baja a moderada

Modificado de Miah et al., 2013

Los marcadores pueden clasificarse en tres clases según el método de su detección: (1) basado en hibridación; (2) basado en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y (3) basado en secuencia de ADN. Sin embargo otra forma muy práctica de clasificarlos es en: marcadores codominantes que indican diferencias de tamaño (permiten identificar todos los alelos presentes en un locus) y marcadores dominantes que solo indican presencia o ausencia del alelo (revelan solo un alelo) (Collard, Jahufer, Brouwer, & Pang, 2005).

El tipo ideal de marcador genético debe ser altamente polimórfico, mostrar herencia codominante, estar distribuido uniformemente a través del genoma, de fácil acceso a las secuencias, bajo costo en el análisis, reproducibles y transferibles. Lamentablemente, no existe en la actualidad ningún tipo de marcador que cumpla todos estos requisitos. Sin embargo, en función del tipo particular de estudio, todavía se puede elegir entre los diferentes sistemas de marcadores moleculares para encontrar el que mejor se adapte a sus necesidades (Miah et al., 2013)

2.8 Tipos de marcadores moleculares

2.8.1. Polimorfismo en la longitud de fragmentos de restricción

RFLP

Fueron los primeros marcadores utilizados, esta técnica produce fragmentos de ADN mediante el uso de enzimas de restricción que detectan polimorfismos en los sitios de corte, lo cual se ve reflejado como variación en la longitud de los fragmentos generados. Las diferencias en longitud de los fragmentos obtenidos (polimorfismo) ocurren como resultado de inserciones, deleciones o mutaciones en una base de la secuencia del ADN. Dichos polimorfismos pueden ser visualizados y comparados entre individuos de una misma especie o de especies diferentes (Rocha, 2003). La ventaja de los RFLP radica en que son altamente reproducibles,

codominantes y multialélicos. La mayor desventaja es que son muy laboriosos y difíciles de automatizar (Hernández-Díaz & Jiménez García, 2011).

2.8.2 Microsatélites o repeticiones de secuencias simples (SSR)

Fueron los primeros marcadores basados en PCR que se utilizaron ampliamente para la toma de huellas moleculares (Arif et al., 2011). Los SSR, también llamados repeticiones cortas en tándem (STR) o repeticiones de secuencia corta (SSR), consisten en secuencias repetidas de 1 a 6 pares de bases, hasta aproximadamente 100 veces. Son muy abundantes en el ADN y podemos encontrarlos tanto en regiones codificantes como en regiones no codificantes. Su estructura repetitiva permite la desalineación de las hebras, lo que puede resultar en un cambio frecuente de mutaciones de longitud, en tasas tan altas como 10^{-4} – 10^{-3} por generación. El polimorfismo de longitud común de los microsatélites se ha utilizado ampliamente durante muchos años como un marcador de diferencia genética en diversos campos, como el mapeo de genes, la genética de poblaciones y la medicina forense (Bagshaw, 2017)

Poco a poco la popularidad de estos marcadores ha ido en aumento y en gran parte se debe a su facilidad de amplificación por PCR, su naturaleza codominante y sus altos niveles de diversidad alélica en diferentes loci. Sin embargo, debido a la compleja metodología para su obtención, los loci de microsatélite aún no se han identificado en la mayoría de las especies. Es posible cierta amplificación de microsatélites entre especies estrechamente relacionadas, pero las altas tasas de mutación en las secuencias que flanquean a los microsatélites dificultan el diseño de cebadores conservados para aplicación universal. Por lo tanto, los nuevos marcadores microsatélite específicos de la especie deben aislarse cada vez que se estudia una especie por primera vez, resultando un proceso que consume mucho tiempo y dinero (Miah et al., 2013).

2.8.3 Polimorfismo de un solo nucleótido (SNP)

Los marcadores SNP se refieren a un solo cambio de base simple en la secuencia de ADN, con una alternativa usual de dos posibles nucleótidos en una posición dada. Para que esta posición se considere un SNP, se considera que el alelo menos frecuente debe tener una frecuencia del 1% o superior. En la práctica los SNP son generalmente bialélicos y una de las razones es la baja frecuencia de sustitución de nucleótidos únicos en el origen de los SNP, estimada entre 1×10^{-9} y 5×10^{-9} por nucleótido y por año en posiciones neutras en mamíferos. Por lo tanto, la probabilidad de que ocurran dos cambios de base independientes en una misma posición es muy baja. Otra razón se debe a un sesgo en las mutaciones, que lleva a la prevalencia de dos tipos de SNP (Tabassum & Suman, 2006; Vignal, Milan, SanCristobal, & Eggen, 2002).

Utilizar a los SNP al igual que los demás marcadores tiene sus ventajas y desventajas. Para utilizar esta herramienta se requiere datos de secuenciación de calidad, una cobertura alta, y dar un enfoque de bioinformático para identificar los SNP en forma relevante. Sin embargo, estos marcadores pueden resultar adecuados para una amplia gama de aplicaciones, tales como la identificación de individuos y para evaluar los niveles de variación genética dentro de las poblaciones (Hernández-Díaz & Jiménez García, 2011).

En la actualidad las nuevas técnicas de recolección de datos están impulsando la utilización de los SNP en estudios evolutivos y sistemáticos. Los métodos para la secuenciación de novo y la identificación de los SNP, como la secuenciación del ADN asociada a sitios de restricción y los métodos de genotipado por secuenciación (GBS), son cada vez más populares en ecología y evolución. Los atributos que hacen que estos métodos sean cada vez más atractivos incluyen que día a día los costos son menores y la implementación sea más común (Leaché & Oaks, 2017)

2.8.4 Polimorfismo de ADN amplificados al azar (RAPD)

Son marcadores que amplifican aleatoriamente segmentos de ADN en una gran variedad de especies. Se basa en la probabilidad estadística de que se presenten sitios complementarios a un solo cebador de 10 pares de bases (pb) a lo largo del genoma. La corta longitud del cebador RAPD hace que su secuencia se hibride aleatoriamente a lo largo del genoma. Con RAPD se pueden generar entre tres y diez puntos de información por cada muestra analizada (Rentarías Alcántara, 2007; Rocha, 2003). Estos marcadores se pueden amplificar con relativa facilidad, no hay ningún requisito de información genética previa sobre la especie en cuestión y el método es relativamente simple y barato. El mayor inconveniente de los RAPD es que la PCR de baja rigurosidad requerida en el procedimiento produce una alta tasa de error de genotipado y una menor reproducibilidad del genotipado en comparación con los marcadores de locus único (Arif et al., 2011).

2.8.5 Polimorfismo de longitud de los fragmentos amplificados (AFLP).

Los AFLP son una técnica que combina la digestión de dos enzimas de restricción, generalmente Mse I que reconoce y corta 4 pb y Eco RI que reconoce y corta 6 pb dentro de una secuencia (Rentarías Alcántara, 2007). Esta técnica consiste de cuatro etapas: (1) El ADN es cortado con las enzimas de restricción antes mencionadas. (2) Adaptadores de ADN de doble cadena se adhieren en forma específica a los extremos de los fragmentos obtenidos en el paso anterior para generar el molde para la amplificación. (3) Una parte de los fragmentos obtenidos es amplificado selectivamente utilizando cebadores específicos que fueron diseñados para reconocer la secuencia de los adaptadores ligados en el segundo paso, el sitio de la enzima de restricción, más una a tres bases selectivas al azar agregadas en el extremo 3'. El uso de bases selectivas al azar permite la

amplificación de solo un grupo de fragmentos de restricción. (4) Análisis de la subpoblación de fragmentos amplificados mediante su desnaturalización por electroforesis (Hernández-Díaz & Jiménez García, 2011).

Las ventajas que ofrecen los marcadores AFLP es que no requieren ninguna información previa de la secuencia para su análisis, se producen una gran cantidad de bandas polimórficas (se pueden generar entre ochenta y doscientos puntos de información por muestra), es altamente reproducible y actualmente existen kits estandarizados (Rentaría Alcántara, 2007)

3. HIPOTESIS.

La cabra criolla negra de México constituye una población única, que mantiene diferencias genéticas y morfológicas con respecto a las razas más introducidas al país, incluso de las razas que pudieron haber participado en su origen.

4. OBJETIVOS.

4.1 Objetivo general.

Caracterizar genéticamente y describir la variabilidad morfoestructural de una población de cabras del tipo criollo negro pertenecientes a la región centro de México.

4.2 Objetivos específicos.

- Evaluar la diversidad genética y la estructura poblacional de la Cabra Criolla Negra a través de marcadores microsatélites.
- Describir la conformación morfométrica de la cabra criolla negra, utilizando variables zoométricas.

5. METODOLOGÍA.

5.1 Caracterización genética.

5.1.1 Ubicación y toma de muestras

Se colectaron muestras de pelo de 45 animales pertenecientes a tres rebaños de CCN ubicados en tres municipios del estado de Querétaro; Cadereyta de Montes (n=7), El Marqués (n=11) y San Juan del Río (n=27). Los animales muestreados fueron mayores a un año de edad, de capa negra con orejas rígidas o semipendulantes. Debido a que en estas poblaciones no se cuenta con información genealógica, se tomó en cuenta la información proporcionada por los propietarios para poder seleccionar aquellos animales con el mínimo grado de parentesco posible.

Cada muestra fue almacenada en bolsas de papel e identificada con el número del animal, sexo, nombre del propietario y lugar. Todo esto hasta su envío al laboratorio de Genética Molecular Aplicada de la Universidad de Córdoba, España. Cabe mencionar que este laboratorio ha sido un referente en estudios de caracterización de poblaciones locales de caprinos, ovinos, bovinos, aves, etc. Al llegar las muestras al laboratorio se les asignó un número y fueron almacenadas en el Banco de muestras para su posterior análisis.

Para realizar los estudios de diversidad genética inter-racial se utilizaron datos de trece poblaciones de cabras, diez de España, dos de Suiza y una de Sudáfrica (Cuadro 3). La información de los genotipos de estas poblaciones forma parte del proyecto de Biodiversidad Caprina Iberoamericana (BioGoat) (BioGoat Consortium, n.d.).

Cuadro 3. Razas incluidas en el estudio para caracterización inter-racial

Raza	Abreviatura	País de procedencia	Número de animales
Retinta	RET	España	15
Verata	VERA	España	30
Blanca serrana	BLANCA	España	40
Blanca celtibérica	CELTIB	España	40
Malagueña	MALAG	España	40
Murcino Granadina	MG	España	40
Florida	FLO	España	50
Payoya	PAY	España	36
Serrana	SER	España	42
Formentera	FOR	España	11
Saanen	SAAN	Suiza	36
Alpina	ALP	Suiza	37
Anglo Nubia	ANG	Sudáfrica	38

5.1.2 Extracción del ADN genómico.

La extracción se realizó siguiendo la metodología del laboratorio de Genética Molecular Aplicada, grupo de investigación PAI-AGR-218 del Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba (España).

Se seleccionaron de tres a cinco pelos por muestra y fueron introducidos de manera ordenada en pocillos de una placa de 8x12, teniendo cuidado que el bulbo piloso quedara en el fondo del pocillo.

Se añadieron 100µl de una solución de Chelex-100 de la marca BIO-RAD® al 5% a cada muestra y se centrifugó durante 2 minutos para eliminar burbujas y bajar las muestras al fondo (Walsh, Metzger, & Higuchi, n.d.).

Se incubó a 95°C durante 15 minutos; 60°C durante 20 minutos y 99°C 5 minutos. Finalmente se cubrió la placa con lámina selladora (Parafilm®) y se congeló hasta su posterior análisis.

5.1.3 Elección de marcadores microsatélites.

Para este trabajo fueron utilizados 30 marcadores microsatélites recomendados por el comité de expertos de la FAO/ISAG (Food and Agriculture Organization of the United Nations/International Society of Animal Genetics) (FAO, 2011).

Cuadro 4. Características de los microsatélites y primers utilizados.

Microsatélite	Rango de alelo (pb)	Clave	Chr	Secuencia de los primers 5'-3' Forward/Reverse
BM1329	160-182	G18422	6	TTGTTTAGGCAAGTCCAAAGTC AACACCGCAGCTTCATCC
BM1818	248-278	G18391	-	AGCTGGGAATATAACCAAAGG AGTGCTTTCAAGGTCCATGC
BM6506	147-216	G18455	1	GCACGTGGTAAAGAGATGGC AGCAACTTGAGCATGGCAC
BM6526	149 - 175	G18454	1	CATGCCAAACAATATCCAGC TGAAGGTAGAGAGCAAGCAGC
BM8125	108 - 124	G18475	17	CTCTATCTGTGGAAAAGGTGGG GGGGTTAGACTTCAACATACG
CRSM60	79-115	ND	10	AAGATGTGATCCAAGAGAGAGGCA AGGACCAGATCGTGAAAGGCATAG
CSRD247	213-259	EU009450	-	GGACTTGCCAGAACTCTGCAAT CACTGTGGTTTGTATTAGTCAGG
CSSM66	163 - 215	AF232764	9	ACACAAATCCTTTCTGCCAGCTGA AATTTAATGCACTGAGGAGCTTGG

ETH010	201 - 221	Z22739	-	G TTCAGGACTGGCCCTGCTAACA CCTCCAGCCCAC TTTCTCTTCTC
ETH225	132-160	ND	9	GATCACCTTGCCACTATTTCT ACATGACAGCCAGCTGCTACT
HAUT27	120-158	X89252	26	TTTTATGTTCA TTTTTTGACTGG AACTGCTGAAATCTCCATCTTA
HSC	268 - 302	M90759	20	CTGCCAATGCAGAGACACAAGA GTCTGTCTCCTGTCTTGTCTATC
ILSTS011	268 - 292	L23485	9	GCTTGCTACATGGAAAGTGC CTAAATTGCAGAGCCCTACC
INRA063	157 - 195	X71507	14	ATTTGCACAAGCTAAATCTAACC AAACCACAGAAATGCTTGGAAG
MAF065	126 - 146	M67437	15	AAAGGCCAGAGTATGCAATTAGGAG CCTCCTCCTGAGAATATAACATG
MAF209	109 - 143	M80358	17	GATCACAAAAAGTTGGATACAACCGTGG TCATGCACTTAAGTATGTAGGATGCTG
McM527	160 - 186	L34277	5	GTCCATTGCCTCAAATCAATTC AAACCACTTGACTACTCCCCAA
MM12	101-145	Z30343	9	CAAGACAGGTGTTTCAATCT ATCGACTCTGGGGATGATGT
OarFCB011	119 - 147	L01531	9	GGCCTGAACTCACAAGTTGATATATCTATCAC GCAAGCAGGTTCTTTACCACTAGCACC
OarFCB048	139 - 171	M82875	17	GAGTTAGTACAAGGATGACAAGAGGCAC GACTCTAGAGGATCGCAAAGAACCAG
OarFCB304	137 - 193	L01535	19	CCCTAGGAGCTTTCAATAAAGAATCGG CGCTGCTGTCAACTGGGTCAGGG
SPS115	236 - 254	FJ828565	15	AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG AACGAGTGTCTTAGTTTGGCTGTG
SRCRSP08	215-255	L22200	-	TGCGGTCTGGTTCTGATTTTAC CCTGCATGAGAAAGTCGATGCTTAG
TGLA122	136-164	ND	21	CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC AATCACATGGCAAATAAGTACATAC
SRCRSP05	126-158	L22197	18	GGA CTACCAACTGAGCTACAAG TGAAATGAAGCTAAAGCAATGC
SRCRSP23	81-119	ND	-	TGAACGGGTAAAGATGTG TGTTTTTAATGGCTGAGTAG

SRCRSP24	153-169	ND	2	AGCAAGAAGTGTCCACTGACAG TCTAGGTCCATCTGTGTTATTGC
ILSTS019	142-162	L23492		AGGGACCTCATGTAGAAGC ACTTTTGGACCCTGTAGTGC
INRA005	135-149	X63793	12	CAATCTGCATGAAGTATAAATAT CTTCAGGCATACCCTACACC
INRA006	106-126	ND	3	AGGAATATCTGTATCAACCTCAGTC CTGAGCTGGGGTGGGAGCTATAAATA

(FAO, 2011)

5.1.4 Amplificación de microsatélites y electroforesis.

Una vez establecidos los paneles de marcadores, se llevó a cabo la amplificación de secuencias mediante PCR (Polymerase Chain Reaction) en tandas múltiples, con el objetivo de reducir el número de reacciones y disminuir los costos del experimento. Los primers utilizados para la amplificación de fragmentos fueron marcados con fluorocromo que permitió diferenciar los distintos marcadores utilizados (Amparo M. Martínez et al., 2015).

Para la electroforesis se preparó una mezcla de carga añadiendo un marcador de peso molecular (marcado con fluorocromo) a cada uno de los productos obtenidos mediante PCR. Dicha mezcla fue sometida a electroforesis en un secuenciador ABI 3130 (APPLIED BIOSYSTEMS® 3130), previa desnaturalización de las muestras mediante incubación a 95°C durante 3 minutos.

5.1.5 Tipificación alélica.

Los fragmentos obtenidos como resultado de la PCR se visualizaron utilizando un secuenciador capilar APPLIED BIOSYSTEMS® 3130.

Con el programa GENESCAN ANALYSIS se analizaron los datos obtenidos del secuenciador y se obtuvo información del tamaño de los fragmentos amplificados. El programa construye curvas de regresión en función de los tamaños del estándar y calcula el tamaño de cada banda problema en función de dichas curvas. El estándar de tamaños utilizado permitió calcular tamaños de fragmentos entre 50 y 400 nucleótidos. Mediante el programa GENOTYPER® v2.5 se analizaron las gráficas de las bandas obtenidas con el programa Genescan Analysis y se identificaron los diferentes alelos presentes. La denominación alélica utilizada es la recomendada por la International Society of Animal Genetics (ISAG) y en cada tanda de muestras analizadas se introduce una muestra control para corregir las pequeñas variaciones que se pueden producir entre experimentos. La muestra control sirve para examinar todo el proceso, desde la amplificación mediante la PCR hasta el paso final de la electroforesis.

5.1.6 Análisis estadístico.

El número total de alelos por marcador (NA) fue calculado por conteo directo de los diferentes alelos obtenidos para cada uno de estos, mientras que, el número medio de alelos (MNA) se obtuvo de la sumatoria del NA dividida entre los 30 marcadores utilizados. La heterocigosidad observada (H_o) fue resultado de dividir el número de individuos heterocigotos de cada marcador entre el total de individuos positivos al mismo marcador. La heterocigosidad esperada (H_e) se estimó de la siguiente manera:

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

Dónde: x_i representa la frecuencia del alelo i y k el número de alelos (Nei, 1973). El contenido de información polimórfica (PIC) que representa un indicativo de la calidad de los marcadores utilizados (Botstein, White, Skolnick, & Davis, 1980) se estimó de la siguiente manera:

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

Dónde: x_i representa la frecuencia del alelo i , x_j representa la frecuencia del alelo j y k el número de alelos. Las estimaciones anteriores fueron realizadas utilizando el complemento para Microsoft Excel 2010 MICROSATELLITE TOOLKIT (Park, 2001). El número efectivo de alelos (A_e), el cual hace referencia a los alelos con capacidad de pasar a la siguiente generación, fue calculado con el software POPGENE v. 1.32 utilizando la siguiente ecuación:

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

Dónde: p_i es la frecuencia del alelo i (Kimura & Crow, 1964). La prueba exacta del equilibrio Hardy-Weinberg, misma que considera el déficit de heterocigotos se realizó mediante el software GENEPOP v.4.2 (Raymond & Rousset, 1995). Esta prueba se llevó a cabo mediante los 30 marcadores seleccionados para la CCN utilizando el método en cadena de Markov (desmemorización 5,000, 100 lotes y 10,000 interacciones por lote).

El índice de fijación de los individuos respecto a las subpoblaciones (F_{IS}), respecto al total de la población (F_{IT}), de las subpoblaciones comparado al total de la población (F_{ST}) y el coeficiente de diferenciación genética (G_{ST}) fueron calculados con un intervalo de confianza de 95% de la siguiente manera:

$$F_{IS} = 1 - \frac{\bar{H}}{\bar{H}e_S}; \quad F_{IT} = 1 - \frac{\bar{H}}{\bar{H}e_T}; \quad F_{ST} = 1 - \frac{\bar{H}e_S}{\bar{H}e_T}; \quad G_{ST} = \frac{\bar{H}e_S}{\bar{H}e_T}$$

Dónde: \bar{H} es la frecuencia observada de heterocigotos; $\bar{H}e_S$ y $\bar{H}e_T$ representan la heterocigosidad esperada en equilibrio Hardy-Weinberg en las subpoblaciones y en la población total respectivamente. La estimación de estos parámetros se realizó mediante el software GENETIX v. 4.05 (Belkhir, Borsa, Chikhi, Raufaste, & Bonhomme, 2004).

Se calculó la matriz de distancias genéticas de Reynolds que es la distancia mínima de Nei normalizada con una valoración de heterocigosidad en la población fundadora mediante la siguiente ecuación utilizando el software POPULATIONS v.1.2.28:

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

Dónde: x_i e y_i son las frecuencias del alelo i en las poblaciones X e Y respectivamente (Reynolds, Weir, & Cockerham, 1983). Adicionalmente se obtuvieron Split Graphs mediante el algoritmo “NeighborNet” utilizando el programa SPLITSTREE4 (Huson & Bryant, 2006).

La estructura genética de las poblaciones incluidas en el estudio fue determinada mediante técnicas de clúster (K) que representan el número de poblaciones asumidas utilizando el software STRUCTURE v.2.3.4 (Pritchard, Stephens, & Donnelly, 2000) el cual utiliza un algoritmo bayesiano que emplea un modelo basado en el método de cadenas de Markov de Monte Carlo, que estima la distribución *a posteriori* de cada coeficiente de mezcla de cada individuo. Se utilizó un periodo de “burn-in” de 50,000 interacciones y 200,000 para la recolección de datos, los resultados fueron visualizados mediante el programa DISTRUCT

(Rosenberg, 2004). Para estimar el K óptimo, el análisis se realizó con 15 repeticiones para cada valor de K siguiendo la metodología de Evanno (Evanno, Regnaut, & Goudet, 2005) y utilizando el software STRUCTURE HARVESTER.

5.2 Caracterización morfoestructural.

5.2.1 Ubicación y toma de muestras.

El estudio se realizó con 226 animales mayores a un año de edad distribuidos en ocho localidades: La norita (n=20) y El zapote viejo (n=38), pertenecientes al estado de Guanajuato; Venado (n=11), Amazcala (n=15), Tlacote el alto (n=22), Tlacote el bajo (n=38), El Zapote (n=59) y Mompaní (n=23), pertenecientes al estado de Querétaro (Figura 1).

El tamaño de muestra (n) se determinó con la siguiente fórmula:

$$n = \left(\frac{z}{m}\right)^2 p(1 - p)$$

Dónde: z es el valor de z (1.64 para 90 % de nivel de confianza); m es el margen de error (0.05= ± 5 %), y p es el valor estimado de la proporción de la muestra que responderán a la encuesta en el mismo sentido, para este caso se consideró de 0.3 (FAO, 2012b). La elección de los rebaños incluidos en el estudio se realizó por el método no probabilístico bola de nieve, donde a cada propietario de rebaño se le solicitó referencia de otro u otros que cumplieran con la población objetivo, siendo estos referenciados los siguientes integrantes del muestreo y así sucesivamente hasta completar la muestra (Pérez-Tejada, 2008).

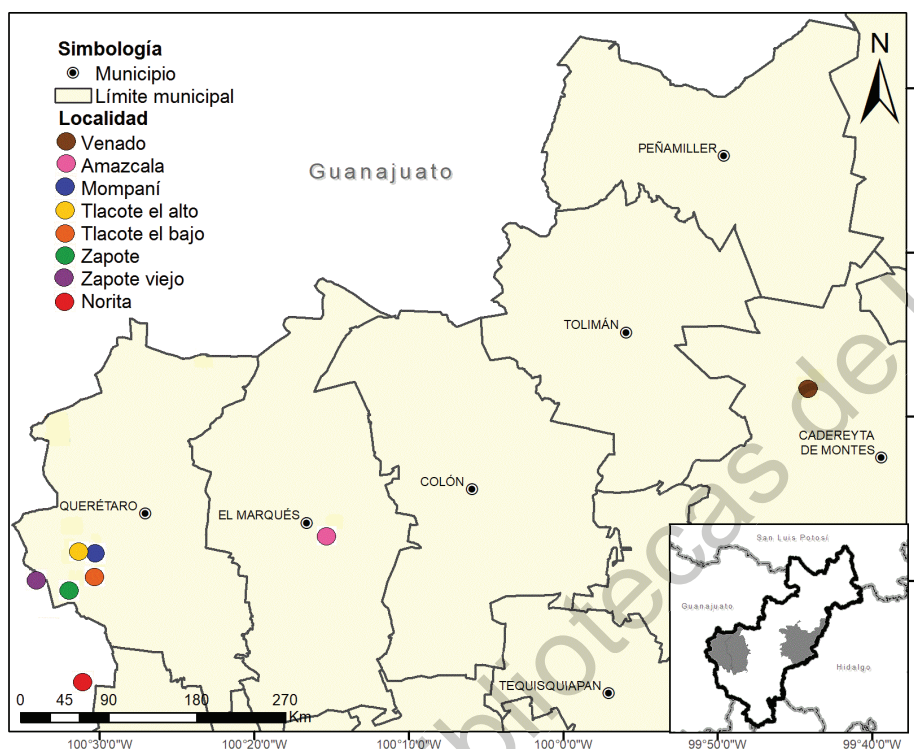


Figura 1. Ubicación de las localidades incluidas en el estudio.

5.2.2 Variables morfométricas incluidas en el estudio.

a) Variables de la cabeza.

- Anchura de cabeza (ACF): Distancia entre los puntos más laterales de los arcos zigomáticos.
- Longitud de cabeza (LCF): Medida desde la protuberancia occipital hasta el labio superior.
- Ancho de cara (AR): Distancia existente entre los lacrimales.
- Longitud de cara (LR): Distancia que va desde el punto medio de los arcos zigomáticos hasta el labio superior.

b) Variables del tronco.

- Alzada a la cruz (ACR): Es la distancia que existe desde el suelo al punto más elevado de la región de la cruz.
- Perímetro torácico (PT): Se refiere a la medida obtenida del contorno del tórax y debe tomarse pasando por el hueco subesternal y la apófisis de la 7^a-8^a vertebra dorsal, atrás de la escapula a nivel del olécranon.
- Diámetro longitudinal (DL): Esta medida va desde la región del encuentro hasta la punta de la nalga.
- Diámetro bicostal (DB): Distancia de un plano costal a otro a la altura de los codos.
- Diámetro dorso-esternal (DD): Desde el punto más bajo de la región de la cruz hasta el esternón.
- Distancia entre encuentros (DE): Es el grosor del pecho en la parte frontal del animal.
- Longitud de la grupa (LG): Va desde la tuberosidad ilíaca externa o punta del anca hasta la punta de la nalga.
- Anchura de la grupa (AG): Es la distancia que existe entre las dos tuberosidades ilíacas externas, cuya base sólida son los ángulos de los íleon.
- Anchura entre ancas (AEA): Mide la distancia generada entre las dos articulaciones coxofemorales o articulación de la cadera.

- Alzada a las palomillas (AP): Se mide desde el punto más culminante de la región sacra o vértice de la primera apófisis espinosa del sacro.
- Perímetro de caña (PC): Se refiere a la circunferencia del tercio medio del hueso metacarpiano.

Las mediciones se realizaron con cinta métrica flexible siguiendo la metodología de FAO (FAO, 2012a). En la figura 2 puede observarse la distribución de las variables descritas anteriormente.

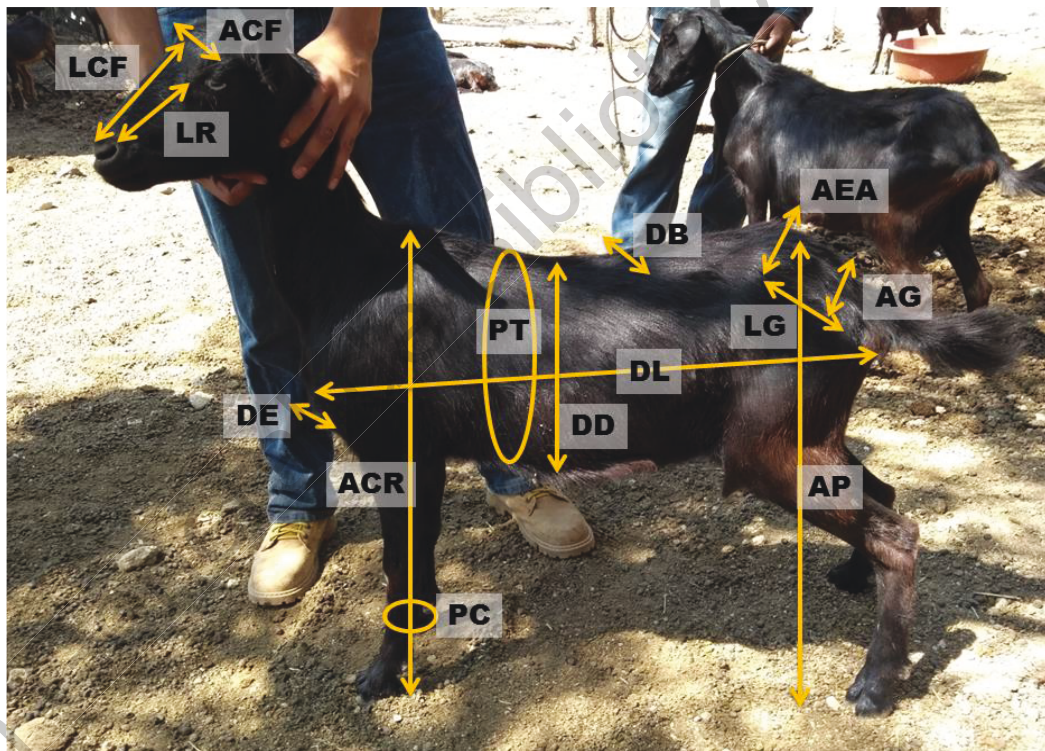


Figura 2. Variables morfométricas incluidas en el estudio.

(ACF) Ancho de cabeza, (LCF) Longitud de cabeza, (LR) Longitud de cara, (ACR) Alzada a la cruz, (PT) Perímetro torácico, (DL) Diámetro longitudinal, (DB) Diámetro bicostal, (DD) Diámetro dorsoesesternal, (DE) Distancia entre encuentros, (LG) Longitud de grupa, (AG) Ancho de grupa, (AEA) Ancho entre ancas, (AP) Alzada a las palomillas, (PC) Perímetro de caña.

5.2.3 Índices zoométricos.

El análisis de los principales índices zoométricos que aportaron información para la caracterización racial o bien para la determinación de los estados somáticos se realizó siguiendo lo descrito por Parés, M. (2009) enfocado en un interés tanto etnológico como funcional.

a) Índices de interés etnológico.

- Índice corporal (“índice de capacidad relativa”) = $(\text{diámetro longitudinal/perímetro torácico}) \times 100$. Este índice permite clasificar los animales, de acuerdo con la sistemática baroniana, en brevi (≤ 85), meso (entre 86 y 88) o longilíneos (≥ 90).
- Índice torácico = $(\text{anchura bicostal/diámetro dorso-esternal}) \times 100$. El índice torácico refleja las variaciones en la forma de la sección torácica, siendo mayor (más circular) en el ganado de carne y menor (más elíptico) en el ganado lechero.
- Índice ilio-isquiático (“índice pelviano”) = $(\text{anchura de la grupa/longitud de grupa}) \times 100$. Este índice indica la relación entre anchura y longitud de pelvis, lo que refleja una pelvis proporcionalmente más ancha que larga o al revés.
- Índice de compacidad (“peso relativo”) = $(\text{peso vivo/alzada a la cruz}) \times 100$.
- Índice cefálico = $(\text{anchura de la cabeza/ longitud de la cabeza}) \times 100$. Permite clasificar los animales en dolico, braqui y mesocéfalos.

- Índice facial = (anchura de la cara/longitud de la cara) x 100. Según el índice obtenido designaremos la raza como dolico, meso o braquiprosopia.

b) Índices de interés productivo.

- Índice dáctilo-costal = (perímetro de caña/diámetro bicostal) x 100.
- Índice de proporcionalidad (“corporal lateral”, “cortedad relativa”) = (alzada a la cruz/diámetro longitudinal) x100. La interpretación de este índice resulta intuitiva ya que señala que a menor valor el animal se aproxima más a un rectángulo, forma predominante en los animales de aptitud cárnica.
- Índice de profundidad relativa del tórax = (diámetro dorso-esternal/alzada a la cruz) x 100. Corresponde al “índice de profundidad” de Alderson, se considera mejor cuanto más exceda de 50.
- Índice de grueso relativo de la caña = (perímetro de caña/alzada a la cruz) x 100.
- Índice de carga de la caña = (perímetro de caña/peso vivo) x 100.
- Índice dáctilo-torácico o metacarpo-torácico = (perímetro de caña/perímetro torácico) x 100. Proporciona igualmente una idea del grado de finura del esqueleto, siendo su valor mayor en los animales carniceros que en los lecheros.

5.2.4 Análisis estadístico

Para obtener una vista general de los datos se calcularon los estadísticos descriptivos (media, desviación estándar, coeficiente de variación, máximos y

mínimos) de las variables morfométricas y de los nueve índices zoométricos incluidos en el estudio. Posteriormente se determinó la armonía morfológica de la cabra criolla negra por medio del número de correlaciones positivas con diferencias significativas ($P < 0.05$), lo que incluyó una prueba de correlación por el método de Spearman debido a que los datos no seguían una distribución normal (prueba de normalidad de Kolmogorov Smirnov $P < 0.05$). Donde un modelo altamente armónico es aquel en el que el número de correlaciones excede el 50%, un modelo armónico medio cuando están cerca del 50 % y un modelo armónico bajo cuando el 25% de las correlaciones fueron significativas y positivas (Sañudo, 2009).

Se realizó un análisis de componentes principales (ACP) para reducir la matriz de variables morfométricas a un pequeño número de variables no correlacionadas llamadas componentes. Los componentes principales obtenidos fueron valorados con base al criterio de Kaiser (eigenvalue > 1) (Kaiser, 1960). Finalmente, se realizó un análisis jerárquico de conglomerados por el método de Ward empleando la distancia euclidiana para construir un dendrograma y evaluar las distancias entre localidades, en este análisis fueron incluidas también las variables morfométricas y se generó un heatmap para visualizar las localidades en relación a su promedio por variable. Todos los procedimientos antes mencionados se realizaron utilizando el lenguaje de programación estadístico R (R Core Team, 2017).

6. RESULTADOS

6.1 Variación genética en la población Criolla Negra

La relación entre individuos de las tres poblaciones se representa en la figura 3, donde se observa la agrupación de los rebaños. Se obtuvieron 243 alelos para los 30 marcadores utilizados (Cuadro 5). El número medio de alelos (MNA) fue de 8.1

alelos por locus en esta población (Cuadro 6). El NA más alto por marcador (13) lo presentaron MM12 y SRCRSP23, seguido por los marcadores BM6526 y HSC con 12 alelos. El marcador con menor número de alelos fue MAF209 con 2 alelos. Adicionalmente, el Ae con mayor valor correspondió a HSC (Ae= 9.14) y el de menor valor fue para MAF209 (Ae= 1.25), lo anterior se explica debido a que para realizar su estimación intervienen las frecuencias alélicas.

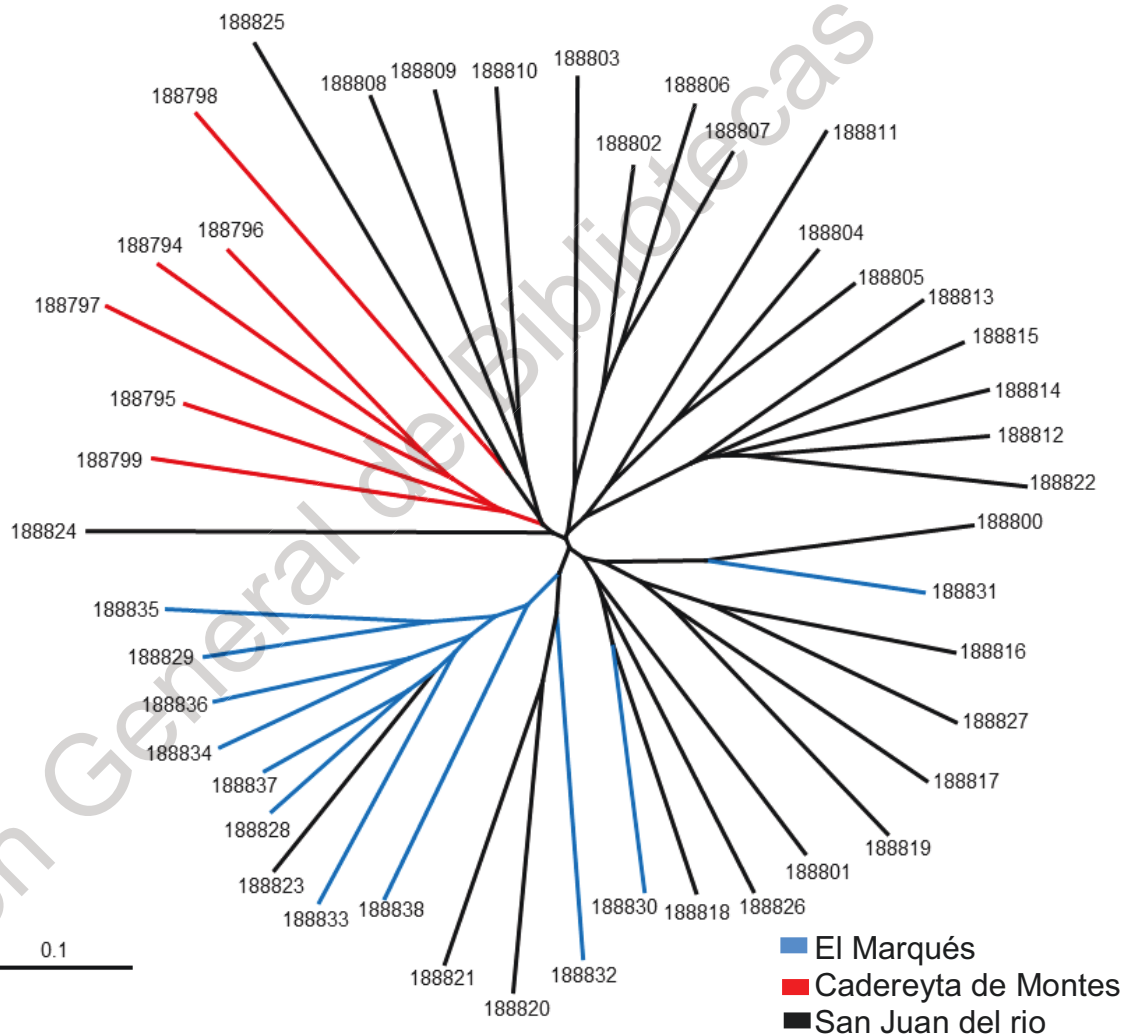


Figura 3. Árbol de distancias genéticas entre animales incluidos en el estudio.

La heterocigosidad esperada (H_e) promedio en la población fue de 0.71, este valor varió entre 0.20 para MAF209 y 0.90 para HSC. En el caso de la heterocigosidad observada (H_o) el valor promedio obtenido fue de 0.62 y los mismos marcadores mostraron los valores extremos 0.18 y 0.93 para MAF209 y HSC respectivamente.

El valor promedio del PIC para la población de CCN fue de 0.66. En este caso, el marcador menos informativo ($PIC < 0.25$) fue MAF209 ($PIC = 0.18$), seguido de ETH225 y SPS115 con valores de 0.26 y 0.44, respectivamente. Los 27 marcadores restantes se muestran muy informativos ($PIC > 0.5$). Finalmente, se observaron desviaciones significativas del equilibrio de Hardy Weinberg (HWE) en 14 de los 30 microsatélites probados en la población ($P \leq 0.05$).

Cuadro 5. Número total de alelos y frecuencias alélicas (FA) obtenidos por microsatélite.

MM12 1		SRCRSP23		BM6526		HSC		CSSM66	
Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA
90	1	89	7	157	1	276	3	183	1
92	18	91	17	159	1	278	4	185	8
94	4	93	3	161	5	280	7	187	2
96	11	97	5	163	14	282	2	189	9
98	1	101	9	165	34	284	6	191	15
104	19	103	8	167	2	286	4	195	2
108	1	105	4	169	5	288	16	197	5
110	6	107	16	171	1	290	8	199	2
112	14	109	6	173	5	292	12	213	15
114	5	111	9	175	6	294	9	215	13
116	4	113	2	179	6	296	5	221	4
118	2	115	1	181	8	302	6		
120	2	117	1						

SRCRSP24		INRA006		MAF065		OarFCB011		OarFCB048	
Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA
145	4	105	5	122	9	131	2	147	15
151	1	107	14	124	3	133	23	151	7
153	1	109	3	128	22	137	3	153	13
155	1	111	2	130	4	141	2	155	6
157	22	113	8	132	4	145	22	157	8
159	7	115	2	134	1	147	9	159	21
161	38	117	4	136	2	149	10	161	9
163	6	119	31	138	15	153	4	163	8
167	5	121	11	140	23	155	11	167	1
171	1	123	8	142	6	157	2	169	2
				146	1				
BM8125		CSRD247		ILSTS019		ILSTS011		INRA005	
Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA
110	1	218	3	146	3	270	2	131	1
114	11	230	11	150	11	272	9	141	53
116	9	232	9	152	57	274	4	143	8
118	26	234	44	154	5	280	37	145	16
120	36	240	13	156	13	282	35	147	6
124	7	242	8	158	1	284	1		
OarFCB304		SRCRSP08		BM6506		BM1329		BM1818	
Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA
133	1	216	2	206	1	169	7	256	6
135	3	224	2	208	43	171	43	258	23
137	1	226	1	210	1	173	4	260	31
139	33	228	25	214	6	175	1	262	7
141	26	230	15	216	3	177	5	264	9
145	17	234	3	218	12	179	18	266	9
155	4	238	1	220	18	181	9	270	2
157	1	242	1	222	3	183	3	272	3
159	1	244	33	226	1				
165	1	246	3						

CRSM60		HAUT27		TGLA122		McM527		SRCRSP05	
Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA
77	4	132	10	128	5	156	23	167	5
79	7	136	18	136	59	158	14	169	2
81	27	138	5	138	9	164	1	173	6
83	5	140	34	140	8	166	21	175	21
85	18	142	19	142	1	168	11	177	38
87	27	144	2	144	1	170	4	179	4
91	1	150	1	146	6	172	12	183	2
93	1	152	1	154	1	174	2		
INRA063		ETH010		ETH225		SPS115		MAF209	
Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA	Alelo	FA
159	4	207	31	134	1	246	23	105	10
161	1	209	44	146	13	248	57	107	80
163	5	211	9	148	73	250	8		
165	45	213	6	150	1				
167	35								

Cuadro 6. Microsatélites analizados, número de alelos detectados (NA), número efectivo de alelos (Ae), heterocigosidades esperada (He) y observada (Ho), contenido de información polimórfica (PIC) y las desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg (HWE).

Microsatélite	NA	Ae	He	Ho	PIC	HWE
BM1329	8	3.44	0.72	0.67	0.68	NS
BM1818	8	4.63	0.79	0.71	0.76	NS
BM6506	9	3.26	0.70	0.55	0.66	*
BM6526	12	4.93	0.81	0.86	0.78	NS
BM8125	6	3.64	0.73	0.62	0.68	*
CRSM60	8	4.32	0.78	0.71	0.73	*
CSR247	6	3.25	0.70	0.77	0.66	NS
CSSM66	11	7.06	0.87	0.34	0.84	***
ETH010	4	2.69	0.63	0.56	0.56	NS
ETH225	4	1.41	0.29	0.25	0.26	NS
HAUT27	8	4.11	0.77	0.71	0.72	NS
HSC	12	9.14	0.90	0.93	0.88	NS
ILSTS011	6	2.87	0.66	0.59	0.59	NS
INRA063	5	2.46	0.60	0.64	0.51	NS
MAF065	11	5.78	0.84	0.87	0.81	NS
MAF209	2	1.25	0.20	0.18	0.18	NS
McM527	8	5.33	0.82	0.82	0.79	NS
MM12	13	7.00	0.87	0.75	0.84	*
OarFCB011	10	5.73	0.83	0.75	0.80	NS
OarFCB048	10	7.14	0.87	0.78	0.84	**
OarFCB304	10	3.72	0.74	0.61	0.69	**
SPS115	3	2.02	0.51	0.27	0.44	***
SRCRSP08	10	3.76	0.74	0.70	0.69	NS
TGLA122	8	2.20	0.55	0.49	0.52	*
SRCRSP05	7	3.09	0.68	0.59	0.63	*
SRCRSP23	13	8.49	0.89	0.68	0.87	***
SRCRSP24	10	3.59	0.73	0.56	0.69	***
ILSTS019	6	2.27	0.57	0.51	0.53	*
INRA005	5	2.23	0.56	0.45	0.51	*
INRA006	10	5.29	0.82	0.77	0.79	NS
	8.1	4.20	0.71	0.62	0.66	

* P< 0,05, ** P<0,01, ***P<0,001, P>0.05 NS

6.2 Diferenciación genética entre poblaciones.

Los estadísticos F y el coeficiente G_{ST} se estimaron para cada uno de los 25 microsatélites compartidos entre la CCN y las otras 13 razas incluidas en el proyecto BioGoat con un intervalo de confianza del 95% (Cuadro 7) El valor promedio para F_{IS} fue de 0.067. Se presentaron valores negativos de F_{IS} en los marcadores BM8125 y MAF209 (-0.002 y -0,006 respectivamente) indicando un exceso de heterocigotos. Finalmente, 11 marcadores presentaron un valor de F_{IS} superior a 0.05. Los valores de G_{ST} fueron similares a los obtenidos para, F_{ST} . El marcador que representó un valor más alto fue SRCRSP08 (0.106), en contraste con el MAF209 que fue el más bajo (0.037).

6.3 Distancia genética y filogenia entre poblaciones.

Las distancias genéticas entre las 14 razas comparadas se presentan en el cuadro 8. La menor distancia genética se presentó entre la CCN y la raza Murciano-Granadina (0.133). La mayor distancia genética se obtuvo con la raza Anglonubia (0.420). Se construyó un dendrograma Neighbor-Net utilizando la información contenida en la matriz de distancias genéticas entre las razas incluidas en este estudio (Figura 4).

Cuadro 7. Coeficiente de diferenciación genética y estadísticos F para cada marcador compartido entre la Cabra Criolla Negra y las razas Retinta, Verata, Blanca serrana, Celtibérica, Malagueña, Murciano granadina, Florida, Payoya, Serrana, Formentera, Saanen, Alpina y Anglonubia.

Microsatélite	G_{ST}	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
BM1329	0.081	0.024	0.078	0.056
BM1818	0.077	0.024	0.085	0.062
BM6506	0.074	0.044	0.094	0.053
BM6526	0.114	0.045	0.111	0.069
BM8125	0.076	-0.002	0.065	0.067
CRSM60	0.041	0.064	0.091	0.029
CSR247	0.082	0.026	0.095	0.071
CSSM66	0.083	0.271	0.316	0.062
ETH010	0.058	0.032	0.076	0.047
ETH225	0.057	0.015	0.058	0.044
HSC	0.068	0.095	0.141	0.050
ILSTS011	0.058	0.068	0.114	0.049
INRA063	0.051	0.164	0.195	0.038
MAF065	0.073	0.025	0.084	0.060
MAF209	0.037	-0.006	0.018	0.024
McM527	0.081	0.087	0.151	0.070
MM12	0.060	0.059	0.098	0.042
OarFCB011	0.084	0.065	0.134	0.073
OarFCB048	0.060	0.058	0.103	0.049
SPS115	0.097	0.187	0.257	0.086
SRCRSP08	0.106	0.049	0.143	0.099
TGLA122	0.091	0.070	0.146	0.082
	0.073	0.067	0.121	0.058

F_{IS} = Índice de fijación de los individuos respecto a las subpoblaciones, F_{IT} = Índice de fijación de los individuos respecto al total de la población, F_{ST} = Índice de fijación de las subpoblaciones comparado al total de la población, G_{ST} = Coeficiente de diferenciación genética.

Cuadro 8. Matriz de distancias genéticas de Reynolds entre las 14 razas caprinas incluidas en el estudio.

	RET	VERA	BLANCA	CELTIB	MALAG	MG	FLO	PAY	SER	FOR	SAAN	ALP	ANG
VERA	0.025												
BLANCA	0.025	0.032											
CELTIB	0.025	0.036	0.027										
MALAG	0.021	0.025	0.023	0.021									
MG	0.044	0.045	0.031	0.034	0.041								
FLO	0.023	0.023	0.028	0.026	0.015	0.041							
PAY	0.034	0.044	0.047	0.036	0.046	0.061	0.038						
SER	0.034	0.038	0.035	0.028	0.024	0.048	0.027	0.045					
FOR	0.071	0.094	0.081	0.078	0.083	0.099	0.083	0.081	0.107				
SAAN	0.071	0.061	0.070	0.069	0.070	0.069	0.061	0.077	0.078	0.119			
ALP	0.063	0.056	0.052	0.062	0.055	0.076	0.049	0.064	0.073	0.119	0.071		
ANG	0.124	0.125	0.130	0.151	0.132	0.146	0.126	0.178	0.149	0.221	0.161	0.142	
CCN	0.039	0.052	0.045	0.044	0.046	0.038	0.048	0.067	0.053	0.102	0.083	0.073	0.130

RET= Retinta, VERA= Verata, BLANCA= Blanca serrana, CELTIB= Celtibérica, MALAG= Malagueña, MG= Murciano granadina, FLO= Florida, PAY= Payoya, SER= Serrana, FOR= Formentera, SAAN= Saanen, ALP= Alpina, ANG= Anglonubia, CCN= Criolla negra.

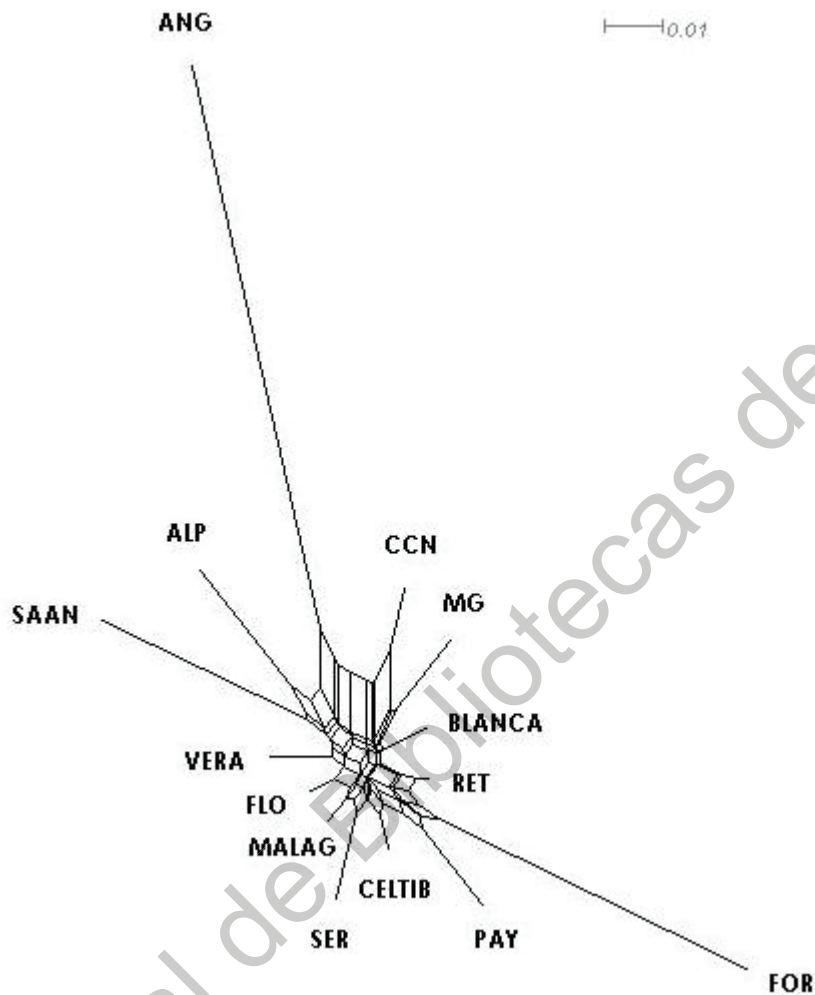


Figura 4. Dendrograma Neighbor-Net construido con la distancia genética de Reynolds entre 14 razas caprinas.

RET: Retinta, VERA: Verata, BLANCA: Blanca serrana, CELTIB: Celtiberica, MALAG: Malagueña, MG: Murciano granadina, FLO: Florida, PAY: Payoya, SER: Serrana, FOR: Formentera, SAAN: Saanen, ALP: Alpina, ANG: Anglonubia, MGMX: Criolla negra.

6.4 Análisis de la estructura genética en las poblaciones evaluadas.

La representación gráfica del resultado de la estructura genética obtenida de las 14 razas de cabras incluidas en el estudio se presenta en la figura 5. En la cual, cada individuo está representado por una línea vertical, misma que se divide en segmentos de color que representan la fracción de pertenencia de cada individuo

a cada uno de los grupos (K). El K óptimo para la estructura genética de las poblaciones incluidas en el estudio fue de 9.

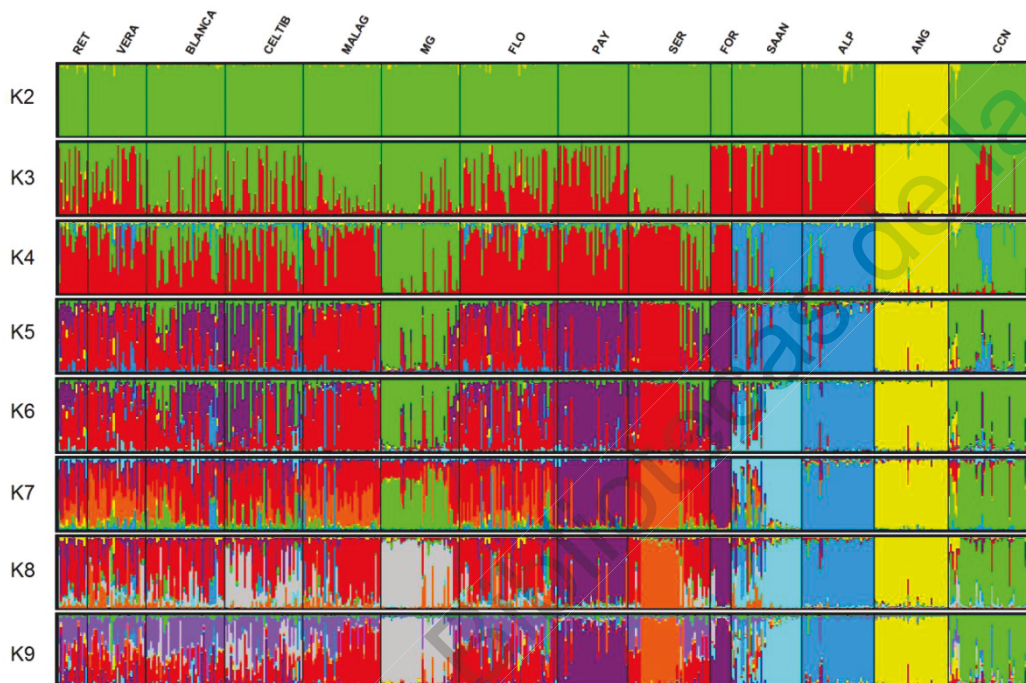


Figura 5. Representación gráfica de la estructura genética de las 14 razas analizadas. Se muestran los resultados de K2 a K9.

RET: Retinta, VERA: Verata, BLANCA: Blanca serrana, CELTIB: Celtiberica, MALAG: Malagueña, MG: Murciano granadina, FLO: Florida, PAY: Payoya, SER: Serrana, FOR: Formentera, SAAN: Saanen, ALP: Alpina, ANG: Anglonubia, MGMX: Criolla negra.

6.5 Análisis de variables morfométricas.

En el cuadro 9, se muestran los estadísticos descriptivos para las 14 variables morfométricas utilizadas. Los resultados obtenidos muestran que los animales evaluados presentan homogeneidad en la mayoría de las variables, esto al observar que diez de las 14 variables estudiadas presentan coeficientes de variación (CV) menores a 10% y fue solo el diámetro bicostal (DB) el cual presentó el mayor CV (22.49%). Los resultados indican que los valores promedio por cada

variable tienen el peso suficiente para considerar las estimaciones como aceptables, mientras que si superan el 30% es tan baja la precisión que los datos tendrían que ser descartados (Gordón-Mendoza & Camargo-Buitrago, 2015; Mohammadi, Beygi Nassiri, Fayazi, & Roshanfekar, 2010). Sin embargo, algunos autores refieren que las medidas de cada individuo pueden estar influenciadas por diversos factores como los relacionados al sistema de producción, la disponibilidad de forrajes, el desarrollo, la edad, el número de partos, el estado nutricional, entre otros (Dudhe, Yadav, Nagda, Pannu, & Gahlot, 2015).

Cuadro 9. Estadísticas descriptivas de las variables morfométricas utilizadas en Cabras Criollas Negras mayores de un año de edad (n=226).

Variable	Media	DS	CV	MIN	MAX
ACF	11.56	0.98	8.50	9.50	18.00
LCF	15.66	1.40	8.96	11.00	20.50
LR	12.74	1.45	11.38	9.00	19.50
ACR	70.12	4.31	6.14	57.00	88.00
PT	84.07	7.36	8.76	56.00	106.00
DL	71.20	6.11	8.59	52.00	87.00
DB	21.88	5.10	23.32	15.60	41.00
DD	30.31	2.63	8.69	24.00	38.00
DE	16.86	1.53	9.07	13.00	24.00
LG	18.81	2.04	10.85	13.00	27.00
AG	15.61	1.40	8.95	12.50	21.00
AEA	17.17	1.79	10.43	12.20	23.00
AP	70.54	3.77	5.34	61.00	86.00
PC	8.49	0.68	8.06	6.20	11.00

ACF=anchura de cabeza, LCF=longitud de cabeza, LR=longitud de cara, ACR=alzada a la cruz, PT=perímetro torácico, DL=diámetro longitudinal, DB=diámetro bicostal, DD=diámetro dorso-esternal, DE=distancia entre encuentros, LG=longitud de la grupa, AG=anchura de la grupa, AEA=anchura entre ancas, AP=alzada a las palomillas, PC=perímetro de caña.

DS= Desviación estándar, CV= Coeficiente de variación, MIN= Valor mínimo, MAX= Valor máximo.

6.6 Armonía morfológica.

El análisis de correlación mostró que en la población de estudio se mantiene un modelo altamente armónico al presentar 91.21% de las correlaciones positivas y significativas. Las estimaciones de correlación más altas encontradas fueron entre LCF y LR seguida de ACR y AP, con valores de 0.87 y 0.78 respectivamente (Figura 4).

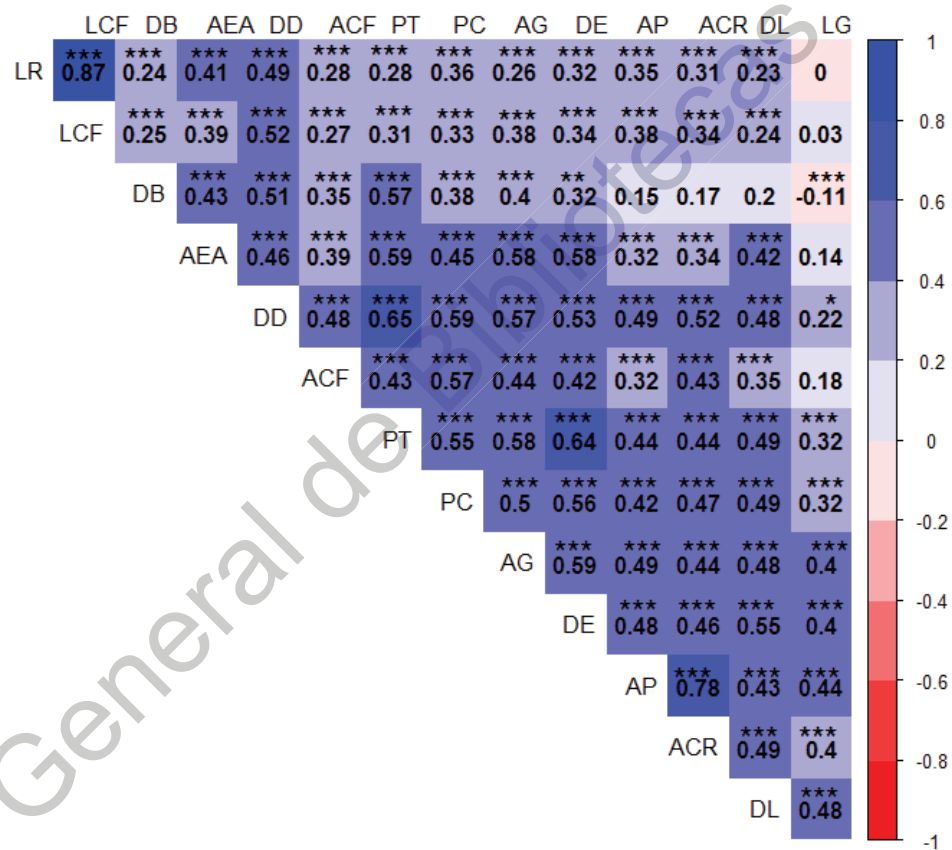


Figura 6. Matriz de correlaciones de Spearman entre las variables morfométricas de la cabra Criolla Negra.

ACF=anchura de cabeza, LCF=longitud de cabeza, LR=longitud de cara, ACR=alzada a la cruz, PT=perímetro torácico, DL=diámetro longitudinal, DB=diámetro bicostal, DD=diámetro dorso-esternal, DE=distancia entre encuentros, LG=longitud de la grupa, AG=anchura de la grupa, AEA=anchura entre ancas, AP=alzada a las palomillas, PC=perímetro de caña.

*P < 0.05, **P<0.01, P<0.001

6.7 Índices zoométricos.

Respecto a los índices zoométricos el índice torácico (ITO) tuvo el mayor coeficiente de variación (19.26) debido a que este índice incluye la variable DB que es la de mayor variación en el presente estudio. El resto de los índices zoométricos calculados se mostró más homogéneo con un coeficiente de variación que va de valores de 7.63 a 12.22 para IPRT e IPE (Cuadro 10).

Cuadro 10. Estadísticos descriptivos de índices zoométricos.

ÍNDICE	MEDIA	DS	CV	MIN	MAX
ICO	85.11	8.72	10.24	62.07	151.79
ITO	71.98	13.87	19.26	50.00	117.14
ICE	74.29	9.03	12.16	57.89	163.64
IPE	83.75	10.24	12.22	59.26	121.43
IPRO	101.68	8.14	8.00	70.27	133.33
IMET	10.14	0.84	8.29	7.75	14.52
IPRT	43.27	3.30	7.63	34.78	55.07
IPET	22.30	1.89	8.46	17.95	29.17
IPEL	26.87	2.80	10.42	19.57	39.13

ICO= índice corporal; ITO= índice torácico; ICE= índice cefálico; IPE= índice pelviano; IPRO= índice de proporcionalidad; IMET= índice metacarpotorácico; IPRT= índice de profundidad relativa del tórax; IPET= índice pelviano transversal; IPEL= índice pelviano longitudinal.

DS= Desviación estándar, CV= Coeficiente de variación, MIN= Valor mínimo, MAX= Valor máximo

6.8 Análisis de componentes principales.

El análisis de componentes principales (PCA) consideró como significativos los primeros tres componentes bajo el criterio de Kaiser. En conjunto, representaron el 67.49% de la varianza total (Cuadro 11). Este porcentaje de explicación podría deberse al grado de correlación entre las variables y el componente principal (CP) dado en CP2 y CP3. Para CP1 solo DB y LG fueron poco relevantes, sin embargo,

las variables más sobresalientes fueron DD, DE, PT y AG, variables que describen ampliamente el torax y PC que hace referencia a una mayor fortaleza en patas. Tal como lo indica el análisis de componentes principales, las variables que no pueden explicarse por el primer componente pueden ser retomadas por el segundo y así sucesivamente. Para el CP2 la variable que más aportación presenta es la LG y para el CP3 las variables corresponden a la descripción de la estructura de la cabeza LCF y LR. Por lo anterior, el PCA describe la parte anterior del cuerpo de los animales con el CP3, la parte del tronco y extremidades con el CP1 y la parte posterior con el CP2. Los valores de CP1 y CP2 para los individuos por localidad se representan gráficamente en la figura 7. Los animales de las ocho localidades resultaron homogéneos, por lo que se encontraron dispersos sin generar grupos o subpoblaciones.

Cuadro 11. Valores propios, proporción de la varianza total y correlaciones entre variables y componentes principales (CPs) en la cabra Criolla Negra.

Variab les	CP 1	CP 2	CP 3	Comunalidad
ACF	0.63	-0.07	-0.32	0.51
LCF	0.65	-0.39	0.55	0.87
LR	0.61	-0.47	0.50	0.84
ACR	0.70	0.31	0.25	0.66
PT	0.76	-0.01	-0.29	0.66
DL	0.63	0.37	-0.08	0.54
DB	0.44	-0.67	-0.41	0.81
DD	0.80	-0.18	0.00	0.67
DE	0.80	0.19	-0.14	0.69
LG	0.34	0.77	0.02	0.71
AG	0.75	0.08	-0.12	0.59
AEA	0.70	-0.20	-0.10	0.54
AP	0.70	0.32	0.34	0.71
PC	0.78	0.03	-0.21	0.66
Valor propio	6.39	1.88	1.18	
% Varianza	45.64	13.41	8.45	

ACF=anchura de cabeza, LCF=longitud de cabeza, LR=longitud de cara, ACR=alzada a la cruz, PT=perímetro torácico, DL=diámetro longitudinal, DB=diámetro bicostal, DD=diámetro dorso-esternal, DE=distancia entre encuentros, LG=longitud de la grupa, AG=anchura de la grupa, AEA=anchura entre ancas, AP=alzada a las palomillas, PC=perímetro de caña.

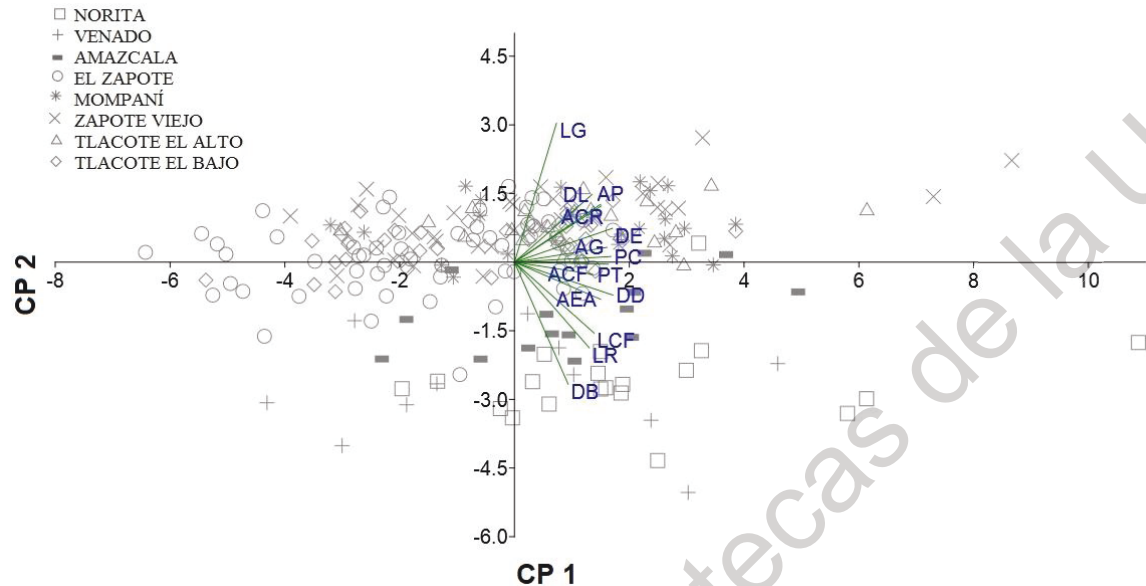


Figura 7. Análisis de componentes principales de las ocho localidades incluidas en el estudio.

El análisis jerárquico de conglomerados generó un dendrograma que agrupó las localidades incluidas en el estudio en tres grupos que coinciden con el lugar de procedencia de los animales (Figura 8). El primer grupo incluyó las localidades de Norita, Amazcala y Venado. El segundo grupo formado por Mompaní, Zapote viejo y Tlacote el Alto, muestra la similitud que existe entre estas poblaciones lo que coincide con la naturaleza de los datos al saber que estos rebaños se han originado por mezclas de poblaciones del tercer grupo que incluye las poblaciones de El Zapote y Tlacote el Bajo, que son pioneras en la cría de cabra criolla negra. Las distancias entre localidades se muestran en el cuadro 12, donde puede observarse que la menor distancia obtenida se encuentra entre las localidades de Zapote Viejo y Tlacote el Alto (2.34), mientras que la mayor distancia se generó entre el Zapote y Norita (7.77).

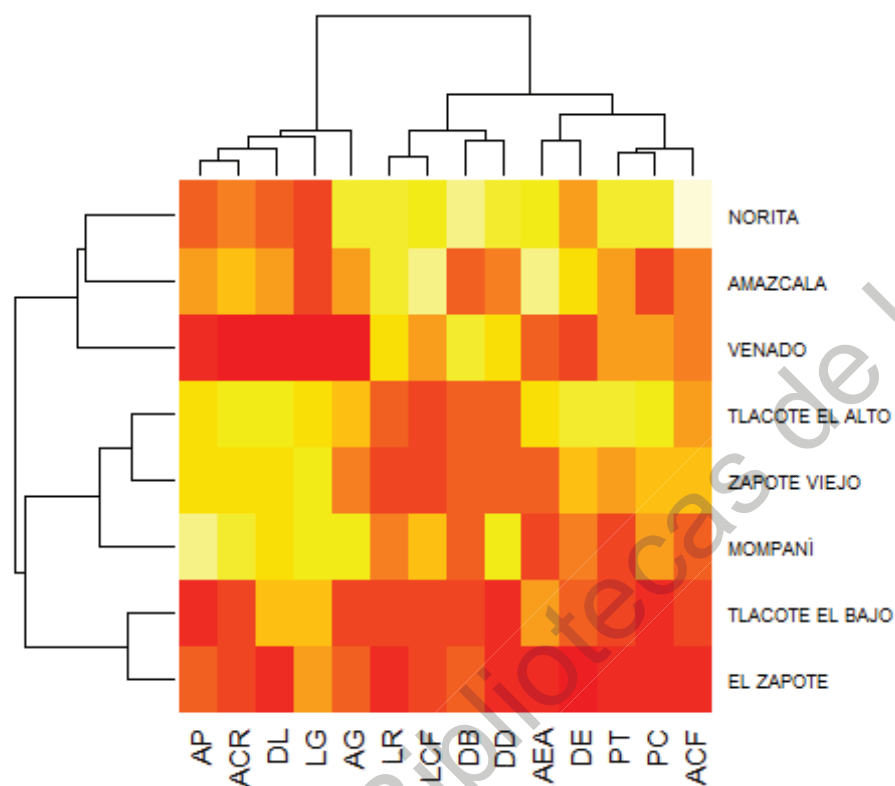


Figura 8. Dendrograma por localidades elaborado con el método de Ward y distancias euclidianas.

Cuadro 12. Matriz de distancias euclidianas entre localidades estudiadas.

	NORITA	VENADO	AMAZCALA	ZAPOTE	MOMPANÍ	Z. VIEJO	T. ALTO
VENADO	5.11						
AMAZCALA	4.81	5.23					
ZAPOTE	7.77	4.91	6.07				
MOMPANÍ	6.04	6.60	4.71	5.70			
Z. VIEJO	5.88	5.81	4.77	4.79	3.25		
T. ALTO	5.55	6.64	4.50	6.43	4.03	2.34	
T. BAJO	7.03	4.92	4.82	2.60	5.17	3.68	4.97

7. DISCUSIÓN

7.1 Variación genética en la población Criolla Negra.

Se ha recomendado que los marcadores microsatélites utilizados tengan por lo menos cuatro alelos y que el Ae sea superior a dos para ser considerados en estudios de diversidad y reducir el error estándar en la estimación de distancias genéticas (Barker, 1994). En el presente estudio solo 2 marcadores (MAF209 y SPS115) resultaron con menos de 4 alelos. Respecto al Ae ETH225 y MAF209 presentaron valores menores a dos (1.41 y 1.25 respectivamente). Lo anterior nos indica que tan apropiados fueron los marcadores para la evaluación de la diversidad genética respecto a NA y Ae. El MNA obtenido para la población de CCN (8.1) se considera alto si este se compara con otros trabajos de caracterización como el de la cabra criolla cubana (Chacón et al., 2010), cabras saudíes (Al-Atiyat, Alobre, Aljumaah, & Alshaikh, 2015), cabras cachemira en China (Di et al., 2011; Du et al., 2017)(Du et al., 2017)(Du et al., 2017) y algunas razas de cabras iraníes(Vahidi et al., 2014). Sin embargo, tiene valores cercanos al MNA obtenido para cabras lecheras en Sudáfrica (Bosman, van Marle-Köster, & Visser, 2015). El PIC de los marcadores utilizados reveló un valor promedio (0.66) similar al obtenido en el trabajo de la cabra Retinta extremeña (Parejo et al., 2015).

Otra manera de apreciar la diversidad genética es mediante los valores de heterocigosidad ya que dependen del número y de las frecuencias relativas de los alelos (Hale, Burg, & Steeves, 2012). Los valores de heterocigosidad promedio obtenidos ($H_e = 0.71$ y $H_o = 0.62$) se muestran muy similares a los observados en la cabra Blanca Andaluza (A. M. Martínez et al., 2004) y Retinta Extremeña (Parejo et al., 2015), aun cuando esta última presenta un MNA mayor a la CCN. La prueba para el HWE reveló 14 marcadores con desviaciones significativas ($P \leq 0.05$), lo cual indica que en estos existe un déficit de heterocigosidad. El hecho

que algunos de estos marcadores se comporten homocigóticos puede deberse a acciones que van desde las condiciones de manejo del rebaño hasta marcadores que pudieran estar vinculados a rasgos productivos (Dixit et al., 2012).

7.2 Diferenciación genética entre poblaciones.

Tomando en cuenta que los valores negativos tanto de F_{IS} como de F_{IT} indican un exceso de heterocigotos y los positivos indican una deficiencia. Los resultados obtenidos para ambos índices ($F_{IS}=0.067$ y $F_{IT}=0.121$) muestran un incremento no significativo en la proporción de homocigotos, sin embargo, esto se ha observado también en cabras autóctonas de China (Cao, Li, Du, & Zhao, 2017), India (Dixit et al., 2012), España y Portugal (Amparo M. Martínez et al., 2015). El F_{ST} indicó que el 94.2% de la variabilidad genética en las razas estudiadas se debía a diferencias entre los individuos dentro de la raza y el 5.8% a diferencias genéticas entre las razas. Este efecto se muestra de forma parecida con el coeficiente de diferenciación genética ($G_{ST}= 0.073$) que indicó que el 7.3% de la diversidad genética total se dividió entre las razas y por consiguiente la mayor parte de la variabilidad se encontró dentro de las poblaciones con un porcentaje del 92.7%. Los valores obtenidos de F_{ST} y G_{ST} hacen referencia a que un alto nivel de variación genética se ha mantenido en las razas incluidas en el estudio. Porcentajes similares a los obtenidos en el presente estudio se observaron para otras razas caprinas (Li, Chen, Lan, Kong, & Min, 2008; Amparo M. Martínez, Acosta, Vega-Pla, & Delgado, 2006; Vahidi et al., 2014).

7.3. Distancia genética y filogenia entre poblaciones.

El dendograma Neighbor-Net (Figura 1) mostró que las razas caprinas españolas incluidas en el estudio (Retinta, Verata, Blanca Serrana, Celtibérica, Malagueña, Murciano-Granadina, Florida, Payoya, Serrana, Formentera), se mantienen agrupadas, este efecto se ha observado también en otros trabajos (Cañón et al.,

2006) y se debe a la estrecha relación genética y geográfica que guardan estas razas. Al igual que las razas españolas, las razas mejoradas (Saanen, Alpina y Anglonubia) también se visualizaron agrupadas. Esta relación también se pudo observar en una comparación entre estas razas y cabras brasileñas (Oliveira et al., 2007), dicho efecto puede atribuirse a una mayor distancia genética con las razas comparadas y no precisamente a relaciones de origen o parentesco. Las estimaciones obtenidas de la distancia genética de Reynolds también mostraron que la distancia más corta para la CCN se encuentra en relación con la raza MG (0.038), este resultado sugiere la posible relación genética entre ambas razas.

7.4. Análisis de la estructura genética en las poblaciones evaluadas.

Con el análisis de la estructura genética se evaluó el grado de relación entre las diferentes poblaciones, detectando diferencias entre razas por medio de diferente número de clúster denominados K. El análisis indica por un lado que la CCN no muestra signos de cruzamientos con el resto de las razas incluidas en el estudio y por otro lado se evaluó el grado de relación entre las diferentes poblaciones. La diferenciación genética de la población ANG, que se separa desde K2 y se mantiene separada en todos los supuestos, es similar a lo obtenido con la estructura poblacional en cabras criollas de las Américas (Ginja, Gama, Mart, Sevane, & Lanari, 2017). Este resultado hace notar que la población ANG mantiene su estructura genética con un bajo nivel de mezcla de individuos de las otras 13 poblaciones evaluadas. En las razas españolas incluidas en el estudio, se presentó una estructura genética con más individuos entremezclados, muy similar a lo observado en un estudio de biodiversidad caprina (Amparo M. Martínez et al., 2015). Esto pudiera deberse a que son poblaciones geográficamente cercanas, lo que facilita la migración de individuos de otras poblaciones. Respecto a la CCN esta se observa similar a la cabra MG de K2 a K7, sin embargo se separan en el K8 y permanecen separadas en el K óptimo (K9). Este resultado sustenta lo

observado en el dendrograma Neighbor-Net (Figura 4), donde se observa la relación genética de ambas poblaciones.

7.5 Análisis de variables morfométricas.

Los resultados obtenidos muestran que la utilización de variables morfométricas pueden significar una primera aproximación en la caracterización de poblaciones caprinas y la gestión de los recursos zoogenéticos, aun cuando algunos autores han considerado que son más sensibles a factores ambientales y humanos (Hassen, Baum, Rischkowsky, & Tibbo, 2012).

De las catorce variables incluidas en el estudio, diez de estas (ACF, LCF, ACR, PT, DL, DD, DE, LG, AG, PC) fueron consideradas en la evaluación morfoestructural de razas caprinas andaluzas, donde las razas granadina y malagueña obtuvieron valores similares a los obtenidos para la CCN, a excepción de LCF, LG y DE donde estas razas presentan valores superiores. Esto nos da un indicativo del origen de la BCG y su similitud morfológica con la raza granadina, manteniendo características morfoestructurales del ganado caprino español de tipo lechero (Herrera et al., 1996). Respecto a cabras criollas de México este tipo de estudios se ha realizado mayormente con la cabra de la región mixteca. En el presente estudio la población de CCN obtuvo valores similares a los reportados para la cabra criolla del estado de Puebla, México, en las variables ACF, LCF, ACR, AP y DD, sin embargo se hace notar que la CCN presenta un mayor tamaño de PT, AG y LG mostrando que es un animal con mayor capacidad torácica y un mayor desarrollo de la grupa (Vargas, Larbi, & Sánchez, 2007).

7.6 Armonía morfológica.

Dado el número de correlaciones positivas significativas entre las medidas corporales (91.21%), la CCN mostró un alto grado de armonía en su modelo

morfológico. Dicho modelo se basa en que incrementos o disminuciones en una de las variables supondrá lo contrario en otras de manera proporcional a la primera, manteniendo así su estructura fundamental. La armonía morfológica nos indica si los criterios de selección que se están aplicando sobre las razas son los adecuados para el mantenimiento de su identidad (Sañudo, 2009).

7.7 Índices zoométricos.

Respecto a los índices zoométricos, el índice corporal (ICO) muestra la proporcionalidad de la raza y permite clasificar los animales, de acuerdo con la sistemática baroniana, en brevilíneos (≤ 85), mesolíneos (>86 y <88) o longilíneos (≥ 90). El valor obtenido en el presente estudio (85.11) indica que la CCN mantiene un perfil brevilíneo, es decir que predominan las medidas transversales sobre las de longitud. El ITO muestra las variaciones en la forma del torax, siendo mayor o circular en el ganado de carne (≥ 89) y menor o elíptico en el ganado lechero (≤ 85). El ITO obtenido para la CCN sugiere que se trata de un animal de tipo lechero (Sañudo, 2009). Valores similares fueron obtenidos para la cabra Blanca de Rasquera y Colorada Pampeana, que describe un animal corto y ancho pero con un tórax elíptico (Bedotti, Gómez Castro, Sánchez Rodríguez, & Martos Peinado, 2004).

Debido a que la somación de las variables cefálicas (ACF y LCF) incluidas para el ICE no están influenciadas por factores ambientales o de manejo este índice es de importancia para la caracterización racial de los animales. El ICE mide la proporcionalidad de la cabeza y la clasifica en braquicéfalo ($ICE > 100$), mesocefálico ($ICE = 100$) y dolicocefálico ($ICE < 100$), clasificando a la CCN como dolicocefala (74.29) similar a lo sucedido en otras razas caprinas (Morales-delaNuez et al., 2012).

El IPE indica la relación entre ancho y longitud de la pelvis, razón por lo cual se encuentra relacionado con la aptitud reproductiva, donde animales con una pelvis corta y angosta presentan complicaciones al momento del parto. El resultado muestra animales convexilíneos ($IPE < 100$) donde la longitud de grupa predomina sobre el ancho (Sañudo, 2009).

El IPRO tiene especial enfoque sobre la forma de los animales, ya que señala que a menor valor el animal se aproxima más a un rectángulo, forma predominante en los animales de aptitud cárnica. El IPRO obtenido para la CCN mostró una baja aptitud cárnica, ya que mostró una forma más cuadrada, característica de ganado lechero, similar a la cabra criolla de los valles centrales de Oaxaca (Fuentes-Mascorro, Martínez, Alejandre, Chirinos, & Ricardi, 2013).

El IMET establece una relación entre la masa del animal y los miembros que lo sostienen, también proporciona un grado de finura del esqueleto, clasificando a los animales como hipermétricos (> 11), eumétricos (> 10 y < 11), o Elipométricos (< 10), con mayor valor en razas cárnicas. El valor obtenido en este estudio (10.14) indica que la población tiene una tendencia eumétrica, similar a la cabra colorada pampeana de Argentina (Bedotti et al., 2004).

El índice de proporcionalidad relativa del tórax (IPRT) indica una relación entre la profundidad del pecho y la longitud de las patas, mostrando un valor superior a 50 en animales de patas cortas con tendencia al fenotipo cárnico. Basado en esto, la CCN parece tener una baja aptitud cárnica y estar mayormente orientada hacia la producción de leche.

Respecto al IPET e IPEL, estos son incluidos en los índices de interés productivo y estiman la aptitud cárnica de la raza. Un IPET que excede los 33 y un IPEL que no excede los 37 son indicadores de razas cárnicas. La población de CCN mostró valores bajos para el IPET (22.30) e IPEL (26.87) mostrando una tendencia media

que puede darle oportunidad para desarrollar también tejido muscular. Estos últimos tres índices son similares a los reportados para la cabra criolla de los valles centrales de Oaxaca, México (Fuentes-Mascorro et al., 2013).

7.8 Análisis de componentes principales

Respecto al PCA, tres componentes fueron significativos y explican el 67.5% de la varianza total. Un porcentaje similar (67.8%) de explicación de la varianza total fue obtenido también en cabras locales al sur del estado de México tomando en cuenta los primeros tres componentes y diez variables (Dorantes-Coronado, Torres-Hernández, Hernández-Mendo, & Rojo-Rubio, 2015). El mismo porcentaje (67.8%) fue obtenido para la raza brasileña Canindé, utilizando cuatro componentes y once variables morfométricas, de igual manera que para la CCN solo tres componentes fueron mayores a uno (Gomes et al., 2017). Cabras del norte de Morocco con 16 variables también se aproximan al porcentaje de varianza, ya que con tres componentes explican el 66.96% de la varianza (Moutchou, González, Chentouf, Lairini, & Rodero, 2017). En cabras de la India, fueron significativos 4 componentes al utilizar 11 variables morfométricas, sin embargo tres de estos componentes explicaron el 85.8% del total de la varianza (Khargharia et al., 2015). En otros trabajos con cabras locales, al utilizar solo cuatro variables morfométricas se encontró que los primeros dos componentes explicaban un gran porcentaje de la varianza total (94.15% en hembras y 97.65% en machos), sin embargo solo el primer componente es significativo (Okpeku et al., 2011). Aun cuando el número de variables no es tan reducido, los primeros componentes pueden explicar más del 90% del total de la varianza (Pares, 2015).

Las variables LCF y LR fueron las de mayor peso para los tres componentes, esto debido a que su varianza es mejor explicada por los componentes (87% y 84% respectivamente). El peso de las variables cefálicas ha sido descrito en otros

trabajos, donde parece ser que estas características son importantes para describir la raza y definir el perfil cefálico de los animales (Gomes et al., 2017).

En el primer componente DD y DE son las variables de mayor peso (80% para las dos), la importancia de esta región se ha descrito también en el primer componente para otros trabajos (Khargharia et al., 2015). Sin embargo, el peso de cada variable puede variar de una población a otra y es difícil comparar entre poblaciones, tal es el caso del PC, que para la raza Canindé es la variable que menor aportación tiene en el modelo (18.5%), comparado con la CCN (66%) y cabras locales de India (87%). Tal como lo reportan otros autores, la gran variación mostrada en las diferentes variables es resultado de la ausencia de selección o porque las partes del cuerpo se ven más afectadas por el entorno que por otros factores. Sin embargo la longitud de cabeza toma importancia en varios estudios debido a su estrecha relación con el hueso craneal que no se ve muy influenciada por otros factores (Mavule et al., 2013).

El análisis jerárquico de conglomerados demuestra las relaciones entre las variables morfométricas y las localidades incluidas en el estudio. Las variables AP, ACR, DL, LG y AG que ayudan a describir la altura y longitud de los animales tienen mayor efecto para agrupar en un solo clúster las localidades de Tlacote el Alto, Zapote viejo y Mompaní. La relación entre estas variables (AP, ACR y DL) ha sido observada también para cabras de la raza Canindé (Gomes et al., 2017). El cluster formado por las localidades de Norita, Amazcala y Venado es influenciado por los valores más altos en las variables LR, LCF, DB y DD, que se muestran en colores más claros en el heatmap (Figura 6). Un tercer grupo (Tlacote el bajo y el Zapote) comprende las medidas más bajas para la mayoría de las variables, principalmente en PT, PC y ACF. Otros trabajos muestran los efectos de las variables para la clasificación por localidades, sin embargo, se resalta que la relación genética no puede derivarse fácilmente de la similitud fenotípica, ya que los genotipos pueden estar mayormente a rasgos productivos (Hassen et al.,

2012). Por lo tanto sería útil incluir estos rasgos en estudios de caracterización, ya que se ha comprobado que los factores ambientales en diferentes sistemas de producción tienen efecto sobre la morfoestructura de los animales (Gonzalez-Martinez, Herrera, Luque, & Rodero, 2014).

8. CONCLUSIONES

El presente trabajo de investigación representa el primer informe genético y molecular realizado en este tipo de cabras y sin duda alguna se espera que sea una base para el desarrollo de la raza como tal.

Los resultados obtenidos mediante el análisis genético sugieren que la población de CCN presenta cierto grado de diversidad genética dado su nivel de polimorfismo representado por el número de alelos encontrado en la población. Por otro lado, las distancias genéticas de la CCN con respecto a las otras razas incluidas en el estudio indican que esta población se encuentra claramente diferenciada de las anteriores, motivo por el cual la población CCN debe ser considerada como una raza de cabras mexicana. Respecto a la reducida distancia obtenida entre la raza Murciano-granadina y la CCN se confirma que ambas poblaciones mantienen un ancestro en común, muy seguramente la raza Granadina. Por lo anterior se puede deducir que la CCN presenta una estructura racial suficientemente definida y diferenciada de las razas que pudieron darle origen, siendo esta la primera raza de cabras mexicanas dentro del mosaico del centro del país descrita desde el punto de vista genético.

Aun cuando el análisis genético aporta una gran cantidad de información respecto a la caracterización de poblaciones, es necesario complementar con información morfológica que representa el primer filtro en la selección de animales a nivel de campo. Aun cuando el tipo de manejo, la etapa productiva, la disponibilidad de forrajes y los factores ambientales influyen sobre el desarrollo morfoestructural, la

caracterización de la cabra criolla negra, en este caso muestra que los animales evaluados presentan cierto grado de homogeneidad y mantienen un modelo altamente armónico, indicando que para estos animales se ha establecido una identidad morfoestructural. La población mostró baja aptitud cárnica y mayor aptitud lechera, confirmando el fin zootécnico de la raza.

Finalmente, la cabra criolla negra de las diferentes localidades, mantiene perfiles morfoestructurales similares que la catalogan como una sola población, capaz de distinguirse de otras razas.

En resumen, la cabra Criolla Negra mantiene características genéticas y morfológicas que hacen referencia a una población específica, es decir que se comporta como un grupo racial. Sin embargo, es necesario implementar un programa de recuperación de la raza en conjunto con todos los involucrados (sector ganadero, gubernamental y académico) para que los esfuerzos realizados rindan frutos y se alcance el reconocimiento de estas poblaciones que tanto aportan a la caprinocultura mexicana.

9. BIBLIOGRAFÍA.

- Al-Atiyat, R. M., Alobre, M. M., Aljumaah, R. S., & Alshaikh, M. A. (2015). Microsatellite based genetic diversity and population structure of three Saudi goat breeds. *Small Ruminant Research*, 130, 90–94.
- Andersson, L., & Georges, M. (2004). Domestic-animal genomics: deciphering the genetics of complex traits. *Nature Reviews Genetics*, 5(3), 202–212.
- Arif, I. A., Khan, H. A., Bahkali, A. H., Al Homaidan, A. A., Al Farhan, A. H., Al Sadoon, M., & Shobrak, M. (2011). DNA marker technology for wildlife conservation. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 18, 219–225.
- Arredondo-Ruiz, V., Macedo-Barragán, R., Molina-Cárdenas, J., Magaña-Álvarez, J., Prado-Rebolledo, O., García-Márquez, L. J., ... Lee-Rangel, H. (2013). Morphological characterization of Pelibuey sheep in Colima, México. *Tropical Animal Health and Production*, 45, 895–900.
- Bagshaw, A. T. M. (2017). Functional mechanisms of microsatellite DNA in eukaryotic genomes. *Genome Biology and Evolution*, 9(9), 2428–2443.
- Barker, J. S. F. (1994). A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. *5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, (21), 501–508. Canadá.
- Barker, J. S. F. (1999). Conservation of livestock breed diversity. *Animal Genetic Resources Information*, (25), 33–43.
- Baumung, R., Cubric-Curik, V., Schwend, K., Achmann, R., & Sölkner, J. (2006). Genetic characterisation and breed assignment in Austrian sheep breeds using microsatellite marker information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, (123), 265–271.
- Baumung, R., Simianer, H., & Hoffmann, I. (2004). Genetic diversity studies in farm animals - A survey. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 121(6), 361–373.
- Bedotti, D., Gómez Castro, A. G., Sánchez Rodríguez, M., & Martos Peinado, J. (2004). Caracterización morfológica y faneróptica de la cabra colorada

- pampeana. *Arch. Zootec.*, (53), 261–271.
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., & Bonhomme, F. (2004). GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Retrieved May 18, 2018, from Université de Montpellier II, Montpellier (France) website: <https://kimura.univ-montp2.fr/genetix/>
- BioGoat Consortium. (n.d.). Proyecto de Biodiversidad Caprina Iberoamericana. Retrieved April 29, 2018, from <https://biogoat.jimdo.com/>
- Bosman, L., van Marle-Köster, E., & Visser, C. (2015). Genetic diversity of South African dairy goats for genetic management and improvement. *Small Ruminant Research*, 123(2–3), 224–231.
- Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., & Davis, R. W. (1980). Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32, 314–331.
- Boyazoglu, J., Hatziminaoglou, I., & Morand-Fehr, P. (2005). The role of the goat in society: Past, present and perspectives for the future. *Small Ruminant Research*, 60(1-2 SPEC. ISS.), 13–23.
- Campbell, K., & Donlan, C. J. (2005). Feral goat eradications on islands. *Conservation Biology*, 19(5), 1362–1374.
- Cañón, J., García, D., García-Atance, M. A., Obexer-Ruff, G., Lenstra, J. A., Ajmone-Marsan, P., ... The ECONOGENE Consortium. (2006). Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. *Animal Genetics*, 37, 327–334.
- Cao, J., Li, X., Du, X., & Zhao, S. (2017). Microsatellite based genetic diversity and population structure of nine indigenous Chinese domestic goats. *Small Ruminant Research*, 148, 80–86.
- Carné, S., Roig, N., & Jordana, J. (2007). LA CABRA BLANCA DE RASQUERA: CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y FANERÓPTICA. *Archivos de Zootecnia*, 56(215), 319–330.
- Chacón, E., Martínez, A., La O, M., Velázquez, F. J., Pérez, E., & Vicente-Delgado, J. (2010). Caracterización genética de la cabra Criolla Cubana

- mediante marcadores microsatélites. *Revista Cubana de Ciencia Agrícola*, 44(3), 221–226.
- Collard, B. C. Y., Jahufer, M. Z. Z., Brouwer, J. B., & Pang, E. C. K. (2005). An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica*, (142), 169–196.
- Copley, M. S., Berstan, R., Dudd, S. N., Straker, V., Payne, S., & Evershed, R. P. (2005). Dairying in antiquity. I. Evidence from absorbed lipid residues dating to the British Iron Age. *Journal of Archaeological Science*, 32(4), 485–503.
- Copley, M. S., Berstan, R., Mukherjee, A. J., Dudd, S. N., Straker, V., Payne, S., & Evershed, R. P. (2005). Dairying in antiquity. III. Evidence from absorbed lipid residues dating to the British Neolithic. *Journal of Archaeological Science*, 32(4), 523–546.
- Copley, M. S., Berstan, R., Straker, V., Payne, S., & Evershed, R. P. (2005). Dairying in antiquity. II. Evidence from absorbed lipid residues dating to the British Bronze Age. *Journal of Archaeological Science*, 32(4), 505–521.
- Deza, C., Diaz, M.P., Varela, L., Pen, C., Bonardi, C., Romero, C., Benito, M., Barioglio, C. (2007). Caracterización del caprino criollo del noroeste de la provincia de Córdoba (Argentina) y su relación con la aptitud productiva. *APPA-ALPA, Cusco, Perú*, 1–7.
- Di, R., Farhad Vahidi, S. M., Ma, Y. H., He, X. H., Zhao, Q. J., Han, J. L., ... Pu, Y. P. (2011). Microsatellite analysis revealed genetic diversity and population structure among Chinese cashmere goats. *Animal Genetics*, 42(4), 428–431.
- Dixit, S. P., Verma, N. K., Aggarwal, R. A. K., Vyas, M. K., Rana, J., & Sharma, A. (2012). Genetic diversity and relationship among Indian goat breeds based on microsatellite markers. *Small Ruminant Research*, 105(1–3), 38–45.
- Domínguez, M. Á., Pérez de la Rosa, J. D., Landi, V., Pérez de la Rosa, J., Vazquez, N., Martínez Martínez, A., & Fuentes-Mascorro, G. (2018). Genetic diversity and population structure analysis of the Mexican Pastoreña Goat. *Small Ruminant Research*, 168, 76–81.

- Dorantes-Coronado, E. J., Torres-Hernández, G., Hernández-Mendo, O., & Rojo-Rubio, R. (2015). Zoometric measures and their utilization in prediction of live weight of local goats in southern México. *SpringerPlus*, (4), 695.
- Du, X., Cao, J., Han, X., Hao, H., Yu, M., Zhang, G., & Zhao, S. (2017). Genetic diversity and population structure among eight Chinese indigenous goat breeds in the Yellow River valley. *Small Ruminant Research*, 148, 87–92.
- Dudhe, S. D., Yadav, S. B. S., Nagda, R. K., Pannu, U., & Gahlot, G. C. (2015). Genetic and non-genetic factors affecting morphometry of Sirohi goats. *Veterinary World*, 8(11), 1356–1363.
- Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14(8), 2611–2620.
- FAO. (2000). *WORLD WATCH LIST for domestic animal diversity* (3rd Editio; Beate D. Scherf, Ed.). Rome, Italy.
- FAO. (2001). Working definitions for use in developing. In S. Galal & J. Boyazoglu (Eds.), *Animal genetic resources information* (pp. 35–40). Rome, Italy: Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- FAO. (2010). LA SITUACIÓN DE LOS RECURSOS ZOOGENÉTICOS MUNDIALES PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA. In *La Situación De Los Recursos Zoogenéticos Mundiales Para La Alimentación Y La Agricultura*.
- FAO. (2011). Molecular genetic characterization of animal genetic resources. In *FAO Animal Production and Health Guidelines*. Rome.
- FAO. (2012a). Phenotypic characterization of animal genetic resources. In *FAO Animal Production and Health Guidelines*.
- FAO. (2012b). *Realización de encuestas y seguimiento de los recursos zoogenéticos*. Roma: 7.
- FAO. (2015). The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. In B.D. Scherf & D. Pilling (Eds.), *Organization*. Rome, Italy: FAO Commission on Genetic Resources for Food

and Agriculture Assessments.

- Fuentes-Mascorro, G., Martínez, M. S., Alejandre, M. E., Chirinos, Z., & Ricardi, L. C. (2013). ZOMETRÍA Y DISTRIBUCIÓN DE PARTOS DE LA CABRA CRIOLLA DE LOS VALLES CENTRALES DE OAXACA. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal*, 3, 150–154.
- Ginja, C., Gama, L. T., Mart, A., Sevane, N., & Lanari, M. R. (2017). Genetic diversity and patterns of population structure in Creole goats from the Americas. *Animal Genetics*, (November 2016), 1–15.
- Gomes, J. K., Arandas, G., Vieira, N. M., de Barros, R., Pimenta, E. C., de Albuquerque, L. H., & Ribeiro, M. (2017). Multivariate analysis as a tool for phenotypic characterization of an endangered breed. *Journal of Applied Animal Research*, 45(1), 152–158.
- Gonzalez-Martinez, A., Herrera, M., Luque, M., & Rodero, E. (2014). Influence of farming system and production purpose on the morphostructure of Spanish goat breeds. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 12(1), 117–124.
- Gordón-Mendoza, R., & Camargo-Buitrago, I. (2015). Selección de estadísticos para la estimación de la precisión experimental en ensayos de maíz. *Agron. Mesoam*, 26(1), 55–63.
- Greenbaum, G., Templeton, A. R., Zarmi, Y., & Bar-David, S. (2014). Allelic richness following population founding events - A stochastic modeling framework incorporating gene flow and genetic drift. *PLoS ONE*, 9(12), 1–23.
- Hale, M. L., Burg, T. M., & Steeves, T. E. (2012). Sampling for Microsatellite-Based Population Genetic Studies : 25 to 30 Individuals per Population Is Enough to Accurately Estimate Allele Frequencies. *PLOS ONE*, 7(9), 1–10.
- Hall, S. J. G., & Bradley, D. G. (1995). Conserving livestock breed biodiversity. *Trends in Ecology & Evolution*, 10(7), 267–270.
- Hassen, H., Baum, M., Rischkowsky, B., & Tibbo, M. (2012). Phenotypic characterization of Ethiopian indigenous goat populations. *African Journal of Biotechnology*, 11(73), 13838–13846.
- Hernández-Díaz, Y., & Jiménez García, M. (2011). Los marcadores moleculares:

- herramientas innovadoras en biología molecular. *Kuxulkab*, 17(32), 37–41.
- Hernández, J. S., Franco, F. J., Herrera, M., Rodero, E., Sierra, A. C., Bañuelos, A., & Delgado, J. V. (2002). Estudio de los recursos genéticos de México: Características morfológicas y morfoestructurales de los caprinos nativos de Puebla. *Archivos de Zootecnia*, 51, 53–64.
- Herrera, M., Rodero, E., Gutierrez, M. J., Peña, F., & Rodero, J. M. (1996). Application of multifactorial discriminant analysis in the morphostructural differentiation of Andalusian caprine breeds. *Small Ruminant Research*, 22(1), 39–47.
- Hoffmann, I. (2010). Climate change and the characterization, breeding and conservation of animal genetic resources. *Animal Genetics*, 41, 32–46.
- Huson, D. H., & Bryant, D. (2006). Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Molecular Biology and Evolution*, 23(2), 254–267.
- Kaiser, H. F. (1960). The application of electronic computers to factor analysis. *Educational and Psychological Measurement*, XX(1), 141–151.
- Khargharia, G., Kadirvel, G., Kumar, S., Doley, S., Bharti, P. K., & Das, M. (2015). Principal component analysis of morphological traits of Assam hill goat in eastern Himalayan India. *Journal of Animal & Plant Sciences*, 25(5), 1251–1258.
- Kimura, M., & Crow, J. F. (1964). The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, 49, 725–738.
- Larson, G., & Burger, J. (2013). A population genetics view of animal domestication. *Trends in Genetics*, 29(4), 197–205.
- Leaché, A. D., & Oaks, J. R. (2017). The utility of single nucleotide polymorphism (SNP) data in phylogenetics. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 48, 69–84.
- Leroy, G., Baumung, R., Boettcher, P., Besbes, B., From, T., & Hoffmann, I. (2018). Animal genetic resources diversity and ecosystem services. *Global Food Security*, 17, 84–91.
- Li, J. Y., Chen, H., Lan, X. Y., Kong, X. J., & Min, L. J. (2008). Genetic diversity of

- five Chinese goat breeds assessed by microsatellite markers. *Czech Journal of Animal Science*, 53(8), 315–319.
- Luikart, G., Gielly, L., Excoffier, L., Vigne, J., Bouvet, J., & Taberlet, P. (2001). Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 98(10), 5927–5932.
- Luque, M., & Cardellino, R. (2007). Conservación activa de los recursos Zoogenéticos. *Federación Española Asociaciones de Ganado Selecto.*, 15–20.
- Marsoner, T., Egarter Vigl, L., Manck, F., Jaritz, G., Tappeiner, U., & Tasser, E. (2018). Indigenous livestock breeds as indicators for cultural ecosystem services: A spatial analysis within the Alpine Space. *Ecological Indicators*, 94, 55–63.
- Martin-Collado, D., Diaz, C., Drucker, A. G., Carabaño, M. J., & Zander, K. K. (2014). Determination of non-market values to inform conservation strategies for the threatened Alistana–Sanabresa cattle breed. *Animal*, 8(8), 1373–1381.
- Martínez, A. M., Carrera, M. P., Acosta, J. M., Rodríguez-Gallardo, P. P., Cabello, A., Camacho, E., & Delgado, J. V. (2004). Genetic characterisation of the Blanca Andaluza goat based on microsatellite markers. *South African Journal of Animal Sciences*, 34(5SUPPL.1), 17–19.
- Martínez, Amparo M., Acosta, J., Vega-Pla, J. L., & Delgado, J. V. (2006). Analysis of the genetic structure of the canary goat populations using microsatellites. *Livestock Science*, 102(1–2), 140–145.
- Martínez, Amparo M., Gama, L. T., Delgado, J. V., Cañón, J., Amills, M., Bruno de Sousa, C., ... BioGoat Consortium. (2015). The Southwestern fringe of Europe as an important reservoir of caprine biodiversity. *Genetics Selection Evolution*, 47(1), 86.
- Mavule, B. S., Muchenje, V., Bezuidenhout, C. C., & Kunene, N. W. (2013). Morphological structure of Zulu sheep based on principal component analysis of body measurements. *Small Ruminant Research*, 111(1–3), 23–30.
- McMichael, A. J. (2001). Impact of climatic and other environmental changes on

- food production and population health in the coming decades. *The Proceedings of the Nutrition Society*, 60(2), 195–201.
- Mellado, M. (1997). La cabra criolla en america latina. *Veterinaria México*, 28(4), 333–343.
- Mendelsohn, R. (2003). The challenge of conserving indigenous domesticated animals. *Ecological Economics*, 45, 501–510.
- Miah, G., Rafii, M. Y., Ismail, M. R., Puteh, A. B., Rahim, H. A., Islam, N. K., & Latif, M. A. (2013). A review of microsatellite markers and their applications in rice breeding programs to improve blast disease resistance. *International Journal of Molecular Sciences*, 14, 22499–22528.
- Mohammadi, K., Beygi Nassiri, M. T., Fayazi, J., & Roshanfekar, H. (2010). Investigation of environmental Factors Influence on Pre-Weaning Grow Traits in Zandi Lambs. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 9(6), 1011–1014.
- Montaldo, H. H., & Meza-Herrera, C. A. (1999). Genetic goat resources in Mexico : Bio- economical efficiency of local and specialised genotypes. *Wool Technology and Sheep Breeding*, 47(2), 184–198.
- Montaldo, H. H., Torres-Hernández, G., & Valencia-Posadas, M. (2010). Goat breeding research in Mexico. *Small Ruminant Research*, 89(2–3), 155–163.
- Montaldo, H., Jutierrez, A., Berruecos, J. M., & Sinchez, F. (1995). *Performance of local goats and their backcrosses with several breeds in Mexico*. 16, 97–105.
- Montaldo, H., Tapia, G., & Juárez, A. (1981). Algunos factores geneticos y ambientales que influyen sobre la producción de leche y el intervalo entre partos en cabras. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 32–44.
- Morales-de la Nuez, A., Rodríguez, C., Santana, M., Hernandez-Castellano, L. E., Niño, T., Reyes-Chacón, R. J., ... Capote, J. (2012). Morphological measurements and indexes as a tool to support molecular genetic studies : An example in Canary Islands. *Journal of Applied Animal Research*, 40(3), 215–221.
- Moutchou, N., González, A. M., Chentouf, M., Lairini, K., & Rodero, E. (2017).

- Morphological differentiation of Northern Morocco goat. *Journal of Livestock Science and Technologies*, 5(1), 33–41.
- Naderi, S., Rezaeli, H.-R., Taberlet, P., Zundel, S., Rafat, S., Naghash, H., ... Econogene Consortium. (2007). Large-Scale Mitochondrial DNA Analysis of the Domestic Goat Reveals Six Haplogroups with High Diversity. *PLoS ONE*, 2(10).
- Nei, M. (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Nat. Acad. Sci*, 70(12), 3321–3323.
- Nomura, K., Yonezawa, T., Mano, S., Kawakami, S., Shedlock, A. M., Hasegawa, M., & Amano, T. (2013). Domestication Process of the Goat Revealed by an Analysis of the Nearly Complete Mitochondrial Protein-Encoding Genes. *PLoS ONE*, 8(8), 1–15.
- Núñez-Dominguez, R., Ramiírez-Valerde, R., Saavedra-Jiménez, L. ., & García-Muñíz, J. G. (2016). La adaptabilidad de los recursos zoogenéticos Criollos, base para enfrentar los desafíos de la producción animal. *Archivos de Zootecnia*, 65(251), 461–468.
- Ogah, D. M. (2011). *Assessing Size and Conformation of the Body of Nigerian Indigenous Turkey*. 2011(1), 21–27.
- Okpeku, M., Yakubu, A., Peters, S., Ozoje, M., Ikeobi, C., Adebambo, O., & Imumorin, I. (2011). Application of multivariate principal component analysis to morphological characterization of indigenous goats in Southern Nigeria. *Acta Agriculturae Slovenica*, 98(2), 101–109.
- Oliveira, J. D. De, Luiza, M., Paiva, S. De, Mírian, T., Machado, M., Miretti, M. M., & Ferro, J. A. (2007). *Structure and genetic relationships between Brazilian naturalized and exotic purebred goat domestic goat (Capra hircus) breeds based on microsatellites*. 363, 356–363.
- Orren, L. (1915). WHAT IS A BREED? *Journal of Heredity*, 6(12), 531–537.
- Parejo, J. C., Padilla, J. A., Calero, R., Martínez-Trancón, M., Sansinforiano, E., Rabasco, A., ... Bravo, J. A. (2015). Population genetic structure and conservation management of Retinta Extremeña goats. *Small Ruminant*

Research, 124, 9–16.

- Parés, P. M. (2009). Zoometría. In: Sañudo, C. Valoración Morfológica de los Animales Domésticos, Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino, España, 171–198.
- Pares, P. M. (2015). Body Weight is an Important Trait for Comparisons of Goat Breeds. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 5(2), 463–466.
- Park, S. D. E. (2001). *Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection*. University of Dublin.
- Pérez-Tejada, H. E. (2008). *Estadística para las ciencias sociales, del comportamiento y de la salud*. (3a.; Cengage Learning, Ed.). México.
- Pfennig, D. W., & Pfennig, K. S. (2012). Development and evolution of character displacement. *Ann N Y Acad Sci*, 1256(1), 89–107.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945–959.
- Raymond, M., & Rousset, F. (1995). GENEPOP (Version 1.2): Population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity*, 86(3), 248–249.
- R Core Team. (2017). R: A Language and Environment for Statistical Computing (<https://www.R-project.org/>), 2017.
- Rege, J. E. O., & Gibson, J. P. (2003). Animal genetic resources and economic development: issues in relation to economic valuation. *Ecological Economics*, 45, 319–330.
- Rentaría Alcántara, M. (2007). Breve revisión de los marcadores moleculares. In L. E. Eguiarte, V. Souza, & X. Aguirre (Eds.), *Ecología molecular* (pp. 541–566). México D.F.: Instituto Nacional de Ecología, Semarnat.
- Reynolds, J., Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1983). Estimation of the coancestry coefficient: Basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105, 767–779.
- Rocha, P. J. (2003). Marcadores moleculares, una herramienta útil para la selección genética de palma de aceite. *Palmas*, 24(2), 11–25.
- Rodero, E., & Herrera, M. (2000). El concepto de raza. Un enfoque

- epistemológico. *Archivos de Zootecnia*, 49(186), 5–16.
- Rodero Franganillo, A. (2005). La conservación de razas autóctonas y el desarrollo rural. *Recursos Rurais*, 1, 61–70.
- Rosenberg, N. A. (2004). DISTRUCT: A program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes*, 4(1), 137–138.
- Ruane, J. (1999). A critical review of the value of genetic distance studies in conservation of animal genetic resources. *Animal Breeding and Genetics*, 116, 317–323.
- Ruane, J. (2000). A Framework for Prioritizing Domestic Animal Breeds for Conservation Purposes at the National Level: a Norwegian Case Study. *Conservation Biology*, 14(5), 1385–1393.
- SAGARPA. (2002). *Informe sobre la situación de los recursos genéticos pecuarios de México*. Retrieved from www.sagarpa.gob.mx/publicaciones
- Sanger, F., Nicklen, S., & Coulson, R. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 74(12), 5463–5467.
- Sañudo, C. A. (2009). Valoración morfológica de los animales domésticos. *Ministerio De Medio Ambiente Y Medio Rural Y Marino*, 862.
- Schemske, D. W. (2010). Adaptation and The Origin of Species. *American Naturalist*, 176(December 2010), S4–S25.
- Segura-Correa, J. C., & Montes-Pérez, R. C. (2001). Razones y estrategias para la conservación de los recursos genéticos animales. *Rev Biomed*, 12(3), 196–206.
- Seid, A., Kebede, K., & Effa, K. (2016). Morphological characterization of indigenous goats in Western Ethiopia: implication for community-based breeding programmes. *Animal Genetic Resources/Ressources Génétiques Animaux/Recursos Genéticos Animales*, 58, 53–62.
- Seré, C., van der Zijpp, A., Persley, G., & Rege, E. (2008). Dynamics of livestock production systems, drivers of change and prospects for animal genetic resources. *Animal Genetic Resources Information*, 42, 3–27.

- Sierra Alfranca, I. (2001). El Concepto de raza: evolución y realidad. *Archivos de Zootecnia*, 50(192), 547–564.
- Sierra, I. (2009). Importancia de la morfología y su valoración en los animales domésticos. In Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino Secretaría (Ed.), *Valoración morfológica de los animales domésticos* (pp. 23–46).
- Sierra Vázquez, A. C. (1998). La conservación de los recursos genéticos animales en México. *Archivos de Zootecnia*, 47(178), 149–152.
- Sobel, J. M., Chen, G. F., Watt, L. R., & Schemske, D. W. (2010). The biology of speciation. *Evolution*, 64(2), 295–315.
- Stoeckel, S., & Masson, J. P. (2014). The exact distributions of Fis under partial asexuality in small finite populations with mutation. *PLoS ONE*, 9(1), 1–15.
- Tabassum, J., & Suman, L. (2006). Single nucleotide polymorphism (SNP) - methods and applications in plant genetics: A review. *Indian Journal of Biotechnology*, 5, 435–459.
- Taberlet, P., Valentini, A., Rezaei, H. R., Naderi, S., Pompanon, F., Negrini, R., & Ajmone-Marsan, P. (2008). Are cattle, sheep, and goats endangered species? *Molecular Ecology*, 17(1), 275–284.
- Taberlet, Pierre, Coissac, E., Pansu, J., & Pompanon, F. (2011). Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. *Comptes Rendus - Biologies*, 334(3), 247–254.
- Traoré, A., Tamboura, H. H., Kaboré, A., Royo, L. J., Fernández, I., Álvarez, I., ... Goyache, F. (2008). Multivariate characterization of morphological traits in Burkina Faso sheep. *Small Ruminant Research*, 80(1–3), 62–67.
- Tsegaye, D., Belay, B., & Haile, A. (2013). Morphological Characterization of Indigenous Hararghe Highland Goat Breed in Their Native Environment , West Hararghe , Ethiopia International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA),. *American Eurasian Journal of Scientific Research*, 8(2), 72–79.
- Vahidi, S. M. F., Tarang, A. R., Naqvi, A.-N., Falahati Anbaran, M., Boettcher, P.,

- Joost, S., ... Ajmone-Marsan, P. (2014). Investigation of the genetic diversity of domestic *Capra hircus* breeds reared within an early goat domestication area in Iran. *Genetics, Selection, Evolution : GSE*, 46(1), 27.
- Vargas, S., Larbi, A., & Sánchez, M. (2007). Analysis of size and conformation of native Creole goat breeds and crossbreds used in smallholder agrosilvopastoral systems in Puebla , Mexico. *Trop Anim Health Prod*, (39), 279–286.
- Vignal, A., Milan, D., SanCristobal, M., & Eggen, A. (2002). A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics Selection Evolution*, 34, 275–305.
- Walsh, P. S., Metzger, D. A., & Higuchi, R. (n.d.). Chelex 100 as a Medium for Simple Extraction of DNA for PCR-Based Typing from Forensic Material. *BioTechniques*, 10 54, 506-513 134-139.
- Wang, G.-D., Xie, H.-B., Peng, M.-S., Irwin, D., & Zhang, Y.-P. (2014). Domestication Genomics: Evidence from Animals. *Annual Review of Animal Biosciences*, 2(1), 65–84.
- Zaitoun, I. S., Tabbaa, M. J., & Bdour, S. (2005). Differentiation of native goat breeds of Jordan on the basis of morphostructural characteristics. *Small Ruminant Research*, 56(1–3), 173–182.
- Zeder, M. A., & Hesse, B. (2000). The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros Mountains 10,000 years ago. *Science*, 287(5461), 2254–2257.

10. ANEXOS.

10.1 Artículos obtenidos



REVISTA MEXICANA DE CIENCIAS PECUARIAS



Ciudad de México a 22 de octubre de 2018.

Juan Carlos Silva Jarquin, Héctor Mario Andrade Montemayor, Héctor Raymundo Vera Ávila, Marina Durán Aguilar, Sergio Iván Román Ponce, Vincenzo Landi, Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo

ID: 4908

Estimados autores:

Tengo el agrado de comunicar a ustedes que su trabajo titulado: “Diversidad y estructura genética de una población de cabras criollas negras de tres municipios del estado de Querétaro, México” con ID: 4908 ha sido aceptado como artículo científico por nuestro cuerpo arbitral.


Le sugerimos que estén atentos a nuestros futuros comunicados para informarles sobre los avances del proceso editorial de su trabajo.

ATENTAMENTE

MVZ. Arturo García Fraustro
Editor en Jefe.

INIFAP, CENID-Microbiología Animal
Km. 15.5 Carretera México-Toluca
Colonia Palo Alto, Ciudad de México, C.P. 05110
garcia.arturo@inifap.gob.mx

Morphostructural Characterization of the Black Creole Goat Raised in Central Mexico, a Currently Threatened Zoogenetic Resource

Juan Carlos Silva-Jarquín ¹, Sergio Iván Román-Ponce ², Marina Durán-Aguilar ³, Héctor Raymundo Vera-Ávila ³, Víctor Hugo Cambrón-Sandoval ⁴ and Héctor Mario Andrade-Montemayor ^{3,*}

¹ Doctorado en Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma de Querétaro.

Avenida de las Ciencias S/N Juriquilla, Delegación Santa Rosa Jáuregui, Querétaro, C.P. 76230, México

² Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Fisiología y Mejoramiento Animal. INIFAP – SADER. Km.

1 Carretera a Colón, Ajuchitlán, Querétaro, C.P. 76280, México

³ Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma de Querétaro. Avenida de las Ciencias S/N Juriquilla, Delegación Santa Rosa Jáuregui, Querétaro,

C.P. 76230, México

⁴ Licenciatura en Horticultura Ambiental, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma de Querétaro. Avenida de las Ciencias S/N Juriquilla, Delegación Santa Rosa Jáuregui, Querétaro,

C.P. 76230, México

* Correspondence: andrademontemayor@gmail.com; Tel.: +52-44-2446-8347



Received: 24 June 2019; Accepted: 15 July 2019; Published: 19 July 2019

Simple Summary: The need to characterize and document local animal populations has gradually gained global importance. This is because these populations represent a genetic pool, and before developing strategies for their conservation, they need to be evaluated. The Black Creole goat, which is distributed mainly in the central region of Mexico, represents one of the first Creole populations, derived from goat cattle introduced 500 years ago by Spanish colonizers. However, morphological and racial standards have not been established for this population, even though the quality of their milk and the social importance they represent in semi-desert areas are known. In the present study, the morphostructure of the Black Creole goat was evaluated using morphometric variables that describe the body conformation of the animals. The results showed a homogeneous population and confirmed the zootechnical purpose of the animals. These results represent the first morphological study carried out on the Black Creole goat and could be the basis for establishing its racial standard.

Abstract: In order to evaluate the morphostructural variability of the Black Creole goat (BCG), the present study was carried out in a population of 226 animals from eight localities and 14 morphometric variables were taken. Descriptive statistics for the variables were obtained and 10 of these presented variation coefficients of less than 10%. The degree of harmony in the morphology of the population was determined by the number of positive correlations with significant differences ($p < 0.05$), including a correlation test using Spearman's method. In order to reduce the matrix of variables, a principal components analysis was performed, and it was evaluated based on Kaiser's criteria (eigenvalue > 1). Finally, a hierarchical analysis of conglomerates using Ward's method was performed using the Euclidean distance to evaluate the distances among localities. Morphometric variables were also included to visualize the relationship among the localities and their average per variable. The results showed that the animals evaluated presented a certain degree of homogeneity and maintained a highly harmonic model. The BCG population showed a high aptitude for milk production, which confirmed the zootechnical purpose of the breed. The BCG populations evaluated maintain similar morphostructural profiles specific to them that can distinguish this population from other animal breeds.

Keywords: Creole goat; morphology; zoometry; characterization

1. Introduction

Currently, the different species of livestock raised have different production purposes to contribute to the family economy. For this reason, many of the most vulnerable people often maintain a diversity of species in their production systems [1]. With regard to the aforementioned benefits, the goat is no exception. Since its domestication, it has provided man with meat, milk, and skin, coupled with its value for its adaptability and resilience [2]. With great easiness, goats adapt to extreme temperatures, undernourishment, high altitudes, long walking distances, and long periods of drought [3,4].

Mexico has more than 8.7 million goats [5], most of which are kept in semi-extensive systems with minimal resources and represent a multifunctional asset that has a great impact on the livelihood of people living in marginalized communities [6,7].

In addition, the importance that these goats have in local populations lies in their role as reservoirs for genetic diversity given the future challenges that humanity could face, for example, climate change, increasing world population, and increasing demand for food, among others [8]. A representative sample of these local populations as evidence of zoogenetic resources in Mexico is the Black Creole goat (BCG) that has endured for more than 500 years in the traditional production systems of the central region [9]. Currently, the importance of the BCG is based on the quality of its milk, which compared to other breeds (Alpine and Nubian), has higher solids contents and, therefore, a higher cheese yield, which translates into greater economic gains for the producer. In addition to this benefit, it is also important to emphasize the great capacity of adaptation and resistance that the BCG has developed in environments with scarce forage, such as the semi-desert of central Mexico [10]. However, in the same way as other Creole populations in the rest of the world, their existence is threatened by the importation of animals of specialized breeds.

A decade ago, it was reported that traditional production systems require multipurpose animals that, while appearing less productive, may contain valuable functional traits [11]. As a result, interest has emerged in characterizing and documenting the particularities of local animals, with the aim of establishing proper management practices and the conservation of diversity [7]. A typical tool in the description of local populations is zoometry, a tool that allows knowing the productive capacities of domestic ruminants or their inclination towards a certain productive aptitude, through the interpretation of functional indices for each individual [12,13]. Similarly, the analysis of the principal components of zoometric measurements provides useful information for racial diagnosis, the determination of somatic states, or to determine the sexual dimorphism of a race, among others [14].

The objective of this study is the morphostructural characterization of the BCG, providing an objective description of the body shape and structure of this population.

2. Materials and Methods

This project was approved by the Bioethics Committee of the Natural Sciences Department of the Autonomous University of Queretaro under registry number 22FCN2016. The measurements were made considering animal welfare and health, according to the Mexican Official Norm NOM-051-ZOO-1995 and Mexican Federal Law DOF 25-07-2007.

2.1. Sampling

The study was carried out with 226 animals (216 females and 10 males) that, per dentition, were proved to be older than one year of age. The animals were distributed across eight localities in central Mexico: Norita ($n = 20$) and Zapote viejo ($n = 38$), belonging to the state of Guanajuato; Venado ($n = 11$), Amazcala ($n = 15$), Tlacote el alto ($n = 22$), Tlacote el bajo ($n = 38$), Zapote ($n = 59$) and Mompaní ($n = 23$), belonging to the state of Querétaro (Figure 1).

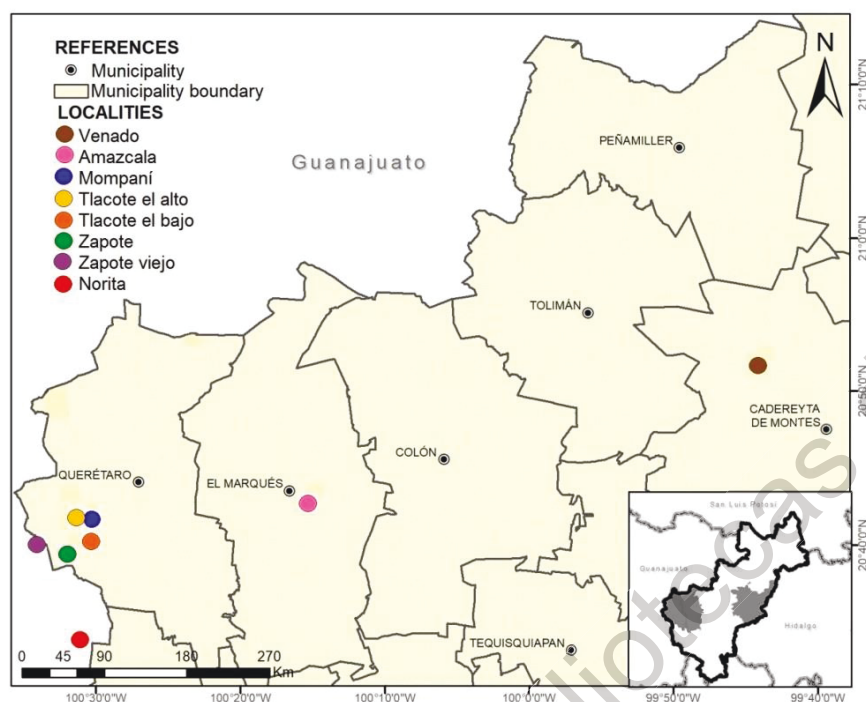


Figure 1. Localities where the herds included in the study were located.

The sample size (n) was determined using the following equation:

$$n = \left(\frac{z}{m}\right)^2 p(1-p) \quad (1)$$

where: z is the value of z obtained from the cumulative probability values table for the standard normal distribution (1.64 for a 90% confidence level); m is the margin of error ($0.05 = \pm 5\%$), and p is the estimated value of the proportion of the sample that will respond to the survey in the same sense, for this case, it was considered 0.3 [15]. The choice of herds included in the study was made by the non-probabilistic snowball method, where each herd owner was asked for a reference to others that met the target population, having these references suggest the following members of the sample, and so on until completing the total sample [16].

2.2. Morphometric Variables

The variables analyzed were: head width (HW), which indicates the distance between the most lateral points of the zygomatic arches; head length (HL), the distance from the occipital protuberance to the upper lip; face length (FL), which indicates the measurement of the midpoint of the zygomatic arches to the upper lip; wither height (WH), which is the distance from the ground to the highest point of the cross region; chest girth (CG), which measures the contour of the thorax, passing through the substernal hollow and the process of the 7th–8th dorsal vertebrae; body length (BL), from the region of the stop to the tip of the buttock; bicostal width (BW), which indicates the distance from one side to the other at the elbows; chest depth (CD), from the lowest point of the wither region to the sternum; shoulder width (SW), the measurement of the thickness of the chest at the front of the animal; rump length (RL), from the tip of the haunch to the tip of the buttock; rump width (RW), indicating the distance among the two external iliac tuberosities; haunch width (HW), measures the distance between the hip joints; rump height (RH), from the ground to the highest point of the rump; cannon bone perimeter (CBP), measures the circumference of the middle third of the metacarpal bone [14,17] (Figure 2). Measurements were taken using a caliper (Haglöf Mantax Blue®) as a zoometric cane and a

flexible tape measure following the Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) methodology [18].

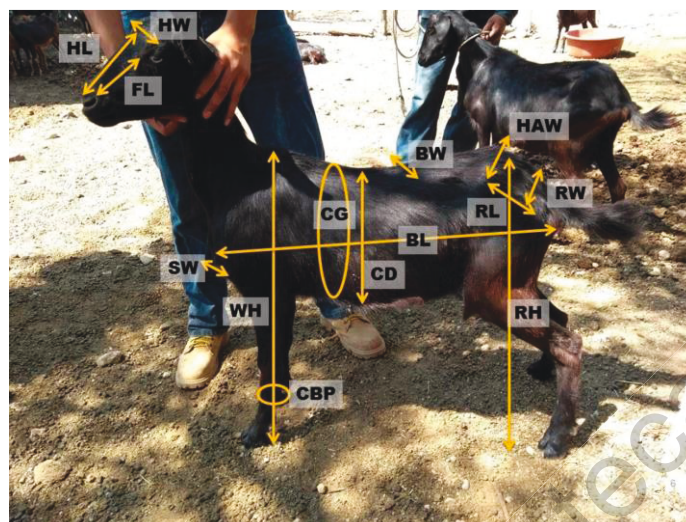


Figure 2. Morphometric variables analyzed: head width (HW), head length (HL), face length (FL), wither height (WH), chest girth (CG), body length (BL), bicostal width (BW), chest depth (CD), shoulder width (SW), rump length (RL), rump width (RW), haunch width (HW), rump height (RH), and cannon bone perimeter (CBP).

Four indices of ethnological interest were also included: corporal index ($COI = BL \times 100 / CG$); thoracic index ($THI = BW \times 100 / CD$); cephalic index ($CEI = HW \times 100 / HL$); pelvic index ($PEI = RW \times 100 / RL$). Five indices of productive interest were also calculated: proportionality index ($PRI = WH \times 100 / BL$); metacarpal-thoracic index ($MTI = CBP \times 100 / CG$); relative depth of thorax index ($RDI = CD \times 100 / WH$); transversal pelvic index ($TPI = RW \times 100 / WH$); longitudinal pelvic index ($LPI = RL \times 100 / WH$) [14,17].

2.3. Statistical Analysis

The descriptive statistics (mean, standard deviation, coefficient of variation, maximums and minimums) were calculated for the morphometric variables and the nine zoometric indices included in the study.

The morphological harmony of the BCG was determined by the number of positive correlations with significant differences ($p < 0.05$), including a correlation test by the Spearman method because the data did not follow a normal distribution (Kolmogorov–Smirnov $p < 0.05$ normal test). A highly harmonic model is where the number of correlations exceeds 50%, a medium harmonic model is when they are close to 50%, and a low harmonic model is when 25% of the correlations are significant and positive [19].

A principal components analysis (PCA) was performed to reduce the matrix of morphometric variables to a small number of non-correlated variables called components. The main components obtained were evaluated based on Kaiser's criterion (eigenvalue > 1) [20].

Finally, a hierarchical analysis of conglomerates using Ward's method was carried out using the Euclidean distance to construct a dendrogram and to evaluate the distances among localities. Morphometric variables were also included in this analysis and a heatmap was generated to visualize the relationship among the localities and their average per variable. All statistical analyses were performed using the statistical programming language R [21].

3. Results

The descriptive statistics for the fourteen morphometric variables are shown in Table 1. The obtained results show that the evaluated animals are homogeneous in most of the variables when

the coefficients of variation (CV) were lower than 10% in ten of the fourteen variables studied; this indicates that the average values for each variable were significant enough to consider the estimates as acceptable. Some authors argue that when the CV exceeds 30%, the precision is too low, thus the data should be discarded [22,23]. Data were not discarded because the highest CV was 23.32%, obtained for the bicostal width (BW). However, the measurements of each individual can be influenced by several factors, such as those related to the production system: the availability of fodder, development, age, number of births, and nutritional status, among others [24].

Table 1. Descriptive statistics of the morphometric variables used in Black Creole goats older than one year of age (*n* = 226).

Variable	Mean	SD	CV	Min	Max
HW	11.56	0.98	8.50	9.50	18.00
HL	15.66	1.40	8.96	11.00	20.50
FL	12.74	1.45	11.38	9.00	19.50
WH	70.12	4.31	6.14	57.00	88.00
CG	84.07	7.36	8.76	56.00	106.00
BL	71.20	6.11	8.59	52.00	87.00
BW	21.88	5.10	23.32	15.60	41.00
CD	30.31	2.63	8.69	24.00	38.00
SW	16.86	1.53	9.07	13.00	24.00
RL	18.81	2.04	10.85	13.00	27.00
RW	15.61	1.40	8.95	12.50	21.00
HAW	17.17	1.79	10.43	12.20	23.00
RH	70.54	3.77	5.34	61.00	86.00
CBP	8.49	0.68	8.06	6.20	11.00

SD = standard deviation, CV = coefficient of variation, Min = minimum value, Max = maximum value. (HW) head width, (HL) head length, (FL) face length, (WH) wither height, (CG) chest girth, (BL) body length, (BW) bicostal width, (CD) chest depth, (SW) shoulder width, (RL) rump length, (RW) rump width, (HAW) haunch width, (RH) rump height, (CBP) cannon bone perimeter.

The correlation analysis confirmed a highly harmonic model for the study population, presenting 91.21% of the positive and significant correlations. The highest correlation estimations found were between HL and FL, followed by WH and RH, with values of 0.87 and 0.78, respectively (Table 2).

Table 2. Spearman correlation matrix among morphological variables of the Black Creole goat.

	HL	BW	HAW	CD	HW	CG	CBP	RW	SW	RH	WH	BL	RL
FL	0.87 ***	0.24 ***	0.41 ***	0.49 ***	0.28 ***	0.28 ***	0.36 ***	0.26 ***	0.32 ***	0.35 ***	0.31 ***	0.23 ***	0
HL		0.25 ***	0.39 ***	0.52 ***	0.27 ***	0.31 ***	0.33 ***	0.38 ***	0.34 ***	0.38 ***	0.34 ***	0.24 ***	0.03
BW			0.43 ***	0.51 ***	0.35 ***	0.57 ***	0.38 ***	0.4 ***	0.32 **	0.15	0.17	0.2	-0.11 ***
HAW				0.46 ***	0.39 ***	0.59 ***	0.45 ***	0.58 ***	0.58 ***	0.32 ***	0.34 ***	0.42 ***	0.14
CD					0.48 ***	0.65 ***	0.59 ***	0.57 ***	0.53 ***	0.49 ***	0.52 ***	0.48 ***	0.22 *
HW						0.43 ***	0.57 ***	0.44 ***	0.42 ***	0.32 ***	0.43 ***	0.35 ***	0.18
CG							0.55 ***	0.58 ***	0.64 ***	0.44 ***	0.44 ***	0.49 ***	0.32 ***
CBP								0.5 ***	0.56 ***	0.42 ***	0.47 ***	0.49 ***	0.32 ***
RW									0.59 ***	0.49 ***	0.44 ***	0.48 ***	0.4 ***
SW										0.48 ***	0.46 ***	0.55 ***	0.4 ***
RH											0.78 ***	0.43 ***	0.44 ***
WH												0.49 ***	0.4 ***
BL													0.48 ***

(HW) head width, (HL) head length, (FL) face length, (WH) wither height, (CG) chest girth, (BL) body length, (BW) bicostal width, (CD) chest depth, (SW) shoulder width, (RL) rump length, (RW) rump width, (HAW) haunch width, (RH) rump height, (CBP) cannon bone perimeter. * *p* < 0.05, ** *p* < 0.01, *** *p* < 0.001.

With respect to the zoometric indices, the THI had the highest coefficient of variation (19.26%) due to the fact that this index included the BW variable, which was the one with the greatest variation in the present study. The rest of the zoometric indices calculated were more homogeneous, with a coefficient of variation ranging from 7.63 to 19.26 for RDI and THI (Table 3).

Table 3. Descriptive statistics of zoometric indices.

INDEX	MEAN	SD	CV	Min	Max
COI	85.11	8.72	10.24	62.07	151.79
THI	71.98	13.87	19.26	50.00	117.14
CEI	74.29	9.03	12.16	57.89	163.64
PEI	83.75	10.24	12.22	59.26	121.43
PRI	98.98	8.10	8.18	75.00	142.31
MTI	10.14	0.84	8.29	7.75	14.52
RDI	43.27	3.30	7.63	34.78	55.07
TPI	22.30	1.89	8.46	17.95	29.17
LPI	26.87	2.80	10.42	19.57	39.13

SD = standard deviation, CV = coefficient of variation, Min = minimum value, Max = maximum value, COI = corporal index, THI = thoracic index, CEI = cephalic index, PEI = pelvic index, PRI = proportionality index, MTI = metacarpal–thoracic index, RDI = relative depth of thorax index, TPI = transversal pelvic index, LPI = longitudinal pelvic index.

The PCA considered the first three principal components (PC) to be significant under Kaiser's criteria, with eigenvalues greater than 1 and a communality value ≥ 0.5 . The first PC represented 45.64% of the observed variance (eigenvalue 6.39) and describes mostly the trunk and extremities for obtaining the highest values for CD, SW, CBP, and CG; however, for this PC, all the variables had a high load except BW and RL, with values less than 0.5. As indicated by the PCA, variables that could not be explained by the first component could be taken up by the second component and so on successively. For PC2, the variable that had more contribution was RL (0.77), and for PC3, the variables corresponded to the description of the head's structure (HL and FL) (Table 4).

Table 4. Eigenvalues, proportion of total variance, and correlations between variables and principal components (PCs) in the Black Creole goat.

Variables	PC 1	PC 2	PC 3	Communality
HW	0.63	−0.07	−0.32	0.51
HL	0.65	−0.39	0.55	0.87
FL	0.61	−0.47	0.50	0.84
WH	0.70	0.31	0.25	0.66
CG	0.76	−0.01	−0.29	0.66
BL	0.63	0.37	−0.08	0.54
BW	0.44	−0.67	−0.41	0.81
CD	0.80	−0.18	0.00	0.67
SW	0.80	0.19	−0.14	0.69
RL	0.34	0.77	0.02	0.71
RW	0.75	0.08	−0.12	0.59
HAW	0.70	−0.20	−0.10	0.54
RH	0.70	0.32	0.34	0.71
CBP	0.78	0.03	−0.21	0.66
Eigenvalue	6.39	1.88	1.18	
% Variance	45.64	13.41	8.45	

(HW) head width, (HL) head length, (FL) face length, (WH) wither height, (CG) chest girth, (BL) body length, (BW) bicostal width, (CD) chest depth, (SW) shoulder width, (RL) rump length, (RW) rump width, (HAW) haunch width, (RH) rump height, (CBP) cannon bone perimeter.

Together, PC1, PC2, and PC3 represented 67.49% of the total variance and the values obtained indicated that the anterior part of the body of the animals was described by PC3, the middle part by PC1, and the posterior part was described by PC2. The values of PC1 and PC2 of the animals per locality are represented graphically in Figure 3. The animals of the eight localities were homogeneous, so they were scattered without generating groups or subpopulations.

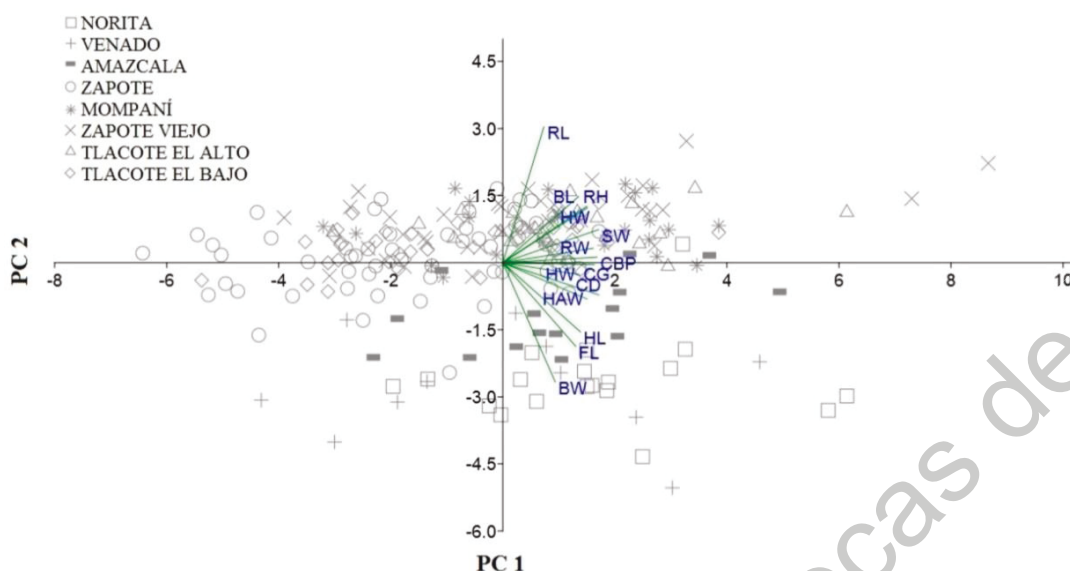


Figure 3. Principal components analysis of fourteen morphometric variables in the Black Creole goat from eight localities in central Mexico. (HW) head width, (HL) head length, (FL) face length, (WH) wither height, (CG) chest girth, (BL) body length, (BW) bicostal width, (CD) chest depth, (SW) shoulder width, (RL) rump length, (RW) rump width, (HAW) haunch width, (RH) rump height, (CBP) cannon bone perimeter.

The hierarchical analysis of conglomerates generated a dendrogram that clustered the localities included in the study into three groups that coincided with the place of origin of the animals (Figure 4). The first group included Norita, Amazcala, and Venado. The second group, formed by Mompaní, Zapote Viejo, and Tlacote el Alto, showed the similarity that exists among these populations. This is in agreement with the nature of the data, these herds were originated by mixtures of populations from the third group, which includes populations from Zapote and Tlacote el Bajo, which were pioneers in the breeding of the BCG. The distances among localities are shown in Table 5. The smallest distance obtained was between the localities of Zapote Viejo and Tlacote el Alto (2.34), while the greatest distance was generated between Zapote and Norita (7.77).

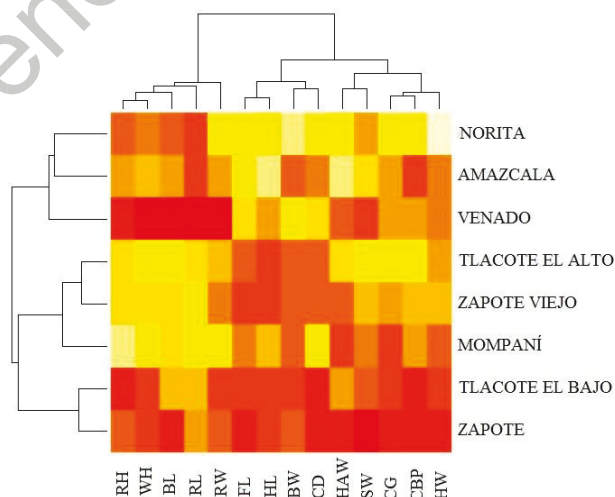


Figure 4. Dendrogram by localities elaborated using Ward’s method and Euclidean distances. (HW) head width, (HL) head length, (FL) face length, (WH) wither height, (CG) chest girth, (BL) body length, (BW) bicostal width, (CD) chest depth, (SW) shoulder width, (RL) rump length, (RW) rump width, (HAW) haunch width, (RH) rump height, (CBP) cannon bone perimeter.

Table 5. Matrix of Euclidean distances among studied localities.

	Norita	Venado	Amazcala	Zapote	Mompaní	Z. Viejo	T. Alto
Venado	5.11	-					
Amazcala	4.81	5.23	-				
Zapote	7.77	4.91	6.07	-			
Mompaní	6.04	6.60	4.71	5.70	-		
Z. Viejo	5.88	5.81	4.77	4.79	3.25	-	
T. Alto	5.55	6.64	4.50	6.43	4.03	2.34	-
T. Bajo	7.03	4.92	4.82	2.60	5.17	3.68	4.97

4. Discussion

The results obtained show that the use of morphometric variables represents a first approximation in the characterization of populations and sets precedent for the management of animal genetic resources, even though some authors have considered that they are more sensitive to environmental and human factors [25].

Of the fourteen variables included in the study, ten (HW, HL, WH, CG, BL, CD, SW, RL, RW, CBP) had been considered in the morphostructural evaluation of Spanish goat breeds. The BCG obtained values similar to those reported for the Granadina and Malagueña breeds, with the exception of the HL, RL, and SW variables, where these breeds presented higher values. This gives us an indication of the origin of the BCG and its morphological similarity with the Granadina breed, maintaining morphological characteristics of Spanish dairy goats [26]. With respect to local goats from Mexico, this type of study has been carried out mostly with goats from the Mixteca region. In the present study, the populations of BCGs obtained values similar to those reported for the Creole goats of the state of Puebla, Mexico, with respect to the variables HW, HL, WH, RH, and CD; however, it is noted that the BCG presents a larger size for CG, RW, and RL, which shows that this is an animal with greater thoracic capacity and greater development of the rump [27].

The number of significant positive correlations among body measurements (91.21%) showed a high degree of morphological harmony in the BCG. This model is based on the fact that the increase or decrease in one of the variables will mean an increase or decrease for another; however, the relation among variables must be kept in proportion to the first one in order for the fundamental structure to be maintained too [19].

Taking into account these results and the CV obtained, it can be stated that the BCG is an animal adapted to the conditions of the environment where it develops, in this way it maintains its homogeneous morphostructure.

With respect to the zoometric indices, the COI shows the proportionality of the breed and allows to classify the animals according to baronian systematics in brevilinear (≤ 85), mesolinear (> 86 and < 88) or longilinear (≥ 90). The value obtained in the present study (85.11) indicates that the BCG has a brevilinear profile, with transversal measures predominating over length measures. The THI shows the variations in the shape of the thorax, which is greater or circular in meat cattle (≥ 89), and smaller or elliptical in dairy cattle (≤ 85). The THI obtained for the BCG suggests that it is a dairy type animal [14]. Similar values were obtained for the breeds Blanca of Rasquera and Colorada Pampeana, which show a short and wide animal with an elliptical thorax [28].

Because of the somation of cephalic variables (HW and HL) included for the CEI which are not influenced by environmental or management factors, this index is important for the racial characterization of the animals. The CEI measures the proportionality of the head and classifies it as brachycephalic (CEI > 100), mesocephalic (CEI = 100), and dolichocephalic (CEI < 100), resulting in dolichocephalous for the BCG (74.29), which is similar to that reported for the Majorera and Tinerifeña breeds, as well as the semi-wild goat [29].

The PEI indicates that the ratio of pelvic width to pelvic length is related to reproductive fitness. The result shows convexilinear animals ($PEI < 100$), where the rump length predominates over the width [14].

Proportionality index (PRI) has a special focus on the shape of animals, indicating that at a lower value, the shape of the animal resembles a rectangle—the predominant shape in meat-suitable animals. The PRI in the BCG showed low meat suitability, represented in square form, characteristic of dairy cattle, higher than the Creole goat of the central valleys of Oaxaca, Mexico [30].

Metacarpal–thoracic index (MTI) establishes the relationship between the mass of the animal and the members that support it, classifying animals as hypermeter (>11), eumeter (>10 and <11) or ellipometric (<10), with higher value in meat breeds. The value obtained in this study (10.14) indicates that the population has a eumetric tendency, similar to the Colorada Pampeana goat of Argentina [28].

The RDI shows the relationship between chest depth and leg length, with values greater than 50 in short-legged animals with a tendency to a meat phenotype. The BCG has low meat suitability and is mostly oriented towards milk production.

As regards to the TPI and LPI, these are an estimate for the meat suitability of the breed. A TPI greater than 33 and an LPI less than 37 are indicators of meat breeds. The BCG population showed low values for the TPI (22.30) and LPI (26.87), which means that it has a medium tendency that gives it the opportunity to develop muscle tissue as well. These last three indices are similar to those reported for the Creole goat of the central valleys of Oaxaca, Mexico [30].

With respect to the PCA, three components were significant and explain 67.50% of the total variance. A similar percentage (67.80%) of explanation of the total variance was also obtained in local goats from the south of the state of Mexico, taking into account the first three components and ten variables [31]. The same percentage (67.82%) was obtained for the Brazilian breed Canindé, using four components and eleven morphometric variables, and like the BCG, only three components had eigenvalues greater than one [32]. Goats from northern Morocco with 16 variables also obtained similar values for the percentage of variance, with three components explaining 66.96% of the variance [33]. In Indian goats, using 11 morphometric variables, four components were significant, which explained 85.84% of the total variance [34]. In another work with local goats, using only four morphometric variables, it was found that the first two components explained a large percentage of the total variance (94.15% in females and 97.65% in males); however, only the first component was significant [35]. Although the number of variables was not so small, the first components can explain more than 90% of the total variance [36].

Head length (HL) and face length (FL) were the variables of greater contribution for the three components, because their variance is better explained by the components (87% and 84%, respectively). The contribution of cephalic variables has been described in other studies, demonstrating that these characteristics are important to describe the race and define the cephalic profile of the animals [32].

The influence of each variable can change from one population to another and it is difficult to compare among populations. This is the case for the CBP, which for the Canindé breed is the variable that has the least contribution in the model (18.5%) [32], compared with the BCG (66%) and local goats in India (87%) [34]. As reported by other authors, the variation shown is the result of the absence of selection or it is also produced because different parts of the body are more affected by the environment than by other factors. However, head length is important in several studies due to its close relationship with the cranial bone, which is not strongly influenced by other factors [12].

Hierarchical cluster analysis demonstrates the relationships between morphometric variables and the localities included in the study. The RH, WH, BL, RL, and RW variables that help to describe the height and length of the animals had the greatest effect in grouping the localities of Tlacote el Alto, Zapote viejo, and Mompaní in a single cluster. The relationship among these variables (RH, WH, and BL) has also been observed for Canindé goats [32]. The cluster formed by the localities of Norita, Amazcala, and Venado was influenced by having higher values for the variables FL, HL,

BW, and CD, which are shown in lighter colors in the heatmap (Figure 4). A third group (Tlacote el bajo and Zapote) comprises the lowest measurements for most of the variables, mainly for CG, CBP, and HW (more intense colors in the heatmap). Other works show the effects of the variables for classification by locality; however, it is emphasized that the genetic relationship cannot be easily derived from phenotypic similarity because genotypes can be mostly related to productive traits [25]. Since it has been proven that environmental factors in different production systems have an effect on the morphostructure of animals, it would be useful to include these elements in further characterization studies [37].

5. Conclusions

The evaluated herds of Black Creole goat represent a morphologically homogeneous population, preserving a high harmonic model. This indicates that it is a population adapted to the conditions of the environment and the production system, taking into account that these factors, environment and management, mainly influence the morphostructural development of the animals. Based on the morphostructure, the Black Creole goat is dolichocephalic, with an elliptical thorax characteristic of dairy animals. The indices of productive interest also indicate in their majority an animal oriented to milk production; however, the potential of these animals is still unknown, a reason for why the production of meat cannot totally be discarded.

Finally, the present study could be the basis for future decisions on Black Creole goat's management, improvement, and conservation, considering that a genetic analysis would complement the characterization of the breed.

Author Contributions: Conceptualization, J.C.S.-J. and H.M.A.-M.; formal analysis, J.C.S.-J., H.M.A.-M., S.I.R.-P. and M.D.-A.; funding acquisition, J.C.S.-J., H.M.A.-M. and V.H.C.-S.; investigation, J.C.S.-J. and H.M.A.-M.; methodology, J.C.S.-J., H.M.A.-M. and S.I.R.-P.; project administration, H.M.A.-M.; resources, J.C.S.-J., H.M.A.-M. and V.H.C.-S.; supervision, H.M.A.-M., S.I.R.-P., M.D.-A. and H.R.V.-A.; visualization, J.C.S.-J. and H.M.A.-M.; writing—original draft, J.C.S.-J., H.M.A.-M., S.I.R.-P., M.D.-A., H.R.V.-A. and V.H.C.-S.; writing—review and editing, J.C.S.-J., H.M.A.-M., S.I.R.-P., M.D.-A., H.R.V.-A. and V.H.C.-S.

Funding: This research received no external funding.

Acknowledgments: We sincerely thank the owners of the herds included in the study. We express our sincere gratitude to the Secretariat of Agricultural Development of the State of Querétaro, Mexico (SEDEA) for their support and collaboration. We thank the National Council of Science and Technology (CONACYT) and the Autonomous University of Querétaro (UAQ) for the academic support received.

Conflicts of Interest: The authors declare no conflict of interest.

References

1. Rege, J.E.O.; Marshall, K.; Notenbaert, A.; Ojango, J.M.K.; Okeyo, A.M. Pro-poor animal improvement and breeding - What can science do? *Livest. Sci.* **2011**, *136*, 15–28. [CrossRef]
2. Taberlet, P.; Coissac, E.; Pansu, J.; Pompanon, F. Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. *Comptes. Rendus. Biol.* **2011**, *334*, 247–254. [CrossRef] [PubMed]
3. Boyazoglu, J.; Hatziminaoglou, I.; Morand-Fehr, P. The role of the goat in society: Past, present and perspectives for the future. *Small Rumin. Res.* **2005**, *60*, 13–23. [CrossRef]
4. Pereira, F.; Queirós, S.; Gusmão, L.; Nijman, I.J.; Cuppen, E.; Lenstra, J.A.; Consortium, E.; Davis, S.J.M.; Nejmeddine, F.; Amorim, A. Tracing the history of goat pastoralism: New clues from mitochondrial and y chromosome DNA in North Africa. *Mol. Biol. Evol.* **2009**, *26*, 2765–2773. [CrossRef] [PubMed]
5. FAO Statistics Database. Available online: <http://www.fao.org/faostat/es/#data/QA> (accessed on 8 March 2019).
6. Boza, J. Papel del ganado caprino en las zonas desfavorecidas. Available online: <http://www.ovinos-caprinos.com/MANEJO/47%20-%20Ganado%20Caprino%20en%20zonas%20desfavorecidas.pdf> (accessed on 22 March 2019).
7. FAO La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura. Available online: <http://www.fao.org/3/a1250s/a1250s00.htm> (accessed on 19 March 2019).

8. FAO Coping with climate change - the roles of genetic resources for food and agriculture. Available online: <http://www.fao.org/news/story/en/item/275041/icode/> (accessed on 30 April 2019).
9. Montaldo, H.H.; Torres-Hernández, G.; Valencia-Posadas, M. Goat breeding research in Mexico. *Small Rumin. Res.* **2010**, *89*, 155–163. [CrossRef]
10. Andrade, H.M.; Silva, J.C.; Escalante, I.; Vera, H.R. la cabra criolla negra, un recurso zoogenético en peligro: Bases del programa de recuperación en el bajo mexicano. *Rev. Mex. Agroecosistemas* **2017**, *4*, 29–41.
11. FAO Global plan of action for animal genetic resources and the interlaken declaration. Available online: <http://www.fao.org/3/a1404e/a1404e00.htm> (accessed on 10 April 2019).
12. Mavule, B.S.; Muchenje, V.; Bezuidenhout, C.C.; Kunene, N.W. Morphological structure of Zulu sheep based on principal component analysis of body measurements. *Small Rumin. Res.* **2013**, *111*, 23–30. [CrossRef]
13. Ogah, D.M. Assessing Size and Conformation of the Body of Nigerian Indigenous Turkey. *Slovak J. Anim. Sci.* **2011**, *44*, 21–27.
14. Parés, P.M. Zoometría. In *Valoración morfológica de los animales domésticos*; Sañudo, C., Ed.; Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino: Madrid, España, 2009; pp. 171–198.
15. FAO Realización de encuestas y seguimiento de los recursos zoogenéticos. Available online: <http://www.fao.org/3/ba0055s/ba0055s00.htm> (accessed on 10 April 2019).
16. Angulo, Y. Muestreo. In *Estadística para las ciencias sociales, del comportamiento y de la salud*, 3rd ed.; Pérez-Tejada, H.E., Ed.; Cengage Learning: Distrito Federal, México D.F., 2008; pp. 182–200.
17. Hernández, J.S.; Franco, F.J.; Herrera, M.; Rodero, E.; Sierra, A.C.; Bañuelos, A.; Delgado, J.V. Estudio de los recursos genéticos de México: Características morfológicas y morfoestructurales de los caprinos nativos de Puebla. *Arch. Zootec.* **2002**, *51*, 53–64.
18. FAO Phenotypic characterization of animal genetic resources. Available online: <http://www.fao.org/3/i2686e/i2686e00.htm> (accessed on 12 December 2018).
19. Herrera, M.; Luque, M. Morfoestructura y sistemas para el futuro en la valoración morfológica. In *Valoración morfológica de los animales domésticos*; Sañudo, C., Ed.; Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino: Madrid, España, 2009; pp. 83–102.
20. Kaiser, H.F. The application of electronic computers to factor analysis. *Educ. Psychol. Meas.* **1960**, 141–151. [CrossRef]
21. R Core Team. A Language and Environment for Statistical Computing 2017. Available online: <https://www.r-project.org/> (accessed on 11 October 2018).
22. Gordón-Mendoza, R.; Camargo-Buitrago, I. Selección de estadísticos para la estimación de la precisión experimental en ensayos de maíz. *Agron. Mesoam.* **2015**, *26*, 55–63. [CrossRef]
23. Mohammadi, K.; Beygi Nassiri, M.T.; Fayazi, J.; Roshanfekr, H. Investigation of environmental Factors Influence on Pre-Weaning Grow Traits in Zandi Lambs. *J. Anim. Vet. Adv.* **2010**, *9*, 1011–1014.
24. Dudhe, S.D.; Yadav, S.B.S.; Nagda, R.K.; Pannu, U.; Gahlot, G.C. Genetic and non-genetic factors affecting morphometry of Sirohi goats. *Vet. World.* **2015**, *8*, 1356–1363. [CrossRef] [PubMed]
25. Hassen, H.; Baum, M.; Rischkowsky, B.; Tibbo, M. Phenotypic characterization of Ethiopian indigenous goat populations. *African J. Biotechnol.* **2012**, *11*, 13838–13846. [CrossRef]
26. Herrera, M.; Rodero, E.; Gutierrez, M.J.; Peña, F.; Rodero, J.M. Application of multifactorial discriminant analysis in the morphostructural differentiation of Andalusian caprine breeds. *Small Rumin. Res.* **1996**, *22*, 39–47. [CrossRef]
27. Vargas, S.; Larbi, A.; Sánchez, M. Analysis of size and conformation of native Creole goat breeds and crossbreds used in smallholder agrosilvopastoral systems in Puebla, Mexico. *Trop Anim Heal. Prod.* **2007**, 279–286. [CrossRef]
28. Bedotti, D.; Gómez, A.G.; Sánchez, M.; Martos, J. Caracterización morfológica y faneróptica de la cabra colorada pampeana. *Arch. Zootec.* **2004**, 261–271.
29. Morales-delaNuez, A.; Rodríguez, C.; Santana, M.; Hernandez-Castellano, L.E.; Niño, T.; Reyes-Chacón, R.J.; Moreno-indias, I.; Castro, N.; Capote, J. Morphological measurements and indexes as a tool to support molecular genetic studies: An example in Canary Islands. *J. Appl. Anim. Res.* **2012**, *40*, 215–221. [CrossRef]
30. Fuentes-Mascorro, G.; Martínez, M.S.; Alejandre, M.E.; Chirinos, Z.; Ricardi, L.C. zoometría y distribución de partos de la cabra criolla de los Valles Centrales de Oaxaca. *Actas Iberoam. Conserv. Anim.* **2013**, *3*, 150–154.

31. Dorantes-Coronado, E.J.; Torres-Hernández, G.; Hernández-Mendo, O.; Rojo-Rubio, R. Zoometric measures and their utilization in prediction of live weight of local goats in southern Mexico. *Springerplus* **2015**, *4*, 695. [[CrossRef](#)]
32. Gomes, J.K.; Arandas, G.; Vieira, N.M.; de Barros, R.; Pimenta, E.C.; de Albuquerque, L.H.; Ribeiro, M. Multivariate analysis as a tool for phenotypic characterization of an endangered breed. *J. Appl. Anim. Res.* **2017**, *45*, 152–158.
33. Moutchou, N.; González, A.M.; Chentouf, M.; Lairini, K.; Rodero, E. Morphological differentiation of Northern Morocco goat. *J. Livest. Sci. Technol.* **2017**, *5*, 33–41.
34. Khargharia, G.; Kadirvel, G.; Kumar, S.; Doley, S.; Bharti, P.K.; Das, M. Principal component analysis of morphological traits of Assam hill goat in eastern Himalayan India. *J. Anim. Plant Sci.* **2015**, *25*, 1251–1258.
35. Okpeku, M.; Yakubu, A.; Peters, S.; Ozoje, M.; Ikeobi, C.; Adebambo, O.; Imumorin, I. Application of multivariate principal component analysis to morphological characterization of indigenous goats in Southern Nigeria. *Acta Agric. Slov.* **2011**, *98*, 101–109. [[CrossRef](#)]
36. Pares, P.M. Body Weight is an Important Trait for Comparisons of Goat Breeds. *Iran. J. Appl. Anim. Sci.* **2015**, *5*, 463–466.
37. Gonzalez-Martinez, A.; Herrera, M.; Luque, M.; Rodero, E. Influence of farming system and production purpose on the morphostructure of Spanish goat breeds. *Spanish J. Agric. Res.* **2014**, *12*, 117–124. [[CrossRef](#)]



© 2019 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

10.2 Constancias de ponencias



Universidad Autónoma de Querétaro
Facultad de Ciencias Naturales
Doctorado en Ciencia Biológicas

Otorga la presente CONSTANCIA a:

M. en C. Juan Carlos Silva Jarquín

Por su valiosa participación como ponente del trabajo:

“Caracterización genética, fenotípica, productiva y reproductiva de la cabra negra criolla como recurso zoogenético importante ante el cambio climático”

En el

1 ER SIMPOSIO
De proyectos de investigación de alumnos de primer semestre del
DOCTORADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

Atentamente,


Dr. Elhadí Yahia Kazuz
Coordinador de la Materia Seminario I del
Doctorado en Ciencias Biológicas, UAQ.


Dr. Germinal Jorge Cantú Alarcón
Jefe de Investigación y Posgrado, UAQ.


Dra. Oliza Patricia García Obregón
Coordinadora del Doctorado en
Ciencias Biológicas, UAQ.

Querétaro, Qro., 10 y 11 de diciembre de 2015



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE QUERÉTARO
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES

Otorgan la presente

CONSTANCIA

Silva-Jarquín, J.C., Andrade-Montemayor, H.M., Durán-Aguilar, M., Román-Ponce, S.I.

Por su participación en el IX Foro de Investigación y Posgrado de la facultad con "Morfometría de la cabra criolla negra; un recurso zogenético importante en la caprinocultura mexicana"

Santiago de Querétaro, Qro. 29 y 30 de abril de 2016

"Educo en la Verdad y en el Honor"

[Signature]

Dra. J. Elizabeth Elton Puente
 SECRETARIA ACADÉMICA FCN

[Signature]

Dra. Teresa de-Jesús García Gasca
 DIRECTORA

[Signature]

Dr. Germinal J. Cantó Alarcón
 JEFE DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO
 FCN



Universidad Autónoma de Querétaro
Facultad de Ciencias Naturales

Otorgan la presente

CONSTANCIA

A: Silva-Jarquín, J.C., Andrade-Montemayor, H.M., Durán-Aguilar, M., Vera-Avila, H.R.,
Román-Ponce, S.I.

Por su participación en el X Foro de Investigación y Posgrado de la FCN con la presentación: **CARACTERIZACIÓN MORFOMÉTRICA DE LA CABRA CRIOLLA NEGRA**

Santiago de Querétaro, Qro. 28 y 29 de abril de 2017
"EDUCO EN LA VERDAD Y EN EL HONOR"

[Signature]

Dra. J. Elizabeth Elton Fuente
Secretaría Académica
Facultad de Ciencias Naturales

[Signature]

Dra. Margarita Teresa de
Jesús García Gasca
Directora FCN

[Signature]

Dr. Germinot J. Cantó Alarcón
Jefe de Investigación y Posgrado
Facultad de Ciencias Naturales

Dirección General de Biología de la UAAQ



El Comité Organizador del 5° Encuentro de Jóvenes
Investigadores del Estado de Querétaro,
otorga la presente

CONSTANCIA

a:

Juan Carlos Silva Jarquin

Coautores: Héctor Mario Andrade Montemayor, Héctor Raymundo Vera Ávila, Marina Durán Aguilar, Sergio Iván Román Ponce.

POR PRESENTAR EN ESTE FORO ACADÉMICO, MODALIDAD PONENCIA, EL TRABAJO:

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA CABRA CRIOLLA NEGRA EN TRES MUNICIPIOS DEL ESTADO DE QUERÉTARO

Centro Educativo y Cultural del Estado de Querétaro
"Manuel Gómez Morán", octubre 5, 2017.

Dr. Irineo Torres Pacheco
Secretario Académico

Dra. Ma. Guadalupe Flavia Loarca Piña
Directora de Investigación y Posgrado



XXIX REUNIÓN NACIONAL E INTERNACIONAL SOBRE CAPRINOCULTURA

La Asociación Mexicana de Profesionistas en Caprinos A.C. otorgan la presente

CONSTANCIA

A: Silva Jarquin, J.C.; Andrade Montemayor, H.M.; Vera Ávila, H.R.; Durán Aguilar, M.; Román Ponce, S.I.; Delgado Bermejo, J.V.

Por la ponencia: DIVERSIDAD GENÉTICA INTRARACIAL DE LA CABRA CRIOLLA NEGRA. en la

XXIX Reunión Nacional e Internacional sobre Caprinocultura, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán C-4 Cuautitlán Izcalli, Estado de México 11, 12 y 13 de Octubre de 2017.

M. en C. Jorge Alfredo Cuéllar Ordaz

M. en C. Jorge Alfredo Cuéllar Ordaz
Director de la FESC

Dr. Miguel Ángel Pérez Razo
Presidente de AMPCA

CB003/17



Dirección General de Protección y Asesoría Jurídica

XI SIRGEAC

Simposio Internacional de Recursos Genéticos para las Américas y el Caribe

El Comité Organizador del XI Simposio Internacional de Recursos Genéticos para las Américas y el Caribe otorga la presente

CONSTANCIA

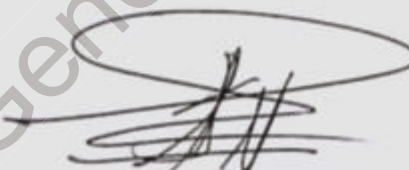
A:


Silva-Jarquín, J.C.*; Andrade-Montemayor, H.M.; Vera-Ávila, H.R.; Durán-Aguilar, M.; Román-Ponce, S.I.; Delgado-Bermejo, J.V; Martínez-Martínez, A.

Por la presentación del trabajo titulado:

Caracterización genética intraracial de una población de cabra criolla negra en Querétaro.

en el XI SIRGEAC celebrado en Guadalajara, Jalisco, Méx.
del 15 al 18 de octubre de 2017


Dr. RAFAEL AMBRÍZ CERVANTEZ
Presidente del Comité Organizador del
XI SIRGEAC


Dr. JOSÉ FERNANDO DE LA TORRE SÁNCHEZ
Coordinador General del
XI SIRGEAC



LIII Reunión Nacional de Investigación Pecuaria Acapulco 2017



GUERRERO
NOS NECESITA A TODOS

Ciencia y Tecnología para la Ganadería Tropical Mexicana

El Comité Organizador otorga la presente

CONSTANCIA

a

Silva JJC, Andrade MHM, Vera AHR, Durán AM, Román PSI, Delgado BJV.

por su ponencia, en formato ORAL, titulada:

**CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE UNA POBLACIÓN DE
CABRAS CRIOLLA NEGRA EN EL ESTADO DE QUERÉTARO.**

Acapulco de Juárez, Guerrero, México.
Noviembre 15 a 17 de 2017



Código GEN 034/17

M.C. Jorge Fajardo Guel
El Coordinador General



www.uagro.mx

Dirección General de Bibliotecas de la UAQ



Universidad Autónoma de Querétaro
Facultad de Ciencias Naturales

otorgan la presente

CONSTANCIA


A:


Silva-Jarquín, J.C., Andrade-Montemayor, H.M., Vera-Ávila H.R., Durán-Aguilar, M., Román-Ponce S.I., Delgado-Bermejo J.V., Martínez-Martínez A., Landi V., Consorcio BioGoat.

Por su participación en el XI FORO DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO con "Diversidad genética de la cabra Criolla Negra basada en marcadores microsatélites"

Santiago de Querétaro, Qro. 27 y 28 de abril de 2018
"Educo en la Verdad y el Honor"

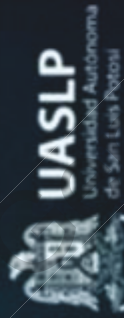

M. en G. Hugo Luna Soria
Secretario Académico


Dra. J. Elizabeth Elton Fuente
Directora


Dr. Germinal J. Cantó Alarcón
Jefe de Investigación y Posgrado



Dirección General de Bibliotecas de la UAQ



FACULTAD DE
AGRONOMÍA
Y VETERINARIA

otorga el presente

RECONOCIMIENTO

Al: *MC. Juan Carlos Silva Jarquin*

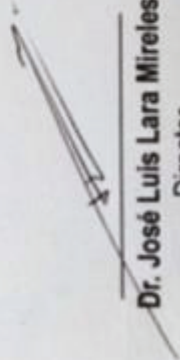
Por su PARTICIPACIÓN como PONENTE de la Conferencia:

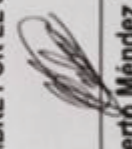
«PROGRAMA DE RECUPERACIÓN DE LACABRA CRIOLLA NEGRA»


La cual se llevó a cabo en las instalaciones de la Facultad dentro del V Foro Nacional sobre Caprinocultura del 12 al 14 de Septiembre del 2018.

«México a la cima con la producción caprina»

“SIEMPRE AUTÓNOMA. POR MI PATRIA EDUCARÉ”
“PARA EL HOMBRE POR EL CAMPO”


Dr. José Luis Lara Mireles
Director


Dr. Heriberto Méndez Cortés
Secretario General


Dr. Rogelio A. Ledezma Torres
Presidente AMPCA



LIV Reunión Nacional de INVESTIGACIÓN PECUARIA

"Ciencia y Tecnología para una Ganadería Competitiva"

El Comité Organizador otorga la presente

Constancia

..... a

Silva JJC, Andrade MHM, Vera AHR, Durán AM, Román PSI.

Por la presentación de su trabajo:

EVALUACIÓN MORFOMÉTRICA DE LA CABRA CRIOLLA NEGRA EN OCHO LOCALIDADES DE LA REGIÓN CENTRO DE MÉXICO.

Dr. Fernando De La Torre Sánchez
Presidente del Comité Organizador

M.C. Jorge Fajardo Guel
Coordinador General

Nuevo Vallarta, Nayarit, México,
del 26 al 28 de Septiembre de 2018



Dirección General de Bibliotecas de la UAQ

Universidad Autónoma de Querétaro

Facultad de Ciencias Naturales

Otorgan la presente



CONSTANCIA

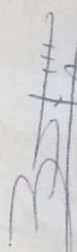
A


Silva Jarquin, JC; Andrade Montemayor, HM; Román Ponce, SI; Durán Aguilar, M; Vera Ávila, HR,
Cambrón Sandoval, VH

Por su participación en el XII Foro de Investigación y Posgrado con la presentación oral:

Caracterización zoométrica de la cabra criolla negra como parte del programa de recuperación de la raza.

Santiago de Querétaro, Qro, 13 de abril de 2019.
"EDUCO EN LA VERDAD Y EN EL HONOR"


Dra. Juana Elizabeth Elton Puento
Directora


Dr. Germinal Jorge Cantó Alarcón
Jefe de Investigación y Posgrado

M. en C. Hugo Luna Soría
Secretario Académico



XI Congreso de la Asociación Latinoamericana de Especialistas en Pequeños Ruminantes y Camélidos Sudamericanos (ALEPRYCS) Ier Congreso de la International Goat Association Latinoamericana Reunión nacional de AMMVECA, AMTEO Y AMPCA

Del 4 al 7 de junio 2019, Querétaro, México

Otorgan la presente



CONSTANCIA

Juan Carlos Silva-Jarquín, Héctor Mario Andrade-Montemayor, Florencia Muñoz-Salinas, Isaac Escalante-Hernández, Héctor Raymundo Vélez-Avila, Marina Durán-Aguilar, Sergio Iván Román-París

Por su presentación "Programa de selección de la cabra criolla negra" en la modalidad "Resúmenes"

 Dr. Cristina Vargas Martínez Presidenta ALEPRYCS y Presidenta del Comité Científico	 Dr. Héctor Mario Andrade Montemayor Presidente del Programa y Responsable de Materiales Director para Materiales, Centro Científico UQ (Código de la UQ)	 Dr. Sergio Iván Román París Secretario Académico	 Dr. Margarita Torres de Jesús García-Soto Secretaria de la UQ
 Dr. Sergio Maguán Presidente de AMPCA	 Dr. Juan C. Gómez-Branga-Rufo Presidente de AMTEO	 Dr. María Elizabeth Olvera-Peñón Secretaria de IGA	 Dr. Juan Carlos Silva-Jarquín Secretario de IGA



Dirección de Bibliotecas de la UAQ