



ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO

INSTITUTO DE POSTGRADO Y EDUCACIÓN CONTINUA

“CARACTERIZACION ZOMETRICA Y GENETICA DEL CABALLO
AUTOCTONO DE LOS CANTONES CHAMBO Y GUAMOTE DE LA
PROVINCIA DE CHIMBORAZO”

CARLOS OCTAVIO LARREA IZURIETA

Tesis presentada ante el Instituto de Postgrado y Educación Continua de la
ESPOCH. Previa a la obtención del Grado de Magister en Producción Animal.

RIOBAMBA - 2014

DERECHOS INTELECTUALES

Yo, **Carlos Octavio Larrea Izurieta**, declaro que soy responsable de las ideas, Doctrinas y Resultados expuestos en la presente tesis de grado; y que el patrimonio intelectual generado por la misma, pertenece exclusivamente a la **ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO**.

CARLOS OCTAVIO LARREA IZURIETA

060302919-0

CERTIFICACIÓN:

EL TRIBUNAL DE TESIS CERTIFICA QUE:

El trabajo de investigación titulado “CARACTERIZACION ZOOMETRICA Y GENETICA DEL CABALLO AUTOCTONO DE LOS CANTONES CHAMBO Y GUAMOTE DE LA PROVINCIA DE CHIMBORAZO” de responsabilidad de Carlos Octavio Larrea Izurieta, ha sido prolijamente revisado y se autoriza su presentación.

Tribunal de tesis:

Dr. M.C. Juan Vargas

PRESIDENTE

Dr. PhD. MSc. Nelson Duchi D.

TUTOR

Ing. M.C. Vicente Trujillo V.

MIEMBRO

Ing. M.C. Paula Toalombo V.

MIEMBRO

Riobamba, Julio del 2014

DEDICATORIA

A mis padres Carlos y Eulalia por enseñarme y llevarme a caminar en esta profesión y en la vida.

A mi hermano Jorge por acompañarme en estos pasos como compañero de aula.

A mi hermana María Isabel por sus aportes profesionales y su apoyo moral para cumplir con este reto.

A mis sobrinas María Victoria y María Eduarda con mucho cariño por ser quienes me alegran la vida.

A mi familia por su apoyo incondicional.

A mis amigos, fieles compañeros de cabalgatas por aquellos horizontes de la vida.

A todos los que viven del mundo de los caballos, aquí les dejo un tributo por estos nobles animales.

AGRADECIMIENTO

A Dios a quien primero debo, a mi familia y amigos por su incondicional apoyo moral, a mis maestros por su paciencia e instrucciones impartidas.

A mi tía Ana Lucia Izurieta de Naranjo por su cariño y voluntad de ayudarme desinteresadamente en el desarrollo de esta maestría.

A la Comunidad de Atillo y Asociación Rumiñahui de la Comunidad San Antonio de Guayllabamba, Cantón Chambo, Provincia de Chimborazo por haber colaborado en la ejecución de este estudio con sus manos y con sus animales.

A todos quienes reconocen el esfuerzo llevado a cabo, para completar este trabajo y una etapa más en mi vida y poder ser útil para la sociedad.

INDICE

	Pág.
RESUMEN	xi
SUMMARY	xii
LISTA DE CUADROS	xiii
LISTA DE GRAFICOS	xvi
LISTA DE ANEXOS	xvii
I. INTRODUCCIÓN	1
II. REVISIÓN DE LITERATURA.	3
A. ANTECEDENTES	3
B. CARACTERÍSTICAS EXTERNAS DEL CABALLO.	4
1. Exterior del caballo.	4
a. Belleza.	4
(1) Funcional.	4
(2) Estética.	4
(3) Absoluta.	4
(4) Relativa.	4
b. Defecto.	5
(1) De orden funcional.	5
(2) De orden moral o vicio.	5
(3) Absolutos.	5
(4) Relativos.	5
(5) Congénitos.	5
(6) Adquiridos.	5
(7) Tara.	6
2. Estudio de las regiones del exterior del caballo.	6
a. Cabeza.	6
(1) Cara anterior.	6
(2) Cara posterior.	6
(3) Caras laterales.	6
(4) Extremidad posterior de la cabeza.	7
(5) Extremidad inferior de la cabeza.	7
(6) Perfiles de la cabeza.	7

(a) Perfil rectilíneo o cabeza cuadrada.	7
(b) Perfil cóncavo o cabeza roma.	7
(c) Perfil convexo o cabeza arqueada o acarnerada.	7
(7) Dimensiones de la cabeza.	7
b. Cuello.	8
(1) Tipos y direcciones del cuello.	9
(a) Recto, derecha o piramidal.	9
(b) Horizontal.	9
(c) Vertical.	9
(d) Arqueado o de gallo.	9
(e) De cisne.	9
(f) De ciervo.	10
(g) Caído.	10
(2) Medidas del cuello.	10
c. Tronco.	10
(1) Regiones de la cara superior del tronco.	10
(a) La cruz.	10
(b) El dorso y el lomo.	11
1. Tipos dorso-lumbares.	11
a. Dorso de mula.	11
b. Ensillado o sillón.	11
(c) La grupa.	11
1. Medidas de la grupa.	12
2. Tipos de grupa.	12
(d) Las ancas.	13
(2) Regiones de la extremidad anterior del tronco.	13
(a) El pecho.	13
1. Medidas del pecho.	13
2. Tipos de pecho.	13
(b) Las axilas.	13
(c) Las interaxilas.	14
(3) Regiones de la cara inferior del tronco.	14
a. Cinchera.	14

b. Vientre.	14
1. Tipos de vientre.	14
a. Vientre de galgo.	14
b. Vientre de vaca.	15
(4) Regiones de la extremidad posterior del tronco.	15
a. La cola.	15
1. Tipos de cola.	15
a. En trompa.	15
b. De ratón.	15
(5) Regiones de las caras laterales del cuerpo.	16
a. Los costillares.	16
b. Flancos e ijares.	16
c. El tórax.	16
(6) Regiones de las extremidades.	17
a. Los miembros anteriores.	17
1. La espalda.	17
a. Medidas de la espalda.	17
2. El brazo.	17
3. El codo.	18
4. El antebrazo.	18
5. La rodilla.	18
6. Las cañas.	18
7. El nudo.	19
8. La cuartilla.	19
9. La corona.	19
10. El casco.	20
b. Los miembros posteriores.	20
1. El muslo.	20
a. Medidas del muslo.	20
b. Dirección del muslo.	21
2. La nalga.	21
3. La babilla.	21
4. La pierna.	21

a. Medida y dirección de la pierna.	22
5. El tarso o garrón.	22
6. Otras regiones.	23
C. CLASIFICACION DE LOS CABALLARES.	23
1. Razas de caballos.	24
a. Los caballos orientales.	24
(1) El Berberisco.	25
(2) El Berberisco moderno.	26
b. Razas ibéricas.	26
(1) El Pura Raza Español.	27
(2) El Pura Raza Español moderno.	28
(a) Características generales.	28
(b) Características morfológicas.	28
(c) Características fanerópticas.	30
(d) Caracteres comportamentales y temperamento.	30
(e) Caracteres funcionales y aptitudes.	30
(3) Razas autóctonas españolas	31
(a) Asturcón.	31
(b) Jaca Navarra	32
(c) Pura raza Gallega	33
(d) Pottoka.	35
(e) Losino	37
(f) Mallorquino.	38
(g) Menorquino	39
(h) Marismeño	40
c. Razas autóctonas del continente americano.	41
(1) El Criollo.	41
(a) Morfología del criollo.	43
(b) El criollo venezolano	44
D. EL CABALLO CRIOLLO EN EL ECUADOR.	48
1. Los conquistadores.	48
2. Semblanza del caballo criollo.	48
E. ANALISIS GENETICO	50

1. Fraccionamiento celular.	50
2. Transcripción del ADN.	50
3. Replicación del ADN.	53
a. Enzimas que participan en la replicación	56
(1) ADN polimerasas	56
(2) Otros enzimas que participan en el proceso de replicación	58
(a) Helicasas	58
(b) Topoisomerasas	58
(c) Primasas	59
(d) Proteínas fijadoras de ADN	59
(e) ADN ligasas	59
b. Fases de la replicación	59
(1) Fase de inicio	59
(2) Fase de elongación	60
(3) Fase de terminación	60
c. Replicación en células eucariotas	61
d. Mecanismos de replicación del ADN	62
e. Modelos de replicación propuestos	63
(1) Hipótesis conservativa.	63
(2) Hipótesis Semiconservativa	64
(3) Hipótesis Dispersiva	64
4. Diversidad genética	64
a. Parámetros estadísticos empleados en el estudio de diversidad genética	66
(1) Diversidad genética intra-racial	67
(a) Cálculo de frecuencias alélicas	67
(b) Análisis de Heterocigosis	67
1. Heterocigosis observada	68
2. Diversidad genética o Heterocigosis esperada	68
(c) Contenido de Información Polimórfica (PIC)	69
(d) Desviaciones del Equilibrio Hardy-Weinberg	69
(e) Los estadísticos F de Wright	71
(2) Diversidad genética inter-racial	76
(a) Distancias genéticas	76

(b) Árboles filogenéticos	78
5. Mapas genéticos.	80
6. Marcadores genéticos	83
a. Tipos de marcadores genéticos	85
(1) Marcadores morfológicos	85
(2) Isoenzimas	85
(3) Proteínas de reserva	86
(4) Marcadores moleculares	87
(a) Tipos de marcadores moleculares	90
1. Marcadores basados en el análisis de la proteína	90
a. Análisis isoenzimático	91
b. Electroforesis bidimensional de proteínas	91
(5) Marcadores de ADN	92
(a) RFLPs (Restriction fragment lenght polymorphisms o polimorfismo de fragmentos de restricción de longitud variable)	93
(b) PCR (Polymerase chain reaction oreacción en cadena de la polimerasa)	94
1. RAPDs (Random amplified polymorphic DNA o polimorfismos de ADN amplificados de forma aleatoria)	96
2. AFLPs (Amplified fragment length polymorphisms o polimorfismo de longitud variable amplificada)	98
3. SSLPs (Simple sequence length polymorphisms o polimorfismo de longitud de secuencia simple)	99
4. Minisatélites o VNTRs (Variable number of tandem repeats o número variable de repeticiones por tandem)	100
a. Microsatélites (SSRs Simple Sequence Repeats)	100
b. Razones que justifican el uso de los microsatélites como marcador ideal para el análisis genético de poblaciones.	102
F. ZOMETRÍA EQUINA E INDICES.	104
1. Medidas zoométricas.	105
a. Alzada a la cruz (AC).	105
b. Alzada a la grupa (AP).	105
c. Longitud de la cabeza (LC).	105
d. Anchura de la cabeza (AO).	105
e. Diámetro longitudinal (DL).	105

f. Diámetro dorso-esternal (DD).	106
g. Diámetro bicostal (DBC).	106
h. Longitud de la grupa (LG).	106
i. Anchura de la grupa (AG).	106
j. Perímetro torácico (PT).	106
k. Perímetro de la caña (PC).	106
l. Angulo sacro-coxígeo.	107
2. Índices zoométricos.	107
a. Índice cefálico.	107
3. Índice corporal.	107
4. Índice torácico.	107
5. Índice de la profundidad relativa del pecho.	108
6. Índice metacarpiano.	108
7. Índice pelviano.	108
8. Índice de proporcionalidad	108
9. Peso aproximado	109
G. CROMOHIPOLOGIA	109
1. Pelajes.	109
2. Terminología chacarera sobre el color de los caballos.	110
a. Alazán.	110
b. Bayo.	112
c. Blanco.	113
d. Capulí.	113
e. Castaño.	113
f. Chahuar.	114
g. Chugo.	114
h. Concho.	114
i. Moro.	114
j. Muruhuasho.	114
k. Rosillo.	115
l. Tordillo.	115
H. EDAD DEL CABALLO	115
1. Edad real	116

2. Edad convencional	116
3. Edad aproximada	116
III. MATERIALES Y METODOS	117
A. LOCALIZACION Y DURACION DEL EXPERIMENTO	117
B. UNIDADES EXPERIMENTALES	117
C. MATERIALES Y EQUIPOS.	117
1. De campo.	117
2. De laboratorio	118
D. MEDICIONES EXPERIMENTALES	118
1. Evaluación de los animales.	118
E. ANALISIS ESTADISTICO Y PRUEBAS DE SIGNIFICANCIA	119
1. Análisis estadístico	119
2. Pruebas de significancia	119
F. VARIABLES DE EVALUACION	119
1. Variables zoométricas.	119
2. Indices zoométricos.	120
3. Variables fanerópticas.	120
4. Variables genéticas.	120
G. PROCEDIMIENTO EXPERIMENTAL	120
1. De campo.	120
2. De laboratorio.	121
a. Material Empleado:	121
b. Método:	121
IV. RESULTADOS Y DISCUCION	122
A. CARATERISTICAS DEMOGRAFICAS DE LOS ANIMALES ANALIZADOS	122
1. Edad de los animales analizados	122
2. Población de animales analizados por sexo	122
3. Población de hembras y machos por zonas de estudio	123
B. CARATERISTICAS CUANTITATIVAS	123
1. Variables zoométricas	123
a. Variables zoométricas de la población caballar analizada	123
b. Análisis de las variables zoométricas entre las yeguas y los caballos estudiados.	125

c.	Análisis de las variables zoométricas entre la población caballar de las comunidades de Atillo y Guayllabamba.	128
d.	Análisis de las variables zoométricas de la población caballar de la Comunidad de Atillo	131
e.	Análisis de las variables zoométricas de la población caballar de la Comunidad de Guayllabamba	134
f.	Análisis de la variables zoométricas de las yeguas entre las manadas de las comunidades de Atillo y Guayllabamba	136
g.	Análisis de la variables zoométricas de los caballos entre las manadas de las comunidades de Atillo y Guayllabamba	138
2.	Indices zoométricos	140
a.	Indices zoométricos de la población caballar analizada.	140
b.	Análisis de los índices zoométricos entre las yeguas y los caballos estudiados.	142
c.	Análisis de los índices zoométricos entre la población caballar de las comunidades de Atillo y Guayllabamba.	146
d.	Análisis de los índices zoométricos de la población caballar de la Comunidad de Atillo.	150
e.	Análisis de los índices zoométricos de la población caballar de la Comunidad de Guayllabamba.	154
f.	Análisis de los índices zoométricos de las yeguas entre las manadas de las comunidades de Atillo y Guayllabamba	158
g.	Análisis de los índices zoométricos de los caballos entre las manadas de las comunidades de Atillo y Guayllabamba	160
C.	CARACTERÍSTICAS CUALITATIVAS	162
1.	Color de la capa	162
a.	Color de la capa de la manada	162
2.	Perfiles	166
a.	Perfil cefálico	166
b.	Perfil cervical	166
c.	Perfil dorso lumbar	167
d.	Perfil ventral	167
e.	Perfil ísquio-ilíaco	168
f.	Pigmentación de las pezuñas	169
D.	CARACTERÍSTICAS GENÉTICAS	170
1.	Diversidad genética intra-racial	170

2. Estructura genética	172
3. Diversidad genética inter-racial	174
V. CONCLUSIONES	178
VI. RECOMENDACIONES	180
VII. BIBLIOGRAFIA	181
VIII. ANEXOS	186

RESUMEN

La investigación tuvo como objetivo evaluar morfológica y genéticamente a los equinos (Equus caballus) autóctonos de las comunidades de Atillo y Guayllabamba a fin de estandarizar la raza. Para este efecto, se estudiaron 70 equinos autóctonos (Equus caballus), en los cuales se tomaron 11 medidas zoométrica y se calculó 7 índices zoométricos, utilizando el análisis estadístico descriptivo. Para el análisis genético se seleccionaron 22 animales que se inscribieron dentro del biótipo criollo, a los que se les estudió 25 microsatélites amplificados por PCR, analizándose los fragmentos y la tipificación alélica mediante los software Genescan Analisis 3.1.2 y Genotyper 2.5 respectivamente, en el Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de la empresa Animal Breeding Consulting, S.L. de la Universidad de Córdoba en España. Los índices calculados permitieron clasificar a los equinos de estas zonas como dolicocefalos (47,1%), longilíneos (58,6%), dolictorácicos (57,1%), dolicomorfos (85,7%), con correlación baja (42,9%), mesopélvicos (41,4%) y de proporcionalidad larga (78,6%). La diversidad genética inter-racial presentó una elevada variabilidad alélica en cada microsatélite; la heterocigosis esperada más alta se encontró para el marcador ASB17 con un valor de 0,8837 y la más baja para el TKY344 con un valor de 0,6821; 5 de los 25 marcadores se desvían significativamente del equilibrio Hardy-Weinberg, el coeficiente de consanguinidad (Fis) muestra que el marcador VHL20 detecta un exceso significativo de homocigotos en la población, mientras que los marcadores ASB2 y TKY343 detectan un defecto significativo de homocigotos, presentando una elevada diversidad genética intra-racial, observándose que la raza no se desvía significativamente del equilibrio de Hardy-Weinberg. Concluyéndose que la estructura y diversidad genética inter-racial se encuentran en el mismo cluster del caballo Marismeño y del Pura Raza Gallega. Por lo anteriormente expuesto se recomienda realizar más investigaciones similares para establecer los estándares raciales y ampliar la variabilidad genética dentro de esta raza.

SUMMARY

The investigation was to evaluate the morphological and genetically autochthonous equines (Equus caballus) from Atillo and Guayllabamba communities, to standardize the breed. For this purpose, 70 autochthonous horses (Equus caballus), were studied, 11 zoometric measures were taken 7 zoometrics indexes were calculated by using the descriptive-statistical analysis. For the genetic analysis, 22 animals were selected and entered in the creole biotype, they were studied in 25 microsatellites amplified by PCR, and the fragments and allelic typification were analyzed by means of Genescan Analysis 3.1.2 software and Genotyper 2.5, respectively, at the laboratory of Molecular Genetics Applied Animal Breeding Company Consulting, SL, of the University of Cordova in Spain. The calculates indexes allowed to classify horses at the area, such as: dolichocephals (47,1%) longilineal (58,6%), dolicothoracics (57,1%), dolicomorphs (85,7%), low correlation (42,9%), mesopelvics (41,4%) and long proportional (78,6%), The inter-breed genetic diversity presented high allelic variability at each microsatellite, the higher expected heterozygosity was found in the marker ASB17 a value of 0,8837 and lowest for TKY344 with a value of 0,6821; 5 from the 25 markers became significantly diverted from Hardy-Weinberg equilibrium, the inbreeding coefficient (Fis) showed that marker VHL20 detects significant excess of homozygotes in the population, while the marks ASB2 and TKY343 detect a significant defect of homozygotes, showed a high intra-breed genetical diversity, observing that the breed did not divert from Hardy-Weinberg equilibrium. It is concluded that structure and inter-breed genetic diversity are at the same cluster of Marismeño horse and Gallego Pure Breed. Further investigations are recommended to establish standards breed and expand the genetic variability within this breed.

LISTA DE CUADROS

	Pág.
CUADRO 1. CLASIFICACION DE LOS PELAJES SIMPLES	111
CUADRO 2. CLASIFICACION DE LOS PELAJES COMPUESTOS	112
CUADRO 3. VARIABLES ZOOMETRICAS DE LA POBLACION CABALLAR ANALIZADA	124
CUADRO 4. ANALISIS COMPARATIVO DE LAS VARIABLES ZOOMETRICAS ENTRE LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS ESTUDIADOS	127
CUADRO 5. ANALISIS COMPARATIVO DE LAS VARIABLES ZOOMETRICAS ENTRE LAS MANADAS DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA	130
CUADRO 6. ANALISIS COMPARATIVO DE LAS VARIABLES ZOOMETRICAS ENTRE LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS DE LA MANADA DE LA COMUNIDADE DE ATILLO	133
CUADRO 7. ANALISIS COMPARATIVO DE LAS VARIABLES ZOOMETRICAS ENTRE LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS DE LA MANADA DE LA COMUNIDAD DE GUAYLLABAMBA	135
CUADRO 8. ANALISIS COMPARATIVO DE LAS VARIABLES ZOOMETRICAS ENTRE LAS YEGUAS DE LAS MANADAS DE LAS COMUNIDADES DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA	137
CUADRO 9. ANALISIS COMPARATIVO DE LAS VARIABLES ZOOMETRICAS ENTRE LOS CABALLOS DE LAS MANADAS DE LAS COMUNIDADES DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA	139
CUADRO 10. INDICES ZOOMETRICOS DE LA POBLACION CABALLAR ANALIZADA	140
CUADRO 11. FRECUENCIA DE LOS INDICES ZOOMETRICOS DE LA POBLACION CABALLAR ANALIZADA	141
CUADRO 12. ANALISIS COMPARATIVO DE LOS INDICES ZOOMETRICOS ENTRE LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS ESTUDIADOS	143
CUADRO 13. FRECUENCIAS DE LOS INDICES ZOOMETRICOS DE LAS YEGUAS Y CABALLOS ESTUDIADOS	145

CUADRO 14. FRECUENCIA DE LOS PESOS APROXIMADOS CALCULADOS PARA LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS ESTUDIADOS	146
CUADRO 15. ANALISIS COMPARATIVO DE LOS INDICES ZOOMETRICOS ENTRE LAS MANADAS DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA	147
CUADRO 16. FRECUENCIAS DE LOS INDICES ZOOMETRICOS DE LAS MANADAS DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA	149
CUADRO 17. FRECUENCIA DE LOS PESOS APROXIMADOS CALCULADOS PARA LAS MANADAS DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA	150
CUADRO 18. ANALISIS COMPARATIVO DE LOS INDICES ZOOMETRICOS ENTRE LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS DE LA MANADA DE LA COMUNIDAD DE ATILLO	151
CUADRO 19. FRECUENCIAS DE LOS INDICES ZOOMETRICOS DE LAS YEGUAS Y CABALLOS DE LA MANADA DE ATILLO	153
CUADRO 20. FRECUENCIA DE LOS PESOS APROXIMADOS CALCULADOS PARA LAS YEGUAS Y CABALLOS DE LA MANADA DE ATILLO	154
CUADRO 21. ANALISIS COMPARATIVO DE LOS INDICES ZOOMETRICOS ENTRE LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS DE LA MANADA DE LA COMUNIDAD DE GUAYLLABAMBA	155
CUADRO 22. FRECUENCIAS DE LOS INDICES ZOOMETRICOS DE LAS YEGUAS Y CABALLOS DE LA MANADA DE GUAYLLABAMBA	157
CUADRO 23. FRECUENCIA DE LOS PESOS APROXIMADOS CALCULADOS PARA LAS YEGUAS Y CABALLOS DE LA MANADA DE GUAYLLABAMBA	158
CUADRO 24. ANALISIS COMPARATIVO DE LOS INDICES ZOOMETRICOS ENTRE LAS YEGUAS DE LAS MANADAS DE LAS COMUNIDADES DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA	159
CUADRO 25. ANALISIS COMPARATIVO DE LOS INDICES ZOOMETRICOS ENTRE LOS CABALLOS DE LAS MANADAS DE LAS COMUNIDADES DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA	161

CUADRO 26. MICROSATELITES ANALIZADOS	171
CUADRO 27. DISTANCIAS GENETICAS D_A DE NEI ENTRE SIETE RAZAS EQUINAS	177

LISTA DE GRAFICOS

	Pág.
Gráfico 1. Composición de la población según el sexo	122
Gráfico 2. Población de animales analizados por zonas de estudio y sexo	123
Gráfico 3. Distribución de los colores de la capa de los animales analizados	163
Gráfico 4. Distribución del color de la capa según el sexo de las manadas estudiadas	164
Gráfico 5. Distribución del color de la capa según el lugar de estudio de cada manada	165
Gráfico 6. Distribución del perfil cefálico en las manadas estudiadas	166
Gráfico 7. Distribución de la población según el perfil dorsolumbar	167
Gráfico 8. Distribución de la población según el perfil ventral	168
Gráfico 9. Distribución de la población según el perfil isquio-ilíaco	169
Gráfico 10. Distribución de la población según la pigmentación de las pezuñas	170
Gráfico 11. Resultado del análisis de estructura genética	173
Gráfico 12. Resultado del análisis Factorial de Correspondencia	175
Gráfico 13. Dendograma construido con las distancias D_A y el algoritmo de Neighbor-Joining entre 7 razas equinas	176

LISTA DE ANEXOS

	Pág.
Anexo 1. Cronometría dental de los equinos	186
Anexo 2. Registro individual de los animales	187
Anexo 3. Medidas zoométricas de las yeguas de la Comunidad de Atillo	189
Anexo 4. Medidas zoométricas de las yeguas de la Comunidad de Guayllabamba	190
Anexo 5. Medidas zoométricas de los caballos de la Comunidad de Atillo	191
Anexo 6. Medidas zoométricas de los caballos de la Comunidad de Guayllabamba	191
Anexo 7. Medidas zoométricas de los caballos criollos venezolanos	192
Anexo 8. Identificación de laboratorio para el análisis genético de los animales seleccionados	193
Anexo 9. Microsatélites analizados, secuencia de los primers directo y reverso, rango de tamaños en pares de bases (bp) y referencias bibliográficas	194
Anexo 10. Alelos encontrados en los marcadores genéticos utilizados en los miembros seleccionados de la manada de la Comunidad de Atillo	197
Anexo 11. Alelos encontrados en los marcadores genéticos utilizados en los miembros seleccionados de la manada de la Comunidad de Guayllabamba	198

I. INTRODUCCIÓN

Los equinos en el Ecuador, son utilizados como animales de trabajo, deporte y recreación. Nuestra cultura ecuestre se desarrolló como una herramienta de trabajo para poder movilizarse entre diferentes ciudades y arrear principalmente ganado ovino y vacuno disperso en las grandes extensiones de tierra y en los páramos, he aquí la utilidad zotécnica de este animal dentro de nuestro medio.

Con lo expresado anteriormente, vale la pena recalcar que en estos tiempos modernos, con los avances tecnológicos en el sector agropecuario, casi se ha eliminado la utilización del caballo como herramienta de trabajo, sin embargo, la topografía de nuestro país exige todavía la utilización de este noble animal. Los caballos que se utilizan para trabajo son resultado de varios mestizajes indeterminados resultando animales con una morfología muy variada.

El caballo criollo fue abandonado en los páramos debido al auge que tuvieron otras razas importadas, sin negar que estos también se cruzaron con nuestros animales criollos, y en algunos casos se obtuvieron magníficos resultados. Estos mestizajes no han sido definidos para poder formar una raza estandarizada en el Ecuador, por esto debemos aprovechar el potencial genético y fenotípico del caballo criollo que se adaptó a nuestro medio a lo largo de 450 años, pero el abandono en el páramo ha generado ciertos problemas dentro de la raza como animales más pequeños con alta consanguinidad y baja condición corporal.

Tratar que estos estándares raciales se asemejen al concepto de un buen caballo criollo como el caso del caballo Criollo Argentino y otros ejemplos en Sudamérica, que poseen caracteres raciales como: macizo, de alzada entre 1,42m y 1,52m y algunos retienen el paso de andadura de los antiguos caballos españoles. Esta raza es de las más duras, sanas, adaptables y resistentes del mundo y es capaz de soportar pesadas cargas sobre su dorso y atravesar enormes distancias por terrenos difíciles; las severas condiciones climáticas y la insuficiencia alimenticia aseguran una resistencia constitucional y una capacidad de supervivencia sin igual en circunstancias casi imposibles.

En la actualidad, muchos criadores de caballos se han dedicado a explotar otras razas que son morfológicamente diferentes a los caballos criollos que existen en los páramos de los Andes del Ecuador, para diversas actividades tanto de campo como deportivas.

Con lo anteriormente indicado, es muy importante rescatar y conservar esta raza de caballo, exponer sus parámetros morfológicos con el apoyo de la zoometría y considerar los patrones que se pueden mejorar para obtener un animal de calidad y apto tanto para el trabajo de campo, como para el deporte, confirmándose por medio de las técnicas del análisis de microsátélites, su grado de pureza en relación a otras razas autóctonas españolas. Esto permitirá crear posteriormente un estándar de selección que puede ser utilizado por los criadores para cruzar con animales de otras razas y aumentar el vigor híbrido creando nuevas razas.

Con los estándares fundamentados, se podrá formar una asociación de criadores de caballos autóctonos, que a más de cumplir con su función de salvaguardar la genealogía de estos animales, permitirá que estos tengan un valor agregado por su genética y los servicios que estos animales pueden prestar. Su entorno no se verá afectado ya que se encuentra plenamente adaptado, siendo actualmente parte del páramo. Por lo tanto esta investigación nace en la necesidad de conservar las características raciales de los caballos autóctonos presentes en los lugares en estudio, sin alterar su genética, promocionando sus cualidades morfofuncionales para este tipo de pisos climáticos.

SICA (2002), manifiesta que en Ecuador existen 375.760 cabezas de ganado caballar, ocupando la Región Sierra el primer lugar con 50,3%, seguida de la Región Costa con 34,1%. La Provincia de Chimborazo ocupa el quinto lugar, representada con 9,4% en la Región Sierra y el noveno lugar a nivel nacional, con 4,7%. Con todo lo mencionado anteriormente, los objetivos propuestos para realizar la presente investigación son los siguientes:

1. Valorar morfológicamente al caballo autóctono en los cantones Chambo y Guamote en la Provincia de Chimborazo
2. Valorar genéticamente al caballo autóctono en los cantones Chambo y Guamote en la Provincia de Chimborazo

II. REVISIÓN DE LITERATURA.

A. ANTECEDENTES

La conquista de América, marcó un gran cambio en las culturas americanas, por lo que los conquistadores españoles trajeron consigo costumbres, armas, enfermedades y también animales que formaron las razas criollas existentes actualmente en todo el continente americano. Siendo así que los primeros caballos que se introdujeron en nuestras costas fueron procedentes de Centro América, donde existían remontas que servían para abastecer todas las guarniciones y expediciones españolas. Andrade L. (1992).

Andrade, L. (1992) y Corral, F. (1993), manifiestan que datan del año de 1.531, traídos por Francisco Pizarro unos cuarenta caballos procedentes de Panamá, los mismos que eran originarios de la raza Berebere, que fueron capturados durante la conquista de los últimos reinos moros en la península Ibérica, criados y mezclados con caballos de razas nativas de España, y estos son los quienes dieron origen al caballo criollo en América. Los mismos que se reprodujeron exitosamente en Ecuador y Perú, por lo que en el siglo XVI, se consideraban que estos animales eran muy buenos como los de España y que incluso algunos ejemplares debían regresar a España

B. CARACTERÍSTICAS EXTERNAS DEL CABALLO.

1. Exterior del caballo.

Se entiende por exterior de un animal el conjunto de caracteres que presenta a la vista. Estos caracteres externos tiene en el caballo mayor importancia que en los animales de cualquier otra especie, pues su crianza es dirigida bajo dos puntos de vista igualmente básicos: el rendimiento en el trabajo exigido y la belleza estética (Muller, R. 1954).

a. Belleza.

Es en zootecnia sinónimo de bondad. Es así que una región del animal es bella cuando es capaz de producir un trabajo fisiológico por lo menos normal, sin embargo se puede dar a la belleza distintas interpretaciones:

(1) Funcional.

Cuando existe estrecha correlación entre el sistema nervioso que manda y el sistema locomotor que obedece.

(2) Estética.

Cuando el animal se halla con los miembros proporcionados y todo en él es estético.

(3) Absoluta.

Se considera aplicable a todas las razas, todas las edades y todos los servicios.

(4) Relativa.

Cuando resulta ventajosa en ciertos casos y determinados servicios.

b. Defecto.

Es término opuesto a la belleza; es así que una región es defectuosa cuando presenta una imperfección física o una conformación anatómica poco deseable. El defecto puede ser:

(1) De orden funcional.

Andares defectuosos, etc.

(2) De orden moral o vicio.

Reprovio, hanoridad, tiradores de apoyo, mordedores, coceadores, etc.

(3) Absolutos.

Cuando son perjudiciales en todos los casos (aplomos irregulares).

(4) Relativos.

Cuando son perjudiciales en determinadas circunstancias (el garrón sentado es defecto en animales de velocidad pero no tiene importancia en los animales de tiro).

(5) Congénitos.

Cuando aparecen al nacer el animal o a los pocos días de nacido (luxación de la rótula, hernia, etc.).

(6) Adquiridos.

Cuando aparecen en el transcurso de la vida del animal (miembros arqueados, vicochera, etc.).

(7) Tara.

Implica un fenómeno patológico (osteitis, sinovitis, etc.), también toda aquella alteración resultante de un accidente anterior o posterior al parto. Además se les llama taras a las cicatrices accidentales o provocadas por curaciones u operaciones; estas pueden carecer de pelos o tenerlos y en este caso son blancos por faltarles pigmento (Muller, R. 1954).

2. Estudio de las regiones del exterior del caballo.

Podemos considerar al cuerpo del caballo, para su estudio, dividido en cuatro partes principales:

a. Cabeza.

La forma de la cabeza del caballo podemos compararla a la de una pirámide cuadrangular truncada. En consecuencia presenta seis caras:

(1) Cara anterior.

Presenta la frente, la cara o dorso de la nariz y el hocico o extremo de la nariz.

(2) Cara posterior.

Presenta la quijada, la fauce y la barbada.

(3) Caras laterales.

Las caras laterales son dos: una derecha y una izquierda que presentan a ambos lados las orejas, las sienes, las cuencas, los ojos, los carrillos y los ollares.

(4) Extremidad posterior de la cabeza.

Presenta la nuca, las parótidas y la garganta.

(5) Extremidad inferior de la cabeza.

Presenta la boca y dentro de esta, podemos encontrar los asientos o barras, la lengua, el paladar, los dientes y los labios.

(6) Perfiles de la cabeza.

Para la determinación del perfil del caballo es importante observar el perfil fronto-nasal que es el que determina la forma de la cabeza, por lo que tenemos los siguientes tipos de perfiles:

(a) Perfil rectilíneo o cabeza cuadrada.

La Asociación Argentina de Fomento Equino (1971), manifiesta que es aquella cuya frente y cara son derechas, las quijadas separadas y las narices amplias y perfectamente abiertas.

(b) Perfil cóncavo o cabeza roma.

Es la que presenta una depresión a nivel de la frente y de la cara.

(c) Perfil convexo o cabeza arqueada o acarnerada.

Es cuando la cara y parte anterior de la cabeza, presentan forma convexa o encorvada de arriba abajo.

(7) Dimensiones de la cabeza.

El largo de la cabeza se mide desde la parte más elevada de la nuca hasta la

punta del hocico y el ancho se mide transversalmente a la altura de los ojos. Estas dimensiones se toman con compases de espesor.

Largo de la cabeza = 40% de la alzada (está contenido 2,5 veces la alzada).

Ancho de la cabeza = 20% de la alzada (1/3 de la longitud de la cabeza).

Separación de la frente y quijada = 50% del largo de la cabeza.

La cabeza larga siempre es pesada.

La cabeza es gruesa cuando su volumen depende del esqueleto craneal.

La cabeza grasa cuando es abundante en tejido conectivo adiposo subcutáneo.

La cabeza corta y liviana es belleza buscada en el caballo de carrera y de lujo.

La cabeza seca es de piel delgada, ojos poco salientes, labios finos y ollares anchos, sin que este conjunto denote flacura.

La cabeza descarnada es cuando su sequedad es el resultado de músculos atrofiados.

b. Cuello.

Se lo denomina también cogote o pescuezo, es la región que se une paralelamente a la cabeza y por detrás a la cruz, espaldas y pecho. Es el organismo equilibrador del animal, en efecto, ya sea al correr, trotar, cocear y retroceder, el animal alarga el cuello y la cabeza para aminorar peso.

Su base anatómica está constituida por la serie completa de vértebras cervicales rodeadas de sus músculos y ligamentos propios que van desde la cabeza hasta el término del cuello. El todo está rodeada por una piel delgada sobre las partes inferiores y laterales del cuello y espesa al nivel de su borde superior, donde lleva las crines, cuyo conjunto forman la crinera; el cuello es aplastado a los dos lados, de modo que posee dos caras (izquierda y derecha) y dos bordes (superior e inferior) (Muller, R. 1954).

(1) Tipos y direcciones del cuello.

La forma del cuello resulta de la dirección de sus bordes, por lo que tenemos:

(a) Recto, derecha o piramidal.

Sus bordes son derechos y convergentes, presentando una dirección oblicua en unos 45° , estas dos cualidades permiten desempeñar en el animal todos los servicios, ya que la cabeza está bien sostenida o dirigida.

(b) Horizontal.

La cabeza contrapesa mucho en el extremo del pescuezo, es común ver este defecto en caballos de escasas energías, de razas comunes y gastados o cansados.

(c) Vertical.

Se considera belleza que es muy conveniente en animales de andares elegantes y acompasados.

(d) Arqueado o de gallo.

Presenta el borde superior convexo en toda su extensión, es preferido para los coches de lujo.

(e) De cisne.

Este pescuezo tiene la convexidad únicamente en la parte superior e inferior, es buscado para tirar los coches de lujo.

(f) De ciervo.

El cuello en este caso es ligeramente cóncavo en su borde superior, es propio de los caballos con andares muy rápidos.

(g) Caído.

Pescuezo cuyo borde superior o cerviz, se vuelca caprichosamente a cada lado, es una deformación que afea en alto grado al animal, generalmente se ve en padrillos viejos con crin muy espesa (Asociación Argentina de Fomento Equino 1971).

(2) Medidas del cuello.

La longitud del cuello en su borde superior se mide desde el occipital a la cruz y del borde inferior del pecho a la garganta. Como longitud ideal, el borde superior debe corresponder a la longitud de la cabeza y el borde inferior a 5/6 de la cabeza (Muller, R. 1954).

c. Tronco.

Es la parte más voluminosa y notable del cuerpo, a la que se hallan unidas todas las demás. En ella residen los órganos esenciales del mayor número de aparatos, siendo de grandísimo Interés el estudio de sus formas externas, a causa de que estas suelen indicar con bastante exactitud el estado, disposición y desarrollo de los mencionados órganos, que tan decisivo influjo ejercen sobre las buenas o malas cualidades de los animales (De la Villa y Martín, 1885).

(1) Regiones de la cara superior del tronco.**(a) La cruz.**

Es la región impar ubicada entre el cuello y el dorso, con dos planos inclinados

que se confunden con la parte superior de las espaldas. Su base anatómica está constituida por las apófisis espinosas de las 6 a 9 vértebras dorsales y lateralmente los cartílagos escapulares (Muller, R. 1954).

La alzada de un equino se mide desde el punto más alto de la cruz hasta el suelo (Ensminger, M. 1975).

(b) El dorso y el lomo.

El dorso es la continuación de la cruz y a sus costados se encuentran las costillas; su base anatómica son las vértebras dorsales desde la 7ma a la 14va. El lomo es la continuación del dorso y a sus costados se encuentran los flancos, tiene como base anatómica las vértebras lumbares con sus apófisis transversales. El lomo junto al dorso son en su conjunto los que transmiten los movimientos a la parte anterior (Muller, R. 1954).

1. Tipos dorso-lumbares.

a. Dorso de mula.

De forma convexa, se considera defectuoso, este hace aumentar la resistencia del arco dorso-lumbar, pero hace disminuir la elasticidad; también estos animales son más cortos y andares menos alargados.

b. Ensillado o sillón.

De forma cóncava, se considera defectuoso, los animales con este dorso son de andar más blando, pero de malos aplomos y pierden fuerza en los garrones al momento de propulsión.

(c) La grupa.

Anatómicamente no constituye una parte del tronco, sino de los miembros

posteriores. Es la continuación del lomo y limita adelante por una línea transversal que reúne las dos ancas; detrás por la cola y las puntas de las dos nalgas; y a cada lado por una línea que parte del anca y concluye en la punta de la nalga (línea de grupa).

Su base anatómica está constituida por el sacro que pertenece al tronco y los dos coxales que pertenecen a los miembros posteriores. Su misión es la de centro de impulsión y agente de transmisión.

La forma de la grupa desde arriba es de un trapecio cuyos lados paralelos se dirigen transversalmente rodeando uno las ancas y el otro las puntas de nalgas.

1. Medidas de la grupa.

La dimensión de su longitud se toma desde la punta de anca a la punta de nalga. La belleza absoluta consistiría en que el largo fuera una cabeza y el ancho de las dos puntas de anca fuese igual a la longitud de la grupa, pero esto raramente ocurre (Muller, R. 1954).

2. Tipos de grupa.

La dirección de la grupa está determinada por la línea que une la punta del anca a la punta de la nalga y no por el perfil superior. La grupa horizontal no existe, aunque puede ser más o menos oblicua; esta oblicuidad varía entre 12° y 55° sobre la horizontal y de acuerdo a su grado de caída se denomina horizontal de 12° a 25° , hasta 35° se denomina inclinada y baja más de 45° .

Cuanto más horizontal, existe más predisposición para la velocidad y si es algo inclinada habrá más predisposición para el tiro pesado y salto de obstáculos en altura, aunque una inclinación excesiva es tan perjudicial para la velocidad y la fuerza (Muller, R. 1954).

(d) Las ancas.

Son denominadas caderas o puntas de anca, se destacan como eminencias entre el flanco, la grupa, el lomo y el muslo. Su base ósea está constituida por una tuberosidad coxal. Se exige como condición de belleza que estén bien apartadas (Muller, R. 1954).

(2) Regiones de la extremidad anterior del tronco.

(a) El pecho.

Limita arriba con el cuello y abajo con las interaxilas; a los costados con las espaldas, encuentros y las dos puntas de espalda (escapo-humerales). Su base anatómica es la saliente del esternón y las dos primeras costillas que se hallan cubiertas por los músculos pectorales.

Como condición de belleza se exige que sea suficientemente largo, bien musculado y poco saliente.

1. Medidas del pecho.

Su amplitud se mide en la altura desde el punto de inserción del cuello hasta las interaxilas; la anchura equivale al diámetro horizontal que se toma desde los encuentros.

2. Tipos de pecho.

El pecho saliente es considerado como pecho de paloma y también es defectuoso el estrecho y el hundido (Muller, R. 1954).

(b) Las axilas.

Separan al pecho del antebrazo, corresponden al punto de unión del tronco con la cara interna de los miembros anteriores.

(c) Las interaxilas.

Es el espacio comprendido entre las axilas, limitando adelante con el pecho y detrás con la cinchera. Su base anatómica es el esternón y los muslos que lo cubren.

(3) Regiones de la cara inferior del tronco.**a. Cinchera.**

Está ubicada por detrás de los miembros anteriores, limitando además con las axilas e interaxilas, y detrás con el vientre. Su base anatómica es el esternón y las costillas.

b. Vientre.

Limita adelante con la cinchera, detrás con la ingle y o bragada y los órganos genitales y lateralmente adelante con las costillas y detrás con los ijares. Sus paredes extensibles están formadas por el conjunto de músculos abdominales recubiertos superficialmente por la túnica superficial muy elástica.

En su parte media la recorre de adelante hacia atrás, la línea blanca, que es la unión de la aponeurosis de los músculos abdominales, que en su tercio posterior es interrumpida por la cicatriz umbilical.

1. Tipos de vientre.**a. Vientre de galgo.**

Es un vientre falto de volumen, el vientre de galgo es buscado en el caballo de carreras, en el que se provoca un régimen alimenticio substancial y concentrado en un volumen reducido.

b. Vientre de vaca.

Se considera al vientre voluminoso, el mismo que aparece en animales alimentados con pastos groseros, pajosos y en las yeguas en gestación, en las que no llega a desaparecer después del parto (Muller, R. 1954).

(4) Regiones de la extremidad posterior del tronco.

a. La cola.

Su base esquelética son las vértebras coxígeas en número de 17 a 20 y que están rodeadas de los músculos sacro coxígeos inferiores, laterales y superiores, sostenidos en una vaina aponeurótica y por último en una piel muy espesa sobre las que están implantadas las crines sobre su parte superior y cara lateral, semejante a las de la crinera. Como condición de belleza se busca que el tronco de la cola sea corto, espeso en la base, de inserción alta, bien suelto y llevado durante la marcha (Muller, R. 1954).

1. Tipos de cola.

La dirección de la cola está relacionada con la dirección de la grupa; es así que cuando la grupa es horizontal se presenta levantada, y baja en caso contrario.

a. En trompa.

Cuando el tronco de la cola es encorvado hacia arriba.

b. De ratón.

Cuando presenta pocas crines (Muller, R. 1954).

(5) Regiones de las caras laterales del cuerpo.

a. Los costillares.

Esta región doble limita hacia delante con la espalda, atrás con el flanco, arriba con el dorso y debajo con la cinchera y el vientre. Su base anatómica son las costillas que no están cubiertas por la espalda, es decir las doce o trece últimas. Se buscan los costillares convexos, largos y extendidos hacia atrás.

b. Flancos e ijares.

Están limitados cada uno por la última costilla por delante, detrás por el anca, arriba por el lomo y debajo por el vientre y la ingle. Se buscan flancos que sean cortos, llenos y de movimientos normales. Su brevedad resulta de la incrustación hacia atrás del costillar, las dimensiones reducidas de los lomos y de la mediana inclinación de la grupa. Un flanco corto, siempre será lleno.

Los movimientos del flanco deben ser lentos, regulares y suficientemente espaciados. En reposo, el número de respiraciones es, normalmente de 9 a 10 por minuto y por el trabajo aumentan de 20 a más de 80 dependiendo de la naturaleza del trabajo ejecutado y grado de entrenamiento del caballo. Cuando la respiración calma al poco tiempo de reposar el animal, se dice que tiene fondo o que está bien entrenado; cuando se mantiene acelerada largo rato se dice que es corto de alientos o que es soplador.

c. El tórax.

Tiene su base esquelética en la caja torácica, que comprende el cuerpo transversal dorsal, las costillas y el esternón, esta caja es obliterada hacia atrás por el diafragma, que separa el tórax de la caja abdominal. Encierra el corazón y los pulmones, motivo por el cual se busca una caja torácica vasta, amplia, para que estas vísceras esenciales de la circulación y respiración tengan el mayor volumen que sea posible (Muller, R. 1954).

(6) Regiones de las extremidades.

Si bien entre las cuatro extremidades hay una estrecha relación hasta el punto de ser un complemento imprescindible de la otra como elemento de transporte, sostén y amortiguación del tronco, sus funciones no son iguales, pues se hallan repartidas entre el tren anterior y el posterior.

a. Los miembros anteriores.

Se lo llama también el tren delantero, que se encuentra más cerca del centro de gravedad y está constituido por las manos, actúa como principal agente de sostén y amortiguación (Muller, R. 1954).

1. La espalda.

Ocupa la región comprendida entre la cruz y los encuentros, limitando hacia adelante con el cuello, arriba con la cruz, atrás con el costillar, y en la parte inferior con el brazo. Su base ósea es la escápula recubierta de sus músculos propios.

a. Medidas de la espalda.

La longitud de la espalda no debe ser mayor que la del conjunto dorso lomo; esta longitud se mide desde la punta de la cruz al encuentro, puede llegar a tener en los buenos ejemplares una cabeza, aunque normalmente tiene 5/6 de cabeza; esta longitud está condicionada a su inclinación, es decir que cuanto más vertical, será más corta y cuanto más oblicua, será más larga.

El ángulo que forma con la horizontal varía de 45° a 60°; el ángulo de 60° corresponde al caballo de carrera (Muller, R. 1954).

2. El brazo.

La región comprende desde el encuentro (articulación escapo-humeral) hasta

el codo. Su base anatómica es el húmero rodeado de gruesos músculos. La dirección debe ser paralela al plano mediano del cuerpo, pues de lo contrario los codos serán desviados hacia adentro o hacia fuera con la consiguiente desviación de los miembros.

3. El codo.

Está ubicado entre el brazo y el antebrazo, inmediatamente adelante y al costado de la cinchera. Su base ósea es el olécrano que recibe la inserción de potentes músculos. Debe ser largo, bien dirigido y de una inserción alta.

4. El antebrazo.

Limita arriba con el brazo y con el codo y abajo con la rodilla. Su base anatómica está constituida por el radio y el cubito rodeados de músculos. En el tercio interior de su cara interna posee el espejuelo, denominado también callo o catinga considerado el vestigio cutáneo del pulgar extinguido de la especie.

5. La rodilla.

Limita arriba con la epífisis distal del radio y abajo con la epífisis proximal del metacarpiano, es decir que su ubicación está entre el antebrazo y la caña. Su base esquelética es el carpo articulado con el radio y los metacarpianos principales y rudimentarios.

6. Las cañas.

Es región común a las extremidades posteriores como anteriores. Sus límites son hacia arriba la rodilla o el garrón (En el miembro posterior) y hacia abajo el nudo. Las cañas de los miembros anteriores tienen como base esquelética los tres metacarpianos, que en el animal adulto se presentan soldados.

Como condiciones de belleza las cañas deben tener una buena dirección: ser

cortas, espesas, anchas y secas. En lo que respecta a la dirección, vista de frente o de perfil, debe seguir la línea del antebrazo. De perfil, la dirección deberá ser comparada con la horizontal ligeramente inclinada hacia atrás, y vista de frente se destacarán desde el medio de la rodilla para dirigirse verticalmente hacia el suelo.

7. El nudo.

Es la región que sigue debajo de las cañas y arriba de las cuartillas. Su base anatómica está constituida por la articulación metacarpo falangiana completada por los dos sesamoideos. El nudo es región muy importante, por allí se desvía el eje principal de los remos, donde el peso del cuerpo tiende a cerrar este ángulo articular, impidiéndolo los tendones flexores y suspensor del nudo.

En su ubicación forma un ángulo cuya abertura determina su distancia al suelo; cuando esta abertura es de 60° las reacciones son muy duras; la abertura ideal sería de 141° a 148° . Su papel principal es de amortiguador de los andares. En la parte posterior del nudo se encuentra la ranilla o cerneja, que viene a representar el vestigio cutáneo del quinto dedo extinguido en la especie.

8. La cuartilla.

Es la continuación del nudo y concluye en la corona que circunscribe el casco. Su base anatómica está constituida por la primera falange, el extensor del flexor profundo y el flexor profundo. Su forma, comparada a la de las regiones limítrofes, es estrangulada; vista de frente es algo cóncava, salvo sus dos costados; vista de perfil se presenta derecha por delante y por detrás se destaca un pliegue (pliegue de la cuartilla que se dirige hacia la corona).

9. La corona.

Es la parte de la cuartilla que rodea el casco. Su base anatómica es la mitad superior de la segunda falange situada hacia fuera de su caja córnea, que es el

casco. Observada de frente aparece un relieve sobre la cuartilla y apenas sobre el casco; observada de perfil es algo convexa hacia delante y forma una saliente hacia atrás a continuación de la cuartilla.

10. El casco.

Se entiende por casco o pie a la parte terminal de cada miembro locomotor que apoya en el suelo soportando el peso del cuerpo y que se halla recubierta por una capa cornea.

b. Los miembros posteriores.

Es conocido también como tren trasero, está constituido por las patas, es esencialmente propulsor y su acción es muy limitada en lo que respecta al sostén del tronco y su amortiguación (Muller, R. 1954).

1. El muslo.

El muslo ocupa la región comprendida desde la articulación coxo-femoral hasta la babilla. Sus límites son arriba la grupa y la cadera, abajo la babilla y la pierna, anteriormente por el flanco y posteriormente por la nalga. Su base anatómica es el fémur rodeado por una musculatura muy abundante que interviene directamente en el movimiento de la pierna.

Presenta una cara externa lisa y redondeada y otra interna también llamada bragada que es plana, lisa y cubierta de pelos largos y delgados.

a. Medidas del muslo.

El largo del fémur entraña en el de los músculos cuya amplitud de contracción es por consiguiente aumentada. Su longitud no puede ser tomada exactamente, pues la punta inferior del fémur está bien determinada por la babilla mientras que la punta superior corresponde a la articulación coxo-femoral que solo puede

distinguirse en los animales flacos o muy viejos, por estar recubiertas de masas musculares; se acepta que la longitud debe ser de 5/6 de la cabeza.

b. Dirección del muslo.

Se determina trazando una línea que pase por la cadera, babilla y punta de la nalga. Habrá una buena dirección cuando la babilla quede equidistante de la cadera y punta de nalga (Muller, R. 1954).

2. La nalga.

Esta región abarca la región posterior del muslo comenzando por la punta de la nalga y termina en el pliegue de la nalga; su base anatómica son los músculos isquio-tibiales. Deben ser largas, espesas y secas, y con su punta saliente, cuando son más largas se dice bien descendidas y en el caso contrario se dice cortas o redondas; la sequedad de la región es el índice de una gran densidad de músculos, es espesa cuando los músculos están bien desarrollados.

3. La babilla.

Está situada en el límite del muslo con la pierna. Su base anatómica está constituida por la rótula o sea la articulación fémoro-tibio-rotular en su parte saliente, que se articula con las caras anteriores de los extremos inferior del fémur y superior de la tibia.

Cuando la babilla está bien situada se halla a cierta distancia del vientre y un poco hacia fuera; situada muy adelante, muy alta o muy atrás, influye dirección en todo desfavorablemente en los andares, por cuanto entrañan una desviación en el miembro.

4. La pierna.

A continuación del muslo está la pierna que llega hasta el garrón. Su base

esquelética es la tibia y el peroné, rodeados de músculos a excepción del lado interno en el que la tibia se pone en contacto directo con la piel. Sus movimientos de extensión y flexión están determinados por los músculos triceps crural y semitendinoso respectivamente. Como condición de belleza se buscan piernas largas, anchas, bien musculadas y bien dirigidas.

a. Medida y dirección de la pierna.

El largo se mide desde el pliegue de la babilla al centro de la articulación tibio astrágalo y representan unos 5/6 de la longitud de la cabeza. El ancho se mide de adelante hacia atrás al nivel de la parte más gruesa de los músculos flexores del metatarso y extensores de las falanges.

La dirección de la pierna está en relación con la de la grupa, es decir, que ante una grupa horizontal habrá piernas bien verticales al suelo, mientras que con grupas oblicuas el ángulo fémoro-tibial se hallará más cerrado y las piernas más oblicuas (Muller, R. 1954).

5. El tarso o garrón.

Se hallan situados en el vértice del ángulo formado por la unión de la pierna con la caña. Su base ósea está constituida por las articulaciones tibio-tarsiana, Inter-tarsiana y tarso-metatarsiana.

Su forma se acerca a la piramidal, presenta tres caras y tres bordes: la cara anterior que comienza al nivel del pliegue del garrón y termina en la caña, es apenas convexa en todo sentido; la cara externa es convexa en su mitad anterior, hacia atrás es cóncava y forma el canal del garrón; la cara interna es muy parecida a la externa. Los bordes laterales marcan el límite entre la cara anterior y las otras caras comenzando en los maléolos para concluir en la cabeza de los metatarsianos. El borde interno comienza y concluye sobre las tuberosidades más onduladas, lo que es una consecuencia de la piel más fina del lado interno. El borde posterior comienza en la punta del garrón, continúa arriba con la cuerda

del garrón con dos depresiones a sus flancos que le separan de la pierna; abajo se fusiona con el tendón en la línea del tendón.

El garrón puede ser de ángulo casi recto, muy abierto o muy cerrado; varía de acuerdo a la dirección de la pierna y de la caña. Siendo la caña vertical o ligeramente inclinada hacia delante y estando la pierna inclinada a 65° o 70° , la abertura será considerada como normal cuando oscile entre 150° y 155° . Cuando este ángulo es bajo o sobre la normal se dice que el animal es cerrado de garrones o abierto de garrones, respectivamente (Muller, R. 1954).

6. Otras regiones.

Las cañas, tendón, nudo, cuartilla, corona y casco, recuerdan las regiones correspondientes a los miembros anteriores. Sin embargo existen algunas diferencias.

La caña de las patas es algo más larga que la de las manos; su perímetro también es algo mayor y está más dirigido hacia delante.

La parte del tendón en las patas es muy atrofiado y algo elástico, la cuartilla es más derecha que la de las manos. En cuanto al casco las rajaduras son más comunes a los costados y los cascos tienen una forma más ovalada a lo ancho (Muller, R. 1954).

C. CLASIFICACION DE LOS CABALLARES.

Geográficamente existen los caballos orientales y los occidentales. En cuanto a función hay los de silla y los de tiro; los primeros manifiestan una serie de aptitudes para el trabajo de vaquería, para el ejército, para pasar, para el polo, el salto, la caza, la lidia de toros, etc., los segundos pueden subdividirse en caballos pesados y semipesados (Alzate, L. 1978),

La primera clasificación, muy citada en diversos textos, sería la que clasifica a

las razas equinas en orientales y occidentales, y cuyos representantes más conocidos serían en Arabe y el Belga respectivamente. Esta clasificación primitiva es un poco convincente para los modernos, por cuanto en la mayoría de las razas actuales aparecen fusionados los caracteres de ambos tipos (Muller, R. 1954).

1. Razas de caballos.

Una raza de caballos puede definirse como un grupo de individuos que tienen un mismo origen y poseen ciertas características distintivas que se transmiten hereditariamente y no son comunes a otras razas. La gran mayoría de las razas de caballos presentan características por las cuales se destacan sobre los demás. Pero así mismo, existen diversas razas que se adaptan al mismo empleo (Ensminger, M. 1975).

Sánchez, A. (1956) citado por Checa, M. (2004) define a la raza como un conjunto de individuos con caracteres morfológicos, fisiológicos y psicológicos propios, por los que se les distingue de otros de su misma especie y que son transmisibles por herencia dentro de un margen de fluctuación conocido.

a. Los caballos orientales.

Estos caballos procedían de los países de Oriente Medio y se extendieron por Asia central. Las restricciones geográficas junto con las intensas presiones del desierto, aseguraron una pureza de sangre inigualable y, por consiguiente, su prepotencia, que es el arma de mayor envergadura en el arsenal de cualquier criador de caballos.

Hoy en día estos antepasados orientales se conocen comúnmente como Arabes. El Berberisco es la otra rama oriental, era completamente distinto (Edwards, E. 2002).

(1) El Berberisco.

Es un caballo norteafricano introducido profusamente en Europa por los jinetes berberiscos del siglo VIII, tenía muy poco o nada en común con el Arabe en apariencia y carácter. A pesar de los inevitables cruces con ganado árabe, mantuvo en enorme grado su dominancia genética; aunque no se reconoce la influencia del Berberisco tanto como la del Arabe, su efecto ha sido significativo en las razas europeas y americanas.

La influencia de la raza se perpetuó a través de su derivado más importante, el caballo español de los siglos XVI y XVII, que fue considerado el prime caballo de Europa hasta bien entrado el siglo XVIII. La base de sangre española es patente a través de toda la población de caballos de sangre templada y en razas tan diversas como el Lipizano, el Frison, el Frederiksborg, el caballo de tiro irlandés, el Cleveland Bay, el Kladrub, el Connemara, el pony Highland y el Cob galés; el Berberisco así como su vástago el caballo español, también desempeñó un papel en la evolución del purasangre, aunque secundario con respecto al caballo Arabe.

Es considerada la segunda raza fundadora del mundo, existe una teoría de que el Berberisco tal vez provenga de un grupo de caballos salvajes de la fértil región costera que escapó del asolamiento de la época glacial. Si fuera el caso, cabría discutir que este es más antiguo que el Arabe, no obstante, su pasado definitivo continúa siendo una pregunta sin respuesta, y ante la ausencia de una evidencia documentada seguirá siéndolo.

Es posible percibir su presencia en las razas de Norteamérica y Sudamérica. Las distintas asociaciones del Mustang norteamericanas, cuyo objetivo es la conservación de los caballos salvajes, pone mucho énfasis en lo que ellos llaman sangre berberisca española, y una organización la Spanish Mustang Registry, define un tipo berberisco primitivo, que coincide con el berberisco norteafricano (Edwards, E. 2002).

(2) El Berberisco moderno.

Todavía es abundante en Argelia, Marruecos y Túnez, es la montura tradicional de la famosa caballería Spahi, que siempre ha utilizado sementales de esta raza. Como resultado de la influencia Árabe normalmente es tordo, pero en su origen, era castaño o negro; tiene una alzada entre 1,47m y 1,57m y es famoso por su enorme dureza, resistencia física y por su habilidad de subsistir con raciones pobres. Así mismo es muy ágil y rápido en distancias cortas (Edwards, E. 2002).

El cuello es recto, fuerte, redondeado y provisto de crines largas y sedosas. La cruz es algo más saliente, hace aparecer el lomo ligeramente hundido; la grupa es a menudo cortante, semioblícuo, fina y corta; el pecho es de mayor altura y menos ancho; la cola es de inserción baja, peluda y poco elegante.

Los miembros notablemente fuertes y de cañas largas, no siempre están en buena dirección, sobre todo los posteriores, que frecuentemente presentan los corvejones cerrados. Los pelajes son muy variados, abarcando todos los matices y combinaciones del rojo, blanco y negro, pero predominan los tordillos y los bayos (Muller, R. 1954).

b. Razas ibéricas.

En el patrón del desarrollo equino, el caballo español ocupa una posición preeminente superada solo por el caballo Árabe y por su único y principal progenitor, el Berberisco norteafricano. Durante 300 años, hasta finales del siglo XVIII, su influencia sobre las razas europeas y americanas resultó enormemente penetrante, y tal fue la prepotencia del más noble de los caballos del mundo, que ha persistido hasta hoy.

A pesar de su preeminencia existe una enorme confusión acerca de que constituye exactamente un caballo español, en gran parte a la diversidad de nombres que se ha dado a lo que en esencia es una única raza que existe tanto en Portugal como en España. Muchos nombres derivan del área geográfica en

que se criaron, por lo que permiten incluso diferencias regionales y matices en el tipo, cuando, sin embargo, aluden al mismo caballo: Español, Cartujano, Lusitano, Alter Real, Peninsular, Zapatero, Andaluz, etc. (Edwards, E. 2002).

(1) El Pura Raza Español.

A principios del siglo XVI la producción caballar española era de un origen complejo, pues la península había soportado una era de una serie de invasiones que dieron por resultado, en los caballos, tipos indefinidos de animales.

Es bien conocido que en España existían antes que en Arabia notables caballos originarios de Libia y del norte de Africa, y tan es así, que es tradicional que desde Roma y Antioquia iban a buscarse caballos españoles. Se afirma además que la caballería romana también empleaba caballos de tipo asiático y africano, por consiguiente de las mismas razas que había en España, por lo cual se desprende que los caballos de los primeros invasores de la península no pudieron influenciar mayormente en la etnología del primitivo caballos español.

En cambio fue funesta la influencia ejercida por los vándalos, que eran linfáticos, bastos, de perfil ultraconvexo y de caracteres preponderantes que persisten en los caballos españoles actuales y en los criollos sudamericanos. Los godos, visigodos y ostrogodos no llevaron tal vez caballos propios, pues desde su partida de los caballos escandinavos hasta su llegada a España transcurrieron tres siglos, pero con seguridad que llevaron caballos semipesados de Bélgica y Francia. Los caballos de los suevos se dice que ejercieron una gran influencia también, pues su emigración desde el Rhin hasta el norte de la península se efectuó en un lapso de cinco años, llegando hasta Andalucía y gran parte de España central con pequeños y duros caballos de sangre germana.

Cuando los musulmanes invadieron España llevaron caballos árabes y berberiscos con mezcla de sangre persa, siria, armenia y algunos también impregnados de sangre germana que habían llevado los vándalos cuando dominaron Mauritania. De todas estas mezclas resultaron tres tipos principales

de caballos que existieron en la península desde la invasión musulmana hasta nuestros días: el árabe-andaluz de perfil cefálico recto, el berebere-andaluz de perfil ligeramente convexo y el perfil ultraconvexo o acarnerado, desciende de los caballos germánicos de los vándalos y de los suevos (Edwards, E. 2002).

(2) El Pura Raza Español moderno.

El Pura Raza Española, aun con una alzada que solo ronda 1,57m, es un caballo de presencia imponente, con unos aires levados y espectaculares. El perfil facial es convexo y los ojos tienen forma de avellana. Posee un equilibrio natural, ya que la ligera inclinación de la grupa combina con el elevado grado de flexión en los posteriores da como resultado una habilidad natural para trabajar reunido.

La raza no resulta adecuada para galopar en carreras, pero es en extremo ágil y flexible, y a pesar de ser un caballo de gran coraje y espíritu, es siempre gentil y dócil.

(a) Características generales.

Eumétrico, mesolíneo y de perfil subconvexo a recto. De conformación proporcionada, notable armonía general y de gran belleza, con apreciable dimorfismo sexual.

Aires brillantes, enérgicos, cadenciosos y elásticos, con apreciables elevaciones y extensiones y acusada facilidad para la reunión.

De brioso temperamento, noble dócil y equilibrado, con gran capacidad de aprendizaje.

(b) Características morfológicas.

Cabeza: Proporcionada, de longitud media, enjuta, de perfil fronto-nasal de subconvexo a recto. Orejas de tamaño mediano, muy móviles, bien insertadas y ligeramente divergentes. Frente ligeramente ancha y discretamente abombada.

Ojos vivos, ovalados y de mirada expresiva, con arcadas orbitarias poco manifiestas. Cara relativamente larga y moderadamente estrecha (más en las hembras), subconvexa o recta y descarnada. Nariz acuminada, de suave y curvada proyección desde la cara. Ollares rasgados y no salientes. Carrilada amplia, musculada y con borde en largo y discreto arco.

Cuello: De tamaño y longitud medios, ligeramente arqueado y musculado (menos, en las hembras). Bien insertado en la cabeza y tronco. Crin abundante y sedosa.

Tronco: Proporcionado y robusto. Cruz discretamente ancha, manifiesta pero no sobresaliente, en suave prolongación con la línea dorsal. Dorso proporcionado, musculado, convenientemente dirigido.

Lomo corto, ancho, musculado, horizontal o algo arqueado, bien unido al dorso ya la grupa. Grupa de proporciones medias, redondeada y ligeramente en declive. Cola de nacimiento bajo y pegada entre isquiones, poblada de abundantes, largas y a menudo onduladas cerdas. Pecho de buena amplitud y profundo. Costillares arqueados, largos y profundos. Ijares extendidos y vientre correcto.

Extremidades anteriores: Espalda, larga, musculada y oblicua. Brazo fuerte y de buena inclinación. Antebrazo potente, de longitud media. Rodilla desarrollada y enjuta. Caña de longitud proporcionada y tendón marcado y amplio. Menudillo enjuto y destacado.

Cuartillas de buena conformación, inclinación y dirección, de longitud proporcionada. Casco compacto, de dimensiones equilibradas, bien desarrollado.

Extremidades posteriores: Muslo musculado, pierna larga y nalga ligeramente arqueada y musculada. Corvejón fuerte, amplio y neto.

Las regiones situadas por debajo de la articulación tarsiana tendrán idénticas características a las señaladas para las extremidades anteriores. En ambas, los aplomos han de ser correctos.

(c) Características fanerópticas.

Pelo fino y corto. Las capas más abundantes son la torda y la castaña. No se presenta la capa pía.

(d) Caracteres comportamentales y temperamento.

Animales rústicos, sobrios, equilibrados y resistentes. Sufridos y enérgicos. Nobles y dóciles. Facilidad para el aprendizaje y para adaptarse a diversos servicios y situaciones.

(e) Caracteres funcionales y aptitudes.

Grandes aptitudes para realizar diversas funciones, de fácil respuesta a las ayudas

del jinete y de boca agradable, por lo que resultan obedientes, de fácil penetración con el jinete y de extraordinaria comodidad.

Su principal servicio es para la silla, con gran facilidad para la doma (de alta escuela, clásica y vaquera), para el rejoneo, acoso y derribo, para el tiro de lujo y competición y para el manejo de ganado y actividades de campo.

Sus movimientos son ágiles, elevados, extensos, armónicos y cadenciosos, especial predisposición para la reunión y los giros sobre el tercio posterior (Edwards, E. 2002).

(3) Razas autóctonas españolas

(a) Asturcón.

El Asturcón según la clasificación de Baron es un animal elipométrico, subcóncavo y brevilineo. El perfil de la cabeza varía de recto a subcóncavo, cabeza armónica aunque algo voluminosa en las hembras. Los ollares son amplio y los labios gruesos, el tupé es abundante, sobre todo en los machos, y las orejas son móviles, pequeñas y bien implantadas. El cuello es recio, fuerte y bien insertado en el pecho. La cruz es destacada y el dorso ligeramente ensillado. La grupa es inclinada y la cola es de nacimiento bajo y muy poblada.

Los aplomos son regulares. El vientre es algo voluminoso. El pecho es amplio, fuerte y de gran capacidad. Las extremidades son delgadas pero potentes, los cascos pequeños y redondos están bien apoyados. La existencia de cernejas fuera del invierno es abundante.

La capa aceptada en el Libro Genealógico es negra, en diferentes gamas, en su totalidad, aunque puede presentar una pequeña estrella; si bien ocasionalmente nacen animales alazanes que no son aceptados como reproductores. Otra capa histórica es la castaña, aunque los animales castaños tampoco se incluyen en el Libro Genealógico.

Durante las épocas frías de invierno el pelo crece en cantidad y longitud, se trata de un pelo más claro y castaño. El potro recién nacido posee una pelusa interior suave y continua, y el color de su pelaje es gris-chocolate, encontrándose alrededor de la boca una zona de decoloración típica. El 90% de las hembras posee caninos en la mandíbula inferior, lo que nos da idea del arcaísmo de la raza.

En la actualidad conviven diferentes formas de explotación de los Asturcones, algunos perviven en semilibertad en las montañas asturianas, otros permanecen en los prados debido a que los dueños no tienen derecho a los pastos comunales o porque su número es pequeño, y algunos son utilizados para doma en diferentes Clubes Hípicos. El área original de distribución geográfica de esta raza incluye diversas sierras de la provincia de Asturias, si bien parece que la Sierra del Suevo ha sido el reducto donde los Asturcones se han conservado sin influencias de otras razas, hasta el momento en que surgieron diferentes iniciativas de recuperación y que desembocaron en la creación en 1987 de la Asociación de Criadores de Ponis de Raza Asturcón (ACPRA), organismo que se encarga en la actualidad de la gestión del Libro Genealógico y la conservación y promoción de la raza, y que cuenta con un censo actual de 800 animales (Checa, M. 2004).

(b) Jaca Navarra

Tiene diferentes denominaciones, poni navarro, caballo navarro, caballo vasconavarro, o Jaca Navarra. Recibe también otras denominaciones no tan técnicas según la localización geográfica: caballito de Andía, de la Barranca o de las Améscoas.

Es un animal de escasa alzada que oscila entre 1,22 y 1,36 m. pero proporcionado.

La cabeza es un poco voluminosa, las orejas pequeñas y los ojos vivos, con potentes maseteros y apófisis zigomáticas pronunciadas, dando la sensación de cabeza cuadrada terminada en punta. Los ollares muy dilatados, el labio o belfo superior muy dilatado, puede estar dotado de bigote, y el inferior aparece levemente caído. Los dientes dotados de una fuerte pigmentación y con prematuro desgaste. El perfil es recto levemente subcóncavo.

El dorso es más bien recto, con vientre recogido y costillares bien formados. La grupa es redondeada sin excesivo hundimiento en la parte superior,

prolongándose su musculatura de arriba abajo. La cola bien insertada y abundantemente dotada.

Extremidades finas, de articulaciones proporcionadas y escasa cernejas, aunque fuertes y robustas. De aplomos casi perfectos, en ciertas ocasiones pecan por ser algo cerrados de corvejones. El casco es pequeño, coriáceo, muy duro y compacto.

La piel es delgada y fina. La capa típica es la castaña, preferentemente de tonos oscuros y carece de manchas de color blanco (estrellas, cordones, calzados, ...) en cara y extremidades.

Hoy en día la zona de influencia de esta raza se encuentra reducida a pequeños enclaves o municipios que se ubican en las faldas de las Sierras de Urbasa y Andía, además de otros núcleos alejados de su enclave natural (Huesca, Aranguren, zonas próximas a Izalzu y Goizueta). También se mantiene un núcleo de conservación y referencia en la finca Sabaiza (1982), gestionada por el ITG-Ganadero, cuyos antecedentes provienen de los años 30.

En 1999 se constituye la Asociación de Criadores de Ganado Equino Jaca Navarra (JACANA), y el 11 de julio de 2001 a través de una Orden Foral, se la reconoce como gestora del Libro Genealógico de la raza caballar "Jaca Navarra" y se aprueba la reglamentación específica de dicho Libro Genealógico. En la actualidad existe un censo de más de 200 animales (Checa, M. 2004).

(c) Pura raza Gallega

Se distribuye por el noroeste de España, en la Comunidad Autónoma de Galicia. También recibe las denominaciones de Poni gallego, Caballo gallego, Faca Galizana, Burras, Faco o Cebro. Siguiendo la sistemática de Baron recibe la calificación de elipométrica, rectilínea y longilínea.

La cabeza es siempre grande, pesada y generalmente alargada. Su longitud supera siempre un tercio de la alzada, la frente plana no muy ancha y con abundante tupé. Órbitas mal delimitadas y salientes, ojos pequeños, orejas cortas, móviles y velludas. Tiene los labios muy desarrollados, firmes y duros, frecuentemente con un bigote en el superior y el hocico es pequeño con ollares no muy anchos.

El cuello es corto, recto y piramidal. Plano y descarnado, se inserta de forma poco armónica en la espalda. Lo puebla una abundante crinera, con pelos largos y bastos.

De cruz destacada y región dorsolumbar arqueada por el peso del vientre, posee lomos estrechos y despegados de la grupa.

El tórax es muy aplanado, con los costillares poco arqueados, tiene un pecho estrecho y hundido y espaldas deprimidas. Su vientre es voluminoso, vientre de vaca, a consecuencia de una alimentación excesivamente fibrosa.

Tiene la grupa derribada, regularmente oblicua, y nalga de escaso desarrollo muscular.

Las extremidades anteriores son cortas en comparación con la alzada; de aplomos regulares, con cierta tendencia general al izquierdo y a los animales un poco plantados hacia delante. Espalda corta y poco oblicua. En las extremidades posteriores son estrechos de corvejones y algo zancajosos. Ambas, delanteras y traseras, poseen cañas delgadas recubiertas de una piel fina y tersa.

La piel es gruesa y adherida al tejido muscular subcutáneo, con un pelaje abundante que varía con las estaciones. Poseen cerneas pobladas. El bigote constituye un carácter racial muy significativo y está presente en el labio superior de un buen número de ponis gallegos.

El casco es de volumen pequeño y poseen un estuche córneo excelente con la tapa compacta, poco lustrosa sin ceños ni resquebrajamientos. Posee

espejuelos en ambas extremidades.

La capa característica del Caballo de Pura Raza Gallega es la capa castaña que alterna con otras menos numerosas, alazanas, negras y tordas. Son frecuentes las manchas blancas en la cabeza, estrellas y luceros, y en la parte inferior de las extremidades, animales calzados.

Esta raza se usa para producción de carne y para montar, y posee también un valor turístico. Una de las fiestas más tradicionales y populares en Galicia son los "curros" (área cercada donde los caballos se exhiben durante la feria). Esta feria consiste en llevar los animales semisalvajes desde las montañas gallegas, una vez al año (normalmente en verano), para ser marcados con el hierro, cortar sus crines y colas y venderlos en el "curro".

Según datos recogidos por SERGA (Sociedad Española de Recursos Genéticos Animales) el censo en 1997 de la raza oscilaba ampliamente entre 10.000 y 100.000 cabezas. En 1997 se constituyó la Asociación de Ganaderos del Pura Raza "*Cabalo Galego*", siendo esta asociación en la actualidad la que se encarga de gestionar el Libro de Registro de la Raza (Checa, M. 2004)

.

(d) Pottoka.

Según la Orden dada por el Gobierno Vasco a través de su Departamento de Industria, Agricultura y Pesca donde se intenta unificar criterios orientados a la recuperación y mejora, el prototipo racial de la raza sería el siguiente: La capa del Pottoka es negra o castaña y presenta borra o lanas en invierno debido al duro ambiente invernal. En el conjunto de la raza, pocos son los animales de capa alazana o torda, aunque existe un amplio número de capa pía, consecuencia del cruce con razas como el Welsh, si bien estos animales se consideran no aptos para su cruce en pureza.

La cabeza posee un perfil subcóncavo aunque presenta dos ligeras convexidades, una a nivel inferior de la testuz y otra a nivel del dorso de los

ollares, que produce un cierto retraso del labio inferior con respecto al superior, y unos ollares amplios dirigidos hacia delante. En la mandíbula inferior presenta barbas o barboquejo y bigotes en los belfos. Las órbitas oculares son salientes y marcadas con ojos grandes, vivos, expresivos, y de color oscuro. Las orejas son de talla pequeña y muy móviles, con pelo más abundante en invierno, bien implantadas, colocadas en lo alto, hacia delante y separadas en la base aunque mirándose ligeramente. Entre ellas aparece el tupé, más abundante en los machos.

En general, la cabeza es armónica, seca y piramidal. El cuello es corto, recio y fuerte, con amplia inserción y bien proporcionado con respecto al tronco y la cabeza.

Presenta crinera simple hasta la cruz, que cae sobre un solo flanco, de crines lisas, abundantes y largas.

El tronco se establece dentro de un perfil cóncavo. Posee una cruz pronunciada, que se hace más aparente a causa de su región dorso-lumbar ligeramente ensillada aunque amplia, más aún en las hembras. Las espaldas tienden a la rectitud, aunque nunca han de ser rectas, dando una base de articulación muy buena a las extremidades inferiores. El pecho es amplio para una óptima inserción del cuello.

La región costal se asienta sobre unas costillas bastante convexas que dan lugar a un vientre de apariencia voluminosa, especialmente en los animales que pastan en el monte. La grupa es simple y ligeramente caída, más larga que ancha que termina en una región caudal prominente, dando lugar a una cola de nacimiento bajo, con abundantes pelos lisos.

Su altura a la cruz varía entre 115 y 147cm, no obstante para la Sección A del Libro Genealógico no deben exceder de 130cm. Las extremidades están bien proporcionadas con el resto del cuerpo, son delgadas pero potentes, con articulaciones cortas y tendones destacados. Presentan cernejas con pelos no muy largos y espolones. Los cascos son pequeños, totalmente negros y muy

duros, cubiertos discretamente de pelos cortos hasta su corona .Los aplomos de las extremidades anteriores son correctos, mientras que en las posteriores son izquierdas o zancajosos.

El Libro Genealógico de la Raza Pottoka se creó en 1995 a raíz de su reconocimiento Oficial en agosto de ese mismo año. El área de distribución geográfica de esta raza corresponde al norte de Álava, casi toda Vizcaya y Guipúzcoa, el sur de Iparralde y el norte de Navarra (Checa, M. 2004).

(e) Losino

La raza Losina recibe su denominación del área original de cría, el valle de Losa, en el norte de la provincia de Burgos. Esta raza mantuvo sus efectivos hasta los años 50, pero posteriormente, y debido principalmente a lamecanización del campo, al cruce con razas de aptitud cárnica y con ganado asnal para la producción mulatera, su población descendió hasta llegar en 1986 a los límites más críticos de toda su historia. En ese año se inició el proyecto de recuperación de la raza creándose posteriormente en Pancorbo (Burgos) el primer Centro de Cría y Selección del caballo Losino. En la actualidad el censo supera los 200 animales inscritos en el Libro de Registro de la Raza (Mason 1960 mencionado por Checa, M. 2004).

El patrón racial de la raza Losina según la Asociación de Criadores (1988) es el siguiente:

Se trata de un caballo eumétrico de entre 330 y 350 kg de peso, posee un cabeza de perfil recto o subconvexo, con un característico abultamiento a nivel de los nasales que aparece más acentuado en los machos. El tamaño de la cabeza es relativamente grande y de rasgos finos. Perfil frontal recto, a veces, con una ligera ondulación a nivel de los nasales. Orejas pequeñas, delgadas y formando un arco de concavidad interior. Frente plana. Ojos a flor de cara, grandes, vivos y expresivos. Ollares amplios. Labios levemente gruesos.

El cuello es recto o suavemente ondulado en su borde superior. Cuello robusto, de amplia inserción en el pecho, con tendencia abultarse en su parte inferior, que se hace convexa.

Se considera una alzada media en hembras de 135 cm y en machos de 140 cm. El pecho es amplio, cruz buena, dorso algo ensillado, con lomos anchos.

Las extremidades anteriores son finas, con buenas articulaciones, vasos y tendones muy ostensibles exteriormente. Espalda amplia, buen brazo, caña fina, cuartillas cortas y cascos pequeños, duros y negros. La grupa es amplia, redonda y derribada. La cola es de inserción baja y hundida entre los isquiones, larga, muy poblada y negra.

En cuanto a las extremidades posteriores, el muslo y la pierna están bien proporcionados, corvejones limpios, a veces algo cerrados. Las regiones situadas por debajo de los corvejones son análogas a las de las extremidades anteriores.

El pelo de las crines y de la cola es largo y abundante, especialmente en invierno como defensa del frío.

La Asociación de Criadores reconoce solo la capa negra en su variante morcillo, pudiendo presentar tonalidades rojizas en invierno y siendo en verano más oscura y brillante. Es frecuente la aparición de lucero en la frente.

(f) Mallorquino.

El área de distribución de esta raza se circunscribe a la isla de Mallorca. En 1980 el patronato de razas Autóctonas de Mallorca (P.R.A.M.) en su deseo de iniciar la recuperación de la raza comienza la investigación para inventariar el número de caballos y yeguas que se identifican con los caracteres propios de la raza, censándose en aquel momento de 12 a 20 yeguas y de 5 a 7 sementales,

comparados con los miles de animales que existían a principios de siglo. A fecha de 1997 el censo era de 75 animales.

En cuanto a los caracteres generales del animal de esta raza, se trata de un caballo eumétrico, sublongilíneo y de perfil ligeramente convexo. De silueta esbelta.

Posee una cabeza alargada y descarnada, perfil ligeramente convexo, orejas cortas, derechas y pobladas. Acusadas órbitas oculares, mirada viva, morro amplio y fuerte. Ollares poco destacados. Cuello corto y profundo, no muy grueso, bien aferrado al costillar y con abundante cabellera de pelo grueso y fuerte. Cruz destacada y no muy musculosa. Costillar arqueado, amplio y musculoso, dorso recto con tendencia a ensillarse con la edad. Vientre no excesivamente voluminoso.

Espalda alargada. Grupa larga e inclinada, seca de carnes. Cola de inserción baja, casi siempre en reposo, con el pelo duro y grueso. Extremidades anteriores bien aplomadas, poco musculadas. Extremidades posteriores, ijar y ancas, planas, descarnadas. Cascos amplios y fuertes. Capa negra en la que se admiten todas las variantes. También se aceptan manchas blancas en la cara (Mason 1960 mencionado por Checa, M. 2004).

(g) Menorquino

Esta raza se enclava geográficamente en la isla de Menorca. Su recuperación comenzó en 1988 cuando el Consejero de Agricultura y Pesca de la Comunidad Autónoma de las Islas Baleares y el Presidente del Consejo Insular de Menorca, dirigen escritos al presidente del Registro Matrícula de Caballos y Yeguas de Pura Raza, solicitando que esta raza sea reconocida y aceptado el registro fundacional que el Consejo tiene abierto para la misma. Los resultados de la inscripción en el Registro fundacional fueron muy superiores a los previstos inicialmente, especialmente respecto a la cantidad de solicitudes recibidas en muy poco tiempo, dando como resultado la existencia de más de 300 ejemplares

que respondían a los caracteres definidos por el profesor Sánchez Belda, a quien se encomendó un estudio previo sobre la existencia de esta raza en Menorca.

El patrón racial de la raza Menorquina comprende los siguientes caracteres morfológicos generales. Se trata de animales subconvexos o rectilíneos, eumétricos y longilíneos, de silueta esbelta. La capa es negra, admitiéndose todas sus variantes. Se aceptan manchas blancas en la cara y extremidades, siempre que sean de extensión reducida.

Poseen una cabeza alargada, de tamaño mediano, descarnada y armónica. De perfil fronto-nasal recto aunque muestra una ligera subconvexidad. Orejas de tamaño mediano a pequeño, de correcta implantación, con las puntas ligeramente divergentes y móviles. Ojos con las órbitas prominentes y de mirada viva. Ollares poco destacados lo que contribuye a dar a la cabeza una forma alargada. Cuello robusto de longitud mediana, ligeramente arqueado, musculado y potente, con buena inserción en la cabeza y el tronco. Crines fuertes y abundantes. Tronco alargado con cierta tendencia a la reducción del diámetro transversal. Cruz estrecha pero poco destacada. Espalda recta con discreta musculatura.

Grupa ligeramente caída. Nacimiento de la cola bajo sin que se eleve por encima de la horizontal de la grupa. Pecho medio, costillar un poco aplanado. Vientre recogido.

Extremidades largas y bien aplomadas. Brazos y antebrazos robustos. Muslo poco musculado como ocurre con las ancas, pierna relativamente corta. Cañas finas con tendones marcados y fuertes (Mason 1960 mencionado por Checa, M. 2004).

(h) Marismeño

Recibe su nombre del área geográfica donde tradicionalmente se ha localizado a esta raza, las marismas del Parque Nacional de Doñana, en el municipio de

Almonte (Huelva), perteneciente a la Comunidad Autónoma de Andalucía. Originada a partir de los caballos primitivos que habitaban en las marismas del río Guadalquivir, a lo largo de su evolución ha sufrido cruces con otras razas, fundamentalmente del norte de África. Algunos autores la mencionan como la forma ibérica de donde derivan los caballos americanos, al ser llevado a América en los viajes de Cristóbal Colón, y de donde procede el andaluz a través del cual ha influido en diversas razas de Europa Central y del Norte. Las labores de recuperación y caracterización de esta raza se iniciaron en el año 2003.

Raza eumétrica, de perfil subconvexo y proporciones corporales sublongilíneas. Conformación robusta y armónica en ambos sexos. Cerca de tierra. De cabeza algo grande, cuello corto, tronco profundo, vientre voluminoso y extremidades medianas y finas. Carácter equilibrado, apacible, pero vivo y resuelto en el trabajo. De gran resistencia y rusticidad. Movimientos elevados y seguros, rápido paso y facilidad para la concentración.

La alzada a la cruz se sitúa en un rango medio que varía entre 140 y 148cm. Existe una gran variedad de capas, siendo más frecuentes las tordas, castañas y negras. (Infocarne n.d.)

c. Razas autóctonas del continente americano.

Los primeros caballos que aparecieron en el Nuevo Continente procedían de España; los conquistadores los llevaron tanto a América del Norte como a la del Sur. Al regresar aquellos a su patria, muchos caballos se volvieron salvajes, y, con el tiempo, se convirtieron en los mustangs de las llanuras norteamericanas y los creadores de la raza criollo de América del Sur; muchos de estos caballos fueron capturados y domesticados de nuevo por los indios, que son probablemente los mejores jinetes naturales del mundo (Henschel, G. 1980).

(1) El Criollo.

Se admite que la actual raza criolla de caballos tuvo su origen en la importación

desde España, de algunos animales de tipo heterogéneo, pero sobre todo andaluces con sangre árabe y berberisca, traído por los conquistadores españoles en mayor cantidad caballos inferiores para los soldados, pues eran de menor precio, reservándose los mejores para los jefes únicamente. Muchos de ellos fueron abandonados o perdidos en el Nuevo Continente y fue así que se criaron salvajes, multiplicándose libremente dentro de las condiciones mesológicas de estas regiones, realizándose con ellos una selección natural en la que triunfaba el más apto para sobrevivir a las dificultades de orden climático, alimenticio y epizootico, a más de la originada por la persecución del hombre y de las fieras; esta selección natural efectuada durante cuatro siglos y que continuó con una obligada consanguinidad, imprimió a la raza extraordinarios caracteres de rusticidad y resistencia (Muller, R. 1954).

Es casi siempre de pequeño tamaño, las características del caballo de la pampa demuestran la facultad de adaptación al medio ambiente que le permitió a la raza Criollo sobrevivir. Descendiente de los caballos árabes y andaluces importados por los conquistadores españoles, volvió al estado salvaje antes de ser utilizado y criado por los indios de la pampa. Sirvió a todos los partidarios en busca de su libertad: los gauchos, los indios y los ejércitos de los colonos europeos. Hoy, es la montura de los peones para el trabajo ganadero y los desplazamientos.

El Criollo se distribuye por toda la región de América del Sur y es de interés internacional. Es criado con diferentes características y denominaciones según el país. En Chile se denomina Chileno y deriva del Criollo Argentino, aunque es más rústico y resistente; en Colombia tomo el nombre de Guajiro, debido a la región donde se originó; en Venezuela se denomina Caballo Llanero y es menos consistente y más ligero, con perfil frontonasal convexo; en Bolivia recibe el nombre de Sunicho, en Perú recibe el nombre de Salteño y se presenta en tres versiones distintas: el Costeño, el Morochuco y el Cholo; en Brasil se distinguen otras tres razas que se diferencian entre sí: el Crioulo del Río Grande del Sur, el Mangalarga y el Campolina (Justacriollo n.d.).

(a) Morfología del criollo.

La conformación general del caballo criollo es eumétrico y mesomorfo (medidas y formas medianas), la cabeza es rectilíneo o subconvexilíneo (perfil recto o subconvexo) (Justacriollo n.d.), Dowdall, C. (2003) adiciona que su perfil puede ser también convexilíneo (convexo) y cita el informe que Emilio Solanet presentó en 1918 a la Sociedad Rural Argentina sobre el estándar del caballo criollo chileno indicando características similares al del criollo argentino.

Su tipo es de un caballo muy musculoso modelado en fuerza, pero ágil y rápido en sus movimientos, además indica Justacriollo (n.d.) que es de carácter activo y dócil, de talla con fluctuaciones para los machos entre 1,40 y 1,48m y en hembras 2cm menos, perímetro torácico alrededor de 1,78m mientras que las hembras tienen 2cm más; Dowdall, C. (2003) en cambio indica que la altura a la cruz fluctúa entre 1,40m y 1,52m y que el perímetro torácico va de 1,70m a 1,86m. El perímetro de la caña es de alrededor de 19cm en machos y en hembras 1cm menos; sobre los pelajes del criollo indica que con exclusión del pintado y el tobiano se aceptan todas las variedades; el cuello es de largo mediano, bien unido a sus dos extremidades, ligeramente convexo en su línea superior y casi recto en la inferior (Justacriollo n.d.). Dowdall, C. (2003), manifiesta que según el estándar de los equinos de la Raza Criolla deben tener el cuello bien unido a la cabeza, su borde superior ligeramente convexo, muestra una crinera abundante y gruesa y se continúan armónicamente con la cruz; su borde inferior es casi recto, de un largo proporcionado, es amplia su base o inserción sobre anterior del tórax.

Justacriollo (n.d.) describe que la cruz es musculosa y no muy destacada, el dorso de un ancho y extensión proporcionada para completar superiormente un ancho tórax, el riñón corto, ancho y musculoso bien unido al dorso y a la grupa, Dowdall, C. (2003) adiciona que hace la impresión de un vigoroso puente que trasmite íntegros los impulsos del tren posterior y fácilmente levanta el peso de la parte anterior del cuerpo.

Estos dos autores coinciden al indicar que la grupa es de largo y ancho medianos, fuertemente musculada, bien desarrollada y semioblicua, la cola con una inserción que continúa la línea superior de la grupa, el maslo corto y grueso con cerdas abundantes y gruesas. El pecho ancho y musculado, bien descendido y los encuentros bien separados, el tronco de gran desarrollo, costillas bien arqueadas, vientre profundo y lleno, continuando insensiblemente el perfil interior del tórax, flanco corto y lleno.

También coinciden al afirmar que las espaldas son medianamente largas e inclinadas, fuertemente musculadas, ambos encuentros bien separados, brazo levemente inclinado con el codo bien desprendido del tórax, ambos fuertemente musculados, antebrazo bien aplomado, largo y fuertemente musculado que se afina a la rodilla, rodillas anchas, fuertes, medianamente largas y nítidas, muslo bien musculado, la nalga deberá ser larga, pierna ancha y musculada interior y exteriormente; la cuerda del corvejón bien destacada, garrones amplios, anchos, fuertes, secos y musculosos, paralelos al plano mediano del cuerpo y bien aplomados, el ángulo interior del garrón medianamente abierto. Las cañas de mediano desarrollo y sólo sobre la cara posterior del nudo, cernejas de mediano desarrollo y sólo sobre la cara posterior del nudo, cuartillas fuertes, de longitud mediana, anchas, espesas, nítidas y medianamente inclinadas y cascos de volumen proporcionado al cuerpo, duros, tensos y sólidos, bien aplomados y negros de preferencia.

(b) El criollo venezolano

El caballo criollo venezolano es un animal de formas angulosas, poco elegante en su porte y andar, con una cabeza muy pesada, con una mayor tendencia al tipo elipsométrico (aspecto más fino, más delgado y más pequeño). Podemos considerar al caballo criollo como poseedor de un genotipo dotada de una gran rusticidad y adaptabilidad al medio, y carente de un fenotipo estético y elegante, que ese mismo ambiente donde vive le ha negado (Cabalagateros 2009).

Canelón, J. (2005) indica las siguientes medidas zoométricas y las características fenotípicas del caballo criollo venezolano:

Proporciones: mesomorfo, el diámetro longitudinal (DL 135,9 cm) y la alzada a la cruz (AzCr 134,5) promedios presentan muy poca diferencia entre sí (Canelón, J.L. *et al.*, 2002).

Peso: elipométrico, su peso promedio adulto presenta valores menores a 350 kilogramos. M. Canelón *et al.* (2003) reseñan el mayor promedio de peso, de 318,27 kilogramos para machos adultos mayores de 6 años. En este sentido, los resultados obtenidos difieren de lo expresado por Cabrera (1945) y De Armas (1946), aunque este último expresa que los caballos criollos pesados por él, no pasaron de 350 kilogramos en su mayoría y que muy pocos llegaron a 400 kilogramos, encontrándose los caballos en buen estado de carnes.

Perfil frontonasal: en nuestras observaciones, el 91,4% (64) de los caballos presentó perfil recto, coincidiendo con Cabrera (1945) y De Armas (1946). El 8,5% (6) de los caballos estudiados presentó un perfil subconvexo. Este perfil es aceptado en el modelo racial de la raza criolla en argentina (www.viarural.com.ar).

No encontramos perfil convexo en los ejemplares estudiados, citado por De Armas (1946) como presente en pequeña proporción.

Biometría: alzada a la cruz. J.L. Canelón *et al.* (2002) encontraron valores promedios para la alzada a la cruz de 134,5 cm con desviación estándar de 4,8 cm menores a los citados por Cabrera (1945) y por De Armas (1946) aunque más próximos a estos últimos.

Perímetro torácico. J.L. Canelón *et al.* (2002) encontraron un valor medio de 156,7cm con desviación estándar de 8,6cm en caballos Criollos de Apure. Diferente a 1,57 cm hasta 1,72 cm citado por De Armas (1946).

Diámetro de la caña. Para esta medición, J.L. Canelón et al. (2002) reportan un valor medio de 18,1 cm con desviación estándar de 1,6 cm. No se encontraron otros reportes.

Pelajes: M. Canelón et al.(2003) mencionan una gran variedad de pelajes en el caballo Criollo Venezolano: alazán, amarillo, bayo, castaño, negro, palomino, pinto, rosillo, ruano, tordillo, zaino. De Armas (1946) menciona además cebruno y nosotros hemos observado el capino o pseudoalbino.

Cabeza: triangular, de base ancha y vértice fino, mediana a grande, frente generalmente ancha y plana. Carrillos medianamente destacados. Ojos expresivos, de forma triangular. Orejas medianas, puntas hacia arriba. Ollares en forma de coma invertida, mediana, elástica.

Crines: cola, crin y tupé abundante. Cerdas gruesas y abundantes. Cernejas escasas.

Cuello: mediano, simétrico, generalmente grueso, de nacimiento bajo. Recto a subconvexo en línea superior, recto en línea inferior. Ocasionalmente cuello cóncavo en línea superior. Tendencia a unión horizontal con el tronco. Unión con la cabeza no muy bien definida, particularmente en garganta.

Cruz: en el 50% de los casos (35) encontramos cruz mediana y larga, 19% destacada y larga, y 15% baja y larga. Poco musculosa, limpia, unida suavemente al tronco.

Dorso y lomo: recto, fuerte, mediano algunas veces alargado. Raramente cóncavo o convexo.

Pecho: tiende a ser estrecho, poco musculoso.

Tronco: cilíndrico, con tendencia a ser alargado. Costillas poco a moderadamente arqueadas.

Grupa: corta o muy corta. Derribada. Poco musculosa. Vista desde atrás proporcionada.

Cola: maslo mediano a largo, abundantes crines. De inserción notoriamente baja.

Espalda: proporcionada, medianamente inclinada. Medianamente separadas entre sí y poco musculadas.

Brazo y codo: de longitud proporcionada y medianamente musculado. Codos separados del tronco.

Antebrazo: largos, recto, poco musculado.

Rodillas: medianamente anchas, cerca del suelo.

Muslos: relativamente anchos y musculados. Nalgas largas y descendidas.

Piernas: largas. Medianamente musculadas. Cordón del corvejón fuerte y bien definido.

Corvejones: fuertes, medianamente anchos, definidos, cerca de tierra.

Cañas: cortas. Cuerda o tendones destacados y definidos. No muy gruesas.

Menudillos: definidos, fuertes con pocas cernejas.

Cuartillas: fuertes, medianamente inclinadas y de longitud proporcionada.

Cascos: medianos. Muy resistentes.

Temperamento: tranquilo en descanso, pero de respuesta rápida y briosa a la exigencia del jinete. No se considera de temperamento nervioso ni linfático.

D. EL CABALLO CRIOLLO EN EL ECUADOR.

1. Los conquistadores.

Cristóbal Colón realizó cuatro viajes al Nuevo Mundo. En su primera expedición arribó a las Bahamas y a las Antillas, en donde dejó 30 caballos en la isla de la Española (Santo Domingo). En 10 años se establecieron yegadas en las islas mayores, y en veinte las Antillas contaban con una gran población equina, más tarde navegó a Sudamérica y el Golfo de México.

Los viajes de exploración recibieron su empuje una vez finalizada la Reconquista de la Península ibérica en 1492; esto dejó sin trabajo al gran núcleo de soldados profesionales, hábiles y experimentados, que formarían el grupo de los conquistadores. Espoleados por las historias de las enormes riquezas que esperaban ser recogidas en el Nuevo Mundo, estos aventureros mercenarios encabezaron las conquistas españolas de México y Sudamérica durante el siglo XVI, Hacia principios del siglo XVII, los españoles habían establecido yegadas y centros de cría alrededor de Santa Fe, en el suroeste americano, y desde allí los caballos se extendieron hacia el norte y el este (Edwards, E. 2002)

2. Semblanza del caballo criollo.

Según Francisco de Xeres, secretario de Francisco Pizarro y testigo presencial de la Conquista del Inca, esta se acometió en su primera época, con setenta y dos caballos traídos de Centro América, unos por el propio Pizarro, otros por Benalcázar y Juan Fernández y algunos más por Hernando de Soto, que llegó con caballería traída de Nicaragua cuando los españoles acampaban en la isla Puná.

Indica también que estos caballos que llegaron con los españoles provenían de las remontas de Nicaragua y Santo Domingo, donde se habían reproducido con éxito los primeros animales de origen berberisco traídos a fines del siglo XV y que el Inca Garcilazo de la Vega aclara que las razas de los caballos de todos

los reinos y provincias de las indias descubiertas por los españoles después de 1492 hasta el presente, son de la raza de las yeguas y caballos de España, particularmente de Andalucía.

Sostiene que los conocedores del tema, generalmente afirman que no hay que dudar que los caballos americanos tienen sus raíces en los caballos “jinetes” españoles del siglo XV que provenían del berberisco, animal que según las descripciones de los escritores y pinturas de la época, era más bien chico que grande, de tipo perfectamente mesomorfo, generalmente un poco cerca de tierra, con caja amplia, pecho ancho, cuello musculoso y algo corto, grupa redonda y en declive, y cola inserta bastante baja, rasgos estos dos últimos de la raza berberisca.

Sostiene también que los caballos de la conquista se reprodujeron rápidamente en lo que hoy es Ecuador y Perú. El padre jesuita Joseph de Acosta, que escribió su Historia Natural y Moral de las Indias a fines del siglo XVI, señala que en esa época los caballos se habían multiplicado y que, además, eran tan buenos como los de España. El Inca Gracilazo de la Vega se extrañaba de que habiendo buenos caballos no se los llevaran a España en los barcos que en ese entonces retornaban vacíos.

Indica también que el capitán Antonio de Ulloa, que vivió en la Audiencia de Quito durante la visita de la Misión Geodésica (hacia 1736), dejó en sus crónicas un interesante relato sobre las cacerías de venados que se hacían en la cordillera con la ayuda de los caballos criollos. Se trataban según él, de animales extraordinarios por su agilidad y resistencia. Llega a afirmar que la rapidez de las mejores razas de caballos de Europa es lentitud a vista de la velocidad con que corren estos caballos por los despeñaderos. El mismo Antonio de Ulloa añade que a estos caballos dan el nombre de Parameros, porque desde que son potros los enseñan a correr de esta suerte por aquellos sitios escarpados, peligrosos, y de cuevas y laderas (Corral, F. 1993).

Al citarle a Cabrera (1945) dice que el Paramero o caballo de páramo existe todavía en el Ecuador. Es un animal de poca talla, entre 1,35m a 1,45m, algo parecido en conformación al caballo peruano de la sierra, robusto, dotado de gran resistencia, es el caballo ideal para la zona de los páramos, de que toma su nombre, y soporta los mayores esfuerzos y privaciones aún a una altura de 4.000m.s.n.m. concluyendo que ese caballo descrito así en 1945 por un autor argentino de reconocido prestigio, es el caballo del chagra serrano del Ecuador.

E. ANALISIS GENETICO

1. Fraccionamiento celular.

La vida de las células transita por dos etapas que se alternan cíclicamente, conocidas con el nombre de interfase y mitosis. La interfase se subdivide en tres períodos, llamados G1, S y G2. En la fase de G1 tiene lugar las distintas actividades de la célula (secreción, conducción, contracción, endocitosis, etc.). Le sigue la fase S, en cuyo transcurso ocurre la replicación del ADN. Luego tiene lugar la fase G2, que se extiende hasta el inicio de la fase M, llamada mitosis o división celular, al cabo de la cual las moléculas de ADN duplicadas se segregan entre las células hijas. Debe señalarse que desde la terminación de la fase S hasta su segregación en la mitosis, los ADNs hijos derivados de un mismo ADN progenitor permanecen juntos, unidos por el centrómero. Mientras están unidos, tales ADNs llevan el nombre de cromátidas hermanas. El centrómero se evidencia cuando la cromatina de ambas cromátidas alcanza el máximo grado de compactación durante la mitosis; desempeñan un papel crucial en la separación de las cromátidas hermanas, al hacer que cada célula hija reciba una sola cromátida, que pasa a llamarse cromosoma después de la separación (De Robertis, E. 2005).

2. Transcripción del ADN.

Recibe el nombre de transcripción la síntesis de moléculas de ARN sobre la base

de moldes de ADN. La síntesis se produce por la unión entre los nucleótidos adenina (A), uracilo (U), citocina (C) y guanina (G) que se alinean de acuerdo con el ordenamiento marcado por los nucleótidos complementarios presentes en el ADN. Esta complementariedad determina que las bases A, U, C y G se apareen respectivamente, con las bases timina (T), A, G y C del ADN.

El apareamiento es logrado por el establecimiento de uniones transitorias (no covalentes) de las bases del ADN con las bases del ARN en formación, lo cual hace que se produzcan las reacciones sintéticas propiamente dichas, es decir, la unión de nucleótidos del ARN entre sí. La unión entre dos nucleótidos consecutivos lleva el nombre de unión fosfodiéster, dado que en ella un grupo fosfato liga el C5' de la ribosa de un nucleótido con el C3' de la ribosa del nucleótido adyacente, la molécula de ARN resulta polarizada y queda siempre un fosfato en su extremo 5' y un hidroxilo en el extremo 3'. Como es obvio, las uniones fosfodiéster no se producen espontáneamente, sino que son dirigidas y catalizadas por enzimas específicas, las ARN polimerasas (De Robertis, E. 2005).

Desde el punto de vista teórico, un ARN podría construirse, a partir de nucleótidos libres, en cinco pasos:

- Separación de las dos cadenas de ADN en toda su extensión.
- Los ribonucleótidos del futuro ARN buscarían a los desoxirribonucleótidos complementarios del ADN y se aparearían con ellos, todos simultáneamente.
- Una vez alineados, los ribonucleótidos se unirán entre sí también simultáneamente, cada uno con sus dos contiguos.
- Los ribonucleótidos cortarían su unión con los desoxirribonucleótidos del ADN y se liberaría la molécula del ARN sintetizado.
- Las dos cadenas de ADN se vuelven a unir.

Los hechos ocurren de otra manera. En primer lugar, la construcción del ARN

es dirigida solo por una de las dos cadenas del ADN, la dispuesta en dirección 3' hacia 5'. Esto último permite anticipar que la síntesis del ARN se inicia en el extremo 5' de su molécula y progresa hacia el extremo 3'. En segundo lugar, porque el ARN no se construye globalmente, sino paso a paso, ya que los ribonucleótidos se van eslabonando de a uno a la vez. Por lo tanto no es necesario que el ADN abra en su momento dado su doble hélice en toda su extensión. Solamente se separa y expone un tramo de alrededor de diez pares de nucleótidos.

Esta separación, limitada a tan pocos nucleótidos forma en la molécula de ADN una suerte de burbuja, la cual se desplaza en sentido de 5' hacia 3' a medida que son leídos sus nucleótidos.

Dado que el ARN sintetizado se corresponde tanto en su polaridad como en su secuencia de sus nucleótidos (sustituyendo el U por la T) con la cadena no transcrita del ADN (es decir, la que va de 5' hacia 3'), convencionalmente se utiliza a esta última para identificar la secuencia del ADN transcrito.

Los monómeros con los que se construyen las moléculas de ARN se presentan en la matriz nuclear como ribonucleótido trifosfato (ATP, UTP, CTP y GTP). El inicio de la transcripción tiene lugar cuando uno de ellos, por su base, establece una unión transitoria con la base complementaria del primer nucleótido del ADN, interviniendo al promotor del gen.

El promotor se une a la ARN polimerasa y hace que esta interactúe con el ADN en el lugar en que debería iniciarse la transcripción (el lugar es marcado por el propio promotor). Allí la ARN polimerasa determina la separación localizada de las dos cadenas del ADN, y deja expuesto junto a otros poco, el primer desoxirribonucleótido que será leído.

A continuación en este lugar se coloca el ribonucleótido trifosfato adecuado, será el primer nucleótido de la cadena de ARN, y su base establece una unión no covalente con la complementaria del desoxirribonucleótido del ADN. Luego

se arrima un segundo ribonucleósido trifosfato, complementario del segundo desoxirribonucleótido expuesto en el ADN, y sus bases se unen entre sí. Al quedar ambos ribonucleótidos juntos, entre ellos tiene lugar, mediante la ARN polimerasa, una unión fosfodiéster, lo cual genera un dinucleótido. Con el ha quedado iniciada la síntesis del ARN, que proseguirá en la dirección desde 5' hacia 3' al acercarse los sucesivos ribonucleósidos trifosfatos determinados por el ADN, los cuales quedará consecutivamente eslabonados a medida que se producen las respectivas uniones fosfodiéster.

La progresiva elongación de las moléculas dirigida por la misma ARN polimerasa, la cual, además de catalizar las uniones fosfodiéster, se desliza en el ADN en dirección desde 5' hacia 3' y separa sus cadenas haciendo avanzar la burbuja. El avance se debe a la separación progresiva de los nucleótidos en el lado frontal de la burbuja, al tiempo que en la retaguardia de esta última se restablece la doble hélice del ADN en la misma proporción. Esto es posible porque allí los nucleótidos del ARN se van separando del ADN. No obstante la cadena del ARN, cada vez más larga, sigue unida a la cadena molde por sus últimos ribonucleótidos agregados.

La transcripción concluye cuando la ARN polimerasa la secuencia de terminación, situada en el extremo 3' del gen. En este punto se libera la enzima y se desprende el ARN recién sintetizado, que adquiere el nombre de transcrito primario. En su extremo 5', el primer nucleótido del ARN retiene los tres fosfatos, mientras que en el extremo 3' el último de sus nucleótidos exhibe un grupo OH (De Robertis, E. 2005).

3. Replicación del ADN.

Se presume que la capacidad de autorreplicación fue una de las primeras propiedades importantes que aparecieron durante la evolución de las formas de vida primitiva más tempranas. Sin la capacidad de propagarse, cualquier molécula biológica primitiva estaba destinada a desaparecer. Los portadores tempranos de la información genética fueron tal vez las moléculas de RNA (ácido

ribonucleico), capaces de autorreplicarse. A medida que la evolución progresó y las moléculas de RNA se reemplazaron por moléculas de DNA como material genético, el proceso de la replicación adquirió complejidad y requirió un gran número de componentes auxiliares. En consecuencia, a pesar de que una molécula de DNA contiene la información para su propia duplicación, carece de la capacidad para realizar esta actividad por sí misma (Karp, G. 2006).

Al cabo de la división celular, las células hijas heredan la misma información genética contenida en la célula progenitora. Como esta información se halla en el ADN, cada una de sus moléculas debe generar previamente dos moléculas de ADN idénticas a la del ADN originario para ser repartidas de manera equitativa entre las dos células hijas. Esta duplicación, gracias a la cual el ADN se propaga en las células de generación en generación, lleva el nombre de replicación (De Robertis, E. 2005).

El significado genético de la replicación es el de conservar la información genética. La estructura del ADN en doble hélice permite comprender como dicha molécula puede dar lugar a copias sin perder su conformación. En principio, las dos hebras deberían separarse. Después, mediante la acción de otra enzima, a partir de desoxirribonucleótidos sueltos y según la complementariedad de bases, podría irse construyendo las hebras complementarias de las dos hebras modelo iniciales (Autor s.n.).

Para que se pueda formar dos moléculas de ADN a partir de una, primero deben separarse las dos cadenas de doble hélice del ADN preexistente, las cuales sirven de moldes para la construcción de sendas cadenas complementarias. Dado que las cadenas recién construidas permanecen con las cadenas moldes, quedan formadas dos nuevas doble hélices de ADN. El ADN no está solo, sino combinado con proteínas (histonas, etc.) y que la integración de ambas moléculas lleva el nombre de cromatina. La presencia de tales proteínas complica el estudio de la replicación, por un lado porque estas también se duplican, y por el otro porque son responsables del enrollamiento de la cromatina.

La síntesis del ADN presenta algunas similitudes con la síntesis del ARN. Como el ARN, el ADN se sintetiza en dirección 5' hacia 3' y utiliza como molde una cadena de ADN preexistente. Además, enzimas equivalentes a las ARN polimerasas, llamadas ADN polimerasas, agregan los sucesivos nucleótidos, también de a uno por vez, en el extremo 3' de la cadena en crecimiento. Las ADN polimerasas catalizan las uniones fosfodiéster entre el grupo OH en el C3' de la desoxirribosa de un nucleótido a un grupo fosfato en el C5' del nucleótido recién arribado (De Robertis, E. 2005).

Cada cadena de la molécula de ADN parental actúa de molde para la síntesis de una nueva cadena produciéndose dos nuevas moléculas de ADN, cada molécula nueva posee una cadena vieja y una nueva.

Las dos cadenas de ADN se replican al mismo tiempo y comienzan en un punto denominado origen. En dicho punto el ADN parental se desenrolla y forma una estructura de lazo cuyos extremos se denominan horquillas de replicación.

Comenzada en un punto de la molécula de ADN el proceso se desarrolla hacia los dos extremos de la cadena; en cada lazo, los extremos u horquillas de replicación avanzan en el proceso de síntesis hasta completar la copia, por lo que se dice que la replicación es bidireccional.

La dirección en que actúan las enzimas es fija y única de 5' a 3'. Esto determina que la cadena molde ha de tener la dirección de 3' a 5', para que la nueva cadena en formación, complementaria y antiparalela tenga la dirección de 5' a 3' coincidente con el sistema de trabajo de la enzima. Al ser la horquilla de replicación bidireccional, el sistema descrito implicaría que la otra cadena parental de 5' a 3' debería estar siendo copiada en dirección de 3' a 5', situación imposible debido a la limitación de las enzimas sintéticas. Este problema es obviado debido a que, la síntesis de ADN es semidiscontinua.

En una cadena, la inicialmente comentada en el punto anterior, la replicación es continua y en la segunda la síntesis es discontinua. Esta solución fue descrita

por Reiji Okazaki quien encontró que en el procedimiento de copia de las dos cadenas del ADN parental, se formaba una cadena nueva continua (también denominada conductora) en la que la síntesis se desarrolla en la misma dirección de la enzima o de la horquilla de replicación; mientras que la otra cadena nueva era discontinua (también denominada cadena rezagada o retrasada) ya que su síntesis se realizaba en contra de la dirección de la horquilla mediante fragmentos, los fragmentos de Okazaki, secuencias formadas por unos centenares o miles de nucleótidos dependiendo de la célula (Merino, J. y Noriega, M. n.d.).

a. Enzimas que participan en la replicación

(1) ADN polimerasas

La reacción básica que tiene lugar en la replicación es una reacción de polimerización, de formación de un enlace fosfodiéster entre nucleótidos. En una cadena de ADN en crecimiento se incorpora un nucleótido cuya base es la complementaria a la de la cadena molde. Los nucleótidos que se incorporan han de hacerlo en su forma activada o nucleótido trifosfatados (dNTP). La reacción que tiene lugar es la siguiente:



La reacción de polimerización es termodinámicamente favorable por la hidrólisis del pirofosfato; pero no sólo por el desdoblamiento del pirofosfato, sino también por las interacciones no covalentes que se establecen entre las bases. Esta reacción es catalizada por varias enzimas, las ADN polimerasas, cada una con un tipo de actividad muy específica pero con una serie de requisitos de funcionamiento comunes, que son:

- Necesitan una cadena de ADN molde, el proceso de replicación es dirigido por la cadena de ADN molde, y sigue el principio de complementariedad de

bases fijando el nucleótido que debe incorporarse a la cadena en formación según tal regla.

- Necesitan un cebador, la polimerización que realizan estas enzimas requiere que exista una cadena previa inicial (cebador) ya que son incapaces de coger sobre su centro activo dos nucleótidos individuales y comenzar la síntesis. Uno de los sustratos necesarios de la reacción es, por tanto, una cadena preexistente, y ninguna de estas enzimas es capaz de iniciar la síntesis de una cadena nueva desde su primer nucleótido.
- Su dirección de síntesis es fija de 5' a 3', esto significa que adicionan nucleótidos a la cadena siempre por un extremo fijo, el extremo 3'. O bien, que de los dos extremos del nucleótido libre que se va a incorporar, utilizan su grupo fosfato o extremo 5' para añadirlo a la cadena en crecimiento.
- La velocidad con que adicionan nucleótidos, o procesividad, se mide como el número de nucleótidos incorporados en la unidad de tiempo y es una característica propia de cada polimerasa.

Una cualidad de todas las ADN-polimerasas es la precisión con que realizan la replicación, estimándose en *Escherichia coli* que se comete un error en uno de cada 10⁹ a 10¹⁰ nucleótidos, lo cual en el cromosoma de *Escherichia coli* supone un error cada 1000 a 10000 replications. Estos errores son corregidos por las mismas polimerasas mediante una actividad enzimática independiente, la actividad exonucleasa de 3' a 5'; esta actividad les permite eliminar el último nucleótido incorporado si éste es erróneo, para a continuación, seguir con la polimerización. Esta capacidad de corrección, mediante la discriminación entre bases correctas e incorrectas, mejora la precisión de la replicación. Si se añade el hecho de que, además, existen otros sistemas de corrección que actúan después de acabada la replicación, puede observarse la fidelidad y garantía del proceso.

Existen tres polimerasas denominadas ADN polimerasa I (la primera que se describió), ADN polimerasa II y ADN polimerasa III.

Si se comparan algunas características diferenciales entre ellas, se puede observar que la ADN polimerasa III es la más compleja. Está formada por diez subunidades diferentes y tiene una capacidad de polimerización infinitamente superior a cualquiera de las otras dos, siendo, por tanto, la principal enzima de la replicación.

La ADN polimerasa I es importante por su tarea de corrección, capaz de realizarla tanto en la dirección descrita como en la dirección contraria, debido a que posee la actividad exonucleasa de 5' hacia 3', careciendo de la misma el resto de polimerasas (Merino, J. y Noriega, M. n.d.).

(2) Otros enzimas que participan en el proceso de replicación

Para la replicación se necesitan, aparte de las ADN polimerasas descritas, alrededor de 20 proteínas diferentes, el conjunto de las mismas se denomina sistema ADN replicasa o replisoma ya que aunque no formen una unidad física, constituyen una unidad funcional.

Dentro de las enzimas que participan están:

(a) Helicasas

Enzimas que separan las dos cadenas de la molécula de ADN parental. Desplazándose a lo largo de la molécula de ADN eliminan los enlaces entre las cadenas consumiendo en el proceso ATP.

(b) Topoisomerasas

Enzimas que desenrollan el ADN y lo relajan. Existen cuatro topoisomerasas (I a IV) que actúan eliminando súper enrollamientos negativos; o bien induciéndolos, dependiendo del grado de plegamiento que tenga el ADN en su estado natural.

(c) Primasas

Enzimas que sintetizan el cebador, éste suele ser un corto fragmento de ARN, necesario para que pueda comenzar la ADN polimerasa III, y que posteriormente será eliminado y sustituido por un fragmento de ADN por la ADN polimerasa I.

(d) Proteínas fijadoras de ADN

Proteínas que estabilizan las cadenas separadas uniéndose a ellas.

(e) ADN ligasas

Enzimas que se encargan de unir trozos formados de cadenas, realizando un enlace fosfodiéster entre los nucleótidos pertenecientes a dos segmentos de una cadena.

Todas estas enzimas participan en el proceso de la replicación de forma coordinada, permitiendo que se desarrolle de una manera secuencial y organizada (Merino, J. y Noriega, M. n.d.).

b. Fases de la replicación

Se pueden distinguir tres fases según las enzimas que participan en las mismas:

(1) Fase de inicio

El origen de la replicación es una porción de ADN que contiene una secuencia característica de bases. Este segmento es reconocido por una proteína denominada ADN-A.

(2) Fase de elongación

La elongación consiste en la formación del cebador y la síntesis de la cadena de ADN. El proceso se caracteriza por no desarrollarse de forma idéntica en ambas hebras. La síntesis en la cadena conductora o continua requiere únicamente que actúe la primasa formando un cebador de ARN de unos 10 a 60 nucleótidos, para a continuación penetrar la ADN polimerasa III y realizar la polimerización de desoxirribonucleótidos.

En la cadena retrasada se forma un conjunto proteico en el que se localizan siete proteínas distintas además de la primasa (primosoma). Este grupo se desplaza a lo largo del molde de la hebra retrasada en dirección de 5' hacia 3' sintetizando a intervalos un corto cebador de ARN, al que se unirá ADN formado por la ADN polimerasa III. El hecho de que las direcciones de trabajo de la primasa y la polimerasa sean contrarias a la dirección de crecimiento de la hebra, y de que el proceso sea uniforme en ambas hebras, viene justificado por el hecho de que la ADN polimerasa III es una proteína dimérica.

Esta enzima obliga a la cadena molde de la hebra retrasada a formar un bucle sobre la misma. De esta forma, la dirección de síntesis es la misma en ambas hebras. Al ir desarrollándose la polimerización el bucle aumenta hasta contactar con el fragmento de Okazaki previo, forzando a la polimerasa a separarse o disociarse y a recomenzar de nuevo el proceso dónde se ha formado el nuevo cebador y ella creará el nuevo bucle.

En una fase posterior se eliminan los segmentos de ARN cebador, por acción de la actividad exonucleasa de 5' hacia 3' de la ADN polimerasa I, quien también se encarga de rellenar los trozos ocupados por el cebador. Por último, la ADN ligasa une los segmentos catalizando la formación de un enlace fosfodiéster.

(3) Fase de terminación

En el caso de *Escherichia coli* con un cromosoma circular, las dos horquillas de

la replicación se encuentran en el extremo contrario al origen terminando así la replicación y necesitando, únicamente, la presencia de una topoisomerasa para la separación de las dos moléculas.

c. Replicación en células eucariotas

Las moléculas de ADN en células eucariotas son mucho mayores y más complejas ya que el proceso de la replicación es bastante más complicado.

Los orígenes de la replicación son secuencias mayores, en levaduras de unos 400 pares de bases, que se presentan en varios puntos de los cromosomas. La velocidad de desplazamiento de la horquilla de replicación es de unos 50 nucleótidos por segundo, una velocidad relativamente baja si se compara con la de los procariotas (10 veces mayor). Para incrementar la velocidad global del proceso, en eucariotas existen varios puntos de origen sobre la misma molécula de ADN, estando separados entre 30.000 y 300.000 pares de bases. La presencia de múltiples horquillas de replicación acelera el proceso, y permite que la replicación en eucariotas se desarrolle a velocidades mayores que en los procariotas.

Los fragmentos de Okazaki en el ADN eucariota son más cortos, generalmente contienen 135 nucleótidos, debido a que la horquilla de replicación se mueve más despacio.

También se han descrito diferencias respecto a las ADN polimerasas en eucariotas,

la ADN polimerasa α es una proteína oligomérica, en la que una de sus subunidades tiene acción primasa.

Por último, el ADN eucariota está unido a las histonas y empaquetado en los nucleosomas. El proceso de replicación ha de ir acompañado por el proceso de síntesis de histonas, ya que en cada ciclo de replicación no sólo se ha de duplicar

el ADN sino también las histonas. Las enzimas que desarrollan ambos procesos son distintas pero han de ir coordinadas, ya que la velocidad debe ser igual. Las histonas recién sintetizadas se incorporan a la molécula de ADN que lleva la hebra retrasada, mientras que las viejas histonas permanecen en el dúplex que lleva la hebra conductora (Merino, J. y Noriega, M. n.d.).

d. Mecanismos de replicación del ADN

El mantenimiento de la información codificada en el ADN es absolutamente imprescindible para la célula, ya que éstas son moléculas insustituibles.

Una alteración en la molécula de ADN produce un cambio en la secuencia de bases, que en el caso de que la molécula se replique se transmite a las generaciones futuras. Los cambios permanentes se denominan mutaciones.

Si la mutación se produce sobre ADN que no es relevante, o bien tiene un efecto pequeño sobre un gen, la mutación se denomina “silenciosa”, por carecer de efectos aparentes. Si la mutación es favorable aporta ventajas adaptativas a las células o al organismo que la desarrolla, y si bien estas mutaciones son raras, por lo estables que son las moléculas de ADN y por los mecanismos de reparación existentes, su existencia ha permitido la variación necesaria para el desarrollo de la evolución de las especies. Sin embargo, la mayoría de las mutaciones son deletéreas para la célula, y en los mamíferos está comprobada una estrecha correlación entre la acumulación de mutaciones y el cáncer.

A lo largo de tan solo un día se acumulan gran cantidad de lesiones sobre el genoma celular; se estima que cada veinticuatro horas se pierden alrededor de 5000 bases púricas por destrucción de sus enlaces glicosídicos con la desoxirribosa. Sin embargo, gracias a los mecanismos de reparación, estas lesiones son eliminadas prácticamente en su totalidad, las que no lo son se convierten en mutaciones. Existen varios tipos de mutaciones, clasificadas según el tipo de cambio que se produce sobre la molécula de ADN (Merino, J. y Noriega, M. n.d.):

- Sustitución de una base por otra, en la que ocurre la transición si el cambio es de una base por otra del mismo grupo, base púrica por base púrica o pirimidínica por pirimidínica y la transversión, si el cambio es de base púrica a pirimidínica, o a la inversa.
- Inserción de un par de bases, o adición de nucleótidos.
- Delección de un par de bases o eliminación de nucleótidos.

La reparación del ADN es posible debido a la existencia de hebras dobles que funcionan como moldes ya que en caso de que una de ellas sufra algún tipo de lesión, puede eliminarse y sustituirse por una correcta, utilizando la información de la hebra complementaria (Merino, J. y Noriega, M. n.d.):

- Reparación de apareamientos incorrectos.
- Reparación por corte de base.
- Reparación de grandes lesiones.
- Reparación directa.
- Reparación por recombinación.

e. Modelos de replicación propuestos

Alonzo, B. (2011), indica que, para explicar este proceso se propusieron tres hipótesis:

(1) Hipótesis conservativa.

Propone que tras la duplicación, quedan, por un lado, las dos hebras antiguas juntas y, por otro, las dos hebras nuevas también espiralizadas.

(2) Hipótesis Semiconservativa

En ella se sostiene que, en las dos moléculas de ADN de doble hélice hijas, una de las hebras sería la antigua y otra la moderna.

(3) Hipótesis Dispersiva

Supone que la primitiva molécula de ADN se fragmenta en multitud de pequeños trozos, copiándose éstos y reuniéndose tanto los fragmentos originales como las copias de modo que las dos nuevas moléculas están formadas por fragmentos antiguos y nuevos.

4. Diversidad genética

Las primeras demostraciones de variación genética a nivel molecular fueron realizadas a principios del siglo XX por Landsteiner en 1901 y por Nuttall en 1904. Estos estudios pioneros demostraban que los seres humanos mostraban una variación heredable en el sistema ABO de grupos sanguíneos, y este concepto se aplicó posteriormente en el primer estudio sistemático de variación genética en diferentes grupos humanos realizado por Hirszfled y Hirszfled en 1919 (Cavalli-Sforza et al.1994). Con el comienzo del uso más extendido de las técnicas de estudio del polimorfismo de marcadores moleculares en los años 80, gracias a la aparición de técnicas como la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), el número de investigaciones realizadas directamente sobre la variación de la secuencia del ADN aumentó rápidamente y se popularizaron este tipo de estudios no solamente en humanos, sino también en animales. Dentro de estos estudios están los estudios de caracterización genética y de diversidad genética de razas de animales domésticos.

Se puede considerar que una población mendeliana es un grupo de organismos que se reproducen sexualmente con un grado relativamente estrecho de parentesco genético (como una especie, subespecie, raza, variedad, línea) y que residen dentro de los límites geográficos definidos donde ocurren los

entrecruzamientos. Si se consideran todos los gametos producidos por una población mendeliana, una mezcla hipotética de unidades genéticas de la cual surge la siguiente generación, se obtiene el concepto de poza génica (Stansfield, W. 1995).

Uno de los objetivos principales de la genética de poblaciones es cuantificar la variabilidad genética existente, y explicar esta diversidad en términos de origen, mantenimiento e importancia evolutiva. La probabilidad de supervivencia de las poblaciones a largo plazo está relacionada con la variabilidad genética que poseen, siendo un elemento fundamental en las estrategias de conservación el mantenimiento de la misma.

Cuando se estudia más de una población de animales, la diversidad genética se puede clasificar en dos componentes: variabilidad genética entre poblaciones, y variabilidad genética entre los individuos de una población. Estos dos componentes de la diversidad pueden ser estimados mediante el cálculo de numerosos estadísticos que tienen en algunos casos como fuente fundamental de información, la distribución de las frecuencias alélicas de los marcadores genéticos empleados. La idea de frecuencia alélica soporta en sí misma la noción de polimorfismo y un gen se considera arbitrariamente como polimórfico desde el momento en que el alelo más común tiene una frecuencia inferior a 0,95.

Para conocer las frecuencias alélicas de un gen es necesario evidenciar de algún modo sus alelos y en este sentido se han desarrollado en los últimos años numerosas técnicas en el campo de la biología molecular encaminadas a encontrar marcadores genéticos que aporten la mayor cantidad de información posible respecto a la estructura genética de las poblaciones y su historia evolutiva (Checa, M. 2004).

La diversidad genética del ganado es un valor que condiciona otros muchos como son la adaptación y la viabilidad de una especie o raza a entornos muy variables y por tanto debe tenerse en cuenta a la hora de plantear estrategias de conservación. Además, la existencia de una elevada diversidad genética

garantiza el desarrollo de futuras líneas de investigación orientadas a la identificación de genes relacionados con caracteres productivos o con la resistencia o susceptibilidad a determinadas enfermedades.

Normalmente cuando se plantea desarrollar un programa de conservación, las razas a conservar presentan escasos censos, nula estructura y son prácticamente desconocidas desde el punto de vista técnico-científico. Uno de los primeros pasos sería crear las estructuras necesarias para la recogida, clasificación y almacenamiento de información referente a las relaciones de parentesco entre los animales de la población, así como la información productiva y morfológica. En este contexto es de crucial importancia organizar las declaraciones de cubrición y de nacimientos por parte de los ganaderos y disponer de métodos de contraste de las genealogías declaradas mediante marcadores microsatélites de ADN. Además pueden realizarse dos tipos de análisis usando los datos de un estudio sobre poblaciones con marcadores polimórficos autosómicos como los microsatélites: el cálculo de parámetros de la variación genética intra e inter poblacional y el análisis de la estratificación y subestructura dentro de poblaciones y grupos de poblaciones (Martínez, A. et al. 2013).

a. Parámetros estadísticos empleados en el estudio de diversidad genética

Pueden realizarse dos tipos de análisis usando los datos de un estudio sobre poblaciones con marcadores polimórficos autosómicos: el cálculo de parámetros de la variación genética intra e inter-racial y el análisis de la estratificación y subestructura dentro de razas y grupos de razas.

Hay que tener en cuenta la importancia del tamaño de la muestra y del número de marcadores estudiados aunque los conceptos básicos pueden aplicarse a cualquier marcador autosómico codominante, incluyendo los microsatélites. Los parámetros más comunes derivados de datos de genotipos son los cálculos de frecuencias alélicas, heterocigosis y distancia genética (Martínez, A. et al. 2013).

(1) Diversidad genética intra-racial

(a) Cálculo de frecuencias alélicas

Una población en sentido genético sería no sólo un grupo de individuos, sino un grupo reproductivo (Falconer, 1990, citado por Martínez, A. et al. 2013), de tal forma que la constitución genética de los individuos se transmite de una generación a la siguiente. Durante dicha transmisión los genotipos de los padres se disocian y un nuevo grupo de genotipos se constituye en la progenie. Los genes transmitidos en la población de esta forma tienen continuidad de generación en generación.

Se puede definir la frecuencia alélica o génica como el cociente resultante de dividir el número de alelos iguales en una población por el número total de alelos. El cálculo de las frecuencias se hace por recuento directo de los alelos presentes, asumiendo que la observación de un solo alelo se corresponde con la condición de homocigosis, por lo tanto que no hay alelos nulos. El error estándar del cálculo de las frecuencias disminuye drásticamente a medida que aumenta el tamaño de la muestra, pero se acerca a cero asintóticamente a partir de unos 30 individuos. Se puede considerar, por tanto, que un tamaño óptimo de muestra sería de 30 a 60 individuos (Martínez, A. et al. 2013).

(b) Análisis de Heterocigosis

Se acepta generalmente que un *locus* es polimórfico cuando el alelo más común tiene una frecuencia inferior a 0,95. Una medida de la variación genética es la proporción de *loci* polimórficos, o simplemente polimorfismo, en una población. No obstante, dado que no siempre se utiliza el mismo criterio de polimorfismo, una mejor valoración de la variación genética es la heterocigosis de la población medida como la frecuencia media de individuos heterocigotos por *locus* (Lacadena, 1981 citado por Martínez, A. et al. 2013).

Los términos heterocigosis y diversidad genética suelen usarse

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

1. Heterocigosis observada

Es la proporción de individuos heterocigotos observada en una muestra de la población. Si se calcula directamente a partir de los genotipos encontrados en la población para todos los *loci* se trataría de la heterocigosis media observada (H). Puede revelar episodios pasados de consanguinidad o de "cuello de botella" en la población si se estudia estratificando la población en el tiempo. La exactitud del cálculo de la heterocigosis media depende igualmente del tamaño de la muestra y del número de loci estudiados (Martínez, A. et al. 2013).

2. Diversidad genética o Heterocigosis esperada

La heterocigosis esperada (H_e) o diversidad genética de un *locus* se calcula (Nei, 1973):

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

x_i : Frecuencia del alelo i

k : Número de alelos

Este estadístico es equivalente a la heterocigosis observada sólo en el caso de poblaciones en completo equilibrio. La heterocigosis esperada corregida o no sesgada se calcula para cada combinación locus/población mediante la siguiente ecuación (Nei and Roychoudhury, 1974):

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

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

(c) Contenido de Información Polimórfica (PIC)

El contenido de información polimórfica (PIC) es un parámetro introducido por Botstein y col. en 1980, como un indicador de la calidad de un marcador en estudios de cartografía génica. En los últimos años se ha popularizado su cálculo a fin de obtener una valoración de la calidad de un marcador para estudios genéticos (de segregación, de identificación y control de paternidad, de población) pues refleja el polimorfismo detectado. No obstante, dada su dependencia del número de alelos y de sus frecuencias, la información que aporta no es suficiente para basar en ella la elección de un marcador u otro (Moazami-Goudarzi et al., 1994 citados por Martínez, A. et al. 2013).

Se calcula mediante la fórmula:

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

(d) Desviaciones del Equilibrio Hardy-Weinberg

La ley de Hardy-Weinberg fue enunciada por Hardy y Weinberg independientemente en 1908 y dice que en una población grande bajo apareamiento aleatorio, sin selección, mutación o migración, las frecuencias alélicas y genotípicas permanecen constantes de generación en generación. Una forma clásica de comprobación del equilibrio se basa en la comparación de los genotipos observados con los esperados dentro de una muestra. Este sistema es adecuado para polimorfismos que se caracterizan por tener pocos alelos, como es el caso de las proteínas. Pero en el caso de los microsatélites, que poseen gran número de alelos, el número de genotipos es tan elevado que

algunas frecuencias genotípicas son cero, sobre todo cuando las frecuencias alélicas son muy bajas. Este fenómeno es una de las limitaciones de la prueba χ^2 para probar el equilibrio.

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

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

En un estudio sobre variación genética debe determinarse si hay desviaciones significativas del HWE en los loci estudiados. Si la proporción de genotipos para un locus no está en HWE en algunas poblaciones, puede sospecharse que ha habido una selección que afecte a dicho locus o la existencia de alelos nulos. Al contrario, si una población se desvía significativamente del HWE para un número independiente de loci puede deberse a que dentro de la población existen subdivisiones, a que existe migración o flujo de genes desde una fuente externa o se están produciendo apareamientos dirigidos (no aleatorios) (Callen et al., 1993 citados por Martínez, A. et al. 2013).

La diferencia entre la heterocigosis observada y la heterocigosis esperada calculada a partir de las frecuencias alélicas bajo la asunción de equilibrio Hardy-

Weinberg (HWE) puede usarse como un método muy básico para detectar perturbaciones en la estructura de una población. No obstante, un método mucho más exacto es comparar la distribución de genotipos observados con la distribución esperada si la población estuviera en HWE. Cualquier desviación significativa indicará que la población está subdividida, que existe una consanguinidad significativa o que existe un flujo de genes de otra población. Estas circunstancias pueden ser estudiadas usando test exactos o procedimientos de proporción de verosimilitud. Estos análisis se requieren debido al gran número de alelos de los *loci* microsatélite y por tanto el elevado número de posibles genotipos. Con este fin pueden usarse aplicaciones informáticas que realizan la enorme cantidad de cálculos que las probabilidades exactas requieren (Martínez, A. et al. 2013).

(e) Los estadísticos F de Wright

Los estadísticos F son un conjunto de instrumentos definidos por Wright(1921, 1969) para conocer la estructura genética existente dentro y entre poblaciones así como del déficit de heterocigotos. Son utilizados para definir los estadísticos poblacionales a partir de muestras de la población, es decir, la desviación de las frecuencias genotípicas en una población subdividida (Martinez, J 2000).

Wright (1969) introdujo un método para partir el coeficiente de endogamia en una población subdividida (*FIT*) entre el componente debido a apareamientos no aleatorios dentro de poblaciones (*FIS*) y la subdivisión entre poblaciones (*FST*). Así, la endogamia total tendría un componente generado por la cruce entre parientes dentro de una población (*FIS*) y otro por el balance entre deriva génica y flujo (*FST*).

La definición original de Wright se basaba en el coeficiente de endogamia. Así, los estadísticos F pueden ser vistos como la correlación entre genes homólogos tomados de un nivel de la subdivisión en relación con cualquier otro nivel superior: la correlación entre los genes de los individuos (I) y los de la población total (T) es representada por *FIT*, que corresponde a la endogamia total. La

correlación entre los genes de los individuos y los de la subpoblación (S) es representada por FIS , mientras que la correlación entre los genes de la subpoblación y los de la población total está representada por FST (Excoffier et al., 1992 citados por Martínez, A. et al. 2013), que es igual a la probabilidad de que dos alelos idénticos por descendencia (identical by descent) se combinen en un cigoto, o autocigosis. Cuando se estudia la diversidad genética de una raza, como en este caso el caballo Criollo de Ecuador, sólo se determina el estadístico FIS que da una idea de consanguinidad de la raza y si esta se desvía significativamente de Equilibrio Hardy-Weinberg (Martínez, A. et al. 2013).

La teoría denominada teoría de los índices de fijación o estadísticos F, fue propuesta por Wright en 1965, y mide la pérdida de heterocigosis como consecuencia de una subdivisión poblacional.

Incluye tres parámetros: FIS , FST , FIT . Si los expresamos en términos de pérdida de heterocigosis, hay que considerar tres niveles dentro de la jerarquía subpoblacional: organismos individuales (I), subpoblaciones (S) que asumiríamos como razas, y la población total (T). Por tanto tendríamos (Checa, M. 2004):

H_I = heterocigosis observada media en las subpoblaciones, considerando k subpoblaciones.

$$H_I = \sum_{i=1}^k H_i / k$$

H_S = heterocigosis media que esperaríamos en las subpoblaciones donde ocurre cruzamiento aleatorio. $p_{i,s}$ es la frecuencia del alelo i en la subpoblación s , y H_S es la heterocigosis esperada en el conjunto de k subpoblaciones, bajo equilibrio Hardy-Weinberg.

$$H_S = 1 - \sum_{i=1}^k p_{i,s}^2$$

HT = heterocigosis que se esperaría si todas las subpoblaciones se agrupasen y se produjera un cruzamiento aleatorio. p_i^2 es la frecuencia media del alelo i en la población total.

$$H_T = 1 - \sum_{i=1}^k p_i^2$$

El coeficiente de endogamia FIS mide la reducción en la heterocigosis de un individuo debido al cruzamiento no aleatorio dentro de su subpoblación.

$$FIS = \frac{HS - HI}{HS}$$

El índice de fijación FST mide la reducción de la heterocigosis de una subpoblación debido al efecto combinado de la migración y la deriva genética.

$$FST = \frac{HT - HS}{HT}$$

Y el coeficiente de endogamia total FIT estima las contribuciones del cruzamiento no aleatorio dentro de subpoblaciones y otra debida a la subdivisión propiamente dicha.

$$FIT = \frac{HT - HI}{HT}$$

Nei (1976) redefinió los estadísticos F en función de la heterocigosidad observadas y esperadas en la población estudiada y señala la utilidad en el análisis de la estructura genética y la diferenciación de una población subdividida. Definió los índices de fijación del modo siguiente (Martínez, J. 2000):

$$Fis = 1 - Ho/Hs$$

$$Fit = 1 - Ho/Ht$$

$$Fst = 1 - Hs/Ht$$

Donde H_o es la frecuencia observada de heterocigotos y H_s y H_t representan la heterocigosidad esperada en equilibrio Hardy-Weinberg (diversidad genética) entre poblaciones y en la población total, respectivamente (Nei, 1973).

Tanto lo expresado por Martínez, J. (2000) como por Checa, M. (2004), los tres términos se relacionan por medio de la fórmula:

$$(1 - FIT) = (1 - FIS)(1 - FST)$$

Según expresa Martínez, J. (2000) donde:

Fit: Índice de fijación de los individuos respecto al total de la población.

Fis: Índice de fijación de los individuos respecto a las subpoblaciones.

Fst: estima el grado de divergencia entre subpoblaciones.

Weir y Cockerham (1984), basándose en los parámetros propuestos por Cockerham (1969, 1973) construyen formulaciones para las estimas de Fst, Fit y Fis. Según este método Fis y Fit miden, respectivamente el exceso o defecto promedio de heterocigotos en cada población y en el total considerado como conjunto. Estos estadísticos pueden tener un valor (+) ó (-) según exista exceso o defecto de heterocigotos (Martínez, J. 2000).

Fst estima el grado de diferencia genética entre poblaciones. Según Weir (1990) citado por Martínez, J. (2000). Su valor oscila entre 0 y 1, de forma que puede ser usado como medida de la distancia genética entre poblaciones. Para ello definen los siguientes parámetros:

F: correlación de genes dentro de los individuos (coeficiente de consanguinidad).

θ : correlación de genes de diferentes individuos en la misma población (coeficiente de parentesco).

f: correlación de genes dentro de los individuos dentro de las poblaciones.

Los parámetros están relacionados entre sí por la fórmula:

$$f = (F - \theta) / (1 - \theta)$$

Y están relacionados con los estadísticos-F de Wright de la siguiente manera:

$$F = F_{it} \quad \theta = F_{st} \quad f = F_{is}$$

Los tres parámetros dependen del tamaño poblacional y de su historia, pero no están afectados por aspectos relacionados con el procedimiento de muestreo (número de alelos por locus, número de individuos por población o número de poblaciones muestreadas).

Nagylaki (1998), citado por Martínez, J. (2000) cuestiona que F_{st} solo será una medida apropiada de divergencia entre poblaciones si la diversidad genética es pequeña. Así, si tenemos n subpoblaciones de igual tamaño que no tienen alelos comunes, la expresión a F_{st} se convierte en la fórmula:

$$F_{st} = \frac{(n - 1)(1 - H_s)}{n - (1 - H_s)}$$

Excepto cuando la población está plenamente dentro de la raza ($H_s=0$), F_{st} será siempre menor que 1 aunque las poblaciones sean completamente diferentes. F_{st} indica diferenciación completa entre líneas.

En 1973 Nei propuso un acercamiento alternativo al análisis de la subdivisión de poblaciones, para el cual no es necesario el conocimiento del genotipo de los animales, ya que puede calcularse directamente a partir de las frecuencias alélicas, en términos de heterocigosis esperadas (diversidades génicas) dentro y entre poblaciones (Checa, M. 2004).

Este método tiene la ventaja de no verse afectado por el número de alelos por locus, ni por fuerzas evolutivas tales como mutación, selección y migración, ni tampoco por el sistema reproductivo.

$$G_{ST} = D_{ST}/H_T$$

Donde D_{ST} es la media de la diversidad génica entre subpoblaciones ($H_T - H_S$) y H_T es la diversidad génica en la población total (Checa, M. 2004).

(2) Diversidad genética inter-racial

(a) Distancias genéticas

En la teoría clásica de genética de poblaciones una población puede ser definida mediante las frecuencias alélicas de las variantes que segregan en dicha población. A partir de las frecuencias alélicas se calculan distancias genéticas (Martínez, A. et al. 2013).

Se acepta que, puesto que la selección actúa durante muchas generaciones, en la mayoría de las poblaciones los individuos muestran un fenotipo adaptado a su propio hábitat, dándose un proceso gradual de diferenciación y distanciamiento genético entre subpoblaciones (Martínez, J. 2000).

La distancia genética entre poblaciones puede ser definida en términos estadísticos midiendo el número de variaciones alélicas de cada locus que se han acumulado entre dos poblaciones que divergieron entre sí a partir de una población ancestral (Dobzhansky, 1976 citado por Matínez, J. 2000).

Se considera que son cuatro las fuerzas que pueden modificar la genética de las poblaciones: deriva genética, mutación, selección y migración. Los modelos para estudiar divergencia entre dos poblaciones que descienden de una población ancestral común se diseñaron originalmente para especies, y asumen una evolución independiente de cada población. Después de la especiación (el momento en que dos poblaciones se convierten en dos especies distintas), por definición, no existe migración entre poblaciones, por lo que la migración se ignora en los modelos utilizados. Cuando se utilizan microsatélites, que son neutros, se asume que la selección tampoco afecta a los cambios en las

frecuencias alélicas de estos marcadores. Por lo tanto, la diversidad genética observada viene determinada por dos parámetros: deriva genética y, para periodos de tiempo largos, mutación. El modelo clásico de deriva genética y mutación se diseñó en principio para el estudio de relaciones entre especies, por lo que el periodo de tiempo que se estudia es largo por definición (miles de generaciones). Cuando se estudian razas, se estudian periodos de tiempo más cortos (cientos de años), por lo que el efecto de la mutación se puede ignorar (Martínez, A. et al. 2013).

El cálculo de las distancias genéticas entre dos poblaciones proporciona una estima relativa del tiempo que ha pasado desde que ambas poblaciones divergieron. Estimaciones bajas de las distancias pueden ser indicativas de la existencia de subpoblaciones en las cuales hay cruzamiento aleatorio y entre las que hay una cantidad pequeña de flujo génico, o simplemente porque a pesar de que están separadas ha pasado un período de tiempo muy breve desde que divergieron. Cuando dos poblaciones están aisladas genéticamente, los procesos de mutación y deriva genética tienden a una diferenciación de las frecuencias alélicas de los loci neutros, diferenciación que es más acusada a medida que pasa el tiempo.

Una medida de distancia genética para que sea ajustada debe reunir dos propiedades fundamentales, ser lineal con el tiempo y poseer una baja varianza (Checa, M. 2004).

Para estimar con más exactitud la diferenciación genética entre dos poblaciones se utiliza el valor de Identidad Genética (I) obtenido a partir de la comparación de varios loci en ambas poblaciones. Este coeficiente entre dos poblaciones A y B en un locus dado x mide la probabilidad de que dos alelos, uno de cada población, sean idénticos, oscilando su valor de 0 (ningún alelo en común) a 1 (todos los alelos iguales) (Martínez, J 2000). Según Ayala y Kiger (1984) citados por Martínez, J. (2000), el modelo toma en cuenta que no todas las sustituciones alélicas observadas son completas ya que un alelo puede haber sido

reemplazado parcialmente por otro diferente, existiendo aún el alelo original con otra frecuencia.

A partir de este valor, se define la Distancia Genética entre dos poblaciones como el logaritmo neperiano, cambiado de signo, de I (Nei, 1972 y 1976, citado por Martínez, J. 2000). La distancia entre poblaciones genéticamente muy próximas es generalmente muy pequeña, normalmente inferior a 0,02; la distancia entre especies es generalmente mayor de 0,2 e inferior a 2 y la distancia entre subespecies intermedia. A efectos de confirmar la bondad del cálculo de este coeficiente, numerosos autores recomiendan el cálculo simultáneo de la distancia de Rogers (1972). Este coeficiente es una función entre la diferencia de frecuencias alélicas entre subpoblaciones de una población total. La distancia de Rogers es la media de las distancias individuales para cada loci. Este coeficiente se considera más adecuado que el de Nei (1972) para la separación de poblaciones muy relacionadas (Hedrick, 1975 citado por Martínez, J. 2000).

El cálculo de la distancia de Nei proporciona la mejor estimación de los niveles de divergencia evolutiva entre razas, cuando se construye el fenograma mediante el método UPGMA (método no ponderado de grupos usando promedios aritméticos) desarrollado por Farris (1972) y Tateno (1982).

De acuerdo a la naturaleza mutacional del marcador empleado se han diseñado diferentes estimadores de las distancias genéticas que se pueden clasificar en dos grupos, aquellas basadas en el modelo IAM (Infinite Allele Model) (Kimura y Crow, 1964, citados por Checa, M. 2004), y el modelo SMM (Step Mutation Model) (Kimura y Ohta, 1978, citados por Checa, M. 2004), aunque al margen queda otro grupo más heterogéneo de distancias no basadas sobre ningún modelo mutacional.

(b) Árboles filogenéticos

La filogenia una reconstrucción de la historia evolutiva de un grupo de

organismos, siendo el árbol filogenético la reconstrucción gráfica de esta evolución (Checa, M. 2004).

Los dendogramas se pueden construir partiendo de numerosos y diversos datos: genéticos, proteicos, morfológicos, fisiológicos, histoquímicos, etc. En general se puede hacer una distinción entre datos fenéticos y datos cladísticos. Las relaciones fenéticas son definidas por Sneath y Sokal (1973) citados por Checa, M. (2004) como similitudes basadas en un grupo de datos fenotípicos de los organismos en estudio, mientras que las relaciones cladísticas contienen información acerca sobre el ancestro lo que les confiere carácter evolutivo. Ambas relaciones se representan por medio de árboles filogenéticos o dendogramas. En ocasiones se usan los términos fenograma y cladograma según la información que se evalúe. En el cladograma es imprescindible el concepto de tiempo entre los grupos de organismos que se comparan, mientras que en el fenograma este concepto no lo es.

En general los árboles filogenéticos evalúan las coincidencias y diferencias entre un grupo de organismos. Cuantos más caracteres muestran en común dos organismos, presumiblemente más unidos evolutivamente estarán, y más cercanos dentro del árbol.

En el caso de los árboles basados en distancias genéticas podemos considerar dos métodos principales de agrupamiento: UPGMA (Unweighted Pair Group Method using arithmetic average) (Sneath y Sokal, 1973) y Neighbour-Joining (NJ) (Saitou y Nei, 1987).

El método UPGMA es el método más simple de construcción de un árbol que asume que los grados de evolución entre los diferentes grupos son prácticamente constantes. En primer lugar busca los dos grupos que son más similares y entonces los trata como un nuevo grupo único, con el que va a comparar los restantes y a proceder de forma similar con el resto de forma sucesiva.

El método NJ está basado en el principio de evolución mínima que no requiere que el grado de evolución de los grupos que participan sea el mismo, de modo que se trata de un árbol sin raíz y sin implicaciones evolutivas para los grupos bajo estudio.

Una vía para valorar la fiabilidad del agrupamiento mostrado por cualquiera de los dos métodos, es lo que se conoce como bootstrapping (Weir, 1990), consistente en la creación de pseudoréplicas mediante remuestreo. El bootstrapping permite valorar si la distribución de caracteres ha estado influenciada por efectos estocásticos. Las pseudoréplicas son generadas por muestreo aleatorio de la matriz de caracteres original para crear una nueva matriz del mismo tamaño que la original. La frecuencia con la que una rama dada es encontrada es grabada como la proporción de bootstrap.

Estas proporciones pueden ser usadas de forma cautelosa como una medida de la fiabilidad de las ramas individuales en el árbol óptimo (Checa, M. 2004). Las matrices de distancia genética contienen toda la información que proporcionan los marcadores genéticos estudiados acerca de las relaciones entre las razas estudiadas, pero ésta es difícil de interpretar sin análisis adicionales. Los datos de distancia obtenidos se utilizan en análisis de agrupamiento y se realizan representaciones gráficas para facilitar la interpretación de los mismos. Los árboles de distancia son representaciones gráficas o mapas de la matriz de distancias entre poblaciones y pueden ser considerados en algunos casos como una representación de la filogenia. Los árboles filogenéticos pueden ser con raíz (*rooted*) o sin raíz (*unrooted*). Los árboles con raíz conllevan la noción de ordenamiento temporal de las especies o de los genes en el árbol, mientras que los que no tienen raíz sólo reflejan las distancias entre las unidades representadas sin tener en cuenta cuál es el ascendente de cuál (Martínez, A. et al. 2013).

5. Mapas genéticos.

Los mapas genéticos son una herramienta muy importante para poder determinar la localización de genes que sean de interés. Desde el punto de vista

de la producción animal, los genes más interesantes son los responsables de caracteres de interés productivo (QTLs o locus de un carácter cuantitativo), y desde el punto de vista de la sanidad animal, los responsables de ciertas patologías.

Una forma de abordar el estudio de este tipo de genes consiste en encontrar alelos que se cohereden con el gen o genes responsables del fenotipo de interés. De acuerdo con los principios mendelianos, cuando un alelo marcador y el alelo del gen de interés están muy separados dentro del mismo cromosoma o están en cromosomas diferentes, éstos segregarán de forma independiente, y el alelo marcador podrá aparecer con igual frecuencia en individuos con fenotipos opuestos.

Sin embargo, si el alelo marcador se encuentra próximo al alelo del gen responsable, dentro del mismo cromosoma, el marcador y el gen segregarán conjuntamente proporcionando una evidencia del ligamiento existente.

Los mapas de ligamiento meiótico o mapas genéticos están constituidos por loci, para los que la distancia genética entre marcadores adyacentes está determinada en centiMorgans (cM). El método de elaboración de estos mapas consiste en trazar la herencia de los alelos y la posición de los eventos de recombinación a través de pedigrís compuestos por varias generaciones. Como los cromosomas sufren numerosas recombinaciones durante la meiosis, los marcadores o genes localizados lejos en el mismo cromosoma, se disociarán durante la espermatogénesis u oogénesis, y de este modo se dice que no están ligados. Los marcadores o genes que se localizan próximos físicamente sobre el mismo cromosoma, tienen una posibilidad más baja de separarse durante la meiosis, y se dice que están ligados. Para una región concreta del genoma, la probabilidad de que ocurra recombinación entre dos loci cualquiera, es directamente proporcional a la distancia entre ellos, y se expresa como la fracción de recombinación (θ). Un 1% de recombinación es aproximadamente igual a 1 cM, lo que groseramente corresponde a un millón de pares de bases en la especie humana y un poco más de dos millones en ratón.

La construcción de los mapas genéticos tiene lugar en varios pasos. En primer lugar se aíslan numerosos marcadores, a continuación, estos marcadores se localizan dentro de grupos de ligamiento (los marcadores que se localizan en el mismo grupo de ligamiento pertenecen al mismo cromosoma), y finalmente se determina el orden de estos marcadores dentro de cada cromosoma. La distancia genética entre dos marcadores es el número esperado de sobrecruzamientos que ocurren entre ambos en un solo cromosoma durante la meiosis. El proceso por el que se cuenta el número de descendientes recombinantes y no recombinantes en un cruce, seguido de la estimación de la distancia en el mapa y la verosimilitud del ligamiento frente al no ligamiento para un par de marcadores, se denomina “análisis de ligamiento genético”. El paquete de alelos, representado por varios marcadores continuos, que son recibidos por un individuo desde un padre concreto, se conoce como haplotipo (Checa, M. 2004).

Cuanto más largo es el pedigrí, más útil resulta para la construcción del mapa genético, siendo necesarias como mínima tres generaciones. Los mapas genéticos están compuestos de marcadores ordenados linealmente, con una posición asignada a lo largo de los cromosomas por medio de mapeo genético o físico. Los marcadores que componen los mapas genéticos son de dos tipos (O'Brien, 1991, citado por Checa, M. 2004), marcadores tipo I, que son genes con función conocida, útiles para el desarrollo de mapas comparativos, y marcadores tipo II, que son marcadores polimórficos anónimos, entendiendo como tales, aquellos en los que el alelo más común, tiene una frecuencia inferior al 95%. Dentro de los marcadores tipo II, inicialmente se comenzó utilizando marcadores de tipo RFLP (Donis-Keller y col. 1987, citados por Checa, M. 2004), pero con el tiempo fueron reemplazados por los microsatélites, que demostraron poseer unas características muy interesantes para este propósito: herencia mendeliana, distribución homogénea y frecuente a lo largo del genoma, elevado polimorfismo (alto número de alelos por locus), lo que conlleva un nivel de heterocigosis más alto y permite reducir el número de familias de referencia necesarias para construir el mapa. Además, los microsatélites, gracias al

descubrimiento de la PCR y a la implementación de técnicas de genotipado masivo, han posibilitado reducir costes y acelerar la obtención de resultados.

6. Marcadores genéticos

Se denominan marcadores genéticos a aquellas señales, sean del tipo que sean, que sirven para indicarnos la presencia cercana de un gen de interés en un cromosoma dado. La señal a la que se hace referencia puede ser un rasgo determinado (fenotipo) o bioquímico, y debe ser fácilmente identificable para facilitar la localización de uno o más genes.

Cuando se observa que dos señales aparecen siempre juntas en un individuo, y esas características se repiten a través de las generaciones, se dice que ambos rasgos (o señales) están asociados y, por lo tanto, se infiere que se encuentran próximos en el cromosoma. Caso contrario, si hay dos rasgos que se relacionan con muy baja frecuencia a través de las generaciones se dice que o están muy lejos en el cromosoma, o bien en cromosomas diferentes (Escandón, A. Pérez de la Torre, M. n.d.).

La importancia, desde el punto de vista de la producción animal, tienen los marcadores genéticos radica en su aplicación a la identificación individual y al control de filiación, al garantizar la fiabilidad de los documentos genealógicos, material fundamental para emprender las tareas de selección y mejora de las razas equinas.

Dentro del término de Grupos Sanguíneos se engloban dos conjuntos de caracteres genéticos que se expresan en la sangre y que están sometidos a una determinada variabilidad. Unos son proteínas de la estructura antigénica de la membrana eritrocitaria (grupo sanguíneo propiamente dicho) y otros variantes alélicas de algunas enzimas y proteínas internas del eritrocito y del plasma (Polimorfismo bioquímico sanguíneo) (Rodríguez-Gallardo y Aguilar, 1989, citados por Martínez, J. 2000).

A la posibilidad de que se presenten diferencias entre estos antígenos de membrana, en la forma de agruparse éstos o en las variantes de una misma proteína, es lo que se denomina *Polimorfismo genético*. Como estos caracteres están codificados en el ADN presentan las características inherentes al material genético, es decir, son caracteres constantes, permanentes, indelebles, ajenos a las acciones del medio ambiente y presentes en el individuo a lo largo de toda su vida (Kaminski et al., 1974) citados por Martínez, J. (2000). En definitiva, son caracteres que marcan al individuo, de aquí su denominación de Marcadores Genéticos.

Su determinación mediante técnicas inmunológicas y bioquímicas, nos permite la obtención de una fórmula sanguínea con cada una de las variantes alélicas presentes para cada locus genético de cada individuo. Debido al número de loci y a las características de éstos, es difícil encontrar dos individuos con idénticas fórmulas sanguíneas.

La mejora animal se basa en la selección de individuos que transmitan unos caracteres productivos muy concretos, lo que a medio o largo plazo implica un aumento de la consanguinidad y, por tanto, una mayor homogeneidad genética de la raza. Este fenómeno dificulta, cada vez más, la identificación de los individuos y el control de su genealogía, por lo que se hace necesario definir nuevos marcadores que detecten la cada vez menor variación entre los ejemplares de una misma familia, ganadería o grupo racial.

Este hecho justifica que hoy en día resulte más útil para la obtención de nuevos marcadores genéticos, abordar el estudio de la información que poseen las células de un individuo directamente sobre los ácidos nucleicos, y no sólo sobre su expresión en forma de proteínas. Esto es posible gracias a la simplificación de las técnicas de investigación del ADN ocurrida a finales de la década de los años 80, uno de los avances más significativos en el campo de la Genética (Vega-Pla, 1996, citado por Martínez, J. 2000).

Un marcador genético es un segmento de ADN con una ubicación física

identificable en un cromosoma y cuya herencia se puede rastrear. Para que una porción de ADN ligada al carácter de interés sea considerado un marcador genético debe mostrar una variación experimentalmente detectable entre los individuos de la población, y un modo de herencia predecible según las leyes de Mendel (www.porquebiotecnología.com.ar).

a. Tipos de marcadores genéticos

En los análisis genómicos, se han utilizado varios tipos de marcadores: morfológicos, isoenzimas, proteínas y marcadores basados en ADN.

(1) Marcadores morfológicos

Son características fenotípicas de fácil identificación visual tales como forma, color, tamaño o altura. Muchos de ellos se convierten en importantes descriptores, a la hora de inscribir nuevas variedades. Presentan algunas limitaciones, no obstante permanecen como caracteres útiles en la identificación de materiales dado que representan un conjunto de caracteres que pueden ser evaluados con métodos sencillos y a bajo costo.

(2) Isoenzimas

Se definen como diferentes formas moleculares de un tipo de enzima, que poseen una actividad catalítica común, es decir actúan sobre el mismo sustrato. Ciertos cambios en la secuencia de ADN (mutaciones) que codifica para estas enzimas pueden resultar en cambios en la composición de aminoácidos. Si estos cambios se producen, las proteínas podrían tener la misma actividad biológica, pero como su composición de aminoácidos varía, podrían tener diferente carga neta y por tanto diferentes velocidades de migración en un campo eléctrico. Estas diferencias determinan patrones característicos de migración electroforética de las formas iso-enzimáticas. Las enzimas que se utilizan en estos estudios se clasifican de acuerdo a su función y se representan con una sigla de tres letras. Por ejemplo:

- Dehidrogenasas (alcohol dehidrogenasa ADH, glutamato dehidrogenasa GDH),
- Oxidasas (peroxidasas PRX),
- Hidrolasas (fosfatasas ácidas ACP, esterasas EST),
- Isomerasas (fosfoglucoisomerasa PGI)
- Transferasas (fosfoglucomutasas PGM).

Las isoenzimas han tenido un rol prominente en estudios de poblaciones vegetales para determinar variabilidad y estructura genética, sistemática y biología evolutiva así como en descripción de germoplasma e identificación de variedades.

(3) Proteínas de reserva

El endosperma de los cereales es el principal componente de la semilla ya que representa aproximadamente el 80-90% de su peso seco. Almidón y proteínas son las dos macromoléculas más importantes. El contenido de proteína varía según la especie, por ejemplo, los valores más altos se dan en trigo y avena (10-17%) y los más bajos en maíz y arroz (6%). La concentración de proteínas en los cereales es apreciablemente menor que en las leguminosas ya que en éstas los órganos de reserva o cotiledones son capaces de almacenar hasta un 40% de su peso seco en proteínas.

Las proteínas del endosperma fueron estudiadas ya a comienzos del siglo pasado por el químico Osborne (Metodología de Osborne & Mendel), quien dio las bases para las clasificaciones actuales. La misma se basa en la solubilidad relativa en diferentes solventes: albúminas solubles en agua, globulinas en solución salina, prolaminas en alcohol y glutelinas en ácidos o álcalis. El uso de proteínas de almacenamiento en estudios de diversidad genética sistemática, se basa en el hecho que las proteínas de diferentes individuos, poblaciones y

especies son homólogas, y que al separarse en un gel producirán bandas similares o diferentes. Debido a que las proteínas de reserva carecen de actividad enzimática, ellas son detectadas en el gel por medio de técnicas generales de teñido (www.porquebiotecnología.com.ar).

(4) Marcadores moleculares

Un marcador molecular se corresponde con una región del ADN que debido a su polimorfismo y los mecanismos de la herencia permite seguir el rastro de un gen a través de las generaciones. Los marcadores pueden ser de naturaleza muy diversa y presentar numerosas diferencias entre ellos, tanto en el método de detección como en las tasas de mutación, mecanismos de expresión, polimorfismo, etc. (Checa, M. 2004).

Es un segmento de ADN con una ubicación física conocida en un cromosoma. Los marcadores genéticos pueden ayudar a vincular una enfermedad hereditaria con el gen responsable (Hurle, B. citada por National Human Genome research institute).

Marcador molecular es cualquier fenotipo molecular oriundo de la expresión de un gen o de segmentos específicos de DNA, que puede ser detectado y su herencia monitoreada. Un marcador molecular recibe el nombre de marcador genético cuando su comportamiento se rige de acuerdo con las leyes básicas de la herencia mendeliana (Ferreira y Grattapaglia, 1998; Villamón, 2000, citados por Yañez, V. 2002).

Es un fragmento de DNA, o el producto de su expresión, que presenta polimorfismo y tiene una pauta de herencia contrastada. Los marcadores se utilizan a modo de “etiquetas” de una unidad genómica concreta (gen, región cromosómica, cromosoma, complemento cromosómico) en un individuo, población o especie (Felip, A. y Saavedra, C. 2010).

La información sobre la diversidad genética es esencial para optimizar tanto las

estrategias de conservación de los recursos zoogenéticos como las de utilización. Dado que los recursos para la conservación son limitados, suele ser necesaria una priorización. Las nuevas herramientas moleculares permitirán la identificación de genes implicados en un conjunto de caracteres, incluyendo los caracteres adaptativos, así como los polimorfismos que causan la variación genética funcional (Nucleótidos de Caracteres Cuantitativos QTN). Sin embargo, aún no disponemos de conocimientos suficientes para priorizar las decisiones de conservación sobre la base de la diversidad molecular funcional, y se requieren medidas alternativas.

La caracterización fenotípica proporciona una estimación rudimentaria del promedio de variantes funcionales de genes de los que son portadores un individuo o una población. Sin embargo, la mayoría de fenotipos de la mayor parte de especies agropecuarias no están documentados (FAO 2010).

Tradicionalmente, los marcadores utilizados en estudios de genética y mejoramiento eran aquellos controlados por genes asociados a caracteres morfológicos, en general fenotipos de fácil identificación visual, que contribuyeron significativamente al desarrollo teórico del análisis de ligamiento y en la construcción de las primeras versiones de mapas genéticos (Ferreira y Grattapaglia, 1998, citados por Yañez, V. 2002). Sin embargo, el bajo número de estos marcadores y la posibilidad de interferencia epistática o ambiental limitaban su uso. La revolución en este plano se inició con el descubrimiento y utilización de los marcadores isoenzimáticos.

Funcionan como señaladores de diferentes regiones del genoma. Los marcadores se usan para el mapeo genético, como el primer paso para encontrar la posición e identidad de un gen.

Otra definición lo describe simplemente como un punto de referencia en un cromosoma, que puede o no corresponder a un gen.

Existen diversas técnicas de biología molecular disponibles para detectar

variabilidad en la secuencia de ADN. La reacción en cadena de la polimerasa (PCR), las enzimas de restricción, la separación electroforética de los fragmentos de ADN, las sondas marcadas y las hibridaciones, son algunas de las técnicas que permiten obtener un número virtualmente ilimitado de marcadores moleculares. y cubrir la totalidad del genoma de un organismo (www.porquebiotecnología.com.ar).

Son ampliamente utilizados en estudios de genética humana, vegetal, animal y microbiana. Los marcadores moleculares permiten evidenciar variaciones (polimorfismos) en la secuencia del ADN entre dos individuos, modifiquen estas o no su fenotipo. Esto se debe a que los marcadores moleculares “señalan” tanto regiones codificantes como no-codificantes del genoma.

A nivel práctico, los marcadores moleculares tienen diversas aplicaciones en el campo de la conservación (Glaubitz y Moran, 2000, citados por Jimenez, P. y Collada, C. 2000):

- Medida de la diversidad genética y la diferenciación.
- Estimación de las tasas de flujo genético o migración.
- Caracterización del sistema de reproducción (*mating system*).
- Análisis de paternidad y parentesco.
- Determinación de la eficiencia de los huertos semilleros.
- Identificación de clones y material forestal de reproducción.
- Estudios de filogenia y taxonomía.
- Mapas de ligamiento genético, análisis de genes que controlen rasgos cuantitativos (QTLs), selección asistida por marcadores.

(a) Tipos de marcadores moleculares

Existen distintos tipos de técnicas, que ofrecen distinto tipo de información según las características de la molécula o fragmento de molécula analizado. Lo más común es detectar diferencias de tamaño; a partir de las frecuencias con que aparecen cada una de las distintas variantes (alelos) se calculan diversos parámetros que nos dan la medida de la diversidad neutral y permiten comparar entre especies y/o estudios.

A partir de estos datos también es posible establecer relaciones de paternidad y parentesco, relaciones filogenéticas, o analizar qué procesos están ocurriendo en las poblaciones (migración, deriva genética, cuellos de botella, etc.). Los estudios con marcadores resultan relativamente baratos y, sobre todo, ofrecen resultados rápidamente. De acuerdo a la tecnología utilizada, suelen distinguirse dos grandes grupos de marcadores (Jiménez, P. y Collada, C. 2000):

- Basados en el análisis de proteínas (análisis isoenzimático, polimorfismo posicional de péptidos).
- Basados en el análisis del ADN. En esta categoría encontramos dos grandes grupos de marcadores: Los revelados mediante hibridación con sondas marcadas y los obtenidos mediante amplificación por PCR (Reacción en cadena de polimerasa).

Además de esta división según el tipo de molécula utilizada y la técnica, los marcadores se caracterizan como haploides o diploides, dependiendo del tipo de genoma de que provengan, y como dominantes (cuando, en el caso de individuos heterocigotos, sólo es posible observar el alelo dominante) o codominantes (cuando pueden distinguirse los dos alelos en heterocigosis).

1. Marcadores basados en el análisis de la proteína

Los marcadores proteicos son generalmente codominantes, y permiten el análisis a la vez de varios loci con bajo coste. Los genotipos resultantes de

dichos análisis se pueden procesar como cualquier clase de datos mendelianos codominantes y los resultados obtenidos se pueden utilizar en análisis de poblaciones, relaciones inter e intra-poblacionales, taxonomía, análisis de parentesco, estudio de ligamientos e identificación de híbridos. Las técnicas más utilizadas son el análisis isoenzimático y la electroforesis en dos dimensiones.

a. Análisis isoenzimático

Esta técnica se basa en la separación de enzimas con la misma función y que se diferencian en tamaño, carga o conformación.

El extracto proteico se obtiene mediante trituración del tejido elegido, y se lleva a cabo la separación de las isoenzimas mediante un campo eléctrico que produce un desplazamiento de las proteínas en función de su carga. Como soporte donde se produce dicha separación se pueden utilizar geles de poliacrilamida o de almidón, siendo estos últimos los más utilizados. Para visualización de las enzimas se aprovecha su actividad catalítica, provocando una reacción en la que intervienen el sustrato específico y un producto coloreado o fluorescente.

Se trata de una técnica muy popular por su sencillez, bajo coste, rapidez y la gran cantidad de información que puede aportar. Presenta la limitación de unos bajos niveles de polimorfismo, lo que la limita para algunos usos (análisis de parentesco, identificación de material).

b. Electroforesis bidimensional de proteínas

Esta técnica electroforética se emplea para la separación de proteínas sin actividad enzimática. Combina una primera separación en gel de poliacrilamida en función del punto isoeléctrico de las proteínas, y una segunda, en otra dimensión, en función del tamaño. Las proteínas se revelan mediante tinción con plata, y se comparan los patrones obtenidos para cada muestra.

Es una técnica menos utilizada que el análisis isoenzimático, pues su coste es ligeramente superior y la interpretación de los resultados más complicada.

(5) Marcadores de ADN

Los marcadores de ADN presentan una serie de ventajas frente a los proteicos:

- No se ven afectados por variaciones ambientales ni de desarrollo.
- Muestran la base misma de la variación de los individuos.
- Permiten seleccionar regiones concretas dentro de la molécula de ADN para estudios determinados.
- El número de polimorfismos detectables es teóricamente ilimitado.
- Permiten analizar tanto la información que se expresa como la que no.
- Se han desarrollado un gran número de técnicas adecuadas a diferentes situaciones.

Los marcadores moleculares tienen diferentes características en cuanto a su tipo de herencia y dominancia; por tanto, la elección de los mismos debe hacerse pensando en la información que se quiere obtener. En ese sentido, al elegir la técnica a utilizar tendremos en cuenta si proporciona un marcador dominante o codominante, si maneja ADN nuclear (generalmente de origen biparental) o ADN mitocondrial de origen monoparental (materno) o ADN de cloroplasto, también de origen monoparental (dependiendo de las especies es paterno o materno). También será necesario tener en cuenta el coste y la dificultad de la técnica, así como la necesidad de información previa sobre la secuencia de ADN, o el uso de radiactividad.

El primer paso es siempre la extracción del ADN a partir del tejido deseado. Las diferentes técnicas difieren en el fragmento o fragmentos que se estudia y en la

manera de aislarlo: enzimas de restricción, amplificación selectiva, o una combinación de ambos métodos.

La separación de los fragmentos estudiados se realiza mediante electroforesis en geles de agarosa o acrilamida y se visualizan con diferentes técnicas de tinción (Jiménez, P. y Collada, C. 2000).

(a) RFLPs (Restriction fragment length polymorphisms o polimorfismo de fragmentos de restricción de longitud variable)

En esta técnica, el ADN obtenido en la extracción es digerido mediante enzimas de restricción (enzimas que cortan el ácido nucleico en determinados puntos); los fragmentos resultantes se separan mediante electroforesis y se visualizan mediante tinción con bromuro de etidio. Posteriormente, se realiza la transferencia del ADN del gel a una membrana (Southern blotting), normalmente de nailon. El paso siguiente es la hibridación con una sonda, es decir, un fragmento de secuencia conocida marcado mediante radiactividad o quimioluminiscencia. La sonda se une a los fragmentos de ADN fijados en la membrana que posean una secuencia complementaria, y estos son revelados a través de una autorradiografía.

Los RFLPs proporcionan marcadores codominantes que se han utilizado en la realización de mapas de ligamiento, estudios de segregación, recombinación, paternidad, etc. Sin embargo, se trata de una técnica costosa y muy laboriosa, que precisa una gran cantidad de ADN y una información previa sobre la secuencia, por lo que está siendo desplazada por los marcadores basados en la reacción en cadena de la polimerasa (Jiménez, P. y Collada, C. 2000).

Este tipo de marcador se basa en la posibilidad de que las variaciones nucleotídicas existentes a nivel de la secuencia de ADN coincidan con las secuencias diana que reconocen las enzimas de restricción, las cuales tienen la capacidad de cortar el ADN a ese nivel. Los fragmentos obtenidos tras el corte

se separan mediante electroforesis en geles de poliacrilamida o agarosa (Checa, M. 2004).

Estos marcadores pueden combinarse con otras técnicas como la hibridación mencionada por Southern, (1975), citado por Checa, M. (2004), de modo que los fragmentos se transfieren a una membrana y sobre ella se deposita una sonda específica. Los lugares en los que la sonda se ha unido a los fragmentos se visualizan posteriormente por medio de diferentes marcajes (isotópico o enzimático) con lo que se obtiene un patrón de bandas característico de cada individuo.

Otra posibilidad consiste en combinarla con la técnica de PCR, situando una pareja de cebadores flanqueando la zona que contiene la mutación que es diana para las enzimas de restricción, y se amplifica el número suficiente de veces que permita su visualización tras la electroforesis en un gel de agarosa o poliacrilamida.

Este marcador presenta ciertos inconvenientes. Se trata de una técnica costosa que al incluir la hibridación resulta imposible de automatizar y tiene unos requerimientos de cantidad de ADN muy elevados. Además se trata de marcadores dominantes, y por tanto no es posible distinguir animales homocigotos de heterocigotos.

Su aplicación práctica más importante hoy en día consiste en utilizarla como herramienta de diagnóstico de mutaciones que provocan cambios fenotípicos, que pueden tener implicaciones sanitarias y/o económicas importantes (Meyer y col., 1995; Emile y col., 2002; Geysen y col., 2003, citados por Checa 2004).

(b) PCR (Polymerase chain reaction o reacción en cadena de la polimerasa)

La PCR se basa en la copia de fragmentos de un ADN molde por acción de una polimerasa termoestable, y requiere la presencia de oligonucleótidos que actúen como cebadores (primers).

Los cebadores (primers) son fragmentos de ADN de una única hebra cuya secuencia es complementaria de las que enmarca la región que se va a amplificar. La reacción que tiene lugar es cíclica, de modo que las copias obtenidas aumentan de manera exponencial, obteniendo millones de ellas a partir de una cantidad inicial muy pequeña de ADN.

La principal diferencia entre las técnicas basadas en la PCR radica en los cebadores que se empleen, que fundamentalmente pueden ser de tres tipos: específicos (diseñados a partir de una secuencia de ADN conocida previamente y complementarios de la misma); semiespecíficos (complementarios de elementos repetitivos de ADN) y arbitrarios (uno o dos cebadores cortos de secuencia arbitraria, por lo cual no requieren conocimiento previo de la secuencia de ADN) (Jiménez, P. y Collada, C. 2000).

El primer paso en el análisis de ADN, ARN y proteínas es su extracción y purificación a partir de las muestras biológicas. Existen varios protocolos y equipamientos comerciales. Las estrategias aplicadas dependen del material fuente y de la molécula diana. Por ejemplo, la extracción de ADN de sangre entera o leucocitos es relativamente fácil, en tanto que su extracción de alimentos procesados es más difícil. La extracción de ARN de tejido pancreático es difícil debido a su rápida degradación en dicho órgano. La pureza del ADN, ARN y proteínas es a menudo un factor clave que no se cuida lo suficiente en la obtención de resultados fiables.

Tras aislar el ADN (o el ARN) de las células, el siguiente paso es obtener miles o millones de copias de un gen determinado o fragmento de ADN. La multiplicación de fragmentos de ADN se puede encomendar a la acción de microorganismos, generalmente *E. coli*, o puede realizarse in vitro utilizando la reacción en cadena de la polimerasa (PCR).

Esta técnica, por la que su creador, Cary Mullis, obtuvo el Premio Nobel, amplifica exponencialmente cualquier segmento de ADN de secuencia conocida. El componente clave de una reacción PCR es la ADN polimerasa aislada de

Thermus aquaticus, un microorganismo adaptado a vivir y multiplicarse a muy alta temperatura. Esta polimerasa termoestable (llamada Taq- por *Thermus aquaticus*) permite la replicación de cadenas en ciclos y produce un crecimiento geométrico del número de copias del ADN diana. Un ciclo PCR incluye tres pasos (FAO 2010):

- Desnaturalización del ADN a 90 - 95°C para separar el ADN en dos cadenas que servirán de plantilla.
- Hibridación de una pareja de oligonucleótidos de cadena única corta (cebadores) complementarios de las regiones diana que flanquean por ambos extremos el fragmento de interés, a 45 - 65°C.
- Extensión o elongación de las cadenas recién sintetizadas de ADN iniciada por los cebadores y facilitada por la Taq-polimerasa, a 72°C. Dicho ciclo se puede repetir, normalmente unas 25 a 45 veces, para permitir la amplificación de suficientes amplicones (un fragmento de un gen o de ADN sintetizado usando la PCR) para que se puedan detectar.

Todas las técnicas que se describen a continuación presentan en común la utilización de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) (Mullis et al., 1986, citados por Jimenez, P. y Collada, C. 2000), como sistema de amplificación in vitro de ADN.

1. RAPDs (Random amplified polymorphic DNA o polimorfismos de ADN amplificados de forma aleatoria)

Esta técnica utiliza cebadores arbitrarios, con lo cual se amplifica cualquier región del genoma flanqueada por secuencias complementarias al cebador y de una longitud adecuada. El número de fragmentos obtenidos es independiente de la complejidad del genoma y se distribuyen arbitrariamente en éste.

Los polimorfismos que se observan son debidos a inserciones y deleciones que alteran la secuencia en uno o los dos puntos de homología con el cebador, y se

hacen visibles por la presencia o ausencia de una banda. Se trata, por tanto, de marcadores dominantes (Jiménez, P. y Collada, C. 2000).

Estos marcadores se pueden utilizar en estudios de variabilidad, así como en la construcción de mapas de ligamiento. Las ventajas de esta técnica son el poder manejar cebadores universales, su bajo coste y sencillez. Entre sus inconvenientes se encuentran su carácter dominante y las dudas acerca de su reproducibilidad (Boscherini et al., 1994, Moreno et al., 1997, citados por Jiménez, P. y Collada, C. 2000).

Estos marcadores se basan en la técnica de la PCR, con la característica especial de que solo se utiliza un cebador de un tamaño reducido de 10 nucleótidos (Parker y col., 1991, citados por Checa, M. 2004), el cual se va a unir a las zonas del ADN en las que encuentre complementariedad, sin que exista un conocimiento previo de cuáles son estas zonas.

Para favorecer la unión del cebador con el ADN se utilizan condiciones de hibridación muy laxas, pequeño tamaño del cebador y bajas temperaturas de hibridación. El producto amplificado se visualiza en geles de agarosa o poliacrilamida y lo que se observa es un patrón de bandas característico en el que tanto la presencia como la ausencia de una banda son informativas.

La principal ventaja de este marcador es que no es necesario un conocimiento previo del genoma a amplificar, situación en la que se encuentran numerosas especies silvestres, y con ellos se pueden detectar mutaciones que afecten a una sola base y que impiden la correcta unión del cebador al ADN y por tanto ocasionan que un determinado fragmento no se amplifique.

Estos marcadores se utilizan en numerosas ocasiones sobre mezclas de ADN de diferentes individuos pertenecientes a diversas poblaciones o razas, con lo que se pretende encontrar diferencias entre poblaciones o razas y no a nivel individual (Smith y col., 1996; Wei y col., 1997; Loughheed y col., 2000; Sharma y col., 2001, citados por Checa, M. 2004). Una vez que se han detectado bandas

específicas de población o raza, éstas pueden ser clonadas y secuenciadas o utilizarse posteriormente como sonda específica.

Sin embargo, también poseen numerosos inconvenientes: escasa repetibilidad en los resultados cuando las condiciones de amplificación no se mantienen estrictamente, lo que les hace difícil de transferir de un laboratorio a otro; y son marcadores dominantes, con lo que no se pueden distinguir animales homocigotos de heterocigotos.

2. AFLPs (Amplified fragment length polymorphisms o polimorfismo de longitud variable amplificada)

Esta técnica es intermedia entre RFLPs y PCR (Vos et al., 1995, citados por Jiménez, P y Collada, C., 2000). Combina la digestión con enzimas de restricción del ADN génico con una pre amplificación y una amplificación selectiva de los fragmentos de restricción. Dichos fragmentos se separan en un gel de secuenciación y pueden ser visualizados mediante autorradiografía o quimioluminiscencia.

No necesita información previa sobre la secuencia del ADN. Se obtienen marcadores dominantes altamente polimórficos. Por tanto, esta técnica se puede utilizar en la elaboración de mapas genéticos, análisis de filogenia, identificación de cultivares, etc. Asimismo permite la caracterización de individuos dentro de una población, por lo que es muy útil en análisis de paternidad y estudios de flujo genético. Al tratarse de marcadores dominantes, como los RAPDs, son menos eficaces en el estudio de genética de poblaciones; sin embargo, esta desventaja puede ser subsanada por el alto número de polimorfismos que se pueden detectar.

Esta técnica está basada en la detección de fragmentos de restricción amplificados por PCR que permite trabajar con cualquier tipo de ADN porque no requiere un conocimiento previo de la secuencia. El ADN se corta con enzimas de restricción y se ligan unos adaptadores de doble hebra a los extremos de

cada fragmento para generar los moldes de ADN que serán objeto de amplificación. La secuencia de los adaptadores y del lugar de restricción, sirven como lugar de anclaje del cebador que tendrá una secuencia complementaria a los mismos. Se incluyen nucleótidos selectivos al extremo 3' de los cebadores, de modo que solo se amplificarán los fragmentos que tengan junto al sitio de restricción, los nucleótidos complementarios a los del cebador. Para generar los fragmentos de restricción se usan dos enzimas distintas, una de corte frecuente y otra de corte poco frecuente.

El genoma de cada individuo va a dar lugar a fragmentos amplificados de distinto tamaño dependiendo de la presencia o no de la diana de restricción. La observación de los distintos fragmentos se realiza en geles de poliacrilamida y posterior tinción con plata, o mediante radiactividad, y también mediante fluorimetría en secuenciadores automáticos (Checa, M 2004).

3. SSLPs (Simple sequence length polymorphisms o polimorfismo de longitud de secuencia simple)

Los SSLPs son arreglos de secuencias repetidas que muestran variaciones en su longitud, con alelos que difieren en el número de unidades repetidas, pueden ser multialélicos y cada SSLP puede tener un número de variantes de longitudes diferentes; existen dos tipos de estos marcadores que se clasifican como DNA satélite, aunque no aparezcan con bandas satélite en gradiente de densidad (Uffo, O. 2006).

A lo largo del genoma existe un tipo ADN no codificante cuya estructura responde a secuencias de nucleótidos repetidos en tandem con una complejidad que puede variar entre 1 par de bases (pb) y más de 2000pb, hasta alcanzar un tamaño final entre 100pb y 100x106pb (Tautz, 1989, citado por Checa, M. 2004). En función de la longitud de la repetición y el tamaño de la estructura, estas secuencias repetidas en tándem se han dividido en dos clases: minisatélites y microsatélites.

4. Minisatélites o VNTRs (Variable number of tandem repeats o número variable de repeticiones por tandem)

En el caso de los minisatélites (Jeffreys y col., 1985, citados por Checa, M. 2004) el tamaño de la unidad repetida, conocida como secuencia "core" o central, tiene una longitud entre 10 y 100pb. Los minisatélites se encuentran localizados en las porciones eucromáticas de los cromosomas y predominantemente en las regiones subteloméricas (Royle y col., 1988, citados por Checa, M. 2004). El significado de los minisatélites no se conoce claramente pero se ha detectado que actúan como puntos calientes para la recombinación homóloga, Uffo, O. (2006), indica, que la unidad repetida es de 25pb de longitud.

Georges y col. (1988) citados por Checa, M. (2004) indican que fueron los primeros que utilizaron los minisatélites en el caballo, además de en un amplio espectro de animales domésticos, usando cuatro sondas de diferentes minisatélites sobre una familia de caballos belgas. Los resultados demostraron que estas sondas eran altamente efectivas para distinguir individuos, con una probabilidad de $3,2 \cdot 10^{-12}$ de encontrar dos individuos con el mismo patrón.

a. Microsatélites (SSRs Simple Sequence Repeats)

La variación genética de los microsatélites es detectada utilizando una técnica denominada reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y una electroforesis de los productos resultantes. El material de partida es generalmente sangre aunque podría emplearse también pelo y otros tejidos biológicos, necesitándose muy poca cantidad de material de partida, (Vega-Pla, 1999, citado por Martínez, J. 2000). Con esta reacción se copia varios millones de veces una zona muy concreta donde se halla la secuencia con el microsatélite y, mediante técnicas de electroforesis, se analizan las variaciones en longitud de los fragmentos de ADN generados en esta amplificación.

Los microsatélites son repeticiones de secuencias simples que aparecen dentro del genoma (p. ej., (TG) $_n$, (AAT) $_n$). Los polimorfismos observados corresponden

a diferencias de longitud provocadas por un número distinto de repeticiones. Dependiendo del ADN utilizado como molde en la amplificación, los microsatélites son nucleares (genoma nuclear) o de cloroplasto (genoma de este orgánulo). La amplificación de estos elementos exige un conocimiento previo de la secuencia que flanquea a los microsatélites para poderla utilizar como cebador en la amplificación.

Los microsatélites se corresponden con regiones hipervariables, por lo que presentan un alto grado de polimorfismo. Son marcadores codominantes en el caso de los nucleares, que permiten realizar estudios individuales entre poblaciones, mapas genéticos y estudios filogenéticos. Los de cloroplasto son especialmente interesantes en el estudio de historia de las poblaciones, flujo genético, hibridación e identificación de áreas que guardan una alta diversidad genética (Jiménez, P. y Collada, C. 2000).

El motivo repetido de los microsatélites varía entre 1 y 6 bases, y el número de repeticiones alcanza un máximo de 60. Existen dos teorías que explican el origen de la variabilidad en el número de repeticiones, la primera lo justifica por un sobrecruzamiento desigual durante la meiosis que da lugar a cambios más bruscos en el número de repeticiones y la segunda mediante un mecanismo conocido como deslizamiento de la polimerasa durante la replicación (Levinson y Gutman, 1987, citados por Checa, M. 2004), siendo ésta la teoría más aceptada., Uffo, O. (2006) manifiesta que repeticiones son menores que los mini satélites, usualmente de unidades de dinucleotidos o trinucleotidos

El fenómeno de deslizamiento de la polimerasa consiste en que durante el proceso de generación de la hebra complementaria, se pueden formar bucles que si se originan en la hebra que actúa de muestra, darían lugar a una repetición menos en las copias, mientras que si se forman en la hebra que se está generando darían lugar a copias con una repetición más (Schlotterer y Tautz, 1992, citados por Checa, M. 2004). Experimentos *in vitro* han demostrado que el deslizamiento de la polimerasa ocurre con una frecuencia muy elevada (Hentschel, 1982; Streisinger y Owen, 1985; Schlotterer y Tautz, 1992, citados

por Checa, M. 2004). La discrepancia entre el grado mutacional observado *in vitro* y el observado *in vivo*, se explica por la presencia de un sistema reparador de errores, que reduce el grado mutacional entre 100 y 1000 veces (Strand y col., 1993, citados por Checa, M. 2004). Varios trabajos relacionan la inestabilidad de los microsatélites a un sistema reparador defectuoso en algunos cánceres humanos (Aquilina y Bignami, 2001; Atkin, 2001, Hussein y Wood, 2002, citados por Checa, M. 2004).

Los primeros microsatélites de caballo fueron caracterizados por Ellegren y col. (1992) y Marklund y col. (1994), citados por Checa, M. (2004) quienes aislaron repeticiones CA/GT y demostraron que eran altamente polimórficos en caballos, utilizándose para análisis de parentesco y estudios de ligamiento. Una probabilidad combinada de exclusión de paternidad basada en ocho de estos microsatélites dio un valor de 0,96-0,99.

Ellegren et al (1992) citados por Martínez, J. (2000), detectaron secuencias de 6 microsatélites en los equinos, de los cuales tres incluyen una repetición perfecta TG (HTG3, HTG5, HTG6), dos de ellos (HTG1 y HTG4) presenta repeticiones de dos motivos diferentes, TC y TG y el último microsatélite presenta un motivo imperfecto (HTG2). Guéring et al. (1994) detectan otros siete microsatélites (HMS1, HMS2, HMS3, HMS5, HMS6, HMS7, HMS8) e indica que existe un número significativo de microsatélites en equinos (N=145) recientemente mapeados. Van Haeringen et al. (1994) citados por Martínez, J. (2000) describen el microsatélite VHL20.

b. Razones que justifican el uso de los microsatélites como marcador ideal para el análisis genético de poblaciones.

Los microsatélites presentan una serie de características que les confieren un grado de preferencia frente a otros marcadores:

- Se trata de unas secuencias que se encuentran en un número alto a lo largo del genoma y repartidas de forma más o menos homogénea, una cada 10 ó

20 kb (Edwards y col., 1991, Edwards y col., 1992; Bowcock y col., 1994; Forbes y col., 1995, citados por Checa, M. 2004).

- La mayoría tienen un efecto neutro frente a la selección.
- Son fácilmente amplificables a través de la PCR, incluso cuando se parte de muestras biológicas escasas o muy degradadas.
- El resultado de la amplificación es visible mediante geles de poliacrilamida o mediante secuenciadores automáticos, y la caracterización en pares de bases de los alelos es sencilla, de modo que los resultados entre laboratorios son fácilmente intercambiables.
- Poseen un elevado polimorfismo como consecuencia de una mayor tasa de mutación (10^{-3} a 10^{-5}) (Edwards y col., 1992; Bowcock y col., 1994; Forbes y col., 1995, citados por Checa, M. 2004). Esta característica les hace especialmente deseables en el caso de poblaciones donde el nivel de endogamia es alto, o para diferenciar poblaciones estrechamente relacionadas.
- Se encuentran bastante conservados desde el punto de vista evolutivo de modo que unos microsatélites descubiertos en una especie pueden ser amplificados con éxito en otra especie del mismo género, aunque el nivel de polimorfismo encontrado no sea el mismo.
- Son marcadores codominantes.
- La metodología laboratorial necesaria para su estudio es sencilla, rápida y de bajo coste económico.

Todas estas ventajas han determinado que actualmente sea el tipo de marcador ideal para numerosos estudios genéticos, mapeo genético (Weissenbach y col., 1992, citados por Checa, M. 2004), análisis de ligamiento (Bailey y col., 1997, citados por Checa, M. 2004), análisis de filiación (Edwards y col., 1992, citados por Checa, M. 2004), análisis genético de poblaciones (Bruford y Wayne, 1993, citados por Checa, M. 2004), etc.

Además Martínez, J. (2000) manifiesta las siguientes ventajas:

- Son muy frecuentes en el genoma eucariótico y están repartidos por todo el ADN, y a menudo, presentando un alto grado de variación en el número de repeticiones de la secuencia, es decir, tienen un alto grado de polimorfismo.
- Se necesitan cantidades muy pequeñas de material biológico y no están limitados a muestras frescas para la determinación de las variantes alélicas, lo que permite el estudio de muestras muy antiguas.
- Las técnicas empleadas para la detección de la variabilidad son muy simples en comparación con otras técnicas de investigación del polimorfismo del ADN.

F. ZOMETRÍA EQUINA E INDICES.

En la apreciación individual, los detalles relativos a zoometría ocupan un papel importante, puesto de relieve en dos aspectos fundamentales de todo reconocimiento exteriorista: el efectuado hacia simple finalidad de identificación del animal examinado en el que la costumbre exige la anotación de ciertas medidas y el más importante, en el que examinamos al animal desde el punto de vista de apreciación de la aptitud.

Estos datos mencionados anteriormente nos proporcionan, dentro de estrechos límites fluctuantes, bases seguras para la consecución de índices, a su vez determinantes en forma aproximada (Sánchez, A. 2002).

Actualmente la zoometría es una ciencia aplicada al exterior y a la zootecnia y que se hace necesaria para establecer una medida en las distintas razas y aptitudes de los animales y a la diferenciación animal, básicamente en aquellas razas y conjuntos raciales en los que se ha llegado a un cierto grado de homocigosis, reflejada en una asombrosa homogeneidad fenotípica (Oteiza, J. 1983).

1. Medidas zoométricas.

a. Alzada a la cruz (AC).

Corresponde a la estatura del hombre y es la distancia que hay entre la parte más alta de la cruz y el suelo, aunque para algunos autores debe tomarse desde la parte superior del casco. Nos valemos para tomarla del zoometro de bastón cuidando de que la rama transversal esté bien nivelada.

Deben tomarse las precauciones de rigor, especialmente en caballos, siempre inquietos a la vista de un instrumento extraño para ellos (Sánchez, A. 2002).

b. Alzada a la grupa (AP).

Se toma esta medida con zoometro de bastón, así mismo e imprescindiblemente apoyando este en el suelo, en línea completamente vertical a la unión entre el lomo y la grupa.

c. Longitud de la cabeza (LC).

Los puntos de referencia para esta medida son desde la protuberancia de la nuca al agujero incisivo, o sea, dos dedos por encima del labio superior en el animal vivo.

d. Anchura de la cabeza (AO).

La encontraremos en la distancia existente entre las crestas malares.

e. Diámetro longitudinal (DL).

Es la distancia existente entre la punta del encuentro y la punta del isquion. Se determina con zoometro de bastón (Sánchez, A. 2002), Oteiza, J. (1983), manifiesta que, esta medida representa la longitud del tronco.

f. Diámetro dorso-esternal (DD).

Sus puntos de referencia son la parte más declive de la cruz, superiormente, y la cara inferior de la región esternal inferiormente.

g. Diámetro bicostal (DBC).

Se traduce por la distancia existente entre dos planos costales, tomándose como puntos de referencia, por su mayor fijeza, la parte de dichos planos correspondiente a la punta del codo.

h. Longitud de la grupa (LG).

Se toma como punto de referencia la distancia entre las tuberosidades iliacas externas (punta del anca y punta del isquion).

i. Anchura de la grupa (AG).

Se toma como punto de referencia la distancia interilíaca (puntas de anca) (Sánchez, A. 2002).

j. Perímetro torácico (PT).

Esta medida se toma a la altura de la parte más declive de la cruz, bordeando el tórax, la cinta zoométrica debe volver a su punto de partida, este dato también nos puede servir para la determinación aproximada del peso y la determinación de algunos índices.

k. Perímetro de la caña (PC).

Tomado de la región metacarpiana, es la medida en circunferencia de esta región; medida que podemos relacionar con la amplitud zootécnica y que además nos indicará el desarrollo óseo (Oteiza, J. 1983).

I. **Angulo sacro-coxígeo.**

Este ángulo debe ser tomado entre el ileon y el isquion con el artrogoniómetro que da la inclinación del coxal dada por el complemento del ángulo recto (Muller, R. 1954).

2. **Indices zoométricos.**

a. **Indice cefálico.**

Se lo puede llamar también como total de la cabeza, es la relación entre el ancho de la cabeza y la longitud de la cabeza, cuya fórmula es la siguiente (Sánchez, A. 2002):

$$\text{Indice cefálico} = \frac{\text{Ancho de la cabeza (AO)} \times 100}{\text{Longitud de la cabeza (LC)}}$$

3. **Indice corporal.**

Es la relación entre el diámetro longitudinal y el perímetro torácico, este índice es de gran aplicación en la clasificación de las razas, para cual debemos expresar la siguiente fórmula (Oteiza, J. 1983):

$$\text{Indice corporal} = \frac{\text{Diámetro longitudinal (DL)} \times 100}{\text{Perímetro torácico (PT)}}$$

4. **Indice torácico.**

Se basa exclusivamente en las medidas de altura y anchura del tórax, para lo cual obtendremos previamente los diámetros dorso-esternal y bicostal para aplicar en la siguiente fórmula (Sánchez, A. 2002):

$$\text{Indice torácico} = \frac{\text{Diámetro bicostal (DBC)} \times 100}{\text{Diámetro dorso - esternal (DD)}}$$

5. Índice de la profundidad relativa del pecho.

Este índice nos indica si el animal está a mayor o menor distancia del suelo, para lo que aplicamos la siguiente fórmula (Muller, R. 1954):

$$I. \text{profundidad relativa del pecho} = \frac{\text{Diámetro dorsoesternal (DD)} \times 100}{\text{Alzada a la cruz (AC)}}$$

6. Índice metacarpiano.

También se llama índice dácilo-torácico, el mismo que cuando es más elevado, existe más correlación entre la masa y el volumen de los huesos, para lo cual aplicamos la siguiente fórmula:

$$\text{Índice metacarpiano} = \frac{\text{Perímetro de la caña (PC)} \times 100}{\text{Perímetro torácico (PT)}}$$

7. Índice pelviano.

Se consigna con bastante frecuencia como complemento de diagnosis raciales; su fórmula es la siguiente:

$$\text{Índice pelviano} = \frac{\text{Ancho de la grupa (AG)} \times 100}{\text{Longitud de la grupa (LG)}}$$

8. Índice de proporcionalidad

Es la relación que existe entre la alzada a la cruz y el largo del cuerpo, por lo que se expresa en la siguiente fórmula:

$$\text{Índice de proporcionalidad} = \frac{\text{Alzada a la cruz (AC)} \times 100}{\text{Diámetro longitudinal (DL)}}$$

9. Peso aproximado

Esta fórmula propuesta por Crevat considera el perímetro torácico y se expresa de la siguiente manera (Muller, R. 1954):

$$\text{Peso aproximado} = (\text{Perímetro torácico})^3 \times 70$$

G. CROMOHIPOLOGIA

1. Pelajes.

Si bien se entiende por pelaje o capa el conjunto de pelos y crines que cubren la superficie del cuerpo de los animales, cuando nos referimos al pelaje del yeguarizo queremos poner en evidencia las características que ofrece el color así como las manchas que pudieran presentar. En las distintas especies salvajes todos los individuos poseen el mismo pelaje; en esas condiciones naturales de vida, los pelajes, según se ha comprobado no varían más que por efectos del sexo, la edad, el clima y las estaciones.

Señala también que según los más autorizados hipólogos, el caballo primitivo era, de capa leonada, similar a la del caballo salvaje de Przewalski que aún se encuentra en las estepas de Mongolia. El cautiverio y la domesticación habrían contribuido a modificar ese pelaje primitivo, tornándolo tan variado como se observa actualmente en todas las razas (Muller, R. 1954).

Afirma que en la clasificación de las capas ha existido siempre anarquía de conceptos debido a que los zootecnistas han implantado criterios personales unas veces (otras no han aplicado criterio alguno) y por otra parte las denominaciones son muy distintas en los diversos países. Aún dentro del mismo país suelen emplearse distintas denominaciones para idénticos colores lo que igualmente ocurre en determinadas regiones y parajes.

Señala que de acuerdo al tinte que presentan, las capas se pueden dividir en simples y compuestas. A su vez las capas simples se clasifican en totales (cola,

crines y patas del mismo color del cuerpo) y parciales (cola, crines y patas de distinto color del cuerpo). Los pelajes compuestos pueden ser combinados o a manchas; entre los combinados los hay a dos y tres colores, los a manchas pueden ser con éstas chicas y grandes. Conforme a la clasificación se confeccionó los cuadros 1 y 2.

2. Terminología chacarera sobre el color de los caballos.

Sobre el tema hay numerosos criterios, a veces discrepantes. El pelaje del caballo se define por la composición del pelo, que está formado por la combinación de tres colores: rojo, amarillo y negro, que al mezclarse en proporciones variables dan las distintas capas básicas llamadas bayos, gateados, alazanes, doradillo, colorados, lobunos, tostados, zainos y oscuros. Además están el blanco y el albino que no son un color sino la ausencia de este, y el tordo o tordillo, del que hay muchísimas variaciones, y que se produce por el encanecimiento del oscuro (Corral, F. 1993).

a. Alazán.

La presencia de pelos rojos, en distintos matices, producen la capa llamada alazán. Entre los más usuales se encuentran los siguientes matices:

Alazán claro: Cuando tiene un tono rojizo canela, con la crin y la cola del mismo matiz.

Alazán dorado: Se produce cuando el pelaje rojo es muy brillante, semejante al tono del cobre pulido.

Alazán tostado: Su nombre parece provenir de su semejanza con el color de la pepa de café tostada. La capa tiene un matiz como de chocolate y por eso en nuestro campo a estos caballos se los llama chocos; también se lo denomina alazán sangre de toro.

CUADRO 1. CLASIFICACIÓN DE LOS PELAJES SIMPLES

Simples	Totales	Blanco	Plateado
			Rosado
			Porcelana
		Leonado	Claro
			Pardo
		Alazán	Claro
			Dorado
			Tostado
			Requemado
		Negro	Azabache
			Mate
			Peceño
	Parciales	Zaino	Claro
			Colorado
			Oscuro o pardo
			Negro
		Bayo	Blanco
			Huevo de pato
			Amarillo
			Anaranjado
Encerado			
Dorado			
Isabelino			
Ruano			
Cebruno		Claro	
		Oscuro	
	Barroso		

Fuente: Muller, R. (1954)

CUADRO 2. CLASIFICACIÓN DE LOS PELAJES COMPUESTOS

Compuestos	Yuxtapuestos o combinado	A dos colores	Tordillo	Blanco
				Plateado
				Negro
			Moro	Claro
				Oscuro
			Rosillo	Claro
		Oscuro		
		Lobuno	Oscuro	
			Torcaz o majo	
		A tres colores	Tordillo azafranado	Claro
	Oscuro			
	Rosillo moro		Claro	
			Oscuro	
	A manchas	A dos colores	Overo	Negro
				Colorado
				Rosado
				Bayo
				Sabino
				Alazán
				Lobuno
Zaino, etc.				
Tobiano			Negro	
			Colorado	
			Rosado	
			Bayo, etc.	

Fuente: Muller, R. (1954)

b. Bayo.

Los bayos se forman por la presencia de pelos amarillos en la capa; tienen toda la crin y la cola negras.

Bayo claro: Es el pardo claro, como la paja seca.

Bayo oscuro: Es el pardo oscuro, algo negrusco.

Bayo brillante: Es el pardo rojizo; es el más común de los bayos, también llamado bayo ordinario.

Bayo acerado: Se lo denomina así por su semejanza con el color de la cera de las abejas.

c. Blanco.

Es el caballo albino, que en el campo también se llama también talamoco; la capa es blanca sobre una piel rosada, que se observa particularmente en los belfos; estos caballos tienen los ojos de un color azul pálido, que se conoce como ojo de plata. Hay caballos blancos con los ojos negros que no son albinos.

d. Capulí.

En nuestro campo se denomina así al caballo de capa oscura, de patas, cola y crines negras, que en otros lugares se le conoce como zaino. El nombre deriva de su semejanza con el color del fruto del capulí.

e. Castaño.

La mezcla de pelos rojos y negros, en diversas proporciones, determina la capa de los castaños. En estos también es esencial que tanto la crin y la cola sean negras.

Castaño claro: Predominan los pelos rojos, sin ser su tono muy intenso.

Castaño ordinario: Se forma de la mezcla muy homogénea de pelos negros y rojos, siendo estos muy definidos; tienen el tono semejante al de una castaña,

de donde deriva su nombre.

Castaño oscuro: El rojo es más oscuro y predominan los pelos negros, los que dan un matiz negruzco marrón.

f. Chahuar.

Es el caballo de pelaje amarillo, como el bayo claro, pero presenta como característica las crines y cola blancas o aceradas. Es el color que en otros países se llama palomino.

g. Chugo.

Se denomina así al caballo cuya capa es de dos colores. Es semejante al overo; generalmente es un pelaje con mezcla de rojos y blancos, entre los que existe el claro, el oscuro y el flor de romero.

h. Concho.

La capa presenta un color semejante al regazo o concho que queda de la elaboración de la chicha de jora. En otros sitios se llama a este color lobuno, parecido al color del lobo.

i. Moro.

Es un caso especial en la combinación de pelos negros y blancos. Es básicamente un tordo o gris. Su particularidad esencial radica en que las patas, la cola, la crin y, fundamentalmente la cabeza son negras.

j. Muruhuasho.

Se usa para denominar al caballo con manchas blancas de forma irregular, que se presentan a modo de mosaico sobre el lomo. Estas manchas no modifican el

matiz de la capa fundamental; se presenta usualmente en los castaños y en los oscuros.

k. Rosillo.

Esta capa se forma por una mezcla de pelos blancos, rojos y negros en distintas proporciones. La crin y la cola usualmente son negras, con algunos pelos blancos. Como todas las capas de colores ternarios, se producen los claros, los ordinarios y los oscuros.

l. Tordillo.

Tordillo o tordo, se denomina así al caballo cuya capa está formada por la mezcla de pelos blancos y negros. La proporción de los unos y otros fija el tono de la capa y da origen a distintas tonalidades, en las que se pueden citar las siguientes:

Tordo claro: Predominan los pelos blancos, pero sin ser albino al que se ha llegado en los demás casos por el encanecimiento. También se llama blanco palomo.

Tordo oscuro: En este caso predominan los pelos negros, siempre entremezclados con los blancos, que se manifiestan también en la crin y cola.

Tordos salpicados: Entre estos se dan muchas variedades. Los más usuales son:

Tordo rodado, pequeños círculos oscuros; tordo mosqueado, pequeñas manchas negras; tordo peseteado tiene manchas como de monedas.

H. EDAD DEL CABALLO

Ciertamente que el caballo de edad extrema se distingue con facilidad del caballo joven mediante la observación de su aspecto exterior, pues su conformación es de líneas angulosas, el tejido adiposo es escaso, las cuencas muy hundidas, los

músculos del dorso atrofiados y sus movimientos menos enérgicos. Pero ello nos indica que es un animal más o menos viejo, sin darnos mayores datos respecto a su edad real o aproximada, por lo que debemos recurrir a la observación del desgaste de los dientes que constituyen los órganos cronométricos más serios, aunque no enteramente exactos, tampoco pues hay animales más precoces que otros.

También el desgaste puede ser mayor o menor, lo que depende de la alimentación habitual, así como la calidad del terreno, ya que en terrenos arenosos o zonas en las que es común la presencia de cenizas volcánicas voladoras el desgaste es mayor (Muller, R 1954). La Asociación Argentina de Fomento Equino (1971), adiciona que el caballo adulto (5 años en adelante) tiene 40 dientes, 20 en cada mandíbula y que se distribuyen en número y nombre de la siguiente manera: 6 incisivos, 2 caninos y 12 molares.

La apreciación de la edad no siempre es exacta, puede ser real, convencional o aproximada (Muller, R. 1954).

1. Edad real

Es la edad establecida con el dato exacto de la fecha de nacimiento

2. Edad convencional

Es la de algunos animales con pedigree, cuyos stud book exigen determinadas fechas para la inscripción de sus productos a los que prácticamente se los supone nacidos el primero de enero.

3. Edad aproximada

Es la edad de los animales criados a campo, sin registros genealógicos y que ha debido establecerse mediante la apreciación visual de su apariencia externa, así como el desgaste de la dentadura.

III. MATERIALES Y METODOS

A. LOCALIZACION Y DURACION DEL EXPERIMENTO

La investigación se realizó en la Comunidad de San Antonio de Guayllabamba, Parroquia Matriz, Cantón Chambo, Provincia de Chimborazo, ubicada a 1°46' de latitud Sur y a 78°33' de longitud oeste y en la Comunidad de Atillo, Cantón Guamote, ubicada a 2° 11' de latitud Sur y a 78° 32' de longitud oeste. La investigación tuvo una duración de 120 días.

B. UNIDADES EXPERIMENTALES

Las unidades experimentales planteadas dentro de cada una de las manadas correspondientes a cada uno de los cantones, fueron seleccionadas por su fenotipo criollo para poder realizar las mediciones experimentales. El total de animales es de 70 equinos, a los que se les tomó las medidas zoométricas dividiéndolos en grupos iguales, de estos se tomaron 22 muestras de pelo para ser enviados al Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de la empresa ABC en la Universidad de Córdoba (España).

C. MATERIALES Y EQUIPOS.

1. De campo.

- Cinta métrica.
- Zoometros de bastón.
- Corrales y trinquete.
- Jáquimas.
- Sogas.
- Moquillo.
- Sistema de posicionamiento global.

2. De laboratorio

- Computador.
- Calculadora.
- Fundas plásticas

D. MEDICIONES EXPERIMENTALES

1. Evaluación de los animales.

De un universo infinito de la población de caballos criollos existentes en los páramos de la comunidades de Guayllabamba en el cantón Chambo y Atillo en el cantón Guamote.

$$n = Z^2 \left[\frac{p * q}{e^2} \right]$$

n = Tamaño muestral.

Z = Valor estándar a 95% de confiabilidad (1,96)

p = Proporción estimada de caballos de buena calidad morfológica (10%).

q = Proporción estimada de caballos de baja calidad morfológica (90%) (1-p).

e = Proporción de error máximo o precisión (7%).

$$n = (1,96)^2 \left[\frac{0,1 * 0,9}{0,07^2} \right] = 70$$

Los cuales se consideran 35 animales en la comunidad de Atillo y 35 en la comunidad de Guayllabamba.

E. ANALISIS ESTADISTICO Y PRUEBAS DE SIGNIFICANCIA

Se realizó una estadística exploratoria de los datos obtenidos de las morfometrías e índices calculados de las mismas.

1. Análisis estadístico

- Media
- Frecuencia
- Error estándar

2. Pruebas de significancia

- T de Student

F. VARIABLES DE EVALUACION

1. VARIABLES ZOOMÉTRICAS.

- Longitud de la cabeza.
- Ancho de la cabeza.
- Alzada a la cruz.
- Longitud o largo del cuerpo o diámetro longitudinal.
- Altura del pecho o diámetro dorso esternal.
- Diámetro bicostal.
- Alzada de la grupa.
- Anchura de la grupa.
- Longitud de la grupa.
- Perímetro torácico.
- Perímetro de la caña.
- Angulo sacrocoxígeo.

2. Indices zoométricos.

- Índice cefálico.
- Índice corporal.
- Índice torácico.
- Índice de la profundidad relativa del pecho.
- Índice pelviano.
- Índice de proporcionalidad.

3. Variables fanerópticas.

- Color de la capa
- Perfil cefálico
- Perfil dorso lumbar
- Perfil sacro coxígeo
- Perfil ventral
- Pigmentación de las pezuñas

4. Variables genéticas.

- Distancia genética
- Consanguinidad de parentesco
- Heterocigosis

G. PROCEDIMIENTO EXPERIMENTAL

1. De campo.

Los animales previamente seleccionados para esta investigación, fueron identificados, posteriormente se los separaron de la manada para proceder a la toma de los datos morfométricos y de estos 70 animales, 22 fueron escogidos para obtener una muestra de pelo con folículo piloso tomado en el nacimiento de la cola, para su posterior envío a un laboratorio de análisis genético.

2. De laboratorio.

Una vez terminado el trabajo de campo se ingresarán estas medidas en una base de datos, para poder determinar por métodos estadísticos las características más comunes presentes en la manada de esta comunidad.

Se enviaron muestras de los 22 animales seleccionados en base a sus características morfológicas que más se apegan al fenotipo criollo, las mismas que fueron recogidas en sobres de plástico identificados con los datos de cada animal y se mantuvieron a temperatura ambiente hasta su envío al Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de la empresa ABC en la Universidad de Córdoba (España) y una vez allí, se les asignó a cada una un número de laboratorio (Anexo 1).

El ADN se ha extraído de muestras de pelo mediante el siguiente método:

a. Material Empleado:

- TE: Tris-HCl 10 mM,
- EDTA 1 mM pH=8.
- Tampón K: 0,372 g de KCl, 0,051g de MgCl₂,
- 1 ml de Tris-HCl 1 M (pH=8,5),
- 0,5 ml de Tween 20
- 98 ml de H₂O.
- Muestra de pelo con raíz.

b. Método:

- Lavar de 3 a 5 pelos con raíz de cada animal con agua bidestilada y después con etanol 100%.
- Dejar secar.
- Cortar las raíces de los pelos con unas tijeras esterilizadas con alcohol e introducirlos en microtubos.

- Añadir 100 µl de tampón K.
- Incubar a 56 °C durante 45 minutos.
- Elevar la temperatura a 95 °C e incubar durante 10 minutos.
- Conservar a –20 °C.

IV. RESULTADOS Y DISCUCION

A. CARATERISTICAS DEMOGRAFICAS DE LOS ANIMALES ANALIZADOS

1. Edad de los animales analizados

Dentro de la población total de animales analizados, se dividieron en dos grupos, los mismos que corresponden a las poblaciones de Atillo en el cantón Guamote y Guayllabamba en el cantón Chambo, cada una consta de 35 animales, con edades que fluctuaban entre 3 y 15 años.

2. Población de animales analizados por sexo

En el gráfico 1, podemos observar que la población total de animales analizados (70) está conformada por el 85,7% de hembras y el 14,3% de machos.

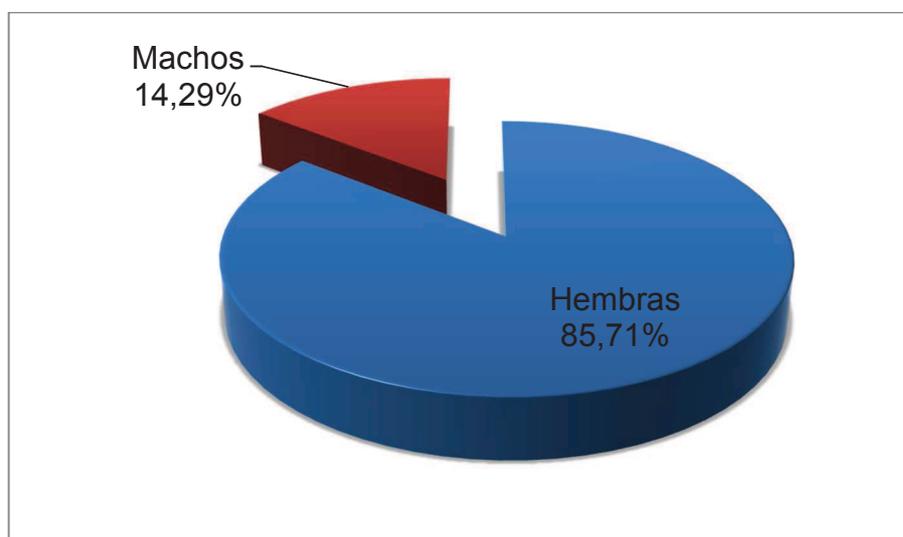


Gráfico 1. Distribución de la población según el sexo

3. Población de hembras y machos por zonas de estudio

En el gráfico 2, se observa que la composición por sexo de los grupos estudiados en las Comunidades de Atillo y Guayllabamba son iguales, correspondiendo el 85,7% (30) a la población de yeguas y el 14,3% (5) a la de caballos enteros.

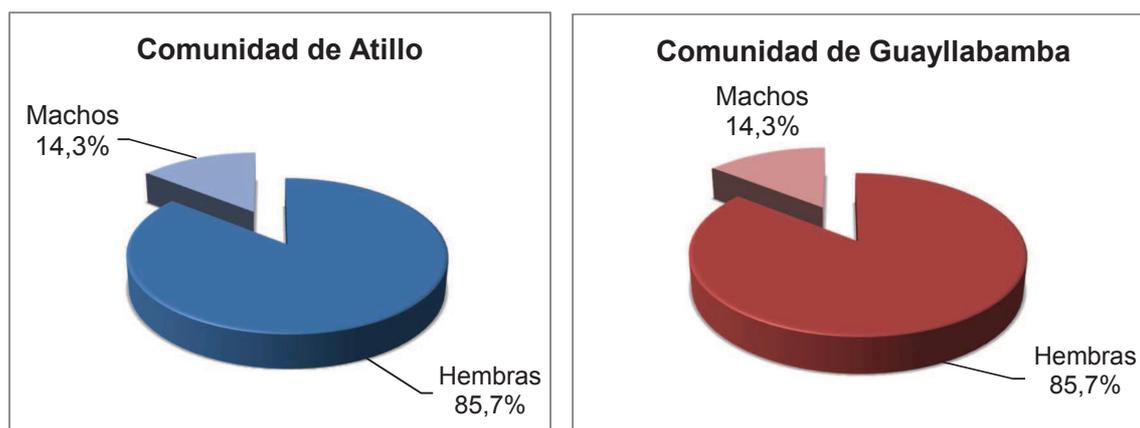


Gráfico 2. Población de animales analizados por zonas de estudio y sexo

B. CARACTERÍSTICAS CUANTITATIVAS

1. Variables zoométricas

a. Variables zoométricas de la población caballar analizada

Las medidas de las variables zoométricas de los 70 animales estudiados, se indican en el cuadro 3, observándose que, en relación a la cabeza, la longitud media es de 52,2cm ($\pm 0,34$) y el ancho de 19,8cm ($\pm 0,12$), notándose que el largo de la cabeza contiene entre 2,41 y 2,65 veces su ancho. Canelón, J. et al (2002), en relación a estas variables reportan valores promedios similares para el largo de la cabeza (52,49cm) y mayor para el ancho promedio (22,17cm).

Para las alzadas a la cruz y a la grupa se observan medias de 127,7cm ($\pm 0,69$) y 128,9cm ($\pm 0,69$), respectivamente, valores que son inferiores a los reportados por Dowdall, C. (2003) y Justacriollo (n.d.) (140cm y 152cm) y Cabrera, A (citado por Corral, F. 1993), al analizar a los "parameros" con valores de 135cm y 145cm para cada una de estas variables.

Canelón, J. et al (2002) encontró en una población de caballos criollos en el Estado de Apure (Venezuela), animales con alzadas medias de 134,9cm a la cruz y a la grupa de 134,9cm de la misma manera Kurtz Filho, M. y Löf, H. (2007), encontraron valores promedios 142cm para las yeguas y 143cm para los caballos en la alzada a la cruz de los caballos criollos brasileiros.

CUADRO 3. VARIABLES ZOMETRICAS DE LA POBLACIONCABALLAR ANALIZADA

VARIABLES ZOMETRICAS	Nº	Media (cm)	Min. (cm)	Max. (cm)	E.E.
Longitud de la cabeza (LC)	70	52,2	41,0	57,0	0,34
Ancho de la cabeza (AO)	70	19,8	17,0	21,5	0,12
Alzada a la cruz (AC)	70	127,7	115,0	142,0	0,69
Alzada a la grupa (AP)	70	128,9	116,0	143,0	0,69
Ancho de la grupa (AG)	70	44,3	36,5	49,0	0,35
Longitud de la grupa (LG)	70	44,7	36,0	49,0	0,88
Diámetro longitudinal (DL)	70	132,8	109,0	148,0	0,47
Diámetro dorsoesternal (DD)	70	60,4	49,0	66,0	0,32
Diámetro bicostal (DBC)	70	33,2	21,0	44,0	0,50
Perímetro torácico (PT)	70	150,1	128,0	163,0	1,03
Perímetro de la caña (PC)	70	17,0	14,0	21,0	0,17

Para el ancho de la grupa la población total presentó un valor promedio de 44,3cm ($\pm 0,35$), mientras que su longitud fue de 44,7cm ($\pm 0,88$) en promedio, siendo superiores a los reportados por Canelón, J. et al (2002) para los caballos criollos venezolanos de 42,2cm para el ancho de la grupa y de 44,2cm para su largo, observándose que los caballos autóctonos de las comunidades de Atillo y Guayllabamba, presentan la grupa cuadrada, que según Muller, R. (1954) sería estéticamente lo ideal, siempre y cuando sea igual al largo de la cabeza, aunque es una proporción difícil de darse.

En promedio los animales analizados presentaron valores de 132,8cm ($\pm 0,47$), 60,4cm ($\pm 0,32$) y 33,2cm ($\pm 0,50$) para los diámetros longitudinal, dorsoesternal y bicostal, respectivamente, notándose que el diámetro dorsoesternal contiene al diámetro bicostal entre 1,50 y 2,33 veces y el diámetro longitudinal al diámetro dorsoesternal entre 2,22 y 2,24 veces. Canelón, J. et al (2002), reportó un

diámetro longitudinal promedio de 133,4cm en los caballos criollos venezolanos, valor que es aproximado al encontrado en esta población analizada.

Para el perímetro torácico se obtuvo una media de 150,1cm ($\pm 1,03$), inferior al reportado por Canelón, J. et al (2002), de 160,4cm en caballos criollos venezolanos y por Dowdall, C. (2003) de 170cm para el criollo argentino. Kurtz Filho, M. y Löf, H. (2007), determinaron valores medios de 180cm y 179cm en las yeguas y en los caballos criollos brasileros respectivamente.

Para el perímetro de la caña se encontró un valor medio de 17cm ($\pm 0,17$), inferior al encontrado por Canelón, J. et al (2002) (18,3cm) en el criollo venezolano y Justacriollo (n.d.), Dowdall, C. (2003) para el criollo argentino (19cm) y Kurtz Filho, M. y Löf, H. (2007) en el criollo brasileño (19cm). El perímetro de la caña de la manada estudiada está comprendida entre 7,76 y 9,14 veces en el perímetro torácico.

Las diferencias entre los valores obtenidos de los caballos autóctonos analizados y los reportados por Justacriollo (n.d.), Canelón, J. et al (2002), Dowdall, C. (2003) y Kurtz Filho, M. y Löf, H. (2007), se pueden atribuir a las diferentes condiciones de manejo y selección de cada uno de los grupos.

b. Análisis de las variables zoométricas entre las yeguas y los caballos estudiados.

Los valores que se presentan en el cuadro 4 corresponden a las 60 yeguas y a los 10 caballos analizados en las dos comunidades, observando que los valores medios para la longitud de cabeza de las yeguas es de 52,1cm ($\pm 0,39$) y 53,2cm ($\pm 0,6$) para los caballos; el ancho de cabeza medido en las yeguas fue de 19,8cm ($\pm 0,14$) y 20,3cm ($\pm 0,2$) para los caballos, mostrando una diferencia significativa ($P < 0,05$), asumiendo que en el caso del ancho de la cabeza, sea una característica propia del sexo. De esto se desprende que las medidas de la cabeza de los caballos es 1,1cm más largo y 0,5cm más ancho que las yeguas,

a la vez el ancho de la cabeza está multiplicado entre 2,41 y 2,65 veces el largo de la misma para cada sexo

La alzada a la cruz un valor promedio de 126,8cm ($\pm 0,7$) las yeguas y 133,2cm ($\pm 1,61$), para los caballos, valores que son inferiores a los que Kurtz Filho, M. y Löff, H. (2007) encontraron en las yeguas y caballos criollos brasileros (142cm y 143cm respectivamente), en tanto que, la alzada a la grupa, se encontró una media de 128cm ($\pm 0,7$) para las yeguas y 134cm ($\pm 1,73$), para los caballos, se puede notar que los caballos en la alzada a la cruz son 6,4cm más altos que las yeguas y en la alzada a la grupa 6cm. Tanto la alzada a la cruz como a la grupa presentan diferencia altamente significativa ($P < 0,01$), lo que indica que estas alzadas influyen en sexo de los animales y la edad en que fueron servidas las yeguas por el garañón, por lo que se pudo observar que los caballos son más altos que las yeguas.

Al analizar el ancho de la grupa de las yeguas, se encontró un valor medio de 44,5cm ($\pm 0,38$) y 43,3cm ($\pm 0,76$) para los caballos; la longitud de la grupa de las yeguas presenta un valor de 44,7cm ($\pm 0,36$) y 44,2cm ($\pm 0,53$) para los caballos, exhibiendo las yeguas grupas que tienden a ser cuadradas.

Para el diámetro longitudinal, las yeguas presentan una media de 132,5cm ($\pm 1,01$) y los caballos un valor de 134,5cm ($\pm 1,32$), siendo los caballos 1,9cm más largos que las yeguas; para el diámetro dorsoesternal, las yeguas presentaron un valor de 60,3cm ($\pm 0,5$) y 62cm ($\pm 1,01$) para los caballos, los cuales tienen 1,7cm más alto entre el tórax y la cruz; para el diámetro bicostal, las yeguas exhiben un valor de 33cm ($\pm 0,56$) y los caballos un valor de 34,3cm ($\pm 0,99$), presentando los caballos 1,3 cm más ancho el pecho que las yeguas, notándose que los caballos tienen una caja torácica más amplia que las yeguas, lo cual es relativo ya que estos son más altos y largos. Como podemos observar el diámetro bicostal está contenido entre 1,50 y 2,33 veces en el diámetro dorsoesternal, y éste entre 2,22 y 2,24 veces en el diámetro longitudinal para cada denominación.

CUADRO 4. ANALISIS COMPARATIVO DE LAS VARIABLES ZOMETRICAS ENTRE LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS ESTUDIADOS

VARIABLES ZOMETRICAS	POBLACION										P-value
	YEGUAS					CABALLOS					
	Nº	Media (cm)	Max (cm)	Min (cm)	E.E.	Nº	Media (cm)	Max (cm)	Min (cm)	E.E.	
Longitud de la cabeza (LC)	60	52,1	57,0	41,0	0,39	10	53,2	56,0	50,0	0,60	0,134
Ancho de la cabeza (AO)	60	19,8	21,5	17,0	0,14	10	20,3	21,0	19,5	0,20	0,035 *
Alzada a la cruz (AC)	60	126,8	138,0	115,0	0,70	10	133,2	142,0	127,0	1,61	0,003 **
Alzada a la grupa (AP)	60	128,0	141,0	116,0	0,70	10	134,0	143,0	127,0	1,73	0,007 **
Ancho de la grupa (AG)	60	44,5	49,0	36,5	0,38	10	43,3	46,0	40,0	0,76	0,169
Diámetro longitudinal (DL)	60	132,5	148,0	109,0	1,01	10	134,5	141,0	129,0	1,32	0,260
Diámetro dorsoesternal (DD)	60	60,3	66,0	49,0	0,50	10	62,0	66,0	57,0	1,01	0,149
Longitud de la grupa (LG)	60	44,7	49,0	36,0	0,36	10	44,2	46,5	41,0	0,53	0,407
Diámetro bicostal (DBC)	60	33,0	44,0	21,0	0,56	10	34,3	38,5	29,0	0,99	0,271
Perímetro torácico (PT)	60	150,0	163,0	128,0	1,16	10	150,4	157,5	139,0	2,17	0,878
Perímetro de la caña (PC)	60	16,8	21,0	14,0	0,17	10	18,1	21,0	16,5	0,48	0,030 *

EE. Error estándar

Nivel de significación: *P<0,05; **P<0,01

El perímetro torácico de las yeguas analizadas, presenta un valor de 150cm ($\pm 1,16$), mientras que en los caballos se puede observar un valor de 150,4cm ($\pm 2,17$), valores que son inferiores a los reportados por Kurtz Filho, M. y Löff, H. (2007), de 180cm para las yeguas criollas brasileras y 179cm para los caballos criollos brasileros. El perímetro de la caña de las yeguas, exhibe un valor de 16,8cm ($\pm 0,17$), mientras que los caballos indican un perímetro medio de 18,1cm ($\pm 0,48$), observándose que los caballos tienen 1,3cm más de perímetro que las yeguas, notándose una diferencia significativa ($P < 0,05$) con respecto a la zoometría del diámetro de la caña, que por lo general guarda relación con el peso y el tamaño del animal y al encontrarse diferencias altamente significativas en las alzadas a la cruz y a la grupa ($P < 0,01$), el perímetro de la caña en los caballos tiende a ser mayor que en el de las yeguas y por lo tanto deberán tener una caña más gruesa para poder soportar ese peso corporal, también podemos ver que el perímetro de la caña contiene entre 7,76 y 9,14 veces en perímetro torácico.

c. Análisis de las variables zoométricas entre la población caballar de las comunidades de Atillo y Guayllabamba.

Del cuadro 5 se desprende que los 35 animales analizados en la Comunidad de Atillo, presentaron un valor promedio de 52,6cm ($\pm 0,48$) para la longitud de cabeza y 51,8cm ($\pm 0,5$) y para los 35 animales analizados en la Comunidad de Guayllabamba. En los animales de Atillo, el valor medio del ancho de cabeza es de 19,9cm ($\pm 0,2$) mientras que en los de Guayllabamba es de 19,7cm ($\pm 0,15$), notándose que los animales de Atillo tienen una cabeza ligeramente más larga y ancha que los animales de Guayllabamba.

En la alzada a la cruz se observó un valor de 128,5cm ($\pm 0,95$), en tanto que la alzada a la grupa presenta un promedio de 129,5cm ($\pm 0,98$), para los animales de la Comunidad de Atillo y para los animales de la Comunidad de Guayllabamba, la alzada a la cruz mostró un valor de 126,8cm (± 1) y de 128,2cm ($\pm 0,99$) para la alzada a la grupa, exhibiéndose que los animales de la Comunidad de Atillo son más altos que

los animales de la Comunidad de Guayllabamba, lo que se puede atribuir al manejo que se reciben en Atillo, incluso se pudo notar al momento de tomar los datos que la condición corporal de estos animales era mucho mejor que los animales de Guayllabamba.

La población caballar de la Atillo, mostró un ancho de la grupa promedio de 44,6cm ($\pm 0,5$) mientras que los animales de la Comunidad de Guayllabamba mostraron un valor de 44cm ($\pm 0,49$) y en cuanto a la longitud de la grupa los animales de Atillo presentaron un promedio de 45cm ($\pm 1,4$) mientras que los animales de Guayllabamba exhibieron un valor de 44,3cm ($\pm 1,07$), notándose que las grupos de ambas poblaciones tendieron a ser ligeramente proporcionadas en sus medidas siendo la población caballar de Atillo la que presenta los valores más altos.

El valor promedio presentado por los animales analizados en Atillo para el diámetro longitudinal es de 133,9cm ($\pm 0,67$) y para los animales de Guayllabamba es de 131,7cm ($\pm 0,66$); para el diámetro dorsoesternal de la manada de Atillo, exhiben un valor de 60,7cm ($\pm 0,49$) y para la manada de Guayllabamba un valor de 60cm ($\pm 0,41$); para el diámetro bicostal de los animales de Atillo, el promedio es de 33,8cm ($\pm 0,74$) mientras que para los animales de Guayllabamba es de 32,6cm ($\pm 0,67$).

Podemos notar que los valores más altos de todos estos diámetros corresponden a los animales criados en la Comunidad de Atillo.

En cuanto al perímetro torácico de la población caballar e Atillo, se observó un promedio de 151,8cm ($\pm 1,47$) y un perímetro de caña de 17,4cm ($\pm 0,26$) para esta población, mientras que la población caballar de la Comunidad de Guayllabamba, mostró un promedio de 148,4cm ($\pm 1,42$) para el perímetro torácico y 16,6cm ($\pm 0,22$) para el perímetro de la caña.

Se observa que existe diferencia significativa ($P < 0,05$) entre los valores medios del perímetro de la caña, probablemente debido a que los animales de la manada de la

CUADRO 5. ANALISIS COMPARATIVO DE LAS VARIABLES ZOOMETRICAS ENTRE LAS MANADAS DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA

VARIABLES ZOOMETRICAS	POBLACION										P-value
	ATILLO					GUAYLLABAMBA					
	Nº	Media (cm)	Max (cm)	Min (cm)	E.E.	Nº	Media (cm)	Max (cm)	Min (cm)	E.E.	
Longitud de la cabeza (LC)	35	52,6	57,0	44,0	0,48	35	51,8	56,0	41,0	0,50	0,260
Ancho de la cabeza (AO)	35	19,9	21,5	17,0	0,20	35	19,7	21,0	17,0	0,15	0,358
Alzada a la cruz (AC)	35	128,5	142,0	116,5	0,95	35	126,8	141,0	115,0	1,00	0,194
Alzada a la grupa (AP)	35	129,5	143,0	116,5	0,98	35	128,2	141,0	116,0	0,99	0,301
Ancho de la grupa (AG)	35	44,6	49,0	36,5	0,50	35	44,0	49,0	36,5	0,49	0,430
Diámetro longitudinal (DL)	35	133,9	148,0	109,0	1,40	35	131,7	141,0	114,0	1,07	0,164
Diámetro dorsoesternal (DD)	35	60,7	66,0	49,0	0,67	35	60,0	66,0	51,0	0,66	0,386
Longitud de la grupa (LG)	35	45,0	49,0	36,0	0,49	35	44,3	49,0	38,0	0,41	0,345
Diámetro bicostal (DBC)	35	33,8	44,0	24,0	0,74	35	32,6	38,0	21,0	0,67	0,248
Perímetro torácico (PT)	35	151,8	163,0	129,0	1,47	35	148,4	163,0	128,0	1,42	0,078
Perímetro de la caña (PC)	35	17,4	21,0	14,0	0,26	35	16,6	20,0	12,0	0,22	0,028 *

EE. Error estándar

Nivel de significación: *P<0,05; **P<0,01

Comunidad de Atillo presentan valores más altos es todas sus medidas zoométricas, lo que implica un mayor volumen corporal y por ende una caña más gruesa debido al peso y condición corporal sobre los animales de la comunidad de Guayllabamba.

d. Análisis de las variables zoométricas de la población caballar de la Comunidad de Atillo

En el cuadro 6 se observan los valores de las variables zoométricas de las 30 yeguas y de los 5 caballos analizados en la Comunidad de Atillo. Al analizar la zoometría de la cabeza, vemos que el promedio de longitud de las yeguas es de 52,5cm ($\pm 0,54$) y el ancho de 19,9cm ($\pm 0,22$) mientras que los caballos muestran valores de 53,5cm ($\pm 0,81$) para la longitud de la cabeza y 20,3cm ($\pm 0,3$) para el ancho de la misma, observándose que los caballos presentan los valores más altos con respecto a las yeguas.

La alzada a la cruz de las yeguas de esta Comunidad, presentan un valor promedio de 127,8cm ($\pm 0,98$) en tanto que para la alzada a la grupa un valor de 129cm ($\pm 1,01$), mientras que los caballos exhiben un promedio en la alzada a la cruz de 132,9cm ($\pm 2,54$) y 133,1cm ($\pm 2,98$) en la alzada a la grupa, notándose que los caballos son más altos que las yeguas, lo que podríamos considerar al igual que en el análisis de todos los animales estudiados, las alzadas a la cruz y a la grupa pueden ser influenciados por el manejo y por la edad en que son servidas por primera vez las potras, mostrando las consecuencias de un menor tamaño al llegar a la etapa madura de yegua.

Respecto a las proporciones de la grupa, se pudo determinar en las yeguas, que el ancho exhibió un valor de 44,7cm ($\pm 0,56$) y su longitud un valor de 45,1cm ($\pm 1,62$), mientras que los caballos muestran un promedio de 43,8cm ($\pm 1,08$) para el ancho de la grupa y un valor de 44,2cm ($\pm 1,63$) para la longitud de la misma. Las yeguas de esta población caballar analizada presentaron los mejores valores tanto en ancho como en largo de grupa con respecto a los machos, pudiendo ser influenciado

por el sexo ya que las yeguas deben tener una mayor amplitud y longitud de caderas, para poder parir a sus crías.

El diámetro longitudinal de las yeguas presentó un promedio de 134,1cm ($\pm 0,76$) mientras que los caballos mostraron un valor de 133,2cm ($\pm 0,93$); en el diámetro dorsoesternal de las yeguas se encontró una media de 60,5cm ($\pm 0,55$) y en el de los caballos un valor intermedio de 62,2cm ($\pm 0,8$) y en el diámetro bicostal de las yeguas se exhibe un valor de 33,5cm ($\pm 0,83$) mientras que en los caballos se observa un valor de 35,2cm ($\pm 1,33$). Al comparar estas medidas se observa que los caballos de la manada de la Comunidad de Atillo presentan una mejor longitud corporal y mejor alto y ancho de pecho que las yeguas de la misma manada.

El perímetro torácico de las yeguas mostró un valor medio de 151,6cm ($\pm 1,67$) y en el perímetro de la caña un valor de 17,2cm ($\pm 0,27$), mientras que el perímetro torácico de los caballos analizados en la Comunidad de Atillo, indicó un promedio de 152,9cm ($\pm 2,38$) y en el perímetro de la caña un valor de 18,6cm ($\pm 0,7$), exhibiendo los caballos los mejores valores con respecto a las yeguas (sin tomar en cuenta las proporciones de la grupa), ya que presentan mayores proporciones corporales lo que expresa un perímetro de caña mayor.

Al comparar las zoometrías de las yeguas y de los caballos de la Comunidad de Atillo, se observa que no existe diferencia significativa, lo que indica que los dos grupos dentro de esta manada analizada, son similares en su zoometría, pudiendo considerarse como un grupo homogéneo, sin distinción racial entre sus miembros.

CUADRO 6. ANALISIS DE LAS VARIABLES ZOOMETRICAS COMPARATIVO ENTRE LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS DE LA MANADA DE LA COMUNIDAD DE ATILLO

VARIABLES ZOOMETRICAS	POBLACION DE ATILLO										P-value
	YEGUAS					CABALLOS					
	Nº	Media (cm)	Max (cm)	Min (cm)	E.E.	Nº	Media (cm)	Max (cm)	Min (cm)	E.E.	
Longitud de la cabeza (LC)	30	52,5	57,0	44,0	0,54	5	53,5	56,0	51,0	0,81	0,332
Ancho de la cabeza (AO)	30	19,9	21,5	17,0	0,22	5	20,3	21,0	19,5	0,30	0,294
Alzada a la cruz (AC)	30	127,8	138,0	116,5	0,98	5	132,9	142,0	127,0	2,54	0,117
Alzada a la grupa (AP)	30	129,0	141,0	116,5	1,01	5	133,1	143,0	127,0	2,98	0,244
Ancho de la grupa (AG)	30	44,7	49,0	36,5	0,56	5	43,8	46,0	40,5	1,08	0,470
Diámetro longitudinal (DL)	30	134,1	148,0	109,0	1,62	5	133,2	137,0	129,0	1,63	0,717
Diámetro dorsoesternal (DD)	30	60,5	66,0	49,0	0,76	5	62,2	65,5	60,0	0,93	0,186
Longitud de la grupa (LG)	30	45,1	49,0	36,0	0,55	5	44,2	45,0	41,0	0,80	0,372
Diámetro bicostal (DBC)	30	33,5	44,0	24,0	0,83	5	35,2	38,5	31,0	1,33	0,315
Perímetro torácico (PT)	30	151,6	163,0	129,0	1,67	5	152,9	157,5	145,0	2,38	0,662
Perímetro de la caña (PC)	30	17,2	21,0	14,0	0,27	5	18,6	21,0	17,0	0,70	0,110

EE. Error estándar

Nivel de significación: *P<0,05; **P<0,01

e. Análisis de las variables zoométricas de la población caballar de la Comunidad de Guayllabamba

Del cuadro 7 se desprende que las 30 yeguas analizadas en la Comunidad de Guayllabamba, presentaron para la longitud de cabeza un valor promedio de 51,7cm ($\pm 0,56$) mientras que los 5 caballos analizados en esta misma Comunidad exhibieron un valor de 52,9cm ($\pm 0,95$), para el ancho de cabeza de las yeguas se observa un promedio de 19,6cm ($\pm 0,16$) y en el de los caballos un valor de 20,3cm ($\pm 0,3$), observándose los mejores valores para las proporciones de la cabeza en los caballos.

Para las alzadas a la cruz y a la grupa de las yeguas estudiadas en esta Comunidad, se reportan valores medios de 125,7cm ($\pm 0,97$) y de 127cm ($\pm 0,97$), respectivamente mientras que los caballos presentaron promedios de 133,5cm ($\pm 2,28$) y 134,9cm ($\pm 2,05$) para las alzadas a la cruz y a la grupa respectivamente, notándose un mayor desarrollo de ambas zoometría en los últimos.

Respecto a la grupa de las yeguas, podemos ver que su ancho presentó una media de 44,3cm ($\pm 0,53$) y su longitud de 44,4cm ($\pm 1,16$), mientras que en los caballos se observó valores promedios de 42,7cm ($\pm 1,15$) para el ancho de la grupa y 44,2cm ($\pm 2,08$) para el largo de la misma. Siendo las yeguas, al igual que el caso analizado entre las yeguas y caballos de la Comunidad de Atillo, las que presentaron los valores más altos en las proporciones de la grupa.

Para el diámetro longitudinal, las yeguas exhibieron un promedio de 131cm ($\pm 0,69$) y los caballos un valor de 135,7cm ($\pm 1,93$); para el diámetro dorsoesternal, las yeguas mostraron un valor de 59,7cm ($\pm 0,46$) y los caballos un valor de 61,8cm ($\pm 0,78$) y para el diámetro bicostal las yeguas presentaron un valor de 32,5cm ($\pm 0,75$) y los caballos una media de 33,4cm ($\pm 1,5$). Al comparar todas estos diámetros encontrados en esta manada, lo caballos presentan los valores más altos con respecto a las yeguas atribuyendo estas diferencias por la influencia del sexo.

CUADRO 7. ANALISIS DE LAS VARIABLES ZOOMETRICAS COMPARATIVO ENTRE LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS DE LA MANADA DE LA COMUNIDAD DE GUAYLLABAMBA

VARIABLES ZOOMETRICAS	POBLACION DE GUAYLLABAMBA										P-value
	YEGUAS					CABALLOS					
	Nº	Media (cm)	Max (cm)	Min (cm)	E.E.	Nº	Media (cm)	Max (cm)	Min (cm)	E.E.	
Longitud de la cabeza (LC)	30	51,7	56,0	41,0	0,56	5	52,9	56,0	50,0	0,95	0,300
Ancho de la cabeza (AO)	30	19,6	21,0	17,0	0,16	5	20,3	21,0	19,5	0,30	0,087
Alzada a la cruz (AC)	30	125,7	135,0	115,0	0,97	5	133,5	141,0	128,5	2,28	0,022 *
Alzada a la grupa (AP)	30	127,0	135,0	116,0	0,97	5	134,9	141,0	128,5	2,05	0,014 *
Ancho de la grupa (AG)	30	44,3	49,0	36,5	0,53	5	42,7	46,0	40,0	1,15	0,267
Diámetro longitudinal (DL)	30	131,0	141,0	114,0	1,16	5	135,7	141,0	129,0	2,08	0,092
Diámetro dorsoesternal (DD)	30	59,7	65,0	51,0	0,69	5	61,8	66,0	57,0	1,93	0,355
Longitud de la grupa (LG)	30	44,4	49,0	38,0	0,46	5	44,2	46,5	42,0	0,78	0,860
Diámetro bicostal (DBC)	30	32,5	38,0	21,0	0,75	5	33,4	37,0	29,0	1,50	0,605
Perímetro torácico (PT)	30	148,5	163,0	128,0	1,57	5	147,9	155,0	139,0	3,53	0,892
Perímetro de la caña (PC)	30	16,5	19,0	14,0	0,18	5	17,6	20,0	16,5	0,66	0,174

EE. Error estándar

Nivel de significación: *P<0,05; **P<0,01

El perímetro torácico de las yeguas de esta población estudiada, tuvo un valor promedio de 148,5cm ($\pm 1,57$) y para el perímetro de la caña, una media de 16,5cm ($\pm 0,18$), mientras que los caballos exhibieron un valor de 147,9cm ($\pm 3,53$) para el perímetro torácico y un valor de 17,6cm ($\pm 0,66$) para el perímetro de la caña, presentando las yeguas un valor mayor que los caballos en el perímetro torácico, el mismo que se asume que las yeguas estaban preñadas al momento de tomar los datos, sin embargo los caballos mostraron los valores más altos en el perímetro de la caña, el mismo que se puede ser afectado por la alzada a la cruz.

Al comprar estos dos grupos poblacionales analizados dentro de la Comunidad de Guayllabamba, exhibieron diferencia significativa ($P < 0,05$) en la zoometría de la alzada a la cruz y a la grupa, asumiendo que este efecto sea una condición del sexo, en la que los caballos son más altos que las yeguas al igual que en el caso de la manada total analizada, o también puede ser un efecto de servirles a temprana edad a las yeguas, lo que influye en su tamaño corporal en general.

f. Análisis de la variables zoométricas de las yeguas entre las manadas de las comunidades de Atillo y Guayllabamba

En el cuadro 8 se puede observar que las yeguas analizadas en la Comunidad de Atillo presentan valores promedios más altos en comparación con las yeguas estudiadas en la Comunidad de Guayllabamba en todas las zoometrías. En los valores máximos encontrados en las yeguas entre las poblaciones investigadas, indican los valores más altos las yeguas de Atillo e indican igualdad de valores con las yeguas de Guayllabamba en las zoometrías de ancho y longitud de grupa y perímetro torácico.

En los valores mínimos, las yeguas de la Comunidad de Atillo, presentan los mayores valores en la longitud de la cabeza, alzadas a la cruz y grupa, diámetro bicostal y perímetro torácico e igualdad con las yeguas de Guayllabamba en los anchos de la cabeza y de la grupa y en el perímetro de la caña, mientras que las yeguas de

CUADRO 8. ANALISIS COMPARATIVO DE LAS VARIABLES ZOOMETRICAS ENTRE LAS YEGUAS DE LAS MANADAS DE LAS COMUNIDADES DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA

VARIABLES ZOOMETRICAS	POBLACION DE YEGUAS										P-value
	ATILLO					GUAYLLABAMBA					
	Nº	Media (cm)	Max (cm)	Min (cm)	E.E.	Nº	Media (cm)	Max (cm)	Min (cm)	E.E.	
Longitud de la cabeza (LC)	30	52,5	57,0	44,0	0,54	30	51,7	56,0	41,0	0,56	0,349
Ancho de la cabeza (AO)	30	19,9	21,5	17,0	0,22	30	19,6	21,0	17,0	0,16	0,337
Alzada a la cruz (AC)	30	127,8	138,0	116,5	0,98	30	125,7	135,0	115,0	0,97	0,110
Alzada a la grupa (AP)	30	129,0	141,0	116,5	1,01	30	127,0	135,0	116,0	0,97	0,146
Ancho de la grupa (AG)	30	44,7	49,0	36,5	0,56	30	44,3	49,0	36,5	0,53	0,495
Diámetro longitudinal (DL)	30	134,1	148,0	109,0	1,62	30	131,0	141,0	114,0	1,16	0,088
Diámetro dorsoesternal (DD)	30	60,5	66,0	49,0	0,76	30	59,7	65,0	51,0	0,69	0,478
Longitud de la grupa (LG)	30	45,1	49,0	36,0	0,55	30	44,4	49,0	38,0	0,46	0,264
Diámetro bicostal (DBC)	30	33,5	44,0	24,0	0,83	30	32,5	38,0	21,0	0,75	0,390
Perímetro torácico (PT)	30	151,6	163,0	129,0	1,67	30	148,5	163,0	128,0	1,57	0,167
Perímetro de la caña (PC)	30	17,2	21,0	14,0	0,27	30	16,5	19,0	14,0	0,18	0,029 *

EE. Error estándar

Nivel de significación: *P<0,05; **P<0,01

Guayllabamba tienen los valores más altos en longitud de la grupa, diámetros longitudinal y dorsoesternal.

Este análisis comparativo mostró que hay diferencia significativa entre las dos poblaciones de yeguas analizadas en la zoometría del perímetro de la caña ($P < 0,05$), ya que se observó que las yeguas de Atillo son más altas y tienen un mejor perímetro torácico, lo que se puede traducir en un mayor peso corporal, afectando al perímetro de la caña, sin embargo al no mostrar diferencia significativa en las otras zoometrías, podemos deducir que presentan morfologías similares, a pesar que las yeguas de Atillo son más desarrolladas con respecto a las yeguas de Guayllabamba.

g. Análisis de la variables zoométricas de los caballos entre las manadas de las comunidades de Atillo y Guayllabamba

En el cuadro 9 se puede ver el análisis comparativo entre las medidas zoométricas de los caballos de las comunidades de Atillo y Guayllabamba; los mejores promedios que presentaron los caballos de Atillo, se encontraron en las zoometrías de longitud de la cabeza, ancho de la grupa, diámetros dorsoesternal y bicostal y perímetros torácico y de la caña, mientras que los caballos de Guayllabamba mostraron los promedios más altos en la alzada a la cruz, alzada a la grupa y diámetro longitudinal, indicando igualdad entre ambos grupos en el ancho de la cabeza y longitud de la grupa.

Los valores máximos de los caballos de Atillo, se observa en las variables de alzadas a la cruz y a la grupa, diámetro bicostal, perímetros torácico y de la caña, a la vez que indican igualdad con las medidas de longitud y ancho de la cabeza y ancho de la grupa, mientras que los caballos de la comunidad de Guayllabamba indican valores más altos en las medidas de longitud de la grupa, diámetros longitudinal y dorsoesternal.

Los valores mínimos más altos corresponden a los caballos de Atillo en las zoometrías de longitud de la cabeza, ancho de la grupa, diámetros dorsoesternal y bicostal y

CUADRO 9. ANALISIS COMPARATIVO DE LAS VARIABLES ZOOMETRICAS ENTRE LOS CABALLOS DE LAS MANADAS DE LAS COMUNIDADES DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA

VARIABLES ZOOMETRICAS	POBLACION DE CABALLOS										P-value
	ATILLO					GUAYLLABAMBA					
	Nº	Media (cm)	Max (cm)	Min (cm)	E.E.	Nº	Media (cm)	Max (cm)	Min (cm)	E.E.	
Longitud de la cabeza (LC)	5	53,5	56,0	51,0	0,81	5	52,9	56,0	50,0	0,95	0,720
Ancho de la cabeza (AO)	5	20,3	21,0	19,5	0,30	5	20,3	21,0	19,5	0,30	1,000
Alzada a la cruz (AC)	5	132,9	142,0	127,0	2,54	5	133,5	141,0	128,5	2,28	0,884
Alzada a la grupa (AP)	5	133,1	143,0	127,0	2,98	5	134,9	141,0	128,5	2,05	0,708
Ancho de la grupa (AG)	5	43,8	46,0	40,5	1,08	5	42,7	46,0	40,0	1,15	0,509
Diámetro longitudinal (DL)	5	133,2	137,0	129,0	1,63	5	135,7	141,0	129,0	2,08	0,390
Diámetro dorsoesternal (DD)	5	62,2	65,5	60,0	0,93	5	61,8	66,0	57,0	1,93	0,883
Longitud de la grupa (LG)	5	44,2	45,0	41,0	0,80	5	44,2	46,5	42,0	0,78	1,000
Diámetro bicostal (DBC)	5	35,2	38,5	31,0	1,33	5	33,4	37,0	29,0	1,50	0,495
Perímetro torácico (PT)	5	152,9	157,5	145,0	2,38	5	147,9	155,0	139,0	3,53	0,273
Perímetro de la caña (PC)	5	18,6	21,0	17,0	0,70	5	17,6	20,0	16,5	0,66	0,178

EE. Error estándar

Nivel de significación: *P<0,05; **P<0,01

perímetros torácico y de la caña, mientras que los caballos de Guayllabamba mostraron valores más altos en la alzadas a la cruz y a la grupa y ancho de la grupa y entre ambas poblaciones se observó igualdad en los valores mínimos medidos en el ancho de la cabeza y en el diámetro longitudinal. Diferencias que no muestran significancia por lo que podemos deducir que entre estas dos comunidades, se encuentra el mismo biotipo criollo.

2. Indices zoométricos

a. **Indices zoométricos de la población caballar analizada.**

Estos índices que corresponden a la población total analizada se presentan en el cuadro 10 y en el cuadro 11 observamos las frecuencias dentro de cada una de las clasificaciones de cada índice.

La media del índice cefálico fue de 38 ($\pm 0,23$), correspondiendo a la categoría de dolicocefalos (índice > 38) el 47,1% de la población. El valor medio del índice corporal es de 88,6 ($\pm 0,38$) y el 58,6% de estos animales son longilíneos (índice > 88).

CUADRO 10. INDICES ZOOMETRICOS DE LA POBLACION CABALLAR ANALIZADA

INDICES ZOOMETRICOS	Nº	Media	Min.	Max.	E.E.
Indice cefálico.	70	38,0	31,5	46,3	0,23
Indice corporal.	70	88,6	82,2	98,6	0,38
Indice torácico.	70	54,9	35,6	66,7	0,65
Profundidad relativa del pecho.	70	47,3	39,8	52,0	0,29
Indice metacarpiano.	70	11,3	9,9	13,5	0,09
Indice pelviano.	70	99,2	91,0	109,1	0,39
Indice de proporcionalidad.	70	96,3	89,9	109,2	0,48
Peso aproximado Kg.	70	238,9	146,8	303,2	4,64

El índice torácico mostró un valor de 54,9 ($\pm 0,65$), siendo más frecuentes los animales dolictorácicos (índice > 54) con el 57,1%; para el índice profundidad relativa del pecho,

la población presentó un promedio de 47,3 ($\pm 0,29$), observándose que el 85,7% de la población son animales dólicomorfos (índices >45).

CUADRO 11. FRECUENCIAS DE LOS INDICES ZOMETRICOS DE LA POBLACION CABALLAR ANALIZADA

Indice	Clase	Min	Max	FRECUENCIA	
				N	%
Indice cefálico	Braquicéfalo	< 36		9	12,9%
	Mesocéfalo	36 - 38		28	40,0%
	Dolicocéfalo	> 38		33	47,1%
Indice corporal	Brevilíneo	< 86		17	24,3%
	Mesolíneo	86 - 88		12	17,1%
	Longilíneo	> 88		41	58,6%
Indice toraxico	Braquitorácico	< 52		23	32,9%
	Mesotorácico	52 - 54		7	10,0%
	Dolicotorácico	>54		40	57,1%
Indice de profundidad relativa del pecho	Braquimorfo	< 43		4	5,7%
	Mesomorfo	43 - 45		6	8,6%
	Dolicomorfo	> 45		60	85,7%
Indice metacarpiano	Correlación Baja	< 11		30	42,9%
	Correlación Media	11 - 12		29	41,4%
	Correlación Alta	> 12		11	15,7%
Indice pelviano	Braquipélvico	< 99		27	38,6%
	Mesopélvico	99 - 101		29	41,4%
	Dolicopélvico	> 101		14	20,0%
Indice de proporcionalidad	Largo	< 99		55	78,6%
	Medio	99 - 101		8	11,4%
	Alto	> 101		7	10,0%
Peso aproximado (Kg.)	1	146,8 - 185,9		6	8,6%
	2	185,9 - 225,0		15	21,4%
	3	225,0 - 264,1		29	41,4%
	4	264,1 - 303,2		20	28,6%

Al relacionar la masa muscular con el volumen de los huesos, se encontró una media de 11,3 ($\pm 0,09$), siendo más frecuentes (42,9%) los animales de correlación baja (índice <11); el valor promedio para el índice pelviano fue de 99,2 ($\pm 0,39$), se puede

considerar a la población como mesopélvicos (valores entre 99 y 101), ya que el 41,4% de los animales pertenecen a éste grupo.

Para el índice de proporcionalidad se encontró un valor de 96,3 ($\pm 0,48$), que corresponde a una proporcionalidad larga, manifestándose la mayor representatividad con 78,6% de animales que tienen la longitud corporal mayor a la alzada a la cruz (índice < 99).

El peso aproximado calculado de la población total estudiada, presenta valores entre 146,8Kg y 303,2Kg con una media de 238,9Kg y un error estándar de $\pm 4,64$, siendo más frecuentes los animales de la clase 3 con pesos aproximados entre 225Kg y 264,1Kg representando el 41,4% de la población analizada.

b. Análisis de los índices zoométricos entre las yeguas y los caballos estudiados.

Los índices calculados que corresponden a la población de yeguas y de caballos estudiados, se pueden ver en el cuadro 12 y las frecuencias de los mismos en el cuadro 13.

Podemos observar que el índice cefálico de las yeguas mostró un promedio de 38,6 ($\pm 0,26$) y los caballos presentan un valor de 38,2 ($\pm 0,41$), demostrando que las mayores frecuencias (46,7% de las yeguas y 50% de los caballos), corresponden a la categoría de los animales dolicocefalos (índice entre 36 y 38). En el índice corporal se observa un valor de 83,8 ($\pm 0,41$) para las yeguas y 89,5 ($\pm 1,08$) para los caballos, constituyéndose esta población por animales longilíneos (índice > 88), representando el 56,7% de las yeguas y el 70% de los caballos de la población total estudiada.

En el índice torácico se puede observar valor medio de 49 ($\pm 0,72$) para las yeguas y 55,3 ($\pm 1,19$), para los caballos, siendo más frecuentes los animales dolictorácicos

CUADRO 12. ANALISIS COMPARATIVO DE LOS INDICES ZOMETRICOS ENTRE LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS ESTUDIADOS

INDICES ZOMETRICOS	POBLACION										P-value
	YEGUAS					CABALLOS					
	Nº	Media	Max	Min	E.E.	Nº	Media	Max	Min	E.E.	
Indice cefálico.	60	38,0	46,3	31,5	0,26	10	38,2	40,0	35,7	0,41	0,680
Indice corporal.	60	88,4	98,6	82,2	0,41	10	89,5	96,8	84,8	1,08	0,363
Indice torácico.	60	54,7	66,7	35,6	0,72	10	55,3	60,0	49,6	1,19	0,659
Profundidad relativa del pecho	60	47,5	52,0	40,8	0,30	10	46,5	48,9	44,4	0,41	0,062
Indice metacarpiano.	60	11,2	13,2	9,9	0,09	10	12,0	13,5	10,6	0,27	0,016 *
Indice pelviano.	60	99,5	109,1	93,6	0,38	10	97,9	107,0	91,0	1,52	0,341
Indice de proporcionalidad.	60	95,8	109,2	89,9	0,51	10	99,1	106,4	95,2	1,00	0,011 *
Peso aproximado Kg.	60	238,8	303,2	146,8	5,18	10	239,5	273,5	188,0	10,04	0,951

EE. Error estándar

Nivel de significación: *P<0,05; **P<0,01

(índice>54), con el 55% para las yeguas y el 60% para los caballos. En el índice de profundidad relativa del pecho se observa un valor de 41,2 ($\pm 0,3$) para las yeguas y 46,5 ($\pm 0,41$) para los caballos, presentándose más animales dólicomorfos (índices>45), siendo el 88,3% de la población de yeguas y el 80% de la población de caballos.

El índice metacarpiano indicó un promedio de 10,8 ($\pm 0,09$) para las yeguas y 12 ($\pm 0,27$) para los caballos, siendo más frecuentes (46,7%), las yeguas de correlación baja entre sus masas musculares y el volumen de los huesos (índice<11) y en el caso de los caballos presentan una correlación alta entre sus masas musculares y el volumen de los huesos (índice>12), representando el 60%, lo que se puede atribuir a que los caballos presentan una mayor estatura y por consiguiente un mayor peso corporal, a la vez también como se observó en los análisis de las variables zoométricas, los caballos presentaron cañas más gruesas que las yeguas.

En el índice pelviano de las yeguas, su valor promedio fue de 101,4 ($\pm 0,38$), considerándose a esta manada de yeguas como mesopélvicas (valores entre 99 y 101), representando el 46,7%, en el caso de los caballos, el índice pelviano presenta un valor de 97,9 ($\pm 1,52$), constituyendo con el 60% de caballos braquipélvicos (índices<99), ya que las yeguas presentan los valores más altos y proporcionados entre las variables de longitud y ancho de sus grupas.

Para el índice de proporcionalidad se encontró un promedio de 109,2 ($\pm 0,51$) para las yeguas 99,1 (± 1), para los caballos, siendo más representativos los animales largos (índice<99), los mismos que manifiestan una longitud corporal mayor que la alzada a la cruz, observándose en el 83,3% de las yeguas y el 50% de los caballos.

Los índices calculados para las poblaciones de yeguas y de caballos tanto de la comunidad de Atillo como de la Comunidad de Guayllabamba, difieren estadísticamente ($P < 0,05$) en los índices metacarpiano y de proporcionalidad. Estas diferencias se pueden atribuir a los valores de las variables que afectan a este índice

(Cuadro 4) y que también mantienen diferencias significativas ($P < 0,05$), al igual que para el índice de proporcionalidad cuyos valores de las variables para este índice tienen diferencias altamente significativas ($P < 0,01$). En ambos casos estas diferencias puede atribuirse al factor sexo y al mal manejo reproductivo dado a las hembras.

CUADRO 13. FRECUENCIAS DE LOS INDICES ZOMETRICOS DE LAS YEGUAS Y CABALLOS ESTUDIADOS

Indice	Clase	Min	Max	FRECUENCIA			
				Yeguas		Caballos	
				N	%	N	%
Indice cefálico	Braquicéfalo	< 36		8	13,3%	1	10,0%
	Mesocéfalo	36 - 38		24	40,0%	4	40,0%
	Dolicocéfalo	> 38		28	46,7%	5	50,0%
Indice corporal	Brevilíneo	< 86		16	26,7%	1	10,0%
	Mesolíneo	86 - 88		10	16,7%	2	20,0%
	Longilíneo	> 88		34	56,7%	7	70,0%
Indice toraxico	Braquitoráxico	< 52		20	33,3%	3	30,0%
	Mesotoráxico	52 - 54		7	11,7%	1	10,0%
	Dolicotoráxico	>54		33	55,0%	6	60,0%
Indice de profundidad relativa del pecho	Braquimorfo	< 43		3	5,0%	0	0,0%
	Mesomorfo	43 - 45		4	6,7%	2	20,0%
	Dolicomorfo	> 45		53	88,3%	8	80,0%
Indice metacarpiano	Correlación Baja	< 11		28	46,7%	2	20,0%
	Correlación Media	11 - 12		27	45,0%	2	20,0%
	Correlación Alta	> 12		5	8,3%	6	60,0%
Indice pelviano	Braquipélvico	< 99		21	35,0%	6	60,0%
	Mesopélvico	99 - 101		28	46,7%	1	10,0%
	Dolicopélvico	> 101		11	18,3%	3	30,0%
Indice de proporcionalidad	Largo	< 99		50	83,3%	5	50,0%
	Medio	99 - 101		4	6,7%	4	40,0%
	Alto	> 101		6	10,0%	1	10,0%

El peso aproximado calculado de las yeguas y de los caballos podemos observar en el cuadro 14, donde las yeguas presentan pesos entre 146,8Kg y 303,2Kg con un

promedio de 153,8Kg ($\pm 5,18$), siendo más frecuentes las yeguas de la clase 3 con pesos aproximados entre 225Kg y 264,1Kg representando el 40%; el peso aproximado que presentaron los caballos, fluctúa entre 188Kg y 274Kg con un promedio de 239,5Kg ($\pm 10,04$), encontrándose más los animales de la clase 4, con pesos aproximados entre 252,1Kg y 274Kg, siendo el 50%.

CUADRO 14. FRECUENCIA DE LOS PESOS APROXIMADOS CALCULADOS PARA LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS ESTUDIADOS

Población	Clase	Rango (Kg)	N	%
Yeguas	1	146,8 - 185,9	6	10,0%
	2	185,9 - 225,0	12	20,0%
	3	225,0 - 264,1	24	40,0%
	4	264,1 - 303,2	18	30,0%
Caballos	1	188,0 - 209,4	2	20,0%
	2	209,4 - 230,8	1	10,0%
	3	230,8 - 252,1	2	20,0%
	4	252,1 - 273,5	5	50,0%

En promedio los caballos exhiben un mayor peso corporal que las yeguas, ya que estos presentaron los valores más altos en las medidas zoométricas, a la vez también, hay que tomar en cuenta la edad temprana en que las yeguas fueron servidas por el garañón, lo que limita que tengan un normal desarrollo corporal, siendo afectada principalmente la alzada a la cruz, ya que todas sus reservas energéticas, son utilizadas en el desarrollo de la cría, lo que retarda el desarrollo de las potras y consecuentemente por este mal manejo se encuentran yeguas más pequeñas que los caballos.

c. Análisis de los índices zoométricos entre la población caballar de las comunidades de Atillo y Guayllabamba.

En el cuadro 15, podemos observar los índices calculados en el grupo caballar de la Comunidad de Atillo y en el cuadro 16 sus frecuencias. El índice cefálico de la manada

CUADRO 15. ANALISIS COMPARATIVO DE LOS INDICES ZOOMETRICOS ENTRE LAS MANADAS DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA

INDICES ZOOMETRICOS	POBLACION										P-value
	ATILLO					GUAYLLABAMBA					
	Nº	Media	Max	Min	E.E.	Nº	Media	Max	Min	E.E.	
Indice cefálico.	35	37,9	41,5	31,5	0,30	35	38,1	46,3	35,1	0,34	0,646
Indice corporal.	35	88,3	93,1	82,2	0,45	35	88,9	98,6	82,2	0,63	0,394
Indice torácico.	35	55,4	66,7	46,2	0,85	35	54,4	64,4	35,6	0,99	0,462
Profundidad relativa del pecho	35	47,3	52,0	40,8	0,39	35	47,3	52,0	39,8	0,43	0,879
Indice metacarpiano.	35	11,5	13,5	9,9	0,14	35	11,2	12,9	9,4	0,12	0,127
Indice pelviano.	35	99,2	109,1	93,3	0,52	35	99,3	109,1	91,0	0,60	0,874
Indice de proporcionalidad.	35	96,2	109,2	89,9	0,78	35	96,4	102,6	90,4	0,56	0,836
Peso aproximado Kg.	35	247,0	303,2	150,3	6,58	35	230,7	303,2	146,8	6,34	0,058

EE. Error estándar

Nivel de significación: *P<0,05; **P<0,01

analizada en Atillo presentó un valor promedio de $37,9(\pm 0,3)$, presentándose más animales dolicocefalos (índice >38), siendo el 54,3%, mientras que la manada de Guayllabamba exhibió un promedio de $38,1(\pm 0,34)$, constituyéndose más por animales mesocéfalos (valores entre 36 y 38), con 48,6%. En el índice corporal, los animales de Atillo presentaron un índice de $88,3 (\pm 0,45)$, constituyendo los animales longilíneos (índice >88), el 57,1%, mientras que los animales de Guayllabamba mostraron un valor de $88,9 (\pm 0,63)$, siendo más frecuentes los animales longilíneos (índice >88), representando el 60%

Para el índice torácico de la caballada de Atillo, se puede observar un valor de $55,4 (\pm 0,85)$ y en la caballada de Guayllabamba, un índice medio de $54,4 (\pm 0,99)$, siendo más representativos los animales dolicotóracos (índice >54), con el 60% de la población de Atillo y el 53,4% de la población de Guayllabamba. En el índice de profundidad relativa del pecho, las manadas de las comunidades de Atillo y Guayllabamba, exhibieron un índice promedio de $47,3$ con errores estándar de $\pm 0,39$ para los animales de Atillo y $\pm 0,43$ para los animales de Guayllabamba, presentándose más animales dolicomorfos (índices >45), siendo el 88,6% de la población de Atillo y el 82,2% de la población de Guayllabamba.

Para el índice metacarpiano se encontró en el grupo caballar de Atillo, una media de $11,5 (\pm 0,14)$ y $11,2(\pm 0,12)$ en la población caballar de Guayllabamba, constituyéndose el 42,9% de los animales de Atillo con una correlación media entre sus masas musculares y el volumen de los huesos (índice entre 11 y 12) y 48,6% de los animales de Guayllabamba con una correlación baja (índice <11).

Para el índice pelviano, los caballos y yeguas de la Comunidad de Atillo mostraron un promedio de $99,2 (\pm 0,52)$ y los animales de la Comunidad de Guayllabamba presentaron un valor medio de $99,3(\pm 0,60)$, siendo más frecuentes los animales braquipélvicos (índices <99), con 42,9% de la población de Atillo y el 45,7% los animales mesopélvicos (valores entre 99 y 101) de la población de Guayllabamba.

CUADRO 16. FRECUENCIAS DE LOS INDICES ZOMETRICOS DE LAS MANADAS DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA

Indice	Clase	Min	Max	FRECUENCIA			
				Atillo		Guayllabamba	
				N	%	N	%
Indice cefálico	Braquicéfalo	< 36		5	14,3%	4	11,4%
	Mesocéfalo	36 - 38		11	31,4%	17	48,6%
	Dolicocéfalo	> 38		19	54,3%	14	40,0%
Indice corporal	Brevilíneo	< 86		8	22,9%	9	25,7%
	Mesolíneo	86 - 88		7	20,0%	5	14,3%
	Longilíneo	> 88		20	57,1%	21	60,0%
Indice toraxico	Braquitoráxico	< 52		11	31,4%	12	34,3%
	Mesotoráxico	52 - 54		3	8,6%	4	11,4%
	Dolicotoráxico	>54		21	60,0%	19	54,3%
Indice de profundidad relativa del pecho	Braquimorfo	< 43		2	5,7%	2	5,7%
	Mesomorfo	43 - 45		2	5,7%	4	11,4%
	Dolicomorfo	> 45		31	88,6%	29	82,9%
Indice metacarpiano	Correlación Baja	< 11		13	37,1%	17	48,6%
	Correlación Media	11 - 12		15	42,9%	14	40,0%
	Correlación Alta	> 12		7	20,0%	4	11,4%
Indice pelviano	Braquipélvico	< 99		15	42,9%	12	34,3%
	Mesopélvico	99 - 101		13	37,1%	16	45,7%
	Dolicopélvico	> 101		7	20,0%	7	20,0%
Indice de proporcionalidad	Largo	< 99		28	80,0%	27	77,1%
	Medio	99 - 101		4	11,4%	4	11,4%
	Alto	> 101		3	8,6%	4	11,4%

En el índice de proporcionalidad se observa un promedio de 96,2 ($\pm 0,78$) para los equinos analizados en Atillo y un valor promedio de 96,4 ($\pm 0,56$), para la manada de Guayllabamba, constituyéndose estas poblaciones más de animales longilíneos (valores < 99), siendo el 80% de los animales de la Comunidad de Atillo y el 77,1% de los animales de la Comunidad de Guayllabamba.

En el cuadro 17, se puede apreciar que el peso aproximado que se calculó para los animales de Atillo, hay valores que fluctúan entre 150,3Kg y 303,2Kg con un promedio

de 247Kg ($\pm 6,58$), siendo los de las clases 3 y 4 los de mayor frecuencia, con un 40% para cada una, presentándose los valores entre 226,7Kg y 265Kg para la clase 3 y entre 265Kg y 303,2Kg para la clase 4, mientras que en los animales de Guayllabamba, se calculó valores entre 146,8Kg y 303,2Kg con un valor medio de 230,7Kg y un error estándar de $\pm 6,24$, constituyendo el 42,9% de la manada los animales de la clase 3 con pesos aproximados entre 225Kg y 264,1Kg.

CUADRO 17. FRECUENCIA DE LOS PESOS APROXIMADOS CALCULADOS PARA LAS MANADAS DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA

Población	Clase	Rango (Kg)	N	%
Atillo	1	150,3 - 188,5	3	8,6%
	2	188,5 - 226,7	4	11,4%
	3	226,7 - 265,0	14	40,0%
	4	265,0 - 303,2	14	40,0%
Guayllabamba	1	146,8 - 185,9	3	8,6%
	2	185,9 - 225,0	11	31,4%
	3	225,0 - 264,1	15	42,9%
	4	264,1 - 303,2	6	17,1%

Al comparar las poblaciones caballares de las comunidades de Atillo y Guayllabamba, no indica diferencias significativas en ninguno de los índices, por lo cual se puede asumir que son poblaciones morfométricamente similares, las mismas que se podrían inscribir dentro de un mismo biotipo autóctono.

d. Análisis de los índices zoométricos de la población caballar de la Comunidad de Atillo.

En el cuadro 18, podemos observar los índices calculados en las yeguas y los caballos de la Comunidad de Atillo y en el cuadro 19 las frecuencias.

CUADRO 18. ANALISIS COMPARATIVO DE LOS INDICES ZOMETRICOS ENTRE LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS DE LA MANADA DE LA COMUNIDAD DE ATILLO

INDICES ZOMETRICOS	POBLACION DE ATILLO										P-value
	YEGUAS					CABALLOS					
	Nº	Media	Max	Min	E.E.	Nº	Media	Max	Min	E.E.	
Indice cefálico.	30	37,9	41,5	31,5	0,34	5	38,0	39,3	35,7	0,62	0,936
Indice corporal.	30	88,4	93,1	82,2	0,50	5	87,1	89,0	84,8	0,74	0,182
Indice torácico.	30	55,3	66,7	46,2	0,94	5	56,6	60,0	49,6	1,97	0,563
Profundidad relativa del pecho	30	47,3	52,0	40,8	0,46	5	46,8	47,2	46,1	0,20	0,311
Indice metacarpiano.	30	11,3	13,2	9,9	0,14	5	12,2	13,5	10,8	0,43	0,126
Indice pelviano.	30	99,2	109,1	93,6	0,56	5	99,1	102,2	93,3	1,55	0,957
Indice de proporcionalidad.	30	95,6	109,2	89,9	0,82	5	99,8	106,4	97,1	1,74	0,072
Peso aproximado Kg.	30	246,3	303,2	150,3	7,49	5	250,9	273,5	213,4	11,46	0,745

EE. Error estándar

Nivel de significación: *P<0,05; **P<0,01

El índice cefálico de las yeguas de la Comunidad de Atillo presentó un valor promedio de 37,9 ($\pm 0,34$), mientras que los caballos de esta misma Comunidad muestran un valor de 38 ($\pm 0,62$), constituyéndose estas dos poblaciones por animales dolicocefalos (valores >38), con 53,3% de las yeguas y el 60% de los caballos. En el índice corporal, las yeguas presentaron un promedio de 88,4 ($\pm 0,5$) y los caballos un valor de 87,1 ($\pm 0,74$), siendo las yeguas longilíneas (índice >88) con el 60% y en el caso de los caballos se observan animales mesolíneos y longilíneos (índice entre 86 y 88 y >88 respectivamente), con 40% para cada denominación.

El índice torácico de las yeguas presentó un valor de 55,3 ($\pm 0,94$) y los caballos un promedio de 56,6 ($\pm 1,97$), presentándose más animales dolictorácicos (índice >54), con el 56,7% para las yeguas y el 80% para los caballos. En el índice de profundidad relativa del pecho, las yeguas presentaron un índice de 47,3 ($\pm 0,46$), mientras que en los caballos se observa un promedio de 46,8 ($\pm 0,2$), observándose que esta población lo constituyen principalmente animales dolicomorfos (índice >45), con 86,7% para las yeguas y la totalidad de los caballos (100%).

En el índice metacarpiano de las yeguas, se observó un promedio de 11,3 ($\pm 0,14$), mientras que los caballos presentaron un valor de 12,2 ($\pm 0,43$), constituyendo la manada de las yeguas por animales de correlación media entre sus masas musculares y el volumen de los huesos (valores entre 11 y 12), con el 50%, mientras que el 80% de los caballos de esta población, presentaron correlación alta entre sus masa musculares y el volumen de los huesos (índice >12).

En el índice pelviano, las yeguas presentaron un valor de 99,2 ($\pm 0,56$), mientras que en el caso de los caballos mostraron un índice de 99,1 ($\pm 1,55$), constituyéndose esta población por yeguas braquipélicas (índice <99), con el 43,3%, mientras que los caballos son más frecuentes los caballos braquipelvicos (índice <99) y dolico pélvicos (índice >101), con el 40% para cada denominación.

En el índice de proporcionalidad, en la manada de yeguas se observa un índice medio

CUADRO 19. FRECUENCIAS DE LOS INDICES ZOMETRICOS DE LAS YEGUAS Y CABALLOS DE LA MANADA DE ATILLO

Indice	Clase	Min	Max	FRECUENCIA			
				Yeguas		Caballos	
				N	%	N	%
Indice cefálico	Braquicéfalo	< 36		4	13,3%	1	20,0%
	Mesocéfalo	36 - 38		10	33,3%	1	20,0%
	Dolicocéfalo	> 38		16	53,3%	3	60,0%
Indice corporal	Brevilíneo	< 86		7	23,3%	1	20,0%
	Mesolíneo	86 - 88		5	16,7%	2	40,0%
	Longilíneo	> 88		18	60,0%	2	40,0%
Indice toraxico	Braquitoráxico	< 52		10	33,3%	1	20,0%
	Mesotoráxico	52 - 54		3	10,0%	0	0,0%
	Dolicotoráxico	>54		17	56,7%	4	80,0%
Indice de profundidad relativa del pecho	Braquimorfo	< 43		2	6,7%	0	0,0%
	Mesomorfo	43 - 45		2	6,7%	0	0,0%
	Dolicomorfo	> 45		26	86,7%	5	100,0%
Indice metacarpiano	Correlación Baja	< 11		12	40,0%	1	20,0%
	Correlación Media	11 - 12		15	50,0%	0	0,0%
	Correlación Alta	> 12		3	10,0%	4	80,0%
Indice pelviano	Braquipélvico	< 99		13	43,3%	2	40,0%
	Mesopélvico	99 - 101		12	40,0%	1	20,0%
	Dolicopélvico	> 101		5	16,7%	2	40,0%
Indice de proporcionalidad	Largo	< 99		25	83,3%	3	60,0%
	Medio	99 - 101		3	10,0%	1	20,0%
	Alto	> 101		2	6,7%	1	20,0%

de 95,6($\pm 0,82$) y en la manada de caballos un valor de 99,8 ($\pm 1,74$), siendo más frecuentes los animales largos (índice<99) con el 83,3% de las yeguas y el 60% de los caballos.

En el cuadro 20, se puede observar los pesos aproximados de las yeguas y caballos de la Comunidad de Atillo, siendo así que las yeguas presentaron valores entre 150,3Kg y 303,2Kg con una media de 246,3Kg ($\pm 7,49$) y los caballos mostraron valores entre 213,4Kg y 273,5Kg con un promedio de 250,9Kg ($\pm 11,46$), frecuentando yeguas de clase 3 y 4, con pesos aproximados entre 226,7Kg y 2265Kg y entre 265Kg

y 303,2Kg respectivamente, constituyendo el 40% de la población de yeguas para cada clase, mientras que en el caso de los caballos son más representativos con el 60%, los caballos de la clase 4 con pesos aproximados entre 258,5Kg y 273,5Kg.

CUADRO 20. FRECUENCIA DE LOS PESOS APROXIMADOS CALCULADOS PARA LAS YEGUAS Y CABALLOS DE LA MANADA DE ATILLO

Población	Clase	Rango (Kg)	N	%
Yeguas	1	150,3 - 188,5	3	10,0%
	2	188,5 - 226,7	3	10,0%
	3	226,7 - 265,0	12	40,0%
	4	265,0 - 303,2	12	40,0%
Caballos	1	213,4 - 228,4	1	20,0%
	2	228,4 - 243,5	1	20,0%
	3	243,5 - 258,5	0	0,0%
	4	258,5 - 273,5	3	60,0%

No existe diferencia significativa entre estas dos poblaciones analizadas, por lo que se puede deducir que son poblaciones homogéneas en sus índices.

e. Análisis de los índices zoométricos de la población caballar de la Comunidad de Guayllabamba.

El cuadro 21 revela los diferentes índices zoométricos calculados para las yeguas y los caballos estudiados en la Comunidad de Guayllabamba y el cuadro 22 la frecuencia de los índices calculados para esta población.

El índice cefálico de las yeguas mostró un promedio de 38,1 ($\pm 0,39$), mientras que la manada de caballos presentó un valor de 38,4 ($\pm 0,59$); siendo más recurrentes con el 46,7% las yeguas dolicocefalas (índice entre 36 y 38) y en el caso de los caballos de esta Comunidad los animales mesocéfalos (índice entre 36 y 38) con el 60% de esta manada. En el índice corporal de las yeguas, se observa un valor de 88,4 ($\pm 0,66$), mientras que los caballos exhiben una media de 91,9 ($\pm 1,39$), siendo más frecuente

CUADRO 21. ANALISIS COMPARATIVO DE LOS INDICES ZOMETRICOS ENTRE LAS YEGUAS Y LOS CABALLOS DE LA MANADA DE LA COMUNIDAD DE GUAYLLABAMBA

INDICES ZOMETRICOS	POBLACION DE GUAYLLABAMBA										P-value
	YEGUAS					CABALLOS					
	Nº	Media	Max	Min	E.E.	Nº	Media	Max	Min	E.E.	
Indice cefálico.	30	38,1	46,3	35,1	0,39	5	38,4	40,0	37,1	0,59	0,637
Indice corporal.	30	88,4	98,6	82,2	0,66	5	91,9	96,8	89,0	1,39	0,065
Indice torácico.	30	54,4	64,4	35,6	1,14	5	54,0	57,1	50,9	1,26	0,805
Profundidad relativa del pecho	30	47,5	52,0	39,8	0,48	5	46,3	48,9	44,4	0,83	0,231
Indice metacarpiano.	30	11,1	12,4	10,2	0,10	5	11,9	12,9	10,6	0,36	0,099
Indice pelviano.	30	99,7	109,1	94,8	0,53	5	96,7	107,0	91,0	2,70	0,327
Indice de proporcionalidad.	30	96,1	102,6	90,4	0,61	5	98,4	100,7	95,2	1,09	0,104
Peso aproximado Kg.	30	231,2	303,2	146,8	7,00	5	228,0	260,7	188,0	16,03	0,862

EE. Error estándar

Nivel de significación: *P<0,05; **P<0,01

los animales longilíneos (índice >88), representando el 53,3% de yeguas y el 100% de los caballos.

En el índice torácico se puede observar que índice de 54,4(\pm 1,14) para las yeguas y 54 (\pm 1,26) para los caballos, siendo más numerosas las yeguas dolictorácicas (índice>54), constituyendo el 56,7% y en el caso de los caballos son más recurrentes los animales braquitorácicos (índice<52) y dolictorácicos (índice>54) con el 40% para cada denominación. En el índice de profundidad relativa del pecho, las yeguas presentaron un valor de 47,5(\pm 0,48) y los caballos un promedio de 46,3 (\pm 0,83), formándose más esta población por animales dólicomorfos (índices>45), siendo el 86,7% para las yeguas y el 60% para los caballos.

El índice metacarpiano se observa un promedio de 11,1 (\pm 0,10) para las yeguas y 11,9 (\pm 0,36) para los caballos, siendo más recurrentes (53,3%), las yeguas de correlación baja entre sus masas musculares y el volumen de los huesos (índice<11) y en el caso de los caballos son más frecuentes los animales de correlación media (índice entre 11 y 12) y correlación alta (índice>12) entre sus masas musculares y el volumen de los huesos, indicando el 40% para cada denominación.

En el índice pelviano, su valor medio fue de 99,7 (\pm 0,53) para las yeguas y 96,7 (\pm 2,7) para los caballos, constituyéndose la población de yeguas por animales mesopélvicos (valores entre 99 y 101), representando el 53,3%, mientras que la manada de caballos está constituida con el 80% como caballos braquipélvicos (índices<99).

Para el índice de proporcionalidad se encontró un valor de 96,1 (\pm 0,61) en las yeguas y 98,4 (\pm 1,09) en los caballos, observándose yeguas con proporcionalidad larga, indicando la mayor representatividad (83,3%) que tienen la longitud corporal mayor que la alzada a la cruz (índice<99), mientras que la población de caballos se observan los animales con proporciones similares en su medida, tanto de su largo del cuerpo como de su alzada a la cruz (valores entre 99 y 101) frecuentando con el 60%.

CUADRO 22. FRECUENCIAS DE LOS INDICES ZOMETRICOS DE LAS YEGUAS Y CABALLOS DE LA MANADA DE GUAYLLABAMBA

Indice	Clase	Min	Max	FRECUENCIA			
				Yeguas		Caballos	
				N	%	N	%
Indice cefálico	Braquicéfalo	< 36		4	13,3%	0	0,0%
	Mesocéfalo	36 - 38		14	46,7%	3	60,0%
	Dolicocéfalo	> 38		12	40,0%	2	40,0%
Indice corporal	Brevilíneo	< 86		9	30,0%	0	0,0%
	Mesolíneo	86 - 88		5	16,7%	0	0,0%
	Longilíneo	> 88		16	53,3%	5	100,0%
Indice toraxico	Braquitoráxico	< 52		10	33,3%	2	40,0%
	Mesotoráxico	52 - 54		3	10,0%	1	20,0%
	Dolicotoráxico	>54		17	56,7%	2	40,0%
Indice de profundidad relativa del pecho	Braquimorfo	< 43		2	6,7%	0	0,0%
	Mesomorfo	43 - 45		2	6,7%	2	40,0%
	Dolicomorfo	> 45		26	86,7%	3	60,0%
Indice metacarpiano	Correlación Baja	< 11		16	53,3%	1	20,0%
	Correlación Media	11 - 12		12	40,0%	2	40,0%
	Correlación Alta	> 12		2	6,7%	2	40,0%
Indice pelviano	Braquipélvico	< 99		8	26,7%	4	80,0%
	Mesopélvico	99 - 101		16	53,3%	0	0,0%
	Dolicopélvico	> 101		6	20,0%	1	20,0%
Indice de proporcionalidad	Largo	< 99		25	83,3%	2	40,0%
	Medio	99 - 101		1	3,3%	3	60,0%
	Alto	> 101		4	13,3%	0	0,0%

En el cuadro 23, se puede ver los pesos aproximados calculados para las yeguas y los caballos de la Comunidad de Guayllabamba, siendo así que: el peso aproximado calculado para las yeguas, indican valores entre 146,8Kg y 303,2Kg con un promedio de 231,2Kg (± 7), siendo más frecuentes los animales de la clase 3 con pesos aproximados entre 225Kg y 264,1Kg representando el 40%, En el caso de los caballos, fluctúa sus valores entre 188Kg y 260,7Kg con una media de 228Kg ($\pm 16,03$), siendo más numerosos los animales de la clase 1 y 4 por igual, con pesos aproximados entre 188Kg y 206,2Kg para la clase 1 y entre 242,5Kg y 260,7Kg para la clase 4

representando el 40% para cada clase mencionada; se puede observar que en esta población se encuentran yeguas más pesadas, al comparar con el cuadro 7, se puede ver que las yeguas presentaron un perímetro torácico más alto que los caballos, a pesar de que son más pequeñas que estos últimos, por lo que podemos asumir una mayor presencia de yeguas preñadas en comparación con las yeguas de la Comunidad de Atillo.

CUADRO 23. FRECUENCIA DE LOS PESOS APROXIMADOS CALCULADOS PARA LAS YEGUAS Y CABALLOS DE LA MANADA DE GUAYLLABAMBA

Población	Clase	Rango (Kg)	N	%
Yeguas	1	146,8 - 185,9	3	10,0%
	2	185,9 - 225,0	9	30,0%
	3	225,0 - 264,1	12	40,0%
	4	264,1 - 303,2	6	20,0%
Caballos	1	188,0 - 206,2	2	40,0%
	2	206,2 - 224,3	0	0,0%
	3	224,4 - 242,5	1	20,0%
	4	242,5 - 260,7	2	40,0%

Al comprar estas dos muestras poblacionales no manifestaron diferencia significativa en sus índices al igual que el caso de las yeguas y de los caballos estudiados en la Comunidad de Atillo, por lo que se puede manifestar que se trata de un grupo homogéneo en los índices calculados.

f. Análisis de los índices zoométricos de las yeguas entre las manadas de las comunidades de Atillo y Guayllabamba

En el cuadro 24 se puede observar que los índices de las yeguas de la Comunidad de Guayllabamba son mayores que los índices de las yeguas de la Comunidad de Atillo en sus valores promedios calculados para los índices cefálico, de profundidad relativa

CUADRO 24. ANALISIS COMPARATIVO DE LOS INDICES ZOOMETRICOS ENTRE LAS YEGUAS DE LAS MANADAS DE LAS COMUNIDADES DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA

INDICES ZOOMETRICOS	POBLACION DE YEGUAS										P-value
	ATILLO					GUAYLLABAMBA					
	Nº	Media	Max	Min	E.E.	Nº	Media	Max	Min	E.E.	
Indice cefálico.	30	37,9	41,5	31,5	0,34	30	38,1	46,3	35,1	0,39	0,796
Indice corporal.	30	88,4	93,1	82,2	0,50	30	88,4	98,6	82,2	0,66	0,939
Indice torácico.	30	55,3	66,7	46,2	0,94	30	54,4	64,4	35,6	1,14	0,574
Profundidad relativa del pecho	30	47,3	52,0	40,8	0,46	30	47,5	52,0	39,8	0,48	0,796
Indice metacarpiano.	30	11,3	13,2	9,9	0,14	30	11,1	12,4	10,2	0,10	0,193
Indice pelviano.	30	99,2	109,1	93,6	0,56	30	99,7	109,1	94,8	0,53	0,418
Indice de proporcionalidad.	30	95,6	109,2	89,9	0,82	30	96,1	102,6	90,4	0,61	0,633
Peso aproximado Kg.	30	246,3	303,2	150,3	7,49	30	231,2	303,2	146,8	7,00	0,132

EE. Error estándar

Nivel de significación: *P<0,05; **P<0,01

del pecho, pelviano y de proporcionalidad, mientras que las de Atillo mostraron valores más altos en los promedios de los índices corporal, torácico, metacarpiano y en el peso aproximado.

En los valores máximos calculados en los índices entre las poblaciones en cuestión, indican ser más altos los que corresponden a las yeguas de Atillo, en los índices torácico, metacarpiano y de proporcionalidad, mientras que en las yeguas de Guayllabamba, se puede observar los mejores valores en el índice cefálico y en el índice corporal, a la vez ambas poblaciones muestran igualdad de valores en los índices de profundidad relativa del pecho, pelviano y en el peso aproximado.

En los valores mínimos, las yeguas de la Comunidad de Atillo indican valores bajos en comparación con las yeguas de Guayllabamba en los índices torácico, profundidad relativa del pecho y peso aproximado, mientras que indican valores bajos las yeguas de Guayllabamba en los índices cefálico, metacarpiano, pelviano y de proporcionalidad y entre ambas poblaciones se observa igualdad en el índice corporal.

Este análisis comparativo mostró que no hay diferencia significativa entre las dos poblaciones de yeguas analizadas, por lo que podríamos resumir que estos animales presentan morfologías similares pudiendo inscribirse dentro del mismo aspecto racial.

g. Análisis de los índices zoométricos de los caballos entre las manadas de las comunidades de Atillo y Guayllabamba

En el cuadro 25 se puede observar el análisis comparativo entre los índices zoométricos de los caballos de las Comunidades de Atillo y Guayllabamba; los mejores promedios que presentaron los caballos de Atillo se encontraron en los índices torácico, profundidad relativa del pecho, metacarpiano, pelviano, de

CUADRO 25. ANALISIS COMPARATIVO DE LOS INDICES ZOMETRICOS ENTRE LOS CABALLOS DE LAS MANADAS DE LAS COMUNIDADES DE ATILLO Y GUAYLLABAMBA

INDICES ZOMETRICOS	POBLACION DE CABALLOS										P-value
	ATILLO					GUAYLLABAMBA					
	Nº	Media	Max	Min	E.E.	Nº	Media	Max	Min	E.E.	
Indice cefálico.	5	38,0	39,3	35,7	0,62	5	38,4	40,0	37,1	0,59	0,677
Indice corporal.	5	87,1	89,0	84,8	0,74	5	91,9	96,8	89,0	1,39	0,024 *
Indice torácico.	5	56,6	60,0	49,6	1,97	5	54,0	57,1	50,9	1,26	0,416
Profundidad relativa del pecho	5	46,8	47,2	46,1	0,20	5	46,3	48,9	44,4	0,83	0,489
Indice metacarpiano.	5	12,2	13,5	10,8	0,43	5	11,9	12,9	10,6	0,36	0,597
Indice pelviano.	5	99,1	102,2	93,3	1,55	5	96,7	107,0	91,0	2,70	0,464
Indice de proporcionalidad.	5	99,8	106,4	97,1	1,74	5	98,4	100,7	95,2	1,09	0,532
Peso aproximado Kg.	5	250,9	273,5	213,4	11,46	5	228,0	260,7	188,0	16,03	0,281

EE. Error estándar

Nivel de significación: *P<0,05; **P<0,01

proporcionalidad y en el peso aproximado, mientras que en los caballos de Guayllabamba se observan mejores promedios de los índices cefálico y corporal.

Los valores máximos calculados con los índices, los caballos de Atillo corresponden a los índices torácico, metacarpiano, de proporcionalidad y peso aproximado, en los índices cefálico, corporal de profundidad relativa del pecho y pelviano, los valores más altos corresponde a los caballos analizados en la Comunidad de Guayllabamba.

Los valores mínimos de los índices calculados, los caballos de Atillo presentan valores más altos en los índices de profundidad relativa del pecho, metacarpiano, pelviano, de proporcionalidad y en el peso aproximado, mientras que los caballos de Guayllabamba mostraron valores altos en los índices cefálico, corporal y torácico.

Al comparar entre las estas dos poblaciones de caballos estudiados, indica una diferencia significativa en el índice corporal ($P < 0,05$), ya que los caballos de la Comunidad de Guayllabamba se presentan como animales más largos que los caballos de la Comunidad de Atillo, afectando al relacionar la alzada a la cruz con el diámetro longitudinal, tal como podemos observar en el cuadro 9.

C. CARACTERÍSTICAS CUALITATIVAS

1. Color de la capa

a. Color de la capa de la manada

Del gráfico 3 se desprende que los animales de capa castaña son más frecuentes con 35 animales (50% de la población) seguida de la capa baya y pinta con 5 animales cada una, representando el 7,1% de la población respectivamente Dowdall, C. (2003), manifiesta que dentro de los tipos asiático y africano del caballo criollo argentino son más comunes los zainos (castaños), sin embargo también se considera un efecto

genético de este biotipo estudiado de equinos, el mismo probablemente se debe al color de capa de las razas de los caballos que llegaron originalmente en la conquista de América.

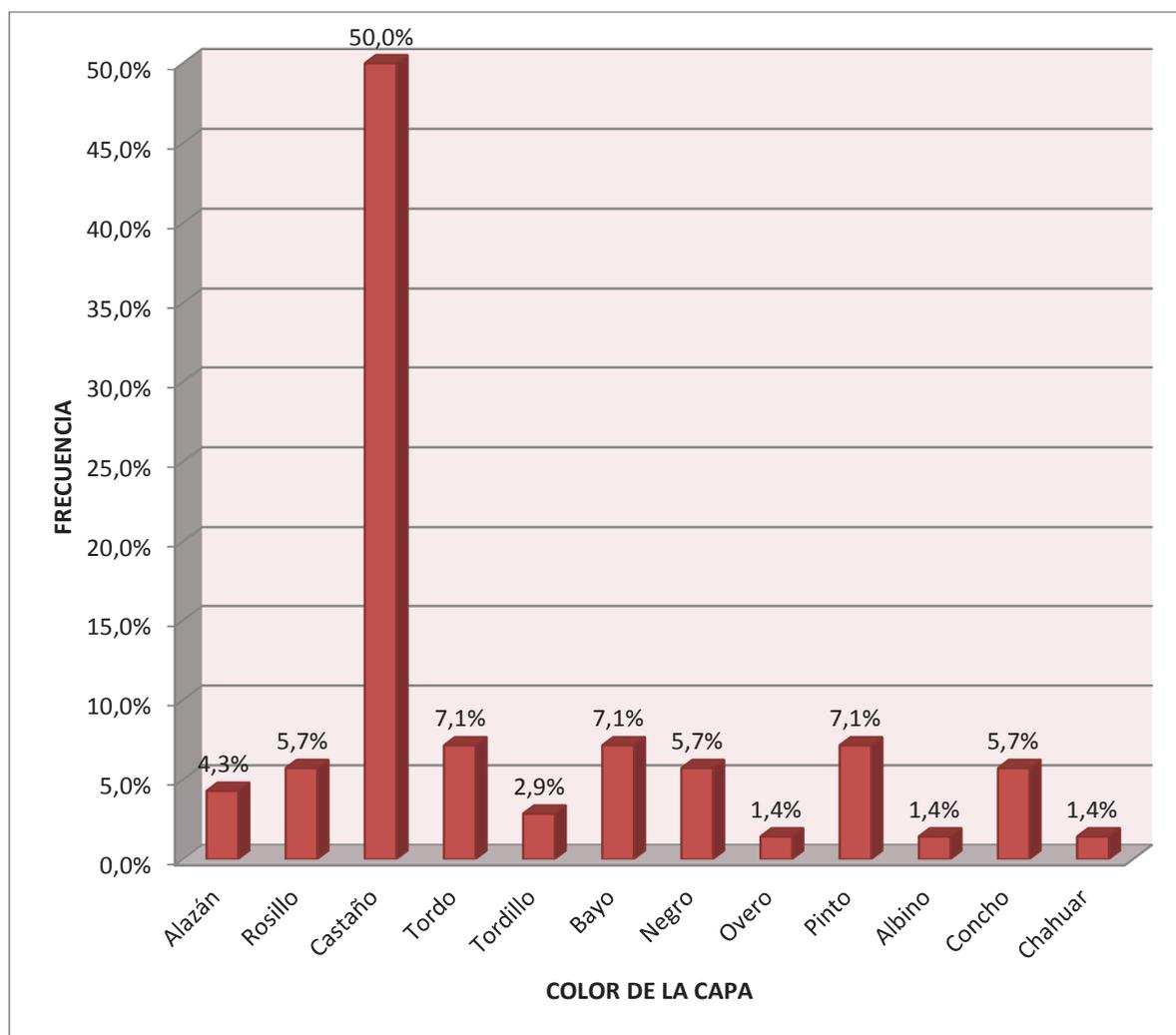


Gráfico 3. Distribución de los colores de la capa de los animales analizados.

Al analizar las capas según el sexo (Gráfico 4), se mantiene la misma tendencia de la manada en general, así, las yeguas y los caballos con capa castaña constituyen el 50% respectivamente, siguen las yeguas bayas (8,3%) y los caballos pintos (20%) notándose que las capas rosillo, tordo, bayo, negro, overo, concho y cháhuar son exclusivas para las yeguas analizadas.

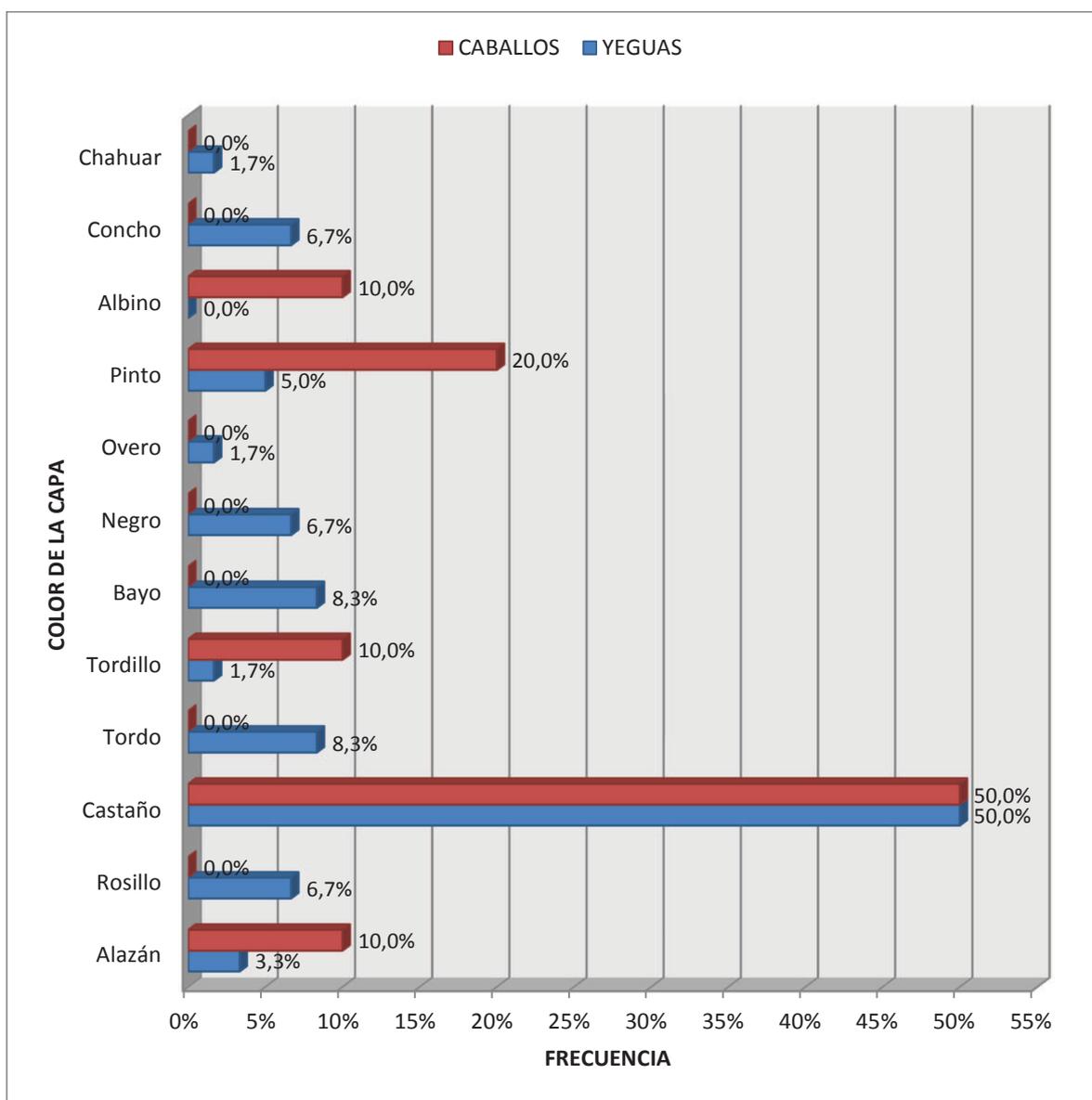


Gráfico 4. Distribución del color de la capa según el sexo de las manadas estudiadas.

Al analizar las capas según el origen de la manada (Gráfico 5), tiende a mantener las mismas proporciones que la manada en general y las proporciones por sexo, observándose que los animales con capa castaña representan el 51,4% de la población caballar de la Comunidad de Guayllabamba y el 48,6% de la Comunidad de Atillo, seguidos de los animales de capa pinta en la Atillo (14,3%) y de capa concho (11,4%) en Guayllabamba.

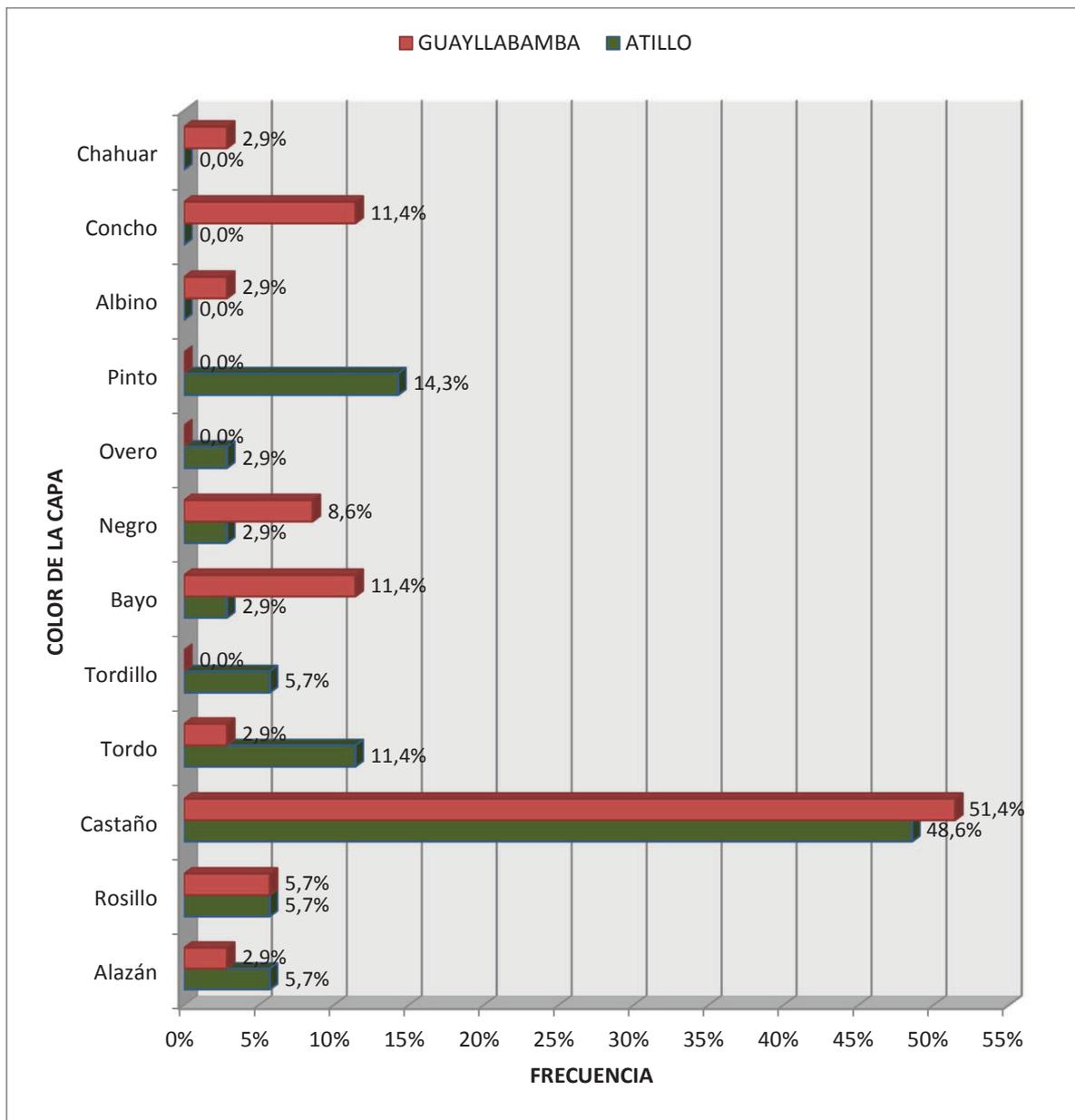


Gráfico 5. Distribución del color de la capa según el lugar de estudio de cada manada

Se puede observar también que las capas tordillo, overo y pinto son exclusivas de la manada de Atillo mientras que las capas albino, concho y cháhuar son exclusivas de la Comunidad de Guayllabamba.

2. Perfiles

a. Perfil cefálico

En el gráfico 6, la superioridad numérica de los animales estudiados por su perfil cefálico, corresponde a los rectilíneos (75,7%), seguido de los convexos con el 22,9%; cave recalcar que no se presentan animales cóncavos. Dowdall, C. (2003), manifiesta que en el antiguo caballo español, en el que más había de berberisco que de cualquier otra cosa, se distinguía un tipo africano de perfil convexo y Justacriollo (n.d.) también indica que el perfil rectilíneo y convexo es característico del caballo criollo.

b. Perfil cervical

El 100% de los animales estudiados en las manadas de las Comunidades de Atillo y Guayllabamba, presentando un perfil cervical piramidal, coincidiendo con lo indicado por Justacriollo (n.d.) al describir las características del cuello para el caballo criollo; ausentándose la presencia de cuellos con perfil cervical de ciervo que corresponde a las razas equinas que no tienen una fuerte inserción entre la cabeza y el cuello y de gallo que corresponde a razas más estilizadas.

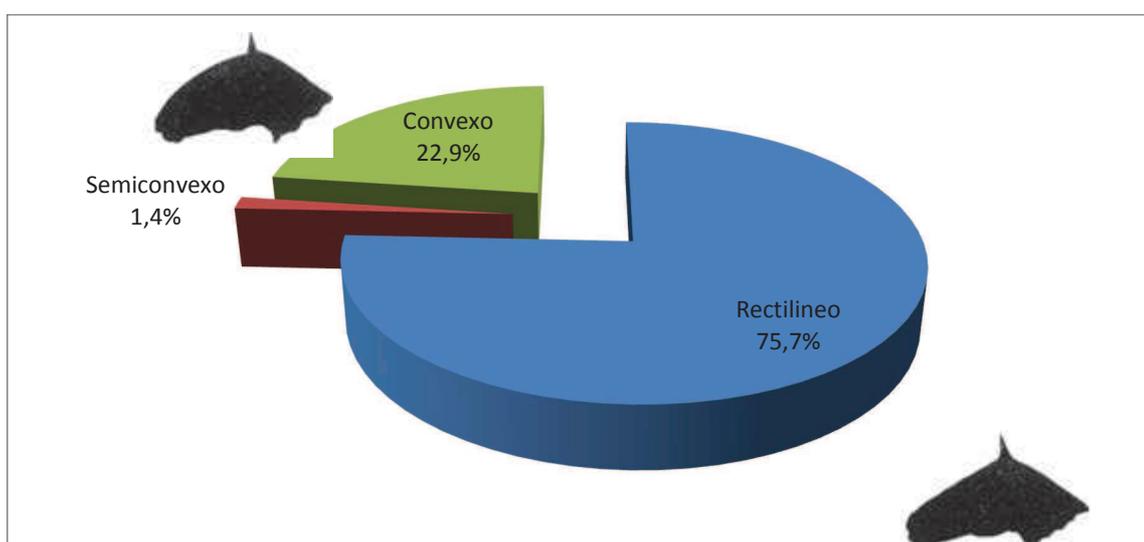


Gráfico 6. Distribución del perfil cefálico de las manadas estudiadas

c. Perfil dorso lumbar

En el gráfico 9, podemos ver que el 91,4% de la población de animales analizados de las manadas de Atillo y Guayllabamba, presentan perfiles dorsolumbares normales, coincidiendo con lo manifestado por Dowdall, C. (2003); los animales sillones o sillalomo (7,1%) encontrados en esta investigación eran mayores de 10 años, aunque esta no es una característica morfológica que determine una raza, sino un defecto y también puede deberse a la corta edad en que comienzan a ser utilizados como animales de carga y también cuando las yeguas se encuentran en un estado avanzado de la gestación.

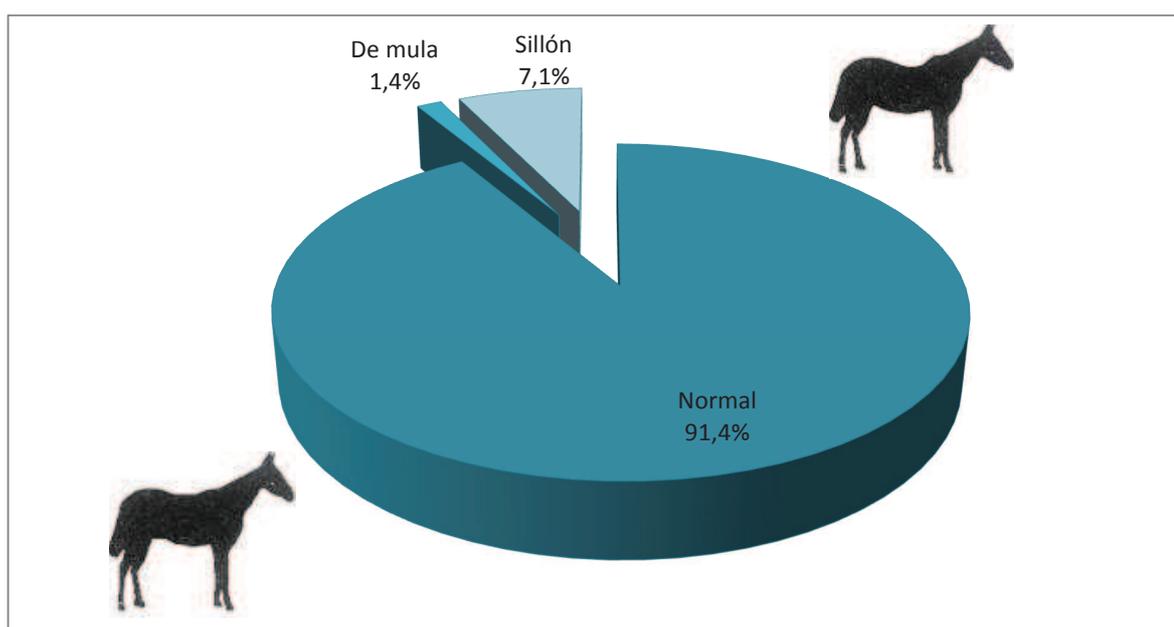


Gráfico 7. Distribución de la población según el perfil dorsolumbar

d. Perfil ventral

Del gráfico 8 se desprende que, la población de animales con perfil ventral normal representa el 88,6% y apenas el 11,4% corresponde a los animales con vientre de vaca, así mismo esto no representa una característica racial y puede estar afectado por el estado de gestación de las hembras.

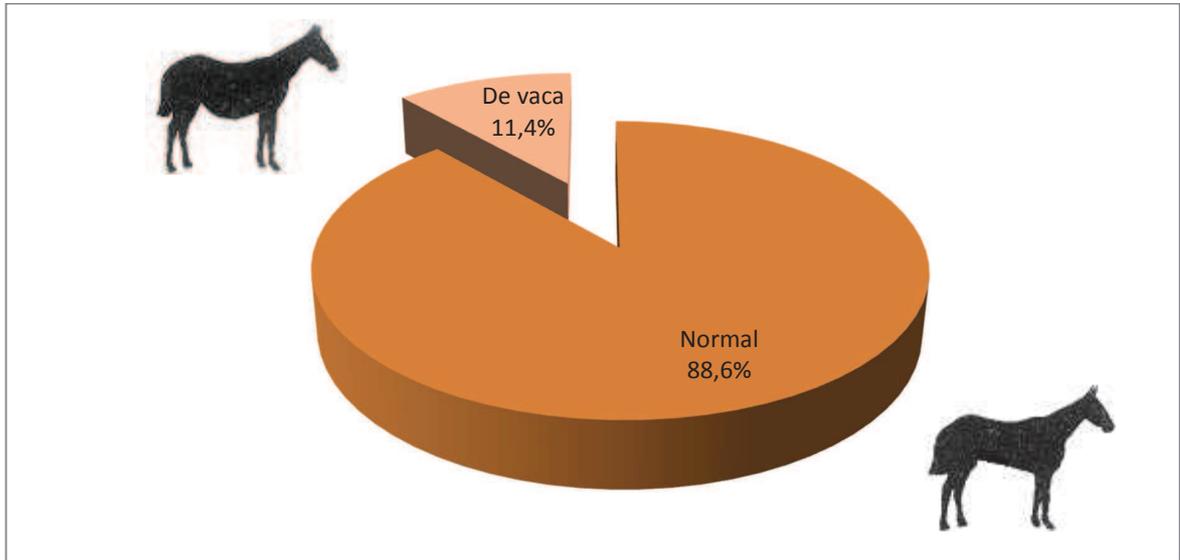


Gráfico 8. Distribución de la población según el perfil ventral

e. Perfil ísquio-ilíaco

En el gráfico 9, podemos observar que los animales con perfil ísquio-ilíaco inclinado (inclinación entre 25° y 35°) son los más frecuentes con el 65,7%, seguidos de los animales con perfil ísquio-ilíaco bajo (inclinación entre 35° y 45°) con 22,9%, lo que indica que los animales más representativos son animales que poseen potencia en sus cuartos traseros coincidiendo con lo expresado por Muller, R. (1954), siendo los animales de perfil ísquio-iliaco inclinado los que pueden desarrollar un poco más de velocidad y los de perfil ísquio-ilíaco alto (inclinación entre 12° y 25°) que representan el 11,4%, son animales que pueden desarrollar aún más velocidad, pero su potencia se verá reducida.

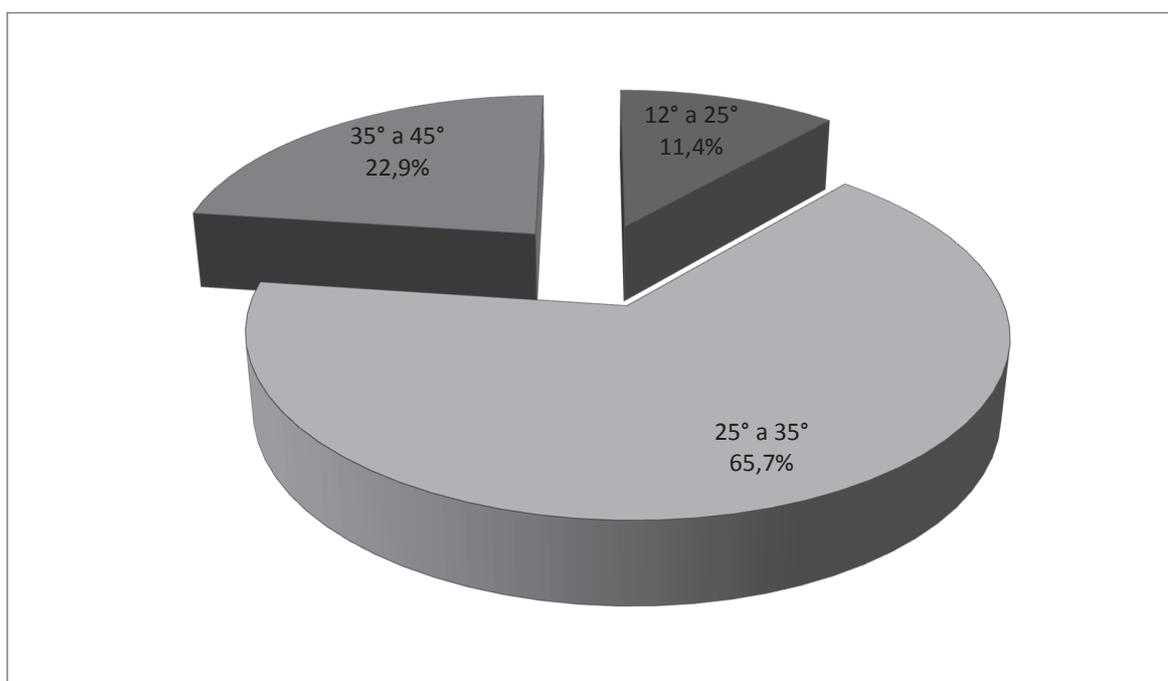


Gráfico 9. Distribución de la población según el perfil isquio-ilíaco

f. Pigmentación de las pezuñas

En el gráfico 10, se puede ver que la mayor población de animales analizados poseen sus cuatro cascos o pezuñas negras representando el 48,6% de la misma seguidos de los animales de tres cascos negros y uno blanco con 21,4%, lo que indica que son animales de cascos duros y fuertes, lo que les favorece al desarrollarse en ese medio. Justacriollo(n.d.) da preferencia a los animales con casco negro.

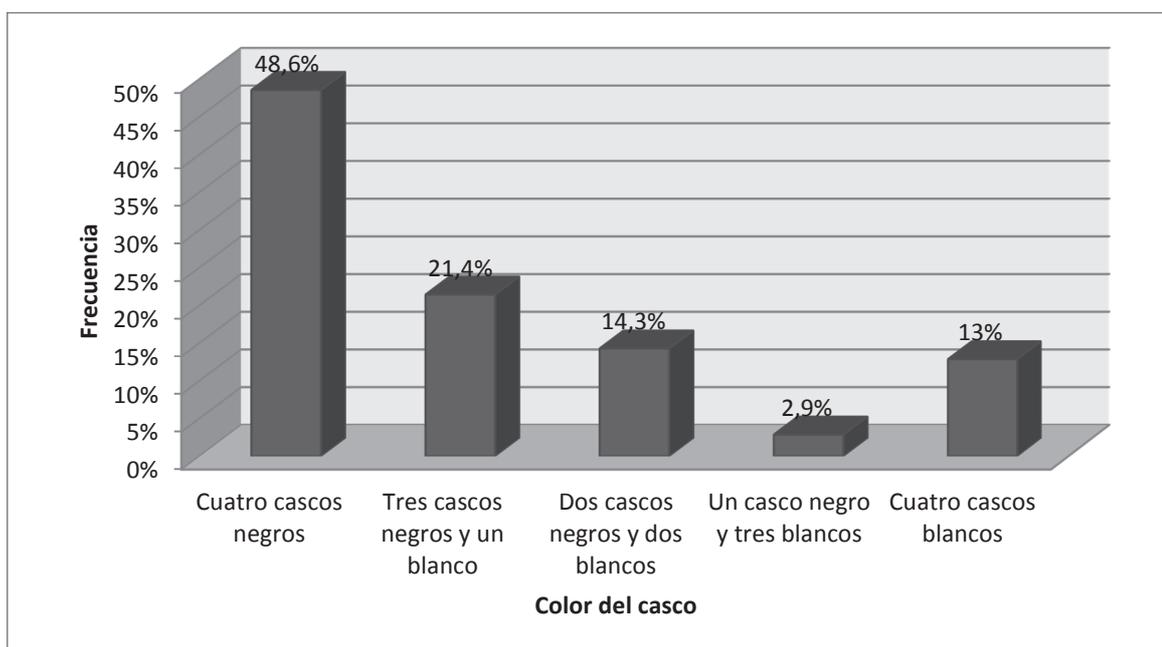


Gráfico 10. Distribución de la población según la pigmentación de las pezuñas

D. CARACTERÍSTICAS GENÉTICAS

1. Diversidad genética intra-racial

Del cuadro 26, se desprenden los resultados para los 25 microsatélites utilizados en esta investigación, los mismos que son muy informativos y han resultado polimórficos, mostrando entre un mínimo de 5 alelos para el microsatélite AHT5 y un máximo de 10(para ASB17, TKY297, TKY325 y TKY343). Se observa una elevada variabilidad alélica que presentan estos microsatélites en los animales analizados en las comunidades de Atillo y Guayllabamba, con un número medio de alelos de 7,68. La heterocigosis esperada más alta se encuentra para el marcador ASB17 con un valor de 0,8837 y la más baja para elTKY344 con un valor de 0,6821.

En el cuadro 26 se recogen también los marcadores que se desvían significativamente del equilibrio Hardy-Weinberg y el resultado es que 5 de los 25 marcadores se desvían significativamente del equilibrio Hardy-Weinberg. El coeficiente de consanguinidad

(Fis) muestra que el marcador VHL20 detecta un exceso significativo de homocigotos en la población, mientras que los marcadores ASB2 y TKY343 detectan un defecto significativo de homocigotos. El valor medio de *FIS* de la población es de 0,038 y no es significativamente diferente de 0, lo que

CUADRO 26. MICROSATELITES ANALIZADOS

Microsatélite	NA	He	Ho	PIC	Fis	P-value
AHT4	8	0,8499	0,87	0,8085	-0,017	0,1596
AHT5	5	0,7167	0,739	0,6533	-0,015	0,4454
ASB17	10	0,8837	0,957	0,8485	-0,082	0,0757
ASB2	7	0,8327	0,938	0,7788	-0,131*	0,9475
ASB23	7	0,8256	0,783	0,7793	0,009	0,9659
HMS3	7	0,8014	0,818	0,7539	-0,01	0,0418*
HMS6	7	0,7061	0,609	0,6578	0,166	0,1906
HMS7	7	0,704	0,696	0,6412	-0,034	0,1353
HTG10	9	0,8721	0,826	0,8355	0,063	0,3122
HTG4	6	0,7146	0,739	0,6611	-0,018	0,0219*
LEX3	7	0,7936	0,619	0,7421	0,249	0,0000***
LEX33	7	0,74	0,739	0,6912	0,018	0,3195
VHL20	9	0,8552	0,609	0,8154	0,260*	0,1337
TKY294	6	0,7256	0,81	0,6573	-0,106	0,3859
TKY297	10	0,85	0,81	0,8079	0,06	0,3068
TKY301	7	0,7791	0,739	0,7259	0,008	0,1474
TKY312	9	0,851	0,783	0,8123	0,039	0,4651
TKY321	7	0,7795	0,619	0,7358	0,235	0,1416
TKY325	10	0,8319	0,783	0,7935	0,073	0,0026*
TKY333	6	0,834	0,696	0,7877	0,131	0,6079
TKY337	7	0,8351	0,652	0,7909	0,242	0,0952
TKY341	7	0,8288	0,913	0,7834	-0,099	0,4428
TKY343	10	0,8446	0,913	0,8047	-0,134*	0,733
TKY344	8	0,6821	0,7000	0,6210	-0,027	0,0347*
TKY394	9	0,7921	0,7730	0,7454	0,039	0,0981
	7,68	0,7972	0,7653	0,7493	0,038	

(Na) Número de alelos por marcador, (He) Heterocigosis esperada, (Ho) Heterocigosis observada, (PIC) Contenido de Información Polimórfica, (FIS) Coeficiente de Consanguinidad y p-value de las desviaciones del Equilibrio Hardy-Weinberg

Elaborado por: Laboratorio de genética de la Universidad de Córdoba, España 2013.
Nivel de significación: *p<0,05; **p>0,01; ***p<0,001

indica que los animales utilizados para esta investigación no muestra una desviación significativa del equilibrio Hardy-Weinberg. Como se comentó en una sección anterior, el microsatélite LEX3 está ligado al cromosoma X por lo que no es aconsejable para su uso en estudios de diversidad genética. Este hecho queda comprobado al presentar un fuerte desequilibrio del Equilibrio de Herdy-Weinberg.

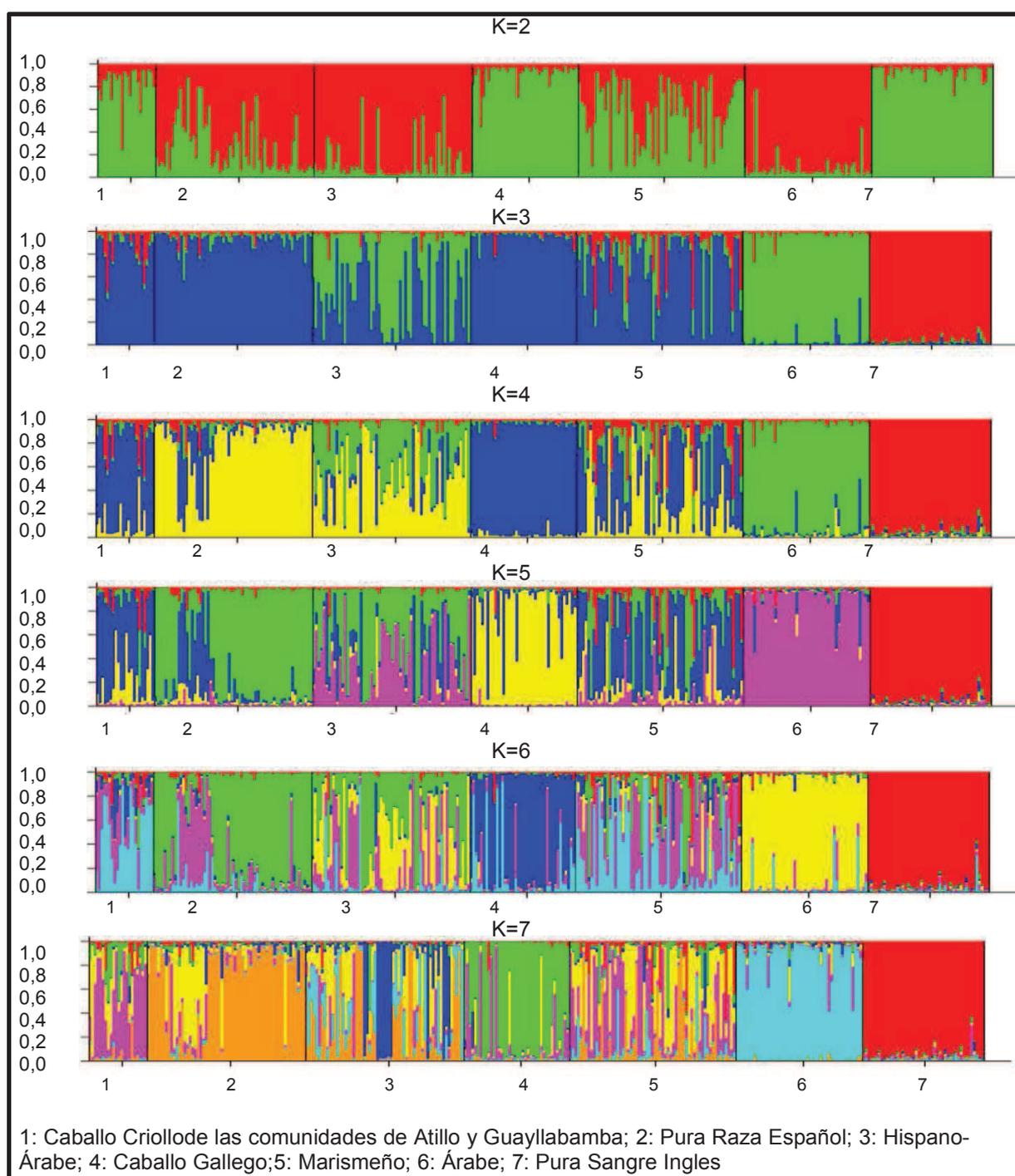
A la vista de los resultados encontrados, se puede concluir que los animales analizados en las manadas de Atillo y Guayllabamba presenta una elevada diversidad genética intra-racial, similar a la detectada en otras razas equinas de España o de Europa. La raza no se desvía significativamente del Equilibrio de Hardy-Weinberg lo que en principio podría ser un dato favorable pues no se apreciaría ni exceso de homocigotos ni de heterocigotos.

2. Estructura genética

Con este estudio se pretende conocer si existe una subestructura interna de las yeguas y caballos criollos analizados en las comunidades de Atillo y Guayllabamba, que debería tenerse en cuenta a la hora de gestionar la población. Se ha realizado un análisis de la estructura de la población con el programa STRUCTURE v. 2.3.4 (Pritchard et al. 2000). Se ha utilizado un algoritmo bayesiano del programa que calcula la distribución a posteriori de cada coeficiente de mezcla de cada individuo (q). La media de esta distribución representa una estimación de la proporción que el genoma de cada individuo tiene de las poblaciones parentales. Con este programa se hace un análisis de agrupamiento de los individuos estudiados en diferente número de clusters (K) que representarían el número de poblaciones asumidas utilizando un modelo de mezcla en el cual cada individuo podría contener en su genoma porcentajes variables de las poblaciones ancestrales de las que proviene.

En el gráfico 11, se puede observar la estructura dela poblacional de caballos autóctonos analizados, utilizando el programa informático Structure v 2.3.4 Se ha realizado con 100000 iteraciones de Burn-in y con número de iteraciones de Cadenas

de Markov de Monte Carlo (MCMC) de 500000. Cada individuo se muestra como una barra vertical y cada color representa la proporción del cluster



Elaborado por: Laboratorio de genética de la Universidad de Córdoba, España 2013.

Gráfico 11. Resultado del análisis de la estructura genética

correspondiente en forma proporcional. En este caso, los caballos y yeguas analizadas se comparan con otras razas equinas.

Cuando se asume la existencia de dos poblaciones ancestrales ($K=2$), los caballos autóctonos de las comunidades de Atillo y Guayllabamba se encuentra en el mismo clúster que el Caballo Gallego, el Marismeño y el Pura Sangre Inglés. Cuando se asume que existen tres poblaciones ancestrales ($K=3$) estos caballos autóctono analizados están en el mismo clúster que los españoles compartiendo el Árabe y el Hispano-Árabe un ancestro común que concuerda con el origen mixto del caballo Hispano-Árabe.

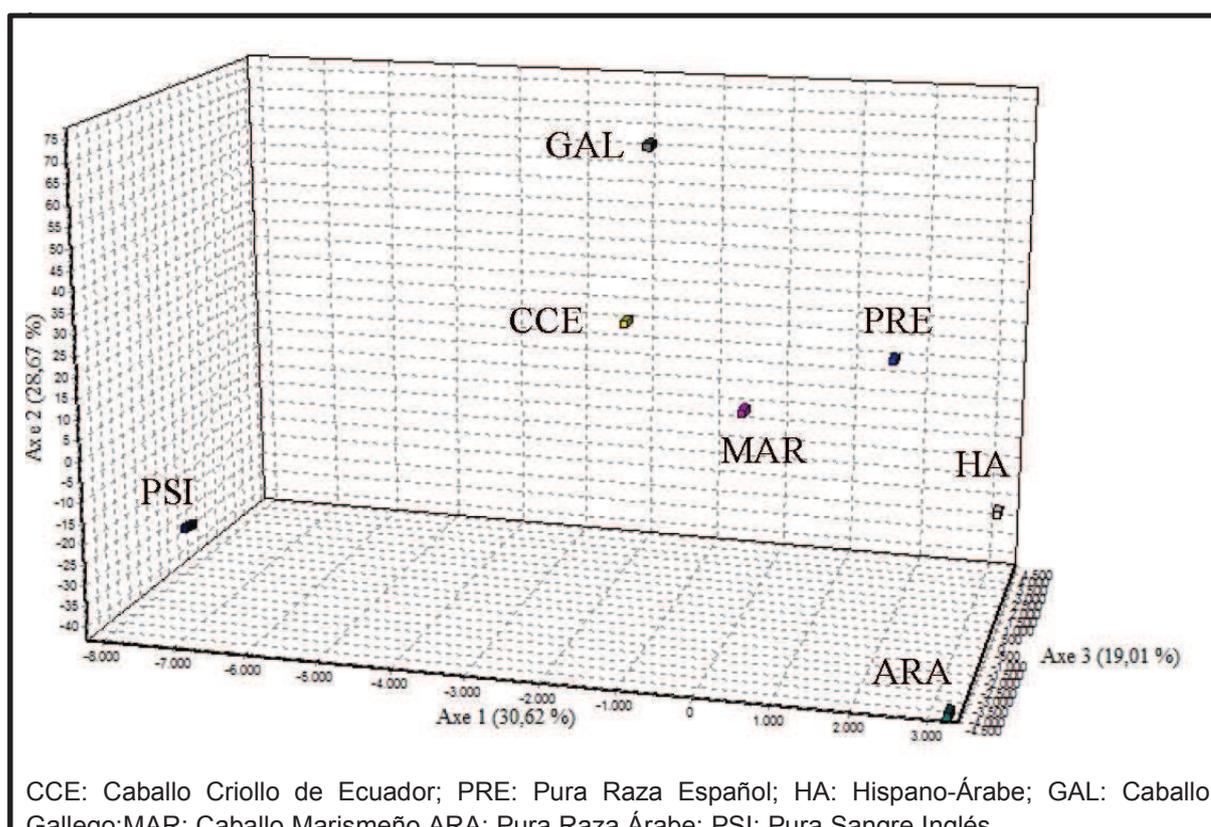
Cuando $K=4$ y $K=5$ esta población analizada se agrupa con el Caballo Gallego y Marismeño, lo que indica un posible origen común y una relación genética que se confirma con el Análisis Factorial de Correspondencia y con los valores de distancias genéticas. Puede observarse en el gráfico 11 que el caballo Hispano-Árabe es una población heterogénea, esperable dada las características de esta raza, mientras que los equinos analizados en las comunidades de Atillo y Guayllabamba se muestra como una población más homogénea aunque se detectan algunos individuos diferentes y algunos cruzados. Cuando $K=6$ y $K=7$, se mantiene la misma estructura del caballo autóctono analizado, si bien el Caballo Gallego se diferencia ya en un clúster separado.

3. Diversidad genética inter-racial

Los resultados de los estadísticos F de Wright y el Coeficiente G_{ST} de Nei muestran que la diferenciación genética media entre las razas equinas es de un 6,15 %, valor similar al encontrado entre razas equinas españolas e internacionales (Vega-Pla et al., 2006), ligeramente inferior al encontrado entre razas americanas (Conant et al., 2011) y muy superior al encontrado entre razas chinas (Ling et al., 2010). Esta diferenciación genética se confirma con el coeficiente de diferenciación genética ($G_{ST}=0,0644$) entre razas.

En el gráfico 12 se pueden observar los resultados del Análisis Factorial de Correspondencia. La población equina analizada se diferencia de las demás razas equinas. No se evidencian signos de influencias genéticas recientes de las razas equinas españolas estudiadas ni de las razas Árabe y Pura Sangre Inglés en las poblaciones de caballos autóctonos de las comunidades de Atillo y Guayllabamba.

Los caballos criollos de las Comunidades de Atillo y Guayllabamba, muestra más proximidad con las razas equinas españolas, especialmente con el Marismeño y el Caballo Gallego, que con las dos razas internacionales (Pura Sangre Inglés y Arabe)

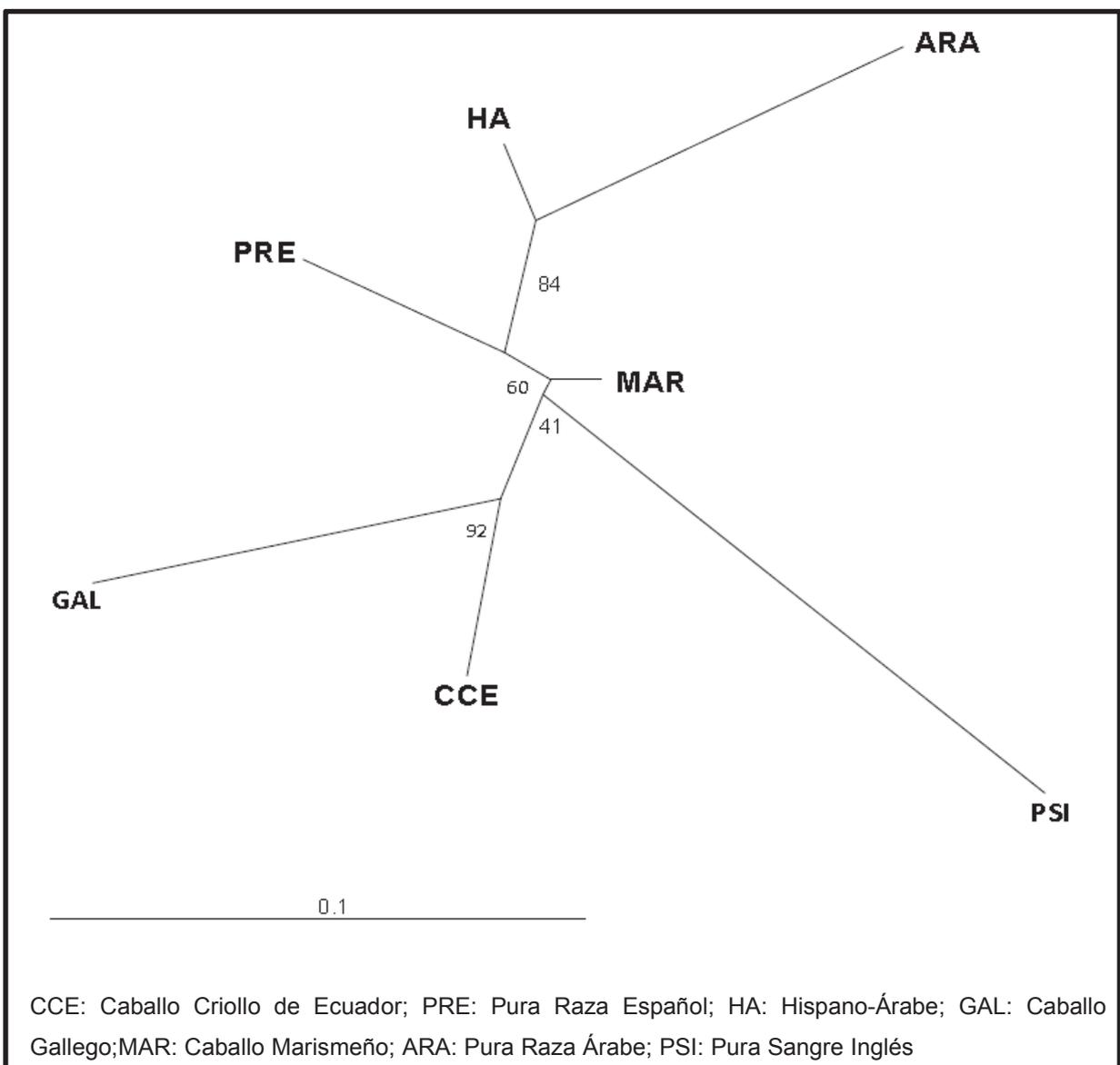


Elaborado por: Laboratorio de genética de la Universidad de Córdoba, España 2013.

Gráfico 12. Resultado del análisis factorial de correspondencia

Esta proximidad se confirma con los valores de distancias genéticas entre pares de poblaciones (Cuadro 27) y en el árbol de distancias genéticas (Gráfico 13), en el que

los equinos autóctonos analizados están en el mismo clúster que el Caballo Gallego, probablemente debido a la existencia de algún ancestro común. Tanto el caballo Gallego como el Marismeño son razas locales ancestrales españolas muy adaptadas a condiciones ambientales caracterizadas por altos niveles de humedad. Estas dos razas tuvieron una gran importancia en la colonización de América en el siglo XV con la consiguiente introducción de los equinos en el nuevo continente.



Elaborado por: Laboratorio de genética de la Universidad de Córdoba, España 2013.

Gráfico 13. Dendrograma construido con las distancias genéticas D_A y el algoritmo Neighbor-Joining entre 7 razas equinas

CUADRO 27. DISTANCIAS GENÉTICAS D_A DE NEI ENTRE SIETE RAZAS EQUINAS

	PRE	HA	GAL	MAR	ARA	PSI
CCE	0,118	0,129	0,117	0,087	0,185	0,177
PRE		0,060	0,147	0,059	0,180	0,195
HA			0,167	0,078	0,096	0,202
GAL				0,107	0,232	0,243
MAR					0,125	0,140
ARA						0,218

Elaborado por: Laboratorio de genética de la Universidad de Córdoba, España 2013.

V. CONCLUSIONES

- La longitud de la cabeza de los equinos autóctonos analizados indicó valores de 52,2cm para la población total, 52,6cm y 51,8cm en los animales analizados en las comunidades de Atillo y Guayllabamba respectivamente. El ancho de la cabeza presentó promedios de 19,8cm, 19,9cm y 19,7cm para la población total, Comunidad de Atillo y Comunidad de Guayllabamba respectivamente.
- Los valores medios de la alzada a la cruz fueron de 127,7cm para la población analizada, 128,5cm para los equinos de la Comunidad de Atillo y 126,8cm para los equinos de la Comunidad de Guayllabamba, mientras que en la alzada a la grupa se observó que sus valores medios fueron de 128,9cm para la población total de equinos analizados, 129,5 para los equinos de la Comunidad de Atillo y 128,2cm para los equinos de la Comunidad de Guayllabamba.
- La media del largo de la grupa fue de 44,3cm para la población total de equinos autóctonos analizada, 44,6cm para la población caballar analizada en la Comunidad de Atillo y 44cm para la población caballar analizada en la Comunidad de Guayllabamba. En el ancho de la grupa presentó valores promedios de 44,7cm para la población total, 45cm para la manada de Atillo y 44,3cm para la manada de Guayllabamba.
- El Promedio del diámetro longitudinal de la población total estudiada fue de 132,8cm, para la población caballar analizada en la Comunidad de Atillo fue de 133,9cm y 131,7cm para la población caballar analizada en la Comunidad de Guayllabamba. El diámetro dorsoesternal presentó valores promedios de 60,4cm para la población total analizada, 60,7cm para la manada de Atillo y 60,0cm para la manada de Guayllabamba, mientras que el diámetro bicostal de la población total mostró un valor medio de 33,2cm, en la manada estudiada en la Comunidad de Atillo 33,8cm y en la de la Comunidad de Guayllabamba 32,6cm.

- El perímetro torácico de la población total fue de 150,1cm de promedio, en la población de Atillo se encontró un valor medio de 151,8cm y 148,4cm de promedio en la población de Guayllabamba, mientras que el perímetro de la caña presentó un valor promedio de 17,0cm, mientras que en la manada estudiada en la Comunidad de Atillo fue de 17,4cm y en la Comunidad de Guayllabamba fue de 16,6cm.
- Por los índices calculados y las frecuencias que se presentaron en la población total se puede decir que los animales de este estudio fueron dolicocefalos, longilíneos, dolictorácicos, dolicomorfos, de correlación metacarpiana baja, mesopélvicos, de proporcionalidad larga.
- Las dos poblaciones caballares analizadas se podría considerar que son de la misma estructura zoométrica, al no presentar diferencia significativa en sus índices zoométricos.
- Al comparar los índices por sexo podemos ver que la alzada a la cruz y a la grupa afecta en el índice metacarpiano y en el índice de proporcionalidad al comparar entre las yeguas y los caballos, siendo los caballos más altos que las yeguas.
- Las capas que predominan en los animales de este estudio fueron castaño, seguidos por igual proporción los de capa torda, baya y pinta.
- En su mayoría estos animales presentaron perfil cefálico rectilíneo, perfil ventral y dorsolumbar normal, perfil cervical piramidal y perfil isquio-ilíaco inclinado.
- En cuanto al color de los cascos, la mayor parte de la población presentó los cuatro cascos negros seguidos por los animales que tienen tres cascos negros y un casco blanco.
- Por la estructura genética se considera a los animales de esta población analizada que frecuentan más en los cluster correspondientes a los animales de raza Gallega, Marismeño y Pura Sangre Inglés.

- En el análisis factorial de correspondencia se confirma que este grupo de animales analizados no ha sufrido influencias genéticas recientes de las razas españolas ni de las internacionales (Purasangre Ingles y Arabe) utilizadas en esta investigación.
- Utilizando las distancias genéticas y el algoritmo de Neighbor-Joining, los caballos y yeguas de las Comunidades de Atillo y Guayllabamba manifiestan su origen en las razas Gallega y Marismeña, teniendo una pequeña influencia del Pura Sangre Inglés, manteniéndose apartado de la influencia del Pura Raza Español, Hispano-Arabe y del Pura Sangre Arabe.

VI. RECOMENDACIONES

- Comparar los índices y variables obtenidos en este estudio con los de otros animales criollos bajo diferentes condiciones medio ambientales y de manejo y valerse de estos índices para tratar de homologar al caballo criollo dentro de un estándar racial.
- Mantener un banco de datos con los obtenidos en otros estudios similares para facilitar la homologación del caballo criollo y al realizar otras investigaciones similares.
- Por las características presentadas por los animales estudiados, debemos mejorar principalmente su estatura y condición corporal, para lo cual es indispensable que tengan una buena alimentación y un buen manejo, como a la vez tener los criterios antes mencionados para la selección de garañones criollos y yeguas.
- Se debe realizar una selección en base a un estándar determinado y de ser posible con animales criollos que presenten una mayor alzada y mejores condiciones morfológicas.

- Realizar comparaciones genéticas de esta raza criolla con las demás razas criollas de América del Sur.
- Realizar una estricta vigilancia de la evolución de la diversidad genética intra-racial global de la raza en años sucesivos es necesaria para evaluar si la gestión genética de la misma está siendo la adecuada.

VII. BIBLIOGRAFIA

1. ALZATE, L. (1978). Nuestros equinos, caballos, asnos y mulas. 1ª ed. Bogotá, Colombia. Edit. Andes. p 45.
2. ANDRADE, L. (1992). El siglo heroico. 1ª ed. Quito, Ecuador. Edit. Banco Central del Ecuador. pp 92-93.
3. ALONZO, B. (2011). Replicación del ADN. Consultado el 10 de enero del 2013 en:http://bernardoalonzo.bligoo.com.mx/media/users/14/708943/files/96166/Replicaci_C3_B3n_del_ADN.pdf
4. ASOCIACIÓN ARGENTINA DE FOMENTO EQUINO. (1971). Manual del Caballo, el caballo Angloargentino. 1ª ed. Buenos Aires, Argentina. Edit. Planeta. pp 8-9, 23.
5. CABALGATEROS. (2009). Origen del caballo criollo venezolano. Consultado el 31 de octubre del 2012 en: <http://www.cabalgateros.com/cabalgateros/modulos/artsd.asp?id=519>
6. CANELON, J. PAEZ, J. ROJAS, C. (2002). Morfometría de caballos criollos Venezolanos en un Hato del Estado de Apure. Resultados preliminares. Revista Sociedad de Medicina Veterinaria del Uruguay. v. 39, n. 155-156, p. 51.

7. CANELON, J. (2005). Características fenotípicas del caballo criollo venezolano, Observaciones en el estado de Apuré. Archivos de zootecnia v. 54, n. 206-207, p. 220.
8. CHECA, M. (2004). Análisis de la variabilidad genética en razas equinas autóctonas españolas detectada mediante microsatélites. 1ª ed. Madrid, España. Edit. Universidad Complutense de Madrid. pp16, 27-37, 44-52, 78-86.
9. CORRAL, F. (1993). El Chagra. 1ª ed. Quito, Ecuador. Edit. Mariscal. pp 43-49, 58-61.
10. DE LA VILLA Y MARTIN, S. (1885). Exterior de los principales animales domésticos y más particularmente del caballo. 2ª ed. Madrid, España. Edit. Minuesa. p 95.
11. DE ROBERTIS, E. (2005). Fundamentos de biología celular y molecular. 15ª ed. Buenos Aires, Argentina. Edit. El Ateneo. pp. 315, 355, 356.
12. DOWDALL, C. (2003). Criollo, el caballo del país. 1ª ed. Buenos Aires, Argentina. Edit. Vásquez Mazzini. pp 93-94.
13. EDWARDS, E. (2002). Gran enciclopedia del caballo. 1ª ed. Traducido del inglés por Cristina Wilkins. Barcelona, España. Edit. Blume. pp 60, 105, 108, 220, 216.
14. ENSMINGER, M. (1975). Producción equina. Traducido del inglés por Alberto Martín Labiano. 2ª ed. Buenos Aires, Argentina. Edit. El ateneo. pp 55, 97.
15. ESCANDON, A. PEREZ DE LA TORRE, M. (n.d.) Marcadores genéticos, ¿Para qué sirven?, consultado el 19 de enero del 2013 en: <http://inta.gob.ar/documentos/marcadores-geneticos-bfpara-que-sirven/>

16. FAO. (2010). La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura, editado por Barbara Rischkowsky y Dafydd Pilling. Roma. Italia. pp. 274, 393, 396.
17. FELIP, A. SAAVEDRA, C. (2010). Marcadores genéticos y sus aplicaciones. Consultado el 19 de enero del 2013 en: http://www.google.com.ec/url?sa=t&rct=j&q=marcadores%20gen%C3%A9ticos%20y%20sus%20aplicaciones&source=web&cd=2&cad=rja&ved=0CDMQFjAB&url=http%3A%2F%2Fwww.iats.csic.es%2Fmodulos%2Fdescargas.php%3Fact%3D%2Fpublic%2FMarcadores%2520gen%25E9ticos%2520y%2520sus%2520aplicaciones2010.pdf%26dep%3D3&ei=bC_7UJmLloec9QSA84GYDg&usg=AFQjCNH4BhKMRMeO_cMICy5k7uFkDgbPEw
18. HENSCHER, G. (1980). Los caballos y ponys. Traducido del inglés por José Gili Casals. 1ª ed. Barcelona, España. Edit. Fontalba. p 31.
19. INFOCARNE (n.d.). Caballo de raza marismeña. Consultado el 20 de diciembre del 2013 en: http://www.infocarne.com/caballo/raza_marismena.htm
20. JIMENEZ, P. COLLADA, C. (2000). Técnicas para la evaluación de la diversidad genética y su uso en los programas de conservación. Consultado el 23 de marzo del 2013 en: http://www.google.com.ec/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&frm=1&source=web&cd=1&cad=rja&sqi=2&ved=0CC4QFjAA&url=http%3A%2F%2Farse.nopirita.boumort.cesca.cat%2Findex.php%2FIA%2Farticle%2Fdownload%2F2665%2F2042&ei=nINOUbKxOoG08ASK3oDYAg&usg=AFQjCNGdSUj8ZZslccQKCnWoggDGQRCHbg&sig2=7b2p__mLYfMdr0mKn7Td4w
21. JUSTACRIOLLO, (n.d.). Resumen de las características del caballo criollo, consultado el 30 de octubre del 2012 en: http://www.justacriollo.com/pages_es/racescreoles_es/Rccriollochilien_es.htm
22. KARP, G. (2006). Biología celular y molecular. 6ª ed. México D.F., México. Edit. MacGraw Hill. pp. 533

23. KURTZ FILHO, M. LÖF, H. (2007). Biometria de eqüinos da raça crioula no Brasil. Archives of Veterinary Science v.12, n.1, p. 47- 51.
24. MARTINEZ, A. LANDI, V. GOMEZ, M. DELGADO, J. (2013). Caracterización genética del caballo criollo de Ecuador y sus relaciones genéticas con otras razas equinas usando microsatélites de ADN, Laboratorio de Genética Molecular Aplicada. Animal Breeding Consulting, S.L. Córdoba, España.
25. MARTINEZ, J. (2000). Estudio de la variabilidad genética de la raza autóctona equina, el caballo Losino. 1ª ed. Córdoba, España. Edit. Universidad de Córdoba. pp,45, 50-52.
26. MERINO, J. NORIEGA, M. (n.d.). Replicación del ADN. Consultado el 20 de marzo del 2013 en: <http://ocw.unican.es/ciencias-de-la-salud/fisiologia-general/materiales-de-clase-1/tema-1.-introduccion-al-estudio-de-la-fisiologia/Tema%207B-Bloque%20I-Replicacion.pdf>
27. MINISTERIO DE AGRICULTURA Y GANADERIA DE ECUADOR, SERVICIO DE INFORMACION Y CENSO AGROPECUARIO (SICA). (2002). III Censo nacional agropecuario, resultados nacionales y provinciales. 1ª ed. Quito, Ecuador. v 1 p 74.
28. MULLER, R. (1954). Técnica de la explotación equina, tratado práctico de equinotécnica, normas consideraciones generales para la explotación del caballo de carrera y de trabajo. 1ª ed. Buenos Aires, Argentina. Edit. Agro. pp 29-70, 99-101, 107-109, 133, 156-157.
29. NATIONAL HUMAN GENOME RESEARCH INSTITUTE. (n.d.). Marcadores genéticos, consultado el 1 de marzo del 2013 en: <http://www.genome.gov/GlossaryS/index.cfm?id=86>
30. OTEIZA, J. (1983). Introducción al estudio del exterior del caballo y el toro, 1ª ed., México D.F., México, Edit. C.E.C.S.A. pp 113-121.

31. POR QUE BIOTECNOLOGIA Marcadores moleculares, consultado el 23 de febrero del 2013 en: <http://www.porquebiotecnologia.com.ar/index.php?action=cuaderno&opt=5&tipo=1¬e=108>
32. RAY, R. (n.d.). El criollo chileno, consultado el 30 de octubre del 2012 en: http://www.justacriollo.com/pages_es/Criollocaracteristiques_es.htm
33. RODEOCASTRO. (n.d.). Juzgamiento del caballo chileno, consultado el 30 de octubre del 2012 en: <http://rodeocastro.galeon.com/cvitae319528.html>
34. SANCHEZ, A. (2002). Exterior de los grandes animales domésticos, morfología externa, 2ª ed., Madrid, España, Edit. V.C.O. pp 197-213.
35. STANSFIELD, W. (1995). Genética, 3ª ed., Bogotá, Colombia, Edit. McGraw Hill. pp 315.
36. UFFO, O. (2006). Aplicación de marcadores moleculares en ganadería, consultado el 24 de marzo del 2013 en: <http://www.monografias.com/trabajos37/marcadores-moleculares/marcadores-moleculares.shtml>
37. YAÑEZ, V. (2002). Aislamiento y Caracterización de Marcadores Moleculares Microsatélites a partir de la Construcción de Librerías Genómicas Enriquecidas de Camote (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.), Tesis de grado, Lima, Perú, Universidad Mayor de San Marcos. pp 12.

VIII. ANEXOS

Anexo 1. Cronometría dental de los equinos.

<p>Ovalado hasta los 8 años Redondo de 8 a 12 años Triangular de 12 a 18 años Piriforme de 18 a 24 años</p>	<p>Diente incisivo del caballo (Cortes de acuerdo al desgaste)</p>		<p>Incisivos a los 5 años Todos los dientes son permanentes Los colmillos han concluido de salir</p>		<p>Incisivos a los 12 años Los dientes se nivelan; los extremos se han redondeado</p>
<p>Pinzas Mediano Extremo</p>	<p>Dientes de leche a los 18 meses</p>		<p>Incisivos a los 6 años Las pinzas presentan desgaste</p>		<p>Incisivos a los 14 años Las pinzas se tornan triangulares Los colmillos comienzan a desgastarse</p>
<p>Pinzas Permanentes Mediano de leche Extremo de leche</p>	<p>Incisivos a los 2 1/2 años</p>		<p>Incisivos a los 8 años Todos los dientes presentan desgaste Las pinzas comienzan a redondearse</p>		<p>Incisivos a los 16 años Todos son triangulares Aumenta el desgaste de los colmillos</p>
<p>Pinzas Permanentes Mediano Permanente Extremo de leche Colmillo apareciendo</p>	<p>Incisivos a los 4 años (Colmillos apareciendo)</p>		<p>Incisivos a los 10 años Las pinzas y los medianos se redondean</p>		<p>Incisivos a los 20 años Presentan desgaste piriforme Colmillos muy desgastados</p>

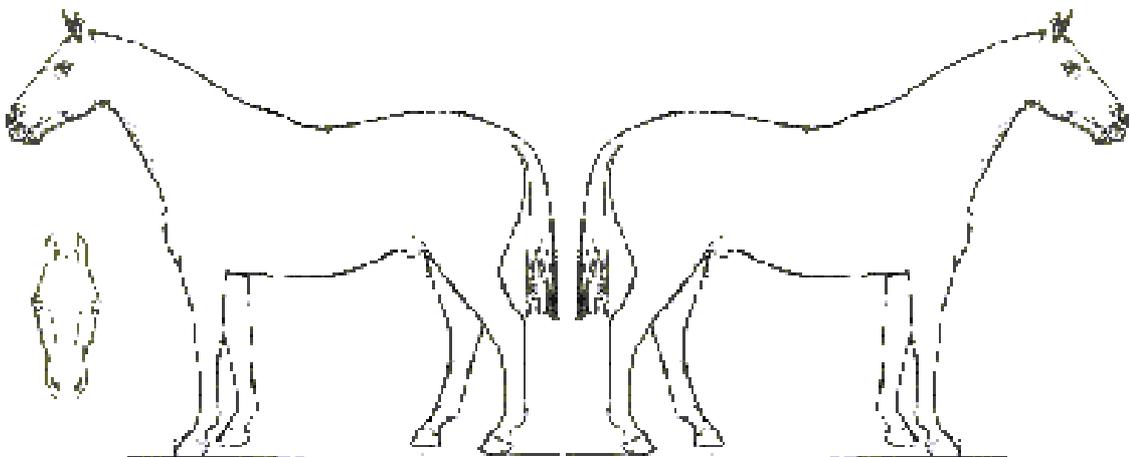
Fuente: Muller, R. (1954)

Anexo 2. Registro individual de los animales

Código:		Edad:	
Nombre:		Sexo:	
Propietario:		Capa:	
Color de casco:		Fecha:	

VARIABLES FANEROPTICAS.

Marcas



Lado izquierdo

Lado derecho

Perfil cefálico.



Rectilíneo



Convexo



Cóncavo

Perfil cervical.



Arqueado



Piramidal



De ciervo



De cisne

Perfil dorso-lumbar.



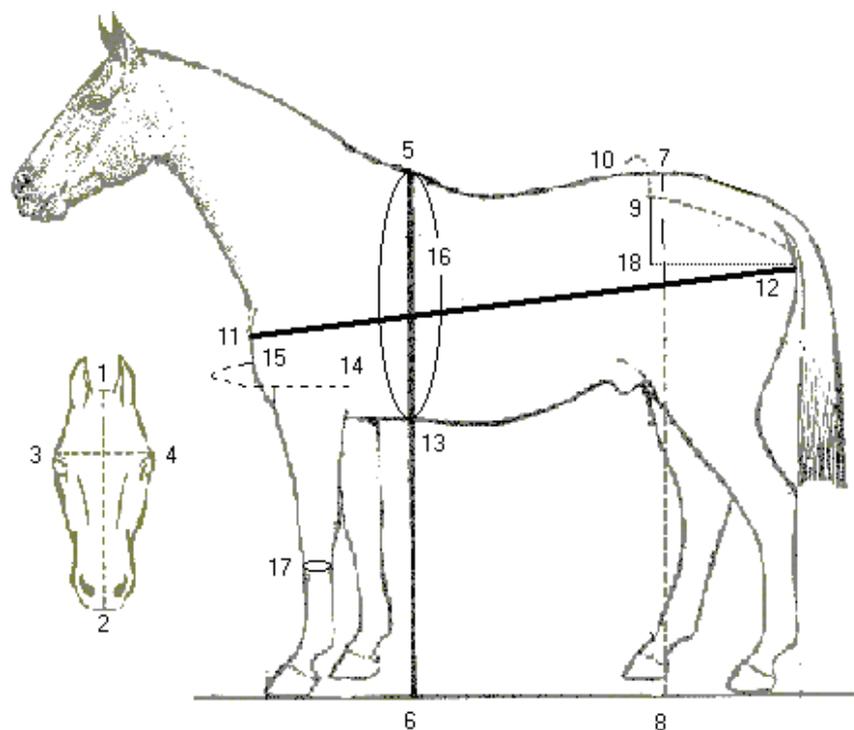
Normal



De mula



Sillón

Perfil ventral.**VARIABLES ZOMÉTRICAS.**

Código	Medida.	Valor.
1 – 2	Longitud de la cabeza.	
3 – 4	Ancho de la cabeza.	
5 – 6	Alzada a la cruz.	
7 – 8	Alzada a la grupa.	
9 – 10	Ancho de la grupa	
11 – 12	Longitud o largo del cuerpo o diámetro longitudinal.	
5 – 13	Altura del pecho o diámetro dorso esternal.	
9 – 12	Longitud de la grupa.	
14 – 15	Diámetro bicostal	
16	Perímetro torácico.	
17	Perímetro de la caña.	
9 -18	Diferencia altura sacro coxal.	

Observaciones: _____

Anexo 3. Medidas zoométricas de las yeguas de la Comunidad de Atillo

N°	LC	AO	AC	AP	AG	DL	DD	LG	DBC	PT	PC
1	44,0	17,0	119,0	118,0	36,5	109,0	49,0	36,0	24,0	130,0	14,0
2	53,0	20,0	127,0	131,0	49,0	140,0	63,0	49,0	38,0	163,0	17,0
3	48,0	17,0	116,5	116,5	36,5	118,5	51,0	38,5	25,0	129,0	15,0
4	54,0	20,0	127,0	132,0	44,5	139,0	59,0	44,5	30,0	159,0	16,0
5	53,5	20,0	130,5	132,5	46,0	139,0	63,0	46,0	41,0	162,0	18,0
6	47,0	19,5	133,0	129,0	43,0	135,0	58,0	43,5	32,5	148,0	16,0
7	53,0	21,0	128,0	129,0	47,0	138,0	62,0	48,0	31,0	155,0	17,0
8	51,0	19,5	129,0	129,5	44,0	132,0	59,0	44,0	30,5	144,0	18,5
9	52,5	20,5	125,0	126,0	45,0	136,0	61,0	46,0	36,0	152,5	19,0
10	56,0	20,0	133,0	134,0	44,0	148,0	66,0	47,0	44,0	159,0	21,0
12	55,0	20,0	137,0	141,0	45,0	139,0	64,0	46,5	34,0	155,0	18,0
13	46,0	18,0	117,0	119,5	38,0	112,0	54,5	39,0	28,5	129,0	15,0
15	53,0	20,5	128,0	127,5	44,0	133,0	59,0	45,0	32,5	143,0	17,0
16	53,0	21,0	130,0	128,0	46,5	138,5	53,0	46,5	26,0	154,0	18,0
17	57,0	20,0	129,0	133,0	47,0	139,0	63,0	47,5	35,0	157,0	18,0
18	53,0	21,0	129,0	129,0	46,0	132,0	65,0	45,0	36,0	150,0	17,0
19	55,0	21,5	135,0	135,0	46,0	135,0	63,0	46,0	38,0	154,0	18,0
21	52,0	21,0	138,0	138,0	46,0	141,5	65,0	47,5	36,0	156,0	17,0
23	55,0	21,0	133,0	133,0	47,0	145,0	65,0	47,0	36,5	159,5	19,0
24	55,0	21,0	135,0	137,0	43,5	142,0	63,5	46,0	37,0	158,5	18,5
25	51,0	19,0	125,0	128,0	43,5	126,0	59,0	43,0	33,0	142,0	17,0
26	55,0	21,0	128,0	129,0	46,0	141,0	61,0	48,0	37,0	159,0	19,0
27	53,0	20,0	127,0	127,0	45,0	138,0	64,0	43,0	32,0	152,0	17,0
28	51,0	20,0	125,0	126,0	47,0	138,0	65,0	47,0	30,0	155,0	17,0
29	53,0	20,0	123,0	126,0	46,0	134,0	60,0	46,0	31,0	151,0	15,0
30	55,0	21,0	126,0	128,0	48,0	129,0	60,0	44,0	37,0	157,0	17,0
31	53,0	20,0	129,0	130,0	48,0	133,0	60,0	48,0	38,0	156,0	18,0
32	54,0	17,0	126,0	128,0	47,0	138,0	61,0	47,0	32,0	158,0	16,0
33	51,0	19,0	126,0	127,0	42,0	125,0	60,0	42,0	31,0	148,0	16,0
34	53,0	20,0	120,0	121,0	45,0	128,0	59,0	47,0	33,0	152,0	16,0

Longitud de la cabeza (LC); Ancho de la cabeza (AO); Alzada a la cruz (AC); Alzada a la grupa (AP); Ancho de la grupa (AG); Diámetro longitudinal (DL); Diámetro dorsoesternal (DD); Longitud de la grupa (LG); Diámetro bicostal (DBC); Perímetro torácico (PT); Perímetro de la caña (PC).

**Anexo 4. Medidas zoométricas de las yeguas de la Comunidad de
Guayllabamba**

N°	LC	AO	AC	AP	AG	DL	DD	LG	DBC	PT	PC
36	50,0	20,0	129,0	132,0	45,0	134,0	60,0	45,0	35,5	149,0	17,5
39	55,5	19,5	129,0	132,0	43,5	132,5	65,0	44,5	35,5	151,5	16,5
40	56,0	20,0	127,0	129,0	42,5	132,0	62,5	44,5	36,0	152,0	17,5
41	55,5	21,0	132,0	132,0	46,5	130,0	64,0	45,5	34,0	156,0	16,6
42	52,0	20,0	133,0	134,0	46,0	140,0	63,0	46,0	34,0	142,0	17,0
44	52,0	19,5	126,5	129,0	39,0	125,0	59,5	41,0	31,0	138,5	15,0
45	51,5	19,0	129,0	130,0	43,5	132,5	63,5	44,5	36,0	152,5	17,0
48	52,0	20,5	127,0	127,5	46,5	131,0	62,5	46,5	35,0	153,0	19,0
49	52,5	20,0	135,0	135,0	45,0	141,0	64,5	45,0	36,5	155,0	17,0
50	50,0	20,0	132,0	133,0	44,0	134,5	58,0	43,5	34,0	149,0	17,0
51	50,0	19,0	134,0	135,0	44,5	132,5	56,0	43,5	29,0	141,0	17,0
52	52,0	19,0	125,0	127,0	42,0	129,0	62,0	42,0	29,0	145,0	16,0
53	52,0	20,0	123,0	124,0	45,0	134,0	59,0	45,0	21,0	146,0	16,0
54	53,0	20,0	127,0	131,0	49,0	140,0	63,0	49,0	38,0	163,0	17,0
55	41,0	19,0	116,0	118,0	45,0	125,0	57,0	43,0	31,0	141,0	16,0
56	52,0	20,0	123,0	124,0	46,0	136,0	58,0	46,0	32,0	145,0	17,0
57	53,0	21,0	128,0	129,0	47,0	138,0	62,0	48,0	31,0	155,0	17,0
58	54,0	19,0	127,0	126,0	45,0	134,0	63,0	45,0	35,0	160,0	17,0
59	51,0	20,0	125,0	126,0	47,0	138,0	65,0	47,0	30,0	155,0	17,0
60	50,0	19,0	121,0	126,0	45,0	127,0	58,0	45,0	30,0	144,0	16,0
61	55,0	20,0	126,0	126,0	44,0	133,0	64,0	44,0	31,0	153,0	16,0
62	54,0	20,0	128,0	127,0	45,0	137,0	59,0	45,0	38,0	157,0	16,0
63	55,0	21,0	126,0	128,0	48,0	129,0	60,0	44,0	37,0	157,0	17,0
64	53,0	20,0	129,0	130,0	48,0	133,0	60,0	48,0	38,0	156,0	18,0
65	51,0	19,0	126,0	127,0	42,0	125,0	60,0	42,0	31,0	148,0	16,0
66	46,0	19,0	115,0	116,0	38,0	123,0	55,0	38,0	26,0	134,0	15,0
67	51,0	19,0	120,0	122,0	44,0	124,0	55,0	43,0	34,0	146,0	16,0
68	53,0	20,0	120,0	121,0	45,0	128,0	59,0	47,0	33,0	152,0	16,0
69	49,0	18,0	117,0	118,0	40,0	114,0	53,0	42,0	28,0	128,0	14,0
70	48,0	17,0	116,5	116,5	36,5	118,5	51,0	38,5	25,0	129,0	15,0

Longitud de la cabeza (LC); Ancho de la cabeza (AO); Alzada a la cruz (AC); Alzada a la grupa (AP); Ancho de la grupa (AG); Diámetro longitudinal (DL); Diámetro dorsoesternal (DD); Longitud de la grupa (LG); Diámetro bicostal (DBC); Perímetro torácico (PT); Perímetro de la caña (PC).

Anexo 5. Medidas zoométricas de los caballos de la Comunidad de Atillo

N°	LC	AO	AC	AP	AG	DL	DD	LG	DBC	PT	PC
11	51,0	19,5	127,0	127,0	45,0	130,0	60,0	45,0	36,0	150,0	18,5
14	53,5	21,0	142,0	143,0	46,0	133,5	65,5	45,0	38,5	157,5	19,0
20	53,0	20,0	129,5	128,0	40,5	129,0	61,0	41,0	33,5	145,0	17,5
22	54,0	21,0	133,0	131,0	42,0	137,0	62,0	45,0	37,0	155,0	21,0
35	56,0	20,0	133,0	136,5	45,5	136,5	62,5	45,0	31,0	157,0	17,0

Longitud de la cabeza (LC); Ancho de la cabeza (AO); Alzada a la cruz (AC); Alzada a la grupa (AP); Ancho de la grupa (AG); Diámetro longitudinal (DL); Diámetro dorsoesternal (DD); Longitud de la grupa (LG); Diámetro bicostal (DBC); Perímetro torácico (PT); Perímetro de la caña (PC).

Anexo 6. Medidas zoométricas de los caballos de la Comunidad de Guayllabamba

N°	LC	AO	AC	AP	AG	DL	DD	LG	DBC	PT	PC
37	56,0	21,0	134,0	136,0	46,0	139,0	65,5	43,0	37,0	155,0	16,5
38	53,0	20,0	128,5	128,5	40,0	129,0	57,0	42,0	29,0	139,0	16,5
43	52,5	19,5	129,0	133,0	40,5	135,5	57,5	44,5	31,0	140,0	17,0
46	50,0	20,0	141,0	141,0	44,5	141,0	66,0	46,5	34,0	155,0	20,0
47	53,0	21,0	135,0	136,0	42,5	134,0	63,0	45,0	36,0	150,5	18,0

Longitud de la cabeza (LC); Ancho de la cabeza (AO); Alzada a la cruz (AC); Alzada a la grupa (AP); Ancho de la grupa (AG); Diámetro longitudinal (DL); Diámetro dorsoesternal (DD); Longitud de la grupa (LG); Diámetro bicostal (DBC); Perímetro torácico (PT); Perímetro de la caña (PC).

Anexo 7. Medidas zoométricas de los caballos criollos venezolanos.

VARIABLES ZOOMÉTRICAS	Nº	Media	Min.	Max.	Desviación	C.V.
Largo de la cabeza	50	52,5	3,6	38,0	59,0	6,8%
Ancho de la cabeza	50	22,2	2,1	17,0	28,0	9,5%
Diámetro nasobucal	48	43,1	2,4	33,0	47,0	5,7%
Diámetro retro-oculo- mandibular	50	81,8	6,3	56,0	85,0	7,7%
Tamaño de las orejas	50	15,2	1,7	13,0	21,0	11,1%
Diámetro de inserción de la cabeza	50	71,0	8,4	26,0	82,5	11,8%
Largo del cuello	50	51,9	5,9	42,0	63,0	11,3%
Inserción cuello barril	47	102,4	10,7	78,0	119,0	10,4%
Hueco subesternal	49	71,9	3,9	63,0	82,0	
Diámetro de inserción del tronco	49	88,3	17,0	66,0	118,0	19,3%
Alzada a la cruz	50	135,0	3,9	127,0	144,0	2,9%
Diámetro anterior barril- Perímetro torácico	50	160,4	7,6	132,0	190,0	4,8%
Diámetro longitudinal	50	133,4	3,3	120,0	146,0	4,0%
Diámetro posterior del barril	47	159,9	7,4	143,0	176,0	4,7%
Alzada a la grupa	50	135,0	3,5	128,0	140,0	2,6%
Ancho de la grupa	50	42,2	3,8	29,0	48,0	9,0%
Largo de la grupa	50	44,2	3,7	38,0	52,0	8,3%
Diámetro antebrazo	49	40,6	5,2	30,0	50,0	12,7%
Diámetro rodilla	49	27,7	1,2	23,0	30,0	4,3%
Diámetro caña anterior izquierda	49	18,3	0,9	16,0	20,0	5,1%
Diámetro cuartilla anterior izquierda	48	19,2	1,9	16,0	25,0	
Diámetro menudillo	49	24,6	1,4	19,0	28,0	5,6%
Distancia rodete codo	50	78,4	7,9	39,0	95,0	10,1%
Distancia rodete corvejon	50	50,9	3,8	36,0	58,0	7,6%

Anexo 8. Identificación de laboratorio para el análisis genético de los animales seleccionados

Identificación de laboratorio	Identificación de campo	Sexo	Origen
177454	5	H	ATILLO
177455	14	M	ATILLO
177456	16	H	ATILLO
177457	19	H	ATILLO
177458	20	M	ATILLO
177459	21	H	ATILLO
177460	22	M	ATILLO
177461	23	H	ATILLO
177462	24	H	ATILLO
177463	26	H	ATILLO
177464	36	H	GUAYLLABAMBA
177465	38	M	GUAYLLABAMBA
177466	39	H	GUAYLLABAMBA
177467	40	H	GUAYLLABAMBA
177468	41	H	GUAYLLABAMBA
177469	42	H	GUAYLLABAMBA
177470	43	M	GUAYLLABAMBA
177471	44	H	GUAYLLABAMBA
177472	45	H	GUAYLLABAMBA
177473	47	M	GUAYLLABAMBA
177474	AY	H	GUAYLLABAMBA
177475	BC	H	GUAYLLABAMBA

Elaborado por: Laboratorio de genética de la Universidad de Córdoba, España 2013.

Anexo 9. Microsatélites analizados, secuencia de los primers directo y reverso, rango de tamaños en pares de bases (bp) y referencias bibliográficas

Microsatélite	Directo y reverso (5'-3')	(bp)	Referencia
AHT4	AACCGCCTGAGCAAGGAAGT GCTCCCAGAGAGTTTACCCT	138-170	(Binns et al., 1995)
AHT5	ACGGACACATCCCTGCCTGC GCAGGCTAAGGGGGCTCAGC	128-156	(Binns et al., 1995)
ASB17	GAGGGCGGTACCTTTGTACC CACAACTGAGTTCTCTGATAGG	89-131	(Breen et al., 1997)
ASB2	CCTTCCTGTAGTTTAAGCTTCTG CACAACTGAGTTCTCTGATAGG	222-256	(Breen et al., 1997)
ASB23	GCAAGGATGAAGAGGGCAGC CTGGTGGGTTAGATGAGAAGTC	179-213	(Lear et al., 1999)
HMS3	CCAACTCTTTGTCACATAACAAGA CCATCCTCACTTTTTCACTTTGTT	150-174	(Guerin et al., 1994)
HMS6	GAAGCTGCCAGTATTCAACCATTG CTCCATCTTGTGAAGTGTA ACTCA	153-171	(Guerin et al., 1994)
HMS7	CAGGAACTCATGTTGATACCATC TGTTGTTGAAACATACCTTGACTGT	167-191	(Guerin et al., 1994)
HTG10	CAATTCCCGCCCCACCCCGGCA TTTTTATTCTGATCTGTCACATTT	89-115	(Marklund et al., 1994)
HTG4	CTATCTCAGTCTTGATTGCAGGAC CTCCCTCCCTCCCTCTGTTCTC	127-141	(Ellegren et al., 1992)
LEX3	ACATCTAACCAGTGCTGAGACT AAGAACTAGAACCTACA ACTAGG	194-220	(Shiue et al., 1999)

Fuente: Laboratorio de genética de la Universidad de Córdoba, España 2013.

Microsatélite	Directo y reverso (5´-3´)	(bp)	Referencia
LEX33	TTTAATCAAAGGATTCAGTTG TTTCTCTTCAGGTGTCCTC	194-220	(Shiue et al., 1999)
VHL20	CAAGTCCTCTTACTTGAAGACTAG AACTCAGGGAGAATCTTCCTCAG	89-107	(Van Haeringen et al., 1994)
TKY312	AACCTGGGTTTCTGTTGTTG GATCCTTCTTTTTATGGCTG	90-130	(Tozaki et al., 2001)
TKY301	AATGGTGGCTAATCAATGGG GTGTATGATGCCCTCATCTC	140-170	(Tozaki et al., 2001)
TKY337	AGCAGGGTTTAATTACCGAG TAGATGCTAATGCAGCACCAG	170-185	(Tozaki et al., 2001)
TKY297	GTCTTTTTGTGCCTCGGTG TCAGGGGACAGTGGCAGCAG	215-250	(Tozaki et al., 2001)
TKY344	GTGTCCATCAATGGATGAAG CTTAAGGCTAAATAATATCCC	75-115	(Tozaki et al., 2001)
TKY343	TAGTCCCTATTTCTCCTGAG AAACCCACAGATACTCTAGA	135-170	(Tozaki et al., 2001)
TKY321	TTGTTGGGTTTAGGTATGAAGG GTGTCAATGTGACTTCAAGAAC	175-210	(Tozaki et al., 2001)
TKY325	GGATGGAGTGAGATAATAACC TGGATGAACCATGAATAGTG	180-200	(Tozaki et al., 2001)

Fuente: Laboratorio de genética de la Universidad de Córdoba, España 2013.

Microsatélite	Directo y reverso (5´-3´)	(bp)	Referencia
TKY333	CCTTCACTAGCCTTCAAATG TTGTGTTTAGACAGTGCTGC	85-155	(Tozaki et al., 2001)
TKY341	TATCCAGTCACCCATTTTAC TTGTGTCAGTACACTCTATG	135-160	(Tozaki et al., 2001)
TKY 294	GATCTATGTGCTAGCAAACAC CTAGTGTTTCAGATAGCCTC	210-235	(Tozaki et al., 2001)
TKY394	GCATCATCGCCTTGAAGTTG CCTTTCTGGTTGGTATCCCTG	230-260	(Tozaki et al., 2001)

Fuente: Laboratorio de genética de la Universidad de Córdoba, España 2013.

Anexo 10. Alelos encontrados en los marcadores genéticos utilizados en los miembros seleccionados de la manada de la Comunidad de Atillo

N°	Marcadores																												
	VLH20	HTG4	AHT4	HMS7	LEX3	ASB2	ASB17	AHT5	HMS6	ASB23	HTG10	HMS3	LEX33	TKY344	TKY343	TKY321	TKY312	TKY301	TKY297	TKY333	TKY341	TKY325	TKY294	TKY394	HMS2	TKY287	TKY337		
177454	IL	LM	LM	OP	HP		JJ	NN	LO	JJ	KK	PP	QR	MQ	LNLN		GI	KM		JJ	JM	KP							NP
177455	MN	MO	JO	LO	NN	IN	GR	JK	KN	JK	MP	MQ	LO	QQ	JM	LS	OP	KP	MO	KR	KK	MM	ND	DO					MO
177456	MM	MP	KK	NN	FL	MN	GO	JM	PP	IL	LN	NP	KL	QQ	MS	MM	GR	MN	MP	JK	JL	JM	PP	JQ					IJ
177457	IK	LL	JK	NO	FL	KR	FO	JN	PP	KS	KR	NP	LL	MQ	JS	LR	NR	MM	MM	QT	JM	MO	MP	LQ					IM
177458	II	LO	JO	NO	II	NQ	GN	KN	PP	KS	KL	NO	LQ	QQ	OS	LM	NR	KN	MM	QT	JQ	MO	MP	JL					IM
177459	MO	MO	HL	KO	HP	IM	NR	NN	PQ	LU	MN	PP	QR	OQ	QS	MM	LO	MP	JO	JJ	KQ	MM	NN	MQ					MO
177460	IL	MM	JK	LO	PP	MQ	GR	MN	MP	LU	LN	IP	MR	OQ	JM	LM	GG	OO	IL	JR	MQ	LL	NP	LL					MP
177461	LR	KM	HI	LO	FL	MN	GR	KN	PP	LU	OO	PR	KL	KQ	KM	OS	GO	KN	NP	JR	MQ	MP	MN	MP					MP
177462	LR	KO	IL	LO			JR	KK	MP	JL	OO	RR	LM	QQ	JK		NO	NS	PP	KR	MQ	KM	NO	LM					PP
177463	IR	LM	KO	LM	FN		MN	KN	OO	IL	NP		LQ	KQ	MS	MM	IO	MO	MS	JS	JL	MP	NP	LL					PP

Fuente: Laboratorio de genética de la Universidad de Córdoba, España 2013.

Anexo 11. Alelos encontrados en los marcadores genéticos utilizados en los miembros seleccionados de la manada de la Comunidad de Guayllabamba

N°	Marcadores																										
	VLH20	HTG4	AHT4	HMS7	LEX3	ASB2	ASB17	AHT5	HMS6	ASB23	HTG10	HMS3	LEX33	TKY344	TKY343	TKY321	TKY312	TKY301	TKY297	TKY333	TKY341	TKY325	TKY294	TKY394	HMS2	TKY287	TKY337
177464	PP	LO	JJ	LN	FL		HP	KN	PP	KU	MM	OO	LL		MO	MM	MM	MS	LT	ST	KQ	JQ	NN	LQ			LN
177465	PP	KM	KL	LL	PP	KM	GH	NO	OP	II	MO	OP	LP	KK	IM	OS	II	MN	OS	ST	MO	HQ	PQ	LL			II
177466	MP	MM	HL	LO	PP	IM	GM	KN	PP	II	MP	OP	LQ	KK	MO	MO	IN	MN		TT	JO	HP		HL			IO
177467	LL	LM	JO	LL	FN	OQ	NR	NN	LM	IU	LM	MO	LL	KQ	JO	IL	IR	NN	LP	KK	JK	MM	PP	QQ			NO
177468	MQ	LM	OO	LL	LM	KM	MR	KO	PP	HL	KM	PQ	LQ	QR	KJO	HR	KN	MN	LM	KR	KQ	OR	NQ	LQ			MM
177469	MN	NP	HO	LO	PP	IK	MN	KO	MP	IU	IR	OP	KK	NQ	JM	OS	IM	NS	PR	KS	MO	PP	MP	MO			MM
177470	LQ	MM	KM	LO	PP	QQ	GO	KO	KO	JK	MR	PQ	MM	KQ	IM	MM	IO	LN	NO	RR	LO	FH	NP	KO			LL
177471	LM	MO	HJ	JM	LP	KQ	FJ	JM	KP	IL	MN	NP	LQ	KQ	NS	HH	IM	KS	JM	RT	MM	FP	NP	LL			PP
177472	II	KO	HO	LO	FH	KQ	NO	NN	OP	IK	OQ	NO	OQ	IK	IU	II	IN	NO	MM	JK	JK	FL	MN	MO			OP
177473	LL	MM	HJ	LL	FF	MQ	NO	NN	MM	IL	LO	MN	KL	KQ	JO	IM	LR	NN	LO	KS	JM	MP	NP	JQ			MN
177474	MM	KM	JN	LL	FP		NO	KO	MO	KK	OQ	MQ	LQ		MO	MO	II	MM	LP	SS	JM	MP	MP	LQ			IJ
177475	NQ	MM	JL	KO			MQ	KN	PQ	IL	OP	OP	LL	NP	MM	MM	IN	MN	LP	ST	MP	MO	NQ	LO			II

Fuente: Laboratorio de genética de la Universidad de Córdoba, España 2013.

