



# UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN Y DE LA  
SALUD ANIMAL

FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES CUAUTITLÁN

*“Variaciones de la región control del mtADN en ovinos  
domésticos de México”*

## TESIS

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE MAESTRO EN CIENCIAS

P R E S E N T A

VICTORIA EDWINA CAMPOS GARCÍA

**Tutor Principal**

**Jorge Alfredo Cuéllar Ordaz**

Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, UNAM, México

**Comité Tutoral**

**Erick Alejandro García Trejo**

Facultad de Ciencias, UNAM, México

**Filipe Adão Macedo Pereira**

Facultad de Ciencias, Universidad de Porto, Portugal



Universidad Nacional  
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

**Biblioteca Central**



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

La autora de la presente, agradece al **Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT)** por la beca otorgada durante dos años, con el número de becario 591449.

Se reconoce al programa **PAPIIT No. IN211413** por el apoyo financiero para la realización de esta tesis.

Se agradece también a los programas **PAEP** y **COMECYT** por las becas otorgadas para las estancias de investigación en Lima, Perú y en Oporto, Portugal.

# **Jurado de examen**

## **Presidente**

**Dr. Alejandro Casas Fernández.** Instituto de Investigaciones en Ecosistemas y Sustentabilidad. Morelia, Michoacán. UNAM- México

## **Secretario**

**M en C. Jorge Alfredo Cuéllar Ordaz.** Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. Cuautitlán Izcalli. Estado de México. UNAM-México

## **Vocal**

**M en C. Omar Salvador Flores.** Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. Cuautitlán Izcalli. Estado de México. UNAM-México

## **Suplentes**

**Dr. Erick Alejandro García Trejo.** Facultad de Ciencias. Ciudad Universitaria. UNAM- México

**Dr. Filipe Adão Macedo Pereira.** Facultad de Ciencias. Universidad de Oporto, CIIMAR. Porto-Portugal



**Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias  
de la Producción y de la Salud Animal**  
*Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia*  
*Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán*  
*Instituto de Investigaciones Biomédicas*

OF/FES-C/SPI/JP/199/X/2017

**ASUNTO:** Designación de Jurado

**CP. AGUSTIN MERCADO  
DIRECTOR GENERAL DE  
ADMINISTRACIÓN ESCOLAR  
P R E S E N T E**

El Comité Académico del Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias de la Producción y de la Salud Animal autoriza a la alumna **CAMPOS GARCÍA VICTORIA EDWINA**, registrada con el número de cuenta 409015124 para presentar su examen de grado de **Maestra en Ciencias**, con la tesis titulada "Variaciones en la región control del mtADN en ovinos domésticos de México", a quien se le ha designado el siguiente jurado:

**Presidente: DR. ALEJANDRO CASAS FERNÁNDEZ**  
**Secretario: MC. JORGE ALFREDO CUÉLLAR ORDAZ**  
**Vocal: DR. OMAR SALVADOR FLORES**  
**Suplente: DR. ERICK ALEJANDRO GARCÍA TREJO**  
**Suplente: DR. FILIPE A. MACEDO PEREIRA**

Sin más por el momento, reciba un cordial saludo.

**ATENTAMENTE,**  
**"POR MI RAZA HABLARÁ EL ESPÍRITU"**  
Cuautitlán Izcalli, Estado de México, a 31 de octubre de 2017

**DR. JOSÉ JUAN MARTÍNEZ MAYA  
COORDINADOR DEL PROGRAMA**

## Asesores de tesis



**M en C. Jorge Alfredo Cuéllar Ordaz**

Departamento de Ciencias Biológicas  
Universidad Nacional Autónoma de  
México  
Facultad de Estudios Superiores  
Cuautitlán Campus 4  
Microbiología Veterinaria, Parasitología  
Veterinaria



**Dr. Erick Alejandro García Trejo**

Departamento de Biología Evolutiva  
Universidad Nacional Autónoma de  
México  
Facultad de Ciencias  
Unidad de Informática para la  
Biodiversidad



**Dr. Filipe Pereira**

Centro Interdisciplinar De Investigação Marinha  
e Ambiental, CIIMAR  
Faculdade de Ciências da Universidade do  
Porto, Portugal

# Dedicatorias

*"La imaginación es más importante que el conocimiento" Albert Einstein*

**A mi Familia.** A mis grandiosos padres: **Teresa García Rodríguez y Benjamín Campos Huichán.** A mis hermanas: **Verónica C. Campos-Stover y Gabriela A. Campos García y por supuesto a mis cuñados Michael Stover y Jesús Liceaga Castro.** Gracias por compartir una vez más este viaje conmigo y por todo lo que me han dado. Por su amor, educación, honestidad, paciencia y tenacidad, elementos que me han formado como ser humano. **LOS AMO.** A mi solecito: **Josune H. Liceaga Campos,** mi niña preciosa **TE AMO** y lo sabes. **A los Guardianes de la Biodiversidad: los pueblos indígenas del mundo** "Sabemos esto: la Tierra no pertenece al hombre, el hombre pertenece a la Tierra. Todas las cosas están conectadas como la sangre que nos une a todos nosotros. El hombre no entrelaza la tela de la vida, él es meramente una de sus hebras. Sea lo que sea lo que le haga a la tela, se lo hace a sí mismo" **J. Seattle.** **A mis Amigos** **Gaby Castillo y Omar Salvador Flores** por abrirme el panorama al mundo contemporáneo de la Producción Ovina y por su linda amistad. A mi sensei de la Domesticación **Alejandro Casas,** por hacerme no solo adepta, sino amante de este maravilloso tópico. A mi gurú **Erick García Trejo** por todos tus consejos y sobre todo tu amistad y cautivarme con la Filogenética y la Sistemática Molecular. A mes amis **Lucero et Sofía.** Science, liberté et passion. **José Antonio Robles Mota** por nuestra pasión por el té y buenas pláticas. **Miguel Ballesteros Montero** por forjarme metas realistas como investigadora. **Iris Suárez** por compartir conmigo el magnánimo mundo de las orquídeas y tu linda amistad. A mis amigos de la 11° edición del Curso de Domesticación y Manejo de Recursos Genéticos. **Tere, Regina, Mariana, Ricardo, Semiramis, Maried, Ana, Alejandra, Diana. María Ionesco.** Meu preferat român, pentru că eram în vremuri bune și rău în șederea mea în Porto. **Chiara Annechini.** La mia madonna italiana preferita, per avermi dato la spinta per essere una donna forte. **Bohr Niels.** Cho lời khuyên khôn ngoan của bạn về cuộc sống và tình bạn tuyệt vời của bạn mà bạn cho tôi thấy ở mọi thời điểm. **Thais Cavalheri, Flavio Oliveira, Kim Pontes, Renato Ferraz, João Vargas, Thiago Andrade, Gustavo Pretto, Alan Cotrim, Lucas Victor, Julio Ruiz, Michelle Brito, Gustavo Caldas, Mariana da Gama,** meus brasileiros favoritos. **Raasha Neddar y Radia Benani.** بلدي الفتيات الجزائريات المفضلة، لتلك المحادثات الصغيرة، وابتسامات كبيرة. **Filipe Pereira,** um grande amigo, meu mentor, meu irmão. Família **Martins-Gonçalves** por sua maravilhosa hospitalidade e amor no Porto. **Olga Agafonova.** Мой визит в Санкт-Петербург был наполнен магией дружбы с вам.

# Agradecimientos

**A mi Alma Mater.** Universidad Nacional Autónoma de México. Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. **A mis Asesores.** M. en C. Jorge Alfredo Cuéllar Ordaz. Gracias por su orientación en el mundo de la Ovinocultura mexicana y por su maravillosa ayuda, consejos y amistad. **Dr. Erick Alejandro García Trejo.** Gracias por creer en este trabajo y tus excelentes consejos filolgenéticos. **Dr. Filipe Pereira.** Gracias por tu paciencia, consejos, orientación en el análisis de resultados desde la perspectiva bioinformática en el ***Magnánimo Mundo de la Domesticación*** y sobre todo por tu amistad y recomendaciones bibliográficas junto con las excelentes atenciones durante mi estancia en Porto, Portugal. **Universidad Agraria “La Molina”, Lima Perú.** M. en C. Juan Torres Guevara. **Dra. Fabiola Parra. Dr. Alejandro Camino.** Gracias por compartir su conocimiento Biológico y Antropológico de su maravilloso país, Perú. **Universidad Nacional de La Plata, Argentina.** **Dra. Verónica Lema.** Gracias por abrirme el mundo de la Domesticación en los quehaceres de la Arqueología y por tu amistad. **Universidad Autónoma de Chapingo, Estado de México, México.** **Dr. José Solís Ramírez. M. en C. Eliseo Romero Escobedo.** Gracias por el trabajo titánico de conservación *ex-situ* de los ovinos criollos y por darme acceso a su increíble lugar de trabajo. **Instituto de Estudios Indígenas, Universidad Autónoma de Chiapas, México.** **Dr. Raúl Pérezgrovez Garza.** Gracias por darme la oportunidad de conocer su trabajo de conservación *in-situ* del Borrego de Chiapas en San Juan Chamula, Chiapas. **ICAMEX. Investigación y Capacitación Agropecuaria. Secretaría de Desarrollo Agropecuario.** **Ing. Francisco Muñoz.** Por su amistad y valiosa colaboración en el acceso a los rebaños del Estado de México. **A mi Jurado de Tesis.** Por sus consejos, tiempo y brillante retroalimentación.

*“Sinto-me nascido a cada momento / Para a eterna novidade do Mundo”* **Fernando Pessoa**



## **Datos Bibliográficos**



***Victoria Edwina Campos García***

Estudiante del programa de Maestría y Doctorado en Ciencias de la Producción y de la Salud Animal, en la Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán de la Universidad Nacional Autónoma de México.

Realizó la Licenciatura en Bioquímica Diagnóstica en el periodo 2008-2014 en la Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, Estado de México.

*Fecha de Titulación: 8 de abril de 2015. Mención Honorífica.*

Colaboró como investigadora en los proyectos DGAPA PAPIIT No. IN211413 2013-2016 "Genoma mitocondrial, actividad proteosomal y expresión génica en cáncer de próstata" y PAPIIME No. PE202513 2013-2014 "Herramientas moleculares; PCR, qPCR y microarreglos en las asignaturas terminales en una unidad multidisciplinaria", proyectos realizados en el laboratorio 8 de la UIM, FES-Cuautitlán, en colaboración con el Dr. J. Francisco Montiel Sosa.

Internacionalmente desde marzo de 2016 participa como investigadora en el Programa Iberoamericano CYTED (Ciencia y Tecnología para el Desarrollo), en la red temática 116rt0503 Marcas de Calidad de Carne y Productos Cárnicos Iberoamericanos. Área: Agroalimentación. Coordinador. Dr. Alfredo Jorge Costa Teixeira. Comité Sistema Productivo Ovinos del Estado de México, bajo la dirección del Dr. Jorge Alfredo Cuéllar Ordaz.

Forma parte del cuerpo docente en la asignatura de Genética Aplicada impartida a la licenciatura en Bioquímica Diagnóstica desde agosto de 2014 a la fecha, UNAM.

Participó como ponente en diferentes congresos: XXXVII Congress SEBBM". Spanish Society for Biochemistry and Molecular Biology (SEBBM) con las presentaciones: "*Proteosomal activity in Mexican patients with prostate cancer*" and "*Mitochondrial DNA mutations and Haplogroups involve in Mexican patients with Prostate Cancer*". XV Congress of the Russian Society of Urology "Urology in the XXI century" con la presentación: "*Mitochondrial DNA mutations and Haplogroups involve in Mexican patients with Prostate Cancer*".

Ha publicado en la Revista Mexicana de Urología un artículo original titulado "*Mutaciones y polimorfismos mitocondriales en paciente mexicano con cáncer de próstata*"; y un extracto titulado "*Ovinocultura en Warmiragra: Composición, Manejo y Uso Tradicional*" en la edición del libro "*Domesticación en el Continente Americano. Historia y perspectivas del manejo de los recursos genéticos en el Nuevo Mundo*".

Colabora con el Dr. Filipe Pereira, además de haber realizado un entrenamiento en bioinformática con dicho investigador desde septiembre de 2016 a la fecha, en Interdisciplinary Centre of Marine and Environmental Research (CIIMAR, Universidad de Porto, Portugal). Actualmente es miembro activo de las sociedades científicas: Society for Molecular Biology and Evolution (SMBE) & International Society for Computational Biology (ISCB)

# Resumen

En México, los ovinos fueron introducidos por los colonizadores españoles, desde entonces nuestro país es un crisol de razas ovinas. El rebaño nacional está compuesto por ovinos criollos y razas extranjeras, las cuales han contribuido a incrementar el acervo genético y la productividad. Sin embargo, es apremiante la investigación de la diversidad en los recursos genéticos ovinos; para evitar la erosión genética y promover políticas de conservación adecuadas considerando aspectos sociales, económicos, históricos y culturales. La pérdida de la diversidad genética involucra la posible pérdida de genes únicos, así como la extinción de algunas razas. Desde el punto de vista productivo, este detrimento, tiene como consecuencia la disminución del rendimiento animal por depresión endogámica, poniendo en riesgo la seguridad y soberanía alimentaria ante los restos del cambio climático. El objetivo de este trabajo fue analizar 1,180 pb de la región control del mitogenoma ovino en 41 ovejas provenientes de diferentes municipios del Estado de México, sistemas productivos (estabulado y traspatio) y variedades fenotípicas. De Tepetzotlán (n=10, "criollos", traspatio), San José del Rincón (n=11, "criollos", traspatio), Texcoco de Mora (n=7, "criollos", estabulado conservación *ex situ*), Nicolás Romero (n=6, mestiza, estabulado) y de Zumpango (n=7, Romanov, estabulado). Además, se utilizaron otras secuencias del mtADN-CR ovina de España, Portugal y de la raza Romanov; reportadas en el GenBank. Esta investigación evidenció: 1) 31 haplotipos mitocondriales asociados al haplogrupo B ovino. 2) Alta diversidad genética en la población ovina estudiada ( $HD=0.96 \pm 0.013$ ;  $\pi=0.00744 \pm 0.00081$ ;  $C+G=0.370$ ) y en el sistema de producción estabulado ( $HD=0.932 \pm 0.035$ ;  $\pi=0.0074 \pm 0.00131$ ;  $C+G=0.370$ ). 3) Posible expansión demográfica y espacial de los ovinos iberoamericanos (España, México y Portugal), según los análisis mismatch. 4) Relaciones filogenéticas y filogeográficas entre las poblaciones ovinas de México, España y Portugal como también entre los troncos ovinos (Churro, Entrefino, Merino e Ibérico) y la raza Romanov. Estos resultados contribuyen al conocimiento de los ovinos en México y en la Península Ibérica, ayudando a los programas de conservación ovina en el futuro.

**Palabras Clave:** Domesticación, Recurso Zoogenético, *Ovis orientalis aries*, mtADN, Diversidad Genética, Conservación, Filogenética y Filogeografía.

## Abstract

In Mexico, sheep were introduced by the Spanish colonizers, but since then our country has diverse sheep breeds. The national sheep herd is composed of Creole sheep and foreign breeds, and the latter ones have contributed to increase the gene pool and productivity diversity. However, it is of great importance to study the ovine genetic resources to avoid genetic erosion and promote appropriate conservation policies considering social, economic, historical and cultural aspects. The loss of genetic diversity involves the possible loss of unique genes, as well as the extinction of some breeds. From the productive point of view, this detriment leads to a decrease of animal performance due to inbreeding depression, putting food security and autonomy at risk in the face of the challenges of climate change. The objective of this work was to analyse 1,180 bp of the sheep control region of mitogenome in 41 sheep from different municipalities of the State of Mexico, productive systems (stable and backyard) and phenotypic varieties. From Tepotzotlán (n=10, "criollos", backyard), San José del Rincón (n=11, "criollos", backyard), Texcoco de Mora (n=7, "criollos", stable *ex situ* conservation), Nicolás Romero (n=6, mestiza, stabled) and Zumpango (n=7, Romanov, stabled). In addition, other sheep mtDNA-CR sequences from Spain, Portugal and the Romanov race were used; reported in the GenBank. This investigation evidenced: 1) 31 mitochondrial haplotypes associated with ovine haplogroup B. 2) High genetic diversity in the sheep population studied, ( $HD=0.96\pm 0.013$ ;  $\pi=0.00744\pm 0.00081$ ;  $C+G=0.370$ ) and in the stable production system ( $HD=0.932\pm 0.035$ ;  $\pi=0.0074\pm 0.00131$ ;  $C+G=0.370$ ). 3) Possible demographic and spatial expansion of Ibero-American sheep (Spain, Mexico and Portugal), according to mismatch analyses. 4) Phylogenetic and Phylogeographic relationships between the sheep populations of Mexico, Spain and Portugal as well as between the ovine trunks (Churro, Entrefino, Merino and Iberian) and the Romanov breed. These results contribute to a better understanding of Mexican and Iberian sheep, and will help inform future conservation programs about them.

**Key words:** Domestication, Zoogenetic Resource, *Ovis orientalis aries*, Genetic Diversity, mtDNA, Conservation, Phylogenetics and Pylogeography.

# CONTENIDO

Resumen .....	
Abstract.....	
CONTENIDO .....	i
LISTA DE TABLAS.....	ii
LISTA DE FIGURAS.....	iii
ABREVIATURAS Y SIGLAS USADAS .....	iv
1. Introducción.....	1
2. Antecedentes .....	3
La domesticación en términos evolutivos.....	4
Domesticación y características de <i>Ovis aries</i> .....	7
Flujo genético de los recursos zoogenéticos.....	9
Introducción de los ovinos en América .....	11
2.1. El legado cultural de los ovinos en México .....	18
2.2. Razas ovinas en México.....	29
2.3. Producción ovina en México .....	36
2.4. Generalidades de la complejidad en la conservación genética ovina .....	38
2.5. mtADN: marcador molecular como herramienta para explorar la diversidad genética ovina .....	48
3. Objetivos de investigación.....	56
4. Materiales y Métodos .....	57
4.1 Colección de las muestras y extracción de DNA genómico .....	57
4.2. Amplificación de la región control del mtDNA ovino y secuenciación .....	60
4.3. Análisis de datos .....	61
4.3.1. Estudio de las variaciones de diversidad genética del mtADN-CR de los ovinos domésticos de México .....	63
4.3.2 Historia demográfica de las poblaciones ovinas de Iberoamérica .....	63
4.3.3 Relaciones filogenéticas de los ovinos domésticos de México.....	66
5. Resultados .....	68
5.1 Alineamientos masivos múltiples tipo MUSCLE de la MTADN-CR de los ovinos domésticos de México .....	68
5.2. Variaciones de diversidad genética del mtADN-CR de los ovinos domésticos de México .....	69
5.3. Historia demográfica de las poblaciones ovinas de Iberoamérica .....	75
5.4. Relaciones filogenéticas de los ovinos domésticos de México .....	80
6. Discusión .....	87
7. Conclusiones .....	93
8. Perspectivas.....	94
Referencias .....	96
Anexos .....	104
Anexo 1. Parámetros de extracción y purificación de DNA y productos de PCR .....	104
Anexo 2. Geles de agarosa 0.7% en TAE 1X.....	105
Anexo 3. Descripción y recopilación fotográfica de los ranchos ovinos visitados .....	107
Anexo 4. Números de acceso GenBank de Mariotti <i>et al.</i> , 2011 y Pereira <i>et al.</i> , 2006.....	109

## LISTA DE TABLAS

Cuadro 1. Características Generales de las Razas Ovinas en México .....	31
Cuadro 2. Categorías de riesgos establecidas por la FAO (FAO, 2015) .....	41
Cuadro 3. Metas de Aichi de interés agropecuario (Modificado de CONABIO, Quinto Informe Nacional de México ante el Convenio sobre Diversidad Biológica, 2014).....	45
Cuadro 4. Avances del Programa de Paternidad (UNO, CONARGEN, 2015) .	46
Cuadro 5. Información relacionada con la utilización de los recursos genéticos ovinos en México (Programa Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios, 2014).....	46
Cuadro 6. Características generales de las muestras ovinas de este estudio	59
Cuadro 7. Lista de las secuencias del mtADN-CR de Ovis aries utilizadas en este estudio .....	67
Cuadro 8. Alineamientos múltiples con el algoritmo MUSCLE realizados en este estudio .....	68
Cuadro 9. Estimados de diferenciación genética entre subpoblaciones ovinas mexicanas .....	70
Cuadro 10. Índices de diversidad genética de las poblaciones ovinas estudiadas .....	71
Cuadro 11. Índices de diversidad genética de los sistemas de producción estudiados .....	73
Cuadro 12. Historia demográfica de las poblaciones ovinas estudiadas de Iberoamérica.....	76
Cuadro 13. Matriz FST de las poblaciones ovinas estudiadas de Iberoamérica .....	79
Cuadro 14. Redes haplotípicas MJ analizadas en este estudio .....	80

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 Vías de domesticación (Modificación de Zeeder, 2012).....	6
Figura 2. Rutas de introducción ganadera por España y Portugal al continente americano (Modificado de Barona 2009) .....	14
Figura 3. La colonización o llegada de Hernán Cortés a Veracruz (Diego Rivera, 1951, Palacio Nacional, México) .....	16
Figura 4. Barbacoa contemporánea de hoyo (Guasp, 2016) .....	19
Figura 5. Banquete azteca, Códice Mendocino (Mastache, 2005) .....	20
Figura 6. Mujer otomí tejiendo (derecha) y niña mexicana en el telar de cintura (izquierda), Códice Florentino (Mastache 2005) [Imagen tomada de la revista “Arqueología Mexicana, textiles de México de ayer y hoy] .....	22
Figura 7. Elementos básicos de un telar de cintura (Johnson, 2015) .....	23
Figura 8. Manta colorada, de lana teñida con grana cochinilla y Joven zapoteca con una manta colorada frente a un muro del sitio arqueológico de Mitla, Oaxaca. National Museum van Wereldculturen, Amsterdam (Johnson, 2015) .....	26
Figura 9. Motivos de las franjas de la manta colorada recuerdan los muros de la zona arqueológica de Mitla, CONACULTA-INAH (Johnson, 2015).....	26
Figura 10. Rebaño familiar en los Altos de Chiapas, México (Fotografía tomada por Edwina Campos, Julio 2016).....	27
Figura 11. Vestimenta típica de la comunidad Chamula. Chiapas, México. (Fotografía tomada por Edwina Campos, Julio de 2016).....	28
Figura 12. Esquema representativo de la situación de las razas de ganado en el mundo (FAO, 2015).....	42
Figura 13. Principales amenazas identificadas para los recursos zoogenéticos (FAO,2015).....	42
Figura 14. Estado de las estrategias y planes de acción nacionales para los recursos zoogenéticos (FAO, 2015) .....	43
Figura 15. Cariotipo de <i>Ovis aries</i> (Modificado de Wodsedalek, 1922) .....	49
Figura 16. Molécula de mtADN ovino (Tomado de: Geneious v4.8, Heled y cols., 2017. Secuencia <i>Ovis aries</i> AF010406 (GenBank), Hiendleder y col., 1998) .	51
Figura 17. Localización geográfica de las muestras ovinas de este estudio ...	58
Figura 18. Diagrama de dispersión para la diversidad nucleotídica ( $\pi$ ), eje de las ordenadas, y diversidad haplotípica (HD), eje de las abscisas, entre las subpoblaciones ovinas mexicanas. Los cálculos se basan en 1,196 pb de la mtADN-CR. Los valores de HD y $\pi$ son considerados los gaps como un quinto estado. Subpoblaciones: TP de Tepetzotlán (n=10); SJR de San José del Rincón (n=10); TX de Texcoco de Mora (n=7); NR de Nicolás Romero (n=6) y ZP de Zumpango (n=7). Las barras de error indican la desviación estándar (ver cuadro 10). .....	72
Figura 19. Diagrama de dispersión para la diversidad nucleotídica ( $\pi$ ), eje de las ordenadas, y diversidad haplotípica (HD), eje de las abscisas, entre los sistemas productivos (estabulación y traspatio). Los cálculos se basan en 1,194 pb para el sistema de producción estabulado y 1,183 pb para el sistema de producción de traspatio, de la mtADN-CR. Los valores de HD y $\pi$ son considerados los gaps como un quinto estado. Sistemas de producción: Estabulación (n=10) y Traspatio (n=10). Las barras de error indican la desviación estándar (ver cuadro 11). .....	74
Figura 20. Motivo mtVNTRs de 75 pb de la subpoblación TX de la POM. (Tomado de: Geneious v4.8, Heled y cols., 2017) .....	75

Figura 21. Gráficos de distribución mismatch (modelo de expansión demográfica), de los ovinos domésticos de Iberoamérica (España, México y Portugal) .....	77
Figura 22. Gráficos de distribución mismatch (modelo de expansión espacial), de los ovinos domésticos de Iberoamérica (España, México y Portugal) .....	78
Figura 23. Matriz pairwise FST de las poblaciones ovinas estudiadas de Iberoamérica. Los valores FST pairwise entre cada país, se encuentran codificados con un código de color en el extremo derecho. El índice FST indica la diferenciación genética dentro de poblaciones >tonalidad azul >DG; <tonalidad azul <DG. Bajadiferenciación genética: $\leq 0.05$ FST. Moderada diferenciación: $0.05-0.25$ FST. Alta diferenciación: $>0.25$ FST.....	79
Figura 24. Red haplotípica MJ1. ....	81
Figura 25. Red haplotípica MJ2 .....	82
Figura 26. Red haplotípica MJ3 .....	83
Figura 27. Red haplotípica MJ4 .....	84
Figura 28. Red haplotípica MJ5 .....	85
Figura 29. Red haplotípica MJ6 .....	86



## ABREVIATURAS Y SIGLAS USADAS

<b>ADN</b>	Ácido Desoxirribonucleico
<b>AEC</b>	Antes de Era Común
<b>ARN</b>	Ácido Ribonucleico
<b>CENID</b>	Centro de Estudios e Investigaciones para el Desarrollo Docente
<b>CONACULTA</b>	Consejo Nacional para la Cultura y las Artes
<b>CONARGEN</b>	Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios
<b>DAD-IS</b>	Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos
<b>DG</b>	Distancia Genética
<b>DPI</b>	Derechos de Propiedad Intelectual
<b>EDTA</b>	Ácido Etilendiaminotetraacético
<b>FAO</b>	Food and Agriculture Organization of the United Nations (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura)
<b>FND</b>	Financiera Nacional de Desarrollo Agropecuario, Rural, Forestal, y Pesquero
<b>F<sub>ST</sub></b>	Fixation index (Índice de Fijación)
<b>Gb</b>	Mil millones de pares de bases
<b>Hap</b>	Número de Haplotipos
<b>HD</b>	Diversidad Haplotípica
<b>IA</b>	Inseminación Artificial
<b>INAH</b>	Instituto Nacional de Antropología e Historia
<b>IUPAC</b>	International Union of Pure and Applied Chemistry (Unión Internacional de Química Pura y Aplicada)
<b>kb</b>	Kilobase
<b>km</b>	Kilómetros
<b>Leu</b>	Leucina
<b>MCS</b>	Ovinos Criollos Mexicanos
<b>MJ</b>	Median Joining
<b>MP</b>	Máxima Parsimonia
<b>MSA</b>	Alineamiento Múltiple de Secuencias
<b>mtADN</b>	Ácido Desoxirribonucleico Mitocondrial

	Citocromo c oxidasa subunidad III mitocondrial
<b>mtCOX3</b>	
<b>mtCR</b>	Región Control Mitocondrial
<b>mtCyt b</b>	Citocromo b mitocondrial
<b>mtHA-HE</b>	Haplogrupos mitocondriales
<b>mtND</b>	NADH Deshidrogenasa mitocondrial
<b>mttRNA</b>	Ácido Ribonucleico de transferencia mitocondrial
<b>mtVNTRs</b>	Variable Number of Tandem Repeats (Número Variable de Repeticiones en Tándem del ADN mitocondrial)
<b>NGS</b>	Next-Generation Sequencing (Secuenciación de Nueva Generación)
<b>OL</b>	Origen de replicación de la cadena ligera mitocondrial
<b>pb</b>	Pares de bases
<b>PCR</b>	Polymerase Chain Reaction (Reacción en Cadena de la Polimerasa)
<b>Phe</b>	Fenilalanina
<b><math>\pi</math></b>	Diversidad Nucleotídica
<b>POM</b>	Población Ovina Mexicana
<b>QTL</b>	Quantitative Trait Loci (Locus de un Carácter Cuantitativo)
<b>S</b>	Número de Sitios Polimórficos
<b>SAGARPA</b>	Secretaría de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural
<b>SNP</b>	Polimorfismo de un solo nucleótido
<b>SPE</b>	Sistema de Producción Estabulado
<b>SPT</b>	Sistema de Producción de Traspatio
<b>TAE</b>	Tris Acetato EDTA
<b>UNESCO</b>	Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura
<b>UNO</b>	Organismo de la Unidad Nacional de Ovinocultores
<b>Val</b>	Valina
<b>WC</b>	Weight Change

## 1. Introducción

La biodiversidad ganadera es primordial para la seguridad alimentaria, nutrición humana y desarrollo rural, particularmente para países con economías de *ingreso bajo*, de *ingreso mediano bajo* y de *ingreso mediano alto*<sup>1</sup> (BM, 2017). Según la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), gran parte de la población rural de escasos recursos, aproximadamente un 70%, cría ganado y depende de él como parte de su subsistencia (FAO, 2015)

Los *recursos zoogenéticos*<sup>2</sup> son el eje de la producción pecuaria, proporcionando diferentes productos (cárnicos, ovolácteos, fibras textiles y fertilizantes orgánicos), y servicios (potencia de tiro para transporte y cultivo), entre otros. Además, los animales domésticos tienen el potencial de mantener el equilibrio dentro de los ecosistemas donde viven, siempre y cuando estén bajo un esquema de producción sustentable (FAO, 2015).

La diversidad genética determina las múltiples funciones que desempeña el ganado y permite a las personas criar animales en una gran variedad de condiciones ambientales. El ganado puede sobrevivir en algunos de los lugares más inhóspitos de la Tierra desde la tundra ártica y la alta montaña hasta los desiertos cálidos y áridos en los que la producción de cultivos es difícil o imposible. (FAO, 2015). México cuenta con cerca de 197 millones de hectáreas, bajo un mosaico de regiones ecológicas que le dan la principal característica a su ganadería; esto es, una gran biodiversidad de sus recursos genéticos entre los animales domésticos (CONARGEN, 2012)

Este es el caso de los ovinos, representan una de las “cinco grandes” especies de ganado domesticada más importante distribuida a escala mundial (FAO, 2015). Estos pequeños rumiantes no sólo han figurado como un recurso económico o alimenticio sino también

---

<sup>1</sup> **Economía de Ingreso Bajo**, INB per cápita de USD 1025 o inferior.

-**Economía de Ingreso Mediano Bajo**, INB per cápita de USD 1026 -4035.

-**Economía de Ingreso Mediano Alto**, INB per cápita de UDD 4036- 12 475 (BM, 2017)

<sup>2</sup> **Recurso zoogenético**. Comprenden la diversidad de animales domesticados o semidomésticos y que contribuyen a las necesidades humanas proporcionando productos y servicios (FAO, 2015).

cultural, desde su domesticación hace aproximadamente 11, 000 años. La complejidad de su estudio radica en las múltiples variedades de razas, así como su distribución geográfica, manejo y propósito zootécnico, incluso dentro de un mismo país.

Los ovinos domésticos no existían en el continente americano y los primeros ejemplares introducidos tienen su origen en las razas europeas que llegaron poco después de los viajes de descubrimiento, conquista y colonización a principios del Siglo XVI. Durante el periodo colonial llegaron a México ovinos provenientes de España que dieron origen al denominado ganado *criollo*<sup>3</sup>(Perezgrovas, 1998). La posterior introducción y adaptación de diferentes razas proveniente principalmente de Australia y Estados Unidos ha permitido incrementar el acervo genético y actualmente se cuenta con ejemplares de la especie que se han adaptado a los diferentes nichos ecológicos del país (Medrano, 2000)

La producción ovina nacional enfrenta una problemática compleja como resultado de las características de los sistemas de producción, basándose en pequeños rebaños de baja productividad, escasa organización de los productores y problemas sanitarios (Perezgrovas, 1998). Por lo tanto, los pequeños rumiantes de la ovinocultura tradicional y empresarial, deben ser considerados como recursos genéticos sujetos a evaluaciones de caracterización, para su aprovechamiento productivo sustentable y la creación de políticas de conservación; sin embargo, las evaluaciones realizadas hasta el momento se han basado solamente en características fenotípicas (Perezgrovas, 1998).

En México, los estudios de diversidad genética a nivel molecular en ovinos son realmente escasos. Los trabajos pioneros son apenas de la década del 2000. López y Sifuentes (2004), realizaron una evaluación de la diversidad genética de razas de ovinos en México mediante el uso de marcadores microsatélites. Ulloa-Arvizu y cols. (2009), describieron el origen genético del ovino criollo mexicano (*Ovis orientalis aries*) por el análisis del gen Citocromo C oxidasa subunidad I del mtADN. Alonso y cols. (2017), investigaron el origen

---

<sup>3</sup> **Criollo.** Del port. *crioulo*, y este der. de *criar* 'criar'. Adj. Dícese descendiente de europeos, nacida en los antiguos territorios españoles de América o en algunas colonias europeas de dicho continente. U. t. c. s (RAE, 2014).

genético y diversidad de las ovejas “criollas” mexicanas analizando la región control mitocondrial (mtCR).

Esta tesis describe la continuación de las pesquisas previas, sobre la caracterización genética molecular en el ganado ovino mexicano. Aunque el estudio constituye meramente una pequeña contribución a la vasta historia, adaptación y producción de los ovinos en México, pretende conjuntar esfuerzos con otras áreas del conocimiento para promover una gestión de conservación y uso sostenible de la producción ovina mexicana frente a los retos del cambio climático y seguridad alimentaria.

## 2. Antecedentes

La biodiversidad agropecuaria es el resultado de miles de años de actividad, durante los cuales el hombre ha buscado satisfacer sus necesidades en una amplia variedad de condiciones climáticas y ecológicas. La capacidad de los agroecosistemas de mantener e incrementar su productividad y adaptarse a las condiciones ambientales cambiantes es vital para la seguridad alimentaria mundial, por ello, el estudio y la gestión de la biodiversidad agrícola supone un reto cada vez enorme para la comunidad internacional.

Los avances en el campo de la genética molecular, han supuesto en el descubrimiento de marcadores moleculares, como herramientas para explorar la diversidad genética. La diversidad entre organismos es consecuencia de las diferencias en las secuencias de ADN y de los efectos ambientales. Desde un punto de vista más amplio, las poblaciones de ganado genéticamente diferentes ofrecen a la sociedad mayores opciones para satisfacer los desafíos del futuro.

En este capítulo se abordará de manera general, el proceso de domesticación en términos evolutivos, domesticación y características de (*Ovis aries*) el flujo genético de los recursos zoogenéticos, introducción de los ovinos en Latinoamérica, el legado cultural de los ovinos en México, las razas ovinas en México; seguida de la producción ovina en México y las complejidades de la conservación genética ovina. La última parte está dedicada al mtADN: marcador molecular como herramienta para explorar la biodiversidad ovina.

## La domesticación en términos evolutivos

La domesticación de plantas y animales es el avance más importante en los últimos 13, 014 años en la historia de la humanidad. Es un tema que interesa tanto a científicos y no científicos ya que, los domesticados proporcionan la mayor parte de nuestros alimentos hoy en día. La domesticación fue un requisito previo para el desarrollo de la civilización humana, y transformó la demografía mundial. Este evento proporcionó elementos de conquista (armas, gérmenes y acero), dado que sólo surgió en unas pocas áreas del mundo, los pueblos ubicados en dichas regiones adquirieron enormes ventajas sobre otros (Diamond, 2002).

La domesticación es una transformación de selección genética, ejercido consciente o inconscientemente por los humanos para adaptar plantas y animales del estado salvaje para el cultivo y el pastoreo respectivamente. Por lo tanto, los domesticados además de ser más fáciles de manipular también eran más atractivos para el consumo y transformación de la materia prima en productos (Gepts, 2004).

Darwin, en su tesis sobre los domesticados demuestra elementos esenciales de éstos: la mutabilidad de las especies, el origen y relaciones filogenéticas de la nueva diversidad, la naturaleza del proceso de selección (natural y artificial) y la adaptación progresiva. En el capítulo "*La variación en el estado doméstico*" resume las pruebas de la fuerza transformadora, la selección artificial en el origen de nuevas razas de animales y variedades de plantas; los efectos beneficiosos del cruzamiento y los efectos adversos de la endogamia (Brown, 2010). La domesticación, a menudo resulta en fuertes presiones selectivas y la estructura genómica de los domesticados pierde diversidad genética (Purugganan, 2009).

Para Zeder (2012), (ver figura 1), el proceso de la domesticación comprende tres vías: 1) El comensalismo. Las diferentes poblaciones de animales salvajes fueron atraídas por elementos humanos, incluidos los residuos de alimentos y/o animales más pequeños

atraídos por estos residuos. Estas poblaciones *sinántropas*<sup>4</sup> estuvieron formadas por individuos más dóciles y menos agresivos. Los perros (*Canis familiaris*) son el ejemplo típico de este tipo de domesticación, la cual se produjo durante el Neolítico.

2) Presas de cazas. El objetivo fue aumentar la eficiencia en la gestión de los recursos alimenticios aumentando la disponibilidad de grandes y medianos herbívoros, de esta manera se aseguró una fuente predecible de proteínas de origen animal. La selección de rasgos como la docilidad permitió un control más completo sobre la dieta y la reproducción de los animales. Los animales domesticados bajo esta vía, fueron los ovinos (*Ovis aries*), caprinos (*Capra hircus*), bovinos (*Bos taurus*) en el centro y oriente del Creciente Fértil, cuyo arco territorial incluye hoy día el sur de Irán, atravesando el noreste de Iraq y sudoeste de Turquía hasta el Líbano, Israel y es este de Jordania (Zeeder y col., 2006).

3) Directa. Esta vía rápida de domesticación comenzó cuando los seres humanos utilizaron el conocimiento adquirido en la gestión de los animales ya domesticados, para domesticar a especies salvajes que poseían un grupo de recursos considerados por el hombre como convenientes. Además, se empezó a explotar otros recursos animales secundarios como, por ejemplo, los hallazgos arqueológicos encontrados en Anatolia donde se encontraron utensilios de cerámica con restos de ácidos grasos  $C_{16}:0^5$  y  $C_{18}:0^6$ , indica una producción de leche bovina bien establecida hace 8,500 años (Evershed y col., 2008). Bökönyi (1977), descubrió en la ciudad de Sarab en el oeste de Irán, una figurilla de lana de oveja, como

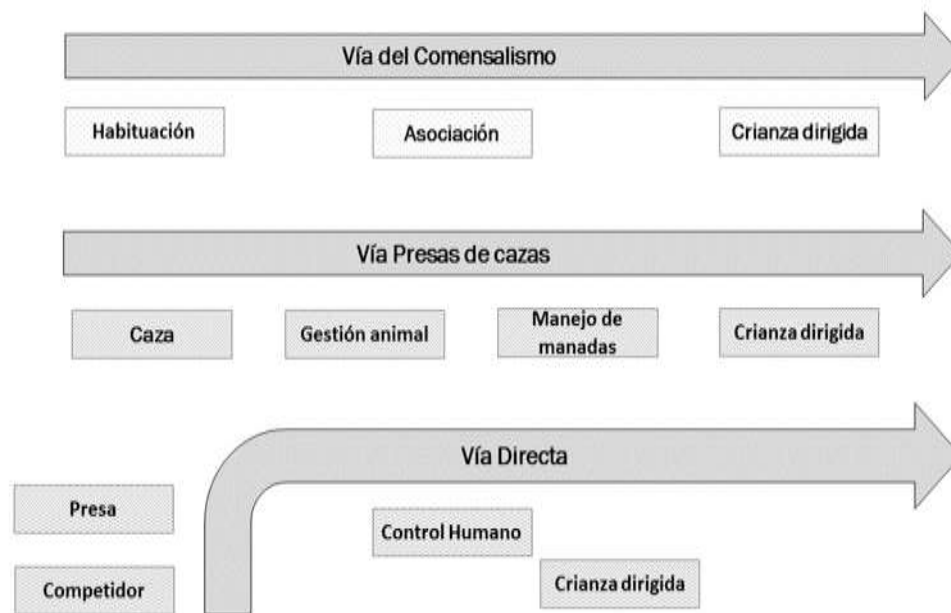
---

<sup>4</sup> Sinántropía. Se utiliza en biología para designar la capacidad de algunas especies de flora y fauna para habitar en ecosistemas urbanos o antropizados, adaptándose a las condiciones ambientales creadas o modificadas como resultado de la actividad humana (Johnson y Klemens, 2005).

<sup>5</sup> Ácido graso C:16:0. El ácido palmítico, o ácido hexadecanoico (IUPAC), es un ácido graso saturado de cadena larga, formado por dieciséis átomos de carbono. Es un sólido blanco que se licúa a unos 63,1 °C. Su fórmula química es  $CH_3(CH_2)_{14}COOH$ . Es el más abundante en las carnes (detrás del ácido oleico, que es monoinsaturado) y grasas lácteas (mantequilla, queso, leche y nata), (PubChem, 2017).

<sup>6</sup>Ácido graso C:18:0. El ácido esteárico es un ácido graso saturado de 18 átomos de carbono presente en aceites y grasas animales y vegetales. A temperatura ambiente es un sólido parecido a la cera; su fórmula química es  $CH_3(CH_2)_{16}COOH$ . Su nombre IUPAC es ácido octadecanoico. Tiene una cadena hidrofóbica de carbono e hidrógeno (PubChem, 2017).

una evidencia de que hubo cambios necesarios en la capa ovina para la producción de lana hace 7,500 años. Hoy en día esta ruta se ha convertido en una especie de superautopista de la domesticación. Anteriormente animales que nunca han sido considerados candidatos para la domesticación, están bajo control humano a través de la aplicación de tecnologías cada vez más sofisticadas para la crianza y el cuidado. Además, gracias a las ciencias animales tenemos una mejor comprensión de la conducta animal, reproducción y requerimientos biológicos (Duarte y col., 2007).



**Figura 1** Vías de domesticación (Modificación de Zeeder, 2012)

En consecuencia, la domesticación es un proceso diferencial por los perfiles biológicos y de comportamiento de las especies diana y por el contexto cultural de las sociedades humanas. En un inicio los domesticados, muy probablemente pudieron desempeñar un rol muy pequeño en las sociedades basadas en economías de caza y recolección, proporcionaron a los humanos un amortiguador contra las incertidumbres medioambientales permitiendo el aumento de la densidad de población humana a nuevos ambientes más desafiantes (Zeder y col., 2006).



El conocimiento de la domesticación en animales tiene una influencia sobre el cuidado y bienestar animal, así como, los esfuerzos de conservación dirigida a especies en peligro de extinción. Se requiere un enfoque multidisciplinario desde la óptica de la genética, zooarqueología, biología sistemática, sociología y ciencias veterinarias-zootecnistas, para una mejor comprensión sobre el impacto de la domesticación animal y un manejo sustentable de éstos para el futuro de la biodiversidad agropecuaria.

### **Domesticación y características de *Ovis aries***

Los ovinos, del género *Ovis*, son rumiantes de la familia *Bovidae*. La taxonomía de los miembros del género *Ovis* es un tema sujeto a controversias (Schaller, 1977). Se han realizado diferentes estudios y clasificaciones con un número variable de especies y subespecies. En general, se ha acordado que el género *Ovis* está compuesto por 7 especies con varias subespecies e híbridos, entre los ovinos salvajes se encuentran el argalí (*Ovis ammon*), el urial o shapo (*Ovis vignei*), y el muflón europeo (*Ovis orientalis*); la oveja de las nieves (*Ovis nivicola*) en el norte de Asia, y el borrego cimarrón (*Ovis canadensis*) y el carnero de Dall (*Ovis dalli*), en Norteamérica (NCBI Taxonomy Database, 2017; Ryder 1983, 13–14; Rezaei y col., 2010).

El ovino doméstico (*Ovis aries*), también conocido como borrego es la especie más abundante y distribuida en todo el mundo, particularmente en Asia y África seguido por Europa, el Cáucaso y las demás regiones geográficas (FAO 2015, 29). Los machos reciben el nombre de carneros; las hembras, ovejas, y corderos para los ejemplares menores de un año de ambos sexos. La oveja, por lo general, procrea una cría, aunque en ocasiones puede tener hasta tres, dependiendo de la alimentación y la raza, después de un periodo de gestación de alrededor de 150 días. Es un mamífero ungulado, revestidos con pezuñas en las extremidades con un par de dedos. Rumian la comida, carecen de incisivos superiores, tienen un estómago formado por cuatro cámaras. Algunos poseen cuernos no ramificados permanentes; los del macho suelen ser robustos, curvados en espiral; mientras que en la hembra son cortos y menos curvados. De cuerpo cilíndrico, fuerte, musculoso,

cubierto de lana o pelo a veces, ambos; la cabeza tiene forma de embudo; las orejas son pequeñas, triangulares, ligeramente alargadas; tienen patas cortas (INEGI, 2007).

Estos pequeños rumiantes, han jugado un rol importante en las sociedades humanas, ya que han sido fuente de carne, leche, lana, grasa, fertilizante al igual de ser uno de los mayores componentes de las sociedades agro-pastorales desde el Neolítico. La domesticación de los ovinos según la evidencia zooarqueológica sugiere que ocurrió en la región del Creciente Fértil en el Oriente próximo aproximadamente hace 11,000-10,500 años. Se han propuesto tres grupos Euroasiáticos, como *agriotipos*<sup>7</sup> del ovino actual; el muflón (*Ovis musimon* o *Ovis orientalis*), el urial (*Ovis vignei*) el argali (*Ovis ammon*), aunque más bien se cree que éstos han contribuido a la diversidad de ciertas razas (Chen y col., 2006).

Los primeros sitios arqueológicos que contienen restos de ovinos domésticos se encuentran en los asentamientos humanos de las cadenas montañosas Taurus y Zagros, (Peters y col., 1999), donde Armenia, Turquía e Irán se interceptan y existía una gran variedad de *O. o. gmelini* u *Ovis musimon*. Por lo tanto, es posible que las ovejas domésticas de estas regiones fueran las primeras en viajar al este y al sur con los labradores (Zeeder y col., 2006). Otro sitio primigenio de evidencia zooarqueológica ovina es Chipre (Vigne y col., 2003).

En la parte occidental de Europa mediterránea, la evidencia arqueológica de ovinos domésticos data aproximadamente 5 400 a.C (Zilhão 2001), se cree que hubo una rápida propagación por el corredor natural de conexión de Europa del Sur-Oeste, el Cercano Oriente y África del Norte, el mar Mediterráneo, por los fenicios, griegos, romanos y bereberes que probablemente introdujeron nuevas razas (Pereira y col., 2006). Algunos colonos pudieron haber mejorado su ganado local mediante la importación de ovinos del extranjero, lo que explica una diversidad amplia dentro del ganado ovino doméstico de aquella época, las especies ovinas se desarrollaron mediante la selección de rasgos productivos deseables (lana, leche y carne) y la tolerancia del medio ambiente. Desde la

---

<sup>7</sup> **Agriotipo.** m. Biol. Especie silvestre de la que procede un animal doméstico (RAE, 2004).

domesticación, los ovinos se han establecido una amplia gama geográfica debido a su capacidad de adaptación a las dietas pobres y las condiciones climáticas extremas, así como su tamaño manejable (FAO, 2015).

### **Flujo genético de los recursos zoogenéticos**

Los flujos de genes (los movimientos e intercambio de razas de animales y germoplasma) en las especies ganaderas se han producido desde tiempos prehistóricos y son consecuencia de diferentes factores. A escala mundial, los flujos de genes más significativos han afectado a las “cinco grandes” especies de ganado: bovino, ovino, caprino, porcino y gallinas. Los flujos de genes han sido determinados y afectados por un amplio abanico de factores, que abarcan cuestiones culturales, militares, organizativas, institucionales, políticas, comerciales, tecnológicas, de investigación, patológicas y normativas cuya importancia relativa ha variado durante el curso de la historia. En un sentido amplio, pueden distinguirse 3 periodos distintos en el patrón del flujo de genes mundial (FAO, 2015)

**De la prehistoria al siglo XVIII.** Este periodo se prolongó durante unos 10 000 años, desde el inicio de la domesticación hasta finales del siglo XVIII. A lo largo de esta fase, los genes se propagaron como resultado de la dispersión de los animales domésticos mediante la difusión gradual, la migración, la guerra, la exploración, la colonización y el comercio (FAO, 2015)

**Del siglo XIX a mediados del siglo XX.** En el periodo que engloba desde el inicio del siglo XIX hasta mediados del siglo XX, en el Norte surgieron las organizaciones de mejoramiento, que formalizaron la existencia de numerosas razas, registraron su genealogía y rendimiento y facilitaron la rápida mejora de la producción. El flujo de genes se produjo principalmente entre países del Norte (flujos Norte-Norte) y de Norte a Sur. Las fuerzas impulsoras de este movimiento fueron los progresos técnicos, la demanda de animales más productivos y el incipiente comercio del mejoramiento genético en el Norte (FAO,2015).

**De mediados del siglo XX hasta nuestros días.** Durante este periodo, los flujos de genes se han visto impulsados por la existencia de compañías de mejoramiento comercial en el Norte, las diferencias productivas entre *Norte y Sur*<sup>8</sup> así como la rápida globalización. Los avances tecnológicos han permitido el envío de semen y embriones en lugar de animales vivos. Más recientemente, se ha hecho posible la transferencia de sistemas de producción completos para la creación de entornos controlados en otras partes del mundo. Además, ya es posible identificar y aislar genes. Actualmente la atención se centra en genes concretos, en lugar de hacerlo en rasgos o en genotipos completos. Están apareciendo marcos jurídicos internacionales para la regulación de los mecanismos de intercambio de material genético y empiezan a aplicarse derechos de propiedad intelectual (DPI). Dichas tendencias se encuentran en constante evolución y han tenido diferentes repercusiones en diferentes zonas del mundo. Por ejemplo, en gran parte del mundo, el ganado ni de las compañías de mejoramiento especializadas. Sin embargo, en el Sur se aplican de forma creciente los enfoques modernos de cría, además de fomentarse la difusión de razas y sistemas de producción especializados (FAO,2015)

---

<sup>8</sup> Los términos "Norte" y "Sur" se refieren a los países desarrollados y a los países en desarrollo, respectivamente, según la terminología utilizada en el Segundo Informe sobre La Situación de los Recursos Zootécnicos Mundiales para la Alimentación y La Agricultura (FAO, 2015).

## **Introducción de los ovinos en América**

La historia de la ganadería en el Nuevo Mundo fue un fenómeno biológico de mucha importancia, pues implicó el poblamiento pecuario de casi todo el continente americano, desde las praderas de Arizona hasta la pampa Argentina. América era un continente virgen de ganado, los nativos americanos aportaron un importante lote de plantas cultivadas a la revolución alimenticia mundial de los siglos XVI, XVII y XVIII, pero fue una pequeña porción de animales que logró domesticar. No fue por la incapacidad del indígena americano, sino porque los animales salvajes de América no se presentaron como las otras especies a la domesticación. Para muestra, se logró domesticar al perro (*Canis lupus familiaris*), como en el Viejo Mundo; el guajolote (*Meleagris gallopavo*) en América del Norte, en los Andes: el cuy (*Cavia porcellus*) en los valles; la llama (*Lama glama*) y la alpaca (*Vicugna pacos*) en los altiplanos (Barrera, 1996).

La historia de la ganadería en América comienza con su descubrimiento, por parte de Cristóbal Colón en 1492. En el caso de México se debe situar en el contexto del continente. Hay varios rasgos que marcan diferencias importantes entre las ganaderías de diversas partes de América, a la vez que permiten individualizar a la mexicana frente a otras. El primero de ellos se deriva de la época en que el ganado hizo acto de presencia, ya que su introducción ocurrió en distintos momentos según el lugar de que se trate. Otra peculiaridad fue que, la ganadería en Latinoamérica, estuvo asociada a estadios muy diferentes de la evolución del sistema colonial (García, 2001).

Los rasgos político-sociales que transformaron a América desde la perspectiva ganadera fueron: 1) Fase I. La Exploración. Realizada por los descubridores, fue casi inocua para el intercambio de recursos genéticos animales. 2) Fase II. La Conquista. Introducción de los cerdos (*Sus scrofa domestica*) como fuente de proteínas, y los caballos (*Equus ferus caballus*) como animal de guerra. Muchos animales que no eran consumidos durante el

viaje eran liberados convirtiéndose en el caso de los cerdos en razas *ferales*<sup>9</sup> que aún existen (Delgado y col., 2005). Los caballos probablemente se liberaban como resultado de las batallas entre indígenas y conquistadores, formando también razas ferales. 3) Fase III. La Colonización. Llegada de los ovinos, bovinos y caprinos; etapa importante para este tipo de ganado, ya que en ella las familias implantadas en el Nuevo Mundo llevaron consigo su patrimonio genético animal y también sus sistemas de producción (Rodero y col., 1992).

En los siglos posteriores desde el descubrimiento del nuevo mundo, Portugal, España y en menor medida Inglaterra, Francia, Holanda y otras potencias europeas compitieron por la exploración, conquista y colonización del continente americano, resultando en el nacimiento de nuevos pueblos, culturas y estados (García 2001).

En especial, los portugueses y españoles desarrollaron rutas de emigración similares debido a la necesidad de aprovechar el impulso de los vientos alisios, las cuales arrancan desde la latitud del Archipiélago de Cabo Verde, antigua colonia portuguesa, y desde allí se dirigen directamente hasta las Islas del Caribe. En el Golfo de México hacen un giro para retornar hacia Europa a la altura del Archipiélago de las Azores (Portugal), (Rodero y col., 1992; Fresno y col., 1992).

Debido a esto, los barcos españoles salían del sur de España (Sevilla, Huelva y Cádiz), se dirigían a las Islas Canarias, donde se avituallaban, desde allí buscaban Cabo Verde sin hacer escala y tomaban los vientos alisios hasta el Caribe. En aquellas islas caribeñas hacían de nuevo avituallamiento para dirigirse por varias rutas hacia el continente americano. La primera iba hacia el norte buscando el puerto mexicano de Veracruz, expandiéndose desde allí para el norte en una triple ruta, la oriental hacia Florida, la central hacia Nuevo México, y la occidental hacia California y Texas, continuando desde ellas las expansiones hacia el norte (Spoonenberg 1992).

Otra ruta de los españoles fue la del norte del virreinato del Perú, la cual buscaba los puertos de Panamá, desde aquí los recursos genéticos se expandieron por Centroamérica hasta alcanzar los estados del Sur de México, pero también por Colombia, Venezuela, hasta el

---

<sup>9</sup> **Feral.** Del lat. *ferālis* 'de fiera'.adj. desus. Cruel, sangriento. (RAE, 2004).

norte de Brasil, por la ruta oriental; y hasta Ecuador y el norte de Perú por el sur (Barona 2009).

La tercera ruta importante fue la del Río de la Plata, donde llegaban los barcos desde las Islas del Caribe para adentrarse por las cuencas fluviales del río Paraná, Paraguay y Uruguay, entrando en el continente hasta Bolivia, sur de Perú y el oeste de Brasil. Esta ruta influyó también a todo el cono Sur (Argentina, Chile, Uruguay, Paraguay y el sur de Brasil), El transporte de animales vivos en aquellos tiempos seguía la máxima de no embarcar aquello que se podía cargar más adelante. Así, lo que se podía cargar en Canarias, no se cargaba en la Península, y más tarde de lo que se disponía en las bases del Caribe no se cargaba en Canarias (Barona 2009).

Según Primo (1992), las líneas de emigración portuguesa partían de los puertos de Porto y de Lisboa, en dirección al sur, haciendo escala en la Isla de Madeira o en Canarias, navegando desde allí hasta Cabo Verde, donde se avituallaban y salían directamente hacia las capitanías del nordeste (Recife y Salvador) y del sur de Brasil (Río de Janeiro y Sao Paulo), (Barona 2009).

Los Archipiélagos Macaronésicos de Madeira y Azores no intervinieron con recursos genéticos propios en la colonización de Brasil, ya que ambos estaban deshabitados en el momento de su descubrimiento. Cosa distinta aconteció con el Archipiélago de Cabo Verde desde que se introdujeron animales de origen africano. Al igual que en el caso de España, Portugal utilizó todos sus recursos genéticos para explotar los distintos ambientes que encontró en sus colonias americanas (Barona 2009).



**Figura 2.** Rutas de introducción ganadera por España y Portugal al continente americano (Modificado de Barona 2009)

La introducción de los ovinos a la Nueva España se puede estudiar desde dos perspectivas: a) Segundo viaje de Cristóbal Colón y b) La Conquista y Colonización de la Nueva España.

Colón realizó 4 viajes al Nuevo Mundo. En su segundo viaje, Colón y su flota partieron de Cádiz Sevilla el 25 de septiembre de 1493. Realizaron una escala o parada en las islas Canarias, La Gran Canaria y La Gomera, donde según las crónicas Colón cargó con animales vivos (entre ellos ovinos) y vegetales para consumo durante el viaje transatlántico e introducirlos en la zona a colonizar, en este caso primeramente en las Islas del mar Caribe (Rodero y col., 1992). Se conoce que, en 1492, los ovinos que existían en las Islas Canarias eran deslanados, por tanto, los primeros ovinos que llegaron a las Islas del Caribe (primer cuello de botella, ver figura 2), fueron probablemente ovejas canarias deslanadas (Delgado y col., 2000).



Se asume que la difusión de las razas deslanadas por el continente americano se desarrolló desde las bases caribeñas (segundo cuello de botella, ver figura 2). Incluso las poblaciones ovinas brasileñas, se estima que entraron en el país, desde Colombia y Venezuela. El resto de troncos ovinos fue introducido con posterioridad desde España para satisfacer en primer lugar la necesidad de lana en Canarias y en el continente americano, y por supuesto en la búsqueda de ajustar los genotipos disponibles en España a los variados ecosistemas existentes en América (Fresno y col., 1992, Pedraza y col., 1992).

En México, específicamente La Conquista de la Gran Tenochtitlan (en náhuatl *Mēxihco-Tenōchtitlān*; *te-* 'piedra', *nōch-* 'tuna' y *-ti-tlān* lugar donde abunda algo), (Rico 2008), por parte de Hernán Cortés en 1521, y la instauración de un sistema colonial en la ahora Nueva España (1535); abrieron el camino para el arribo de nuevos mamíferos [vacas (*Bos taurus*), caballos (*Equus ferus caballus*), cerdos (*Sus scrofa domestica*), asnos (*Equus africanus asinus*), mulas (*Equus asinus x Equus caballus*), cabras (*Capra aegagrus hircus*) y borregos (*Ovis aries*)]. Una vez consumada la conquista vino un largo periodo de ajuste, absorción y mestizaje en todos los órdenes de la vida colonial, que indujeron profundas consecuencias en la historia novohispana.

Los efectos más importantes se pueden analizar desde dos panoramas: **a) Social.** La reducción de la población mesoamericana durante los primeros 100 años de la colonia. La congregación de los indígenas en las *encomiendas*<sup>10</sup>. El cambio radical de los nativos americanos en su alimentación, con el suministro de proteínas de origen animal. **B) Ecológico.** El intercambio de recursos genéticos de interés agrícola y ganadero que se realizó, el cual fue más importante en términos agrícolas en dirección a Europa, y más significativo en términos ganaderos hacia Latinoamérica. El asentamiento de los ganados en las distintas bases económicas de la Nueva España. La *trashumancia*<sup>11</sup> y otros movimientos del ganado (Barrera 1996); (Barona 2009).

---

<sup>10</sup> **Encomiendas.** f. En la América hispana, institución de características muy diversas según tiempos y lugares, por la cual se atribuía a una persona autoridad sobre un grupo de indios. (RAE, 2004).

<sup>11</sup> **Trashumancia.** intr. Dicho del ganado o de sus conductores: Pasar desde las dehesas de invierno a las de verano, y viceversa. (RAE, 2004).



**Figura 3.** La colonización o llegada de Hernán Cortés a Veracruz (Diego Rivera, 1951, Palacio Nacional, México)

Para tener una referencia de los primeros borregos en México, fue en el año de 1526 (ver figura 3), Cortés recordaba a su padre que varias veces le había solicitado sin éxito el envío de ovejas merinas, aunque se conformaba con que le enviase dos docenas de carneros “de la mejor casta que se pudiera haber [...] porque estos bastarían para que con ello y con las ovejas que acá hay se críen muy finas lanas”, (Matesanz 1995).

Don Sebastián Ramírez de Fuenleal, pedía a la Corona, borricas y ovejas merino para México. Los ovinos fueron aumentando por parte de los españoles durante la Conquista y a partir de 1526, se permitieron los sistemas denominados “estancias”, (renta de extensiones de tierra para la crianza ovina) en la Ciudad de México, Coyoacán, Chapultepec y Cuajimalpa. Aparentemente tantas peticiones por ovinos merinos no tuvieron respuesta sino hasta que el virrey Mendoza, apasionado ganadero, logró por fin colocar merinos en sus propias estancias. En Perú, la raza merino ovina, fue introducida por el Capitán Salamanca a los seis años después de la conquista. Los indígenas aprendieron a trasquilarse, según la copiosa documentación Fuentes para la historia del Trabajo en la Nueva

España, de Silvo Zavala y María Castelo, que se pedía por los ganaderos el envío de cuadrilla de trasquiladores para sus estancias (Matesanz 1995).

Se piensa que otras razas introducidas fueron la Manchega, Lacha, Churra, Castellana y Rasa Aragonesa (Arvizu-Ulloa y col., 2009). La producción lanar durante la época colonial y con la influencia española, en México se desarrolló la confección de diferentes tejidos a base de lana, actividad que se mantiene hasta nuestros días en calidad de artesanías mexicanas, utilizando técnicas textiles prehispánicas, por ejemplo, el telar de cintura y el telar de pedales, incorporado en la época colonial, utilizados para elaborar diferentes atuendos, también se tejía era en Quito, Perú y Puebla (Matesanz 1995).

En cuanto a la producción cárnica, en la ciudad de México se prefería la carne de carnero y se consumía varias veces más que la de res. En 1557, ya se mataban 120 000 ovinos, y para 1604, en 7 poblaciones de la Nueva España, había 114 rastros. En 1784, entraron a la ciudad de México 280 000 ovejas. En cuanto a lana se refiere, en 1570 se producían en México 3 000 arrobas (una arroba es igual a 11.502 kilogramos), esto equivalía a 34 506 kg, y para 1580, se producían 12 000 arrobas, o sea, 138 024 kg, por lo que México, a finales del siglo antepasado llegó a ser un país exportador de lana fina (Matesanz 1995).

Durante los años treinta, gracias a programas gubernamentales, se inició la introducción de razas modernas de origen europeo, principalmente inglesas (Suffolk y Hampshire) y francesas (Rambouillet) y en los últimos años otras razas, Romanov, Columbia, Merino, Poly Pay, Saint Croix, Wiltshire, Ile de France Charolais, East Friesian, Textel, Corriedale, Dorper, Katahdin (Arvizu-Ulloa y col., 2009).

El Estado de México es considerado como una entidad líder en el número de cabezas de ganado ovino (CeMeGO, 2017). A raíz del crecimiento de la industria ovina en México, los criadores nacionales trabajan intensamente en el mejoramiento genético de las distintas razas, lo que permite tener actualmente una variedad genética ovina (UNO, 2007)

La raza Romanov, es originaria del Valle del Volga al norte de Moscú en Rusia, su nombre se debe al lugar. Los primeros datos de la raza fueron en el Siglo XVIII, eventualmente se empezó la importación de ovinos Romanov a Francia y Alemania. Actualmente, se

encuentra distribuida por todo el mundo por su alta prolificidad (NGH, 2017). En los años 90 los ovinos Romanov fueron introducidos a México, para fijar características deseables como: alta prolificidad y habilidad materna, como parte de los programas de mejoramiento genético. Exitosamente las hembras con  $\frac{1}{2}$  sangre o con  $\frac{1}{4}$  Romanov, han incrementado la frecuencia de partos dobles y triples sin problemas de crianza (CeMeGO, 2017).

## 2.1. El legado cultural de los ovinos en México

El contacto entre el Viejo Mundo y el Nuevo Mundo, trajo como consecuencia una serie de cambios trascendentales. Uno de esos éstos fue, el mestizaje, el encuentro biológico y cultural de etnias diferentes, en el que éstas se mezclan, dando origen a nuevas. Este proceso de transculturación, ha definido la identidad latinoamericana actual. La fusión de costumbres y tradiciones tanto europeas como prehispánicas, tuvieron un impacto en la manera de alimentarse y de vestirse en la Nueva España. En esta sección abordaremos estos puntos, con el uso de los ovinos en México.

La gastronomía mexicana, fue reconocida el 16 de noviembre de 2010, como Patrimonio Inmaterial de la Humanidad por la Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura (UNESCO). La diversidad es la característica esencial de la cocina mexicana, ya que representa la cultura histórica del país; la asociación prehispánica y europea (UNESCO, 2010).

Este es el caso de la *barbacoa*<sup>12</sup>, una de las especialidades más representativas de la comida mexicana, producto del mestizaje culinario. En realidad, la barbacoa, es un método de cocción prehispánico, que consiste en hacer un horno excavando un pozo en el suelo de alrededor de metro y medio de profundidad; este debe recubrirse con una capa de piedras (preferentemente del lecho de algún curso de agua), que deberán ser calentadas

---

<sup>12</sup>**Barbacoa.** f. Bol., Guat., Méx. y Perú. Conjunto de palos de madera verde puesto en un hoyo en la tierra, a manera de parrilla, para asar carne (RAE, 2014).

el día anterior. La carne seleccionada, debe sazonarse ligeramente, y se envuelve generalmente en pencas de maguey (Flores, 2004).

El pozo también se reviste de pencas de *maguey*<sup>13</sup> (*Agave salmiana*), que servirán como aislante y que le darán a la carne su sabor característico. Se coloca un recipiente sobre la cama de piedras, el cual servirá para captar el jugo que la carne suelta durante su cocimiento. Todo el horno se tapa o recubre, generalmente con las mismas pencas, con piedras y finalmente con una capa de tierra. Se enciende un fuego encima de dicho horno, en el cual se utilizan diversos materiales (usualmente leños de madera de ocote, diversos cactus y zacates secos e incluso carbón vegetal), y se deja cocer por alrededor de 12 horas (Flores,2004), (ver figura 4).



**Figura 4.** Barbacoa contemporánea de hoyo (Guasp, 2016)

---

<sup>13</sup>**Maguey.** m. Am. pita (ll planta amarilidácea (RAE, 2014).

Es en el centro de México (en los territorios de los estados de Hidalgo, Tlaxcala, Querétaro y México) donde surge la técnica. La barbacoa prehispánica era a base de venado, un animal de cacería de las tribus mesoamericanas, (Gaona y Téllez 2012), (ver figura 5).

Los relatos de los conquistadores y sus cronistas fueron fecundos en hechos y anécdotas. La palabra barbacoa, se registra por vez primera en la “Colección de documentos inéditos del Archivo de Indias” en 1518 donde se menciona: “Salieron ciertos caciques con su gente con muchos venados asados y puestos en sus barbacoas que quiere decir como artesas de allá o instrumentos en que se puede llevar mucha carne asada y cocida.” “Dan de comer y beber por precio que venden guisados, cazuelas hechas con chile verde y tomates grandes y pepitas, y son de su oficio vender asado y carnes cocidas debajo tierra (barbacoa) y caldo hecho con agua de chile espesado y condimentado de varios modos para acompañar las carnes” (Real Archivo de Indias, 1864).



**Figura 5.** Banquete azteca, Códice Mendocino (Mastache, 2005)

[Imagen tomada de la revista “Arqueología Mexicana, textiles de México de ayer y hoy]

A partir de la Conquista y especialmente durante la Colonia, la comida sufre interesantes cambios con la introducción de ganado ovino, bovino y porcino. En especial los ovinos integraron nuevos ingredientes cárnicos a la barbacoa (Gaona y Téllez, 2012).

Hoy día, el consumo de la carne de borrego en México, casi en su totalidad (95%), es a través de la barbacoa, es considerado un platillo de boato, siguiendo la técnica prehispánica antes descrita. La barbacoa se consume en altas cantidades durante los fines de semana y en diversos eventos sociales en especial en los estados del centro de México (Distrito Federal, Estado de México, Hidalgo, Puebla y Tlaxcala). De otro modo la carne ovina en el centro del país, se consume en *mixotes*<sup>14</sup>. Los mixotes, otra técnica de cocción prehispánica, consistente en carne enchilada cocida al vapor, envuelta en una película que se desprende de la penca del maguey (*Agave salmiana*). Esta película recibe el nombre de mixiote y a ella debe su nombre el platillo (Cuéllar y col., 2012).

Otro producto que se ha aprovechado de los ovinos, es la lana. Esta fibra ha tenido un impacto en los textiles tradicionales de México, especie de segunda piel en algunas regiones de nuestro país, puede aplicarse sin duda aquella afirmación provocadora de Pau Valéry: “Nada es más profundo que la piel”. Porque entre los hilos coloridos de un *huipil*<sup>15</sup> vienen a tejerse tantos hilos imaginarios del pasado como del presente. Muchos antropólogos e historiadores han realizado estudios del “mundo de tejido” en México, quienes nos muestran una riqueza de formas y significados que fácilmente podemos considerar excepcional, se destacan en este tópico Marta Turok, Irmgard Weitlaner, Margarita de Orellana, Andrés Fábregas y Alfonso Alfaro.

Los textiles tradicionales mexicanos son apreciados como señal social, índice de posición que tiene una comunidad quien lo porta. Emblema de una comunidad frente a otras. Identidad individual y colectiva. El textil también es considerado un bosque de símbolos, donde emerge cifrada la profundidad cultural hasta nuestros ojos. Igualmente, los tejidos se

---

<sup>14</sup>**Mixiote.** Del nahuátl *Mexiotl*. ‘Piel de Maguey’ (Thouvenot, 2014).

<sup>15</sup>**Huipil.** Del nahuátl *huipilli*, ‘blusa o vestido adornado’ (Thouvenot, 2014).

sitúan en una *urdimbre*<sup>16</sup> imaginaria, que incluye el juego de imágenes que las tejedoras tienen de sí mismas y de su tradición (Sánchez, 2014).

En el México prehispánico, la elaboración de prendas de vestir se hacía con el telar de cintura, arte que aún se conserva en nuestros días. El tejido en telares de cintura tuvo sus orígenes hace 1000 a.C. aproximadamente. La evolución del tejido se dio a la par que la domesticación del algodón (*Gossypium hirsutum*), y el uso de tintes extraídos de pigmentos vegetales, animales y minerales con los que se decoraba la vestimenta (Jhonson, 2015).



**Figura 6.** Mujer otomí tejiendo (derecha) y niña mexicana en el telar de cintura (izquierda), Códice Florentino (Mastache 2005) [Imagen tomada de la revista “Arqueología Mexicana, textiles de México de ayer y hoy”]

<sup>16</sup>**Urdimbre.** f. Conjunto de hilos que se colocan en el telar paralelamente unos a otros para formar una tela (RAE, 2014).





**Figura 7.** Elementos básicos de un telar de cintura (Johnson, 2015)

Hilar y tejer son actividades que desde la época prehispánica han estado asociadas a la mujer. La relación femenina con los tejidos se advierte en diversas descripciones y mitos. Para los nahuas, desde el principio de los tiempos las tareas de género estuvieron definidas: el hombre labraría la tierra y la mujer hilaría y tejería (Mastache, 2005).

El telar de cintura (ver figura 7) o de *otate*<sup>17</sup> (*Guadua amplexifolia*) es un original instrumento que aparece ilustrado en los códices mayas, nahuas y mixtecos, su forma no ha variado en muchas de las regiones del país. Se instala siempre en las cercanías de la casa y generalmente suele amarrarse a la parte superior de un horcón de la propia casa o un árbol, mientras el otro extremo se sujeta a la cintura de la tejedora. La forma está dada por una

<sup>17</sup> **Otate.** Del nahuátl *otlatl*, 'carrizo; 'bastón' (Thouvenot, 2014).

trama de hilo circular, sujeto a los extremos de dos palos, conocidos como *enjulios*<sup>18</sup>, que sostienen y arman la urdimbre, en donde los hilos van distribuidos y anudados. El extremo atado al árbol se coloca aproximadamente a dos metros de altura y el extremo inferior se sujeta alrededor de la cintura de la tejedora por un ceñidor de cuero llamado *mecapal*<sup>19</sup>. El tejido se aprieta con una tablilla de madera pesada (machete), delgada y afilada en forma de machete con la que la tejedora recoge los hilos con fuerza hacia ella (Johnson, 2015).

Con la entrada de la lana a la Nueva España, el indígena adoptó esta materia prima, así como las antiguas (telar de cintura) y nuevas técnicas textiles (telares de pedales) de una manera rápida y eficiente, de modo que sus productos además de igualarse en belleza y calidad de manufactura con los de los sastres españoles, eran mucho más baratos. Los españoles comenzaron entonces a comprar productos textiles hechos por manos indígenas, haciendo a un lado los fabricados por sus compatriotas (Contreras, 2013).

La industria de la lana fue la más importante de esta época ya que desde sus inicios, la lana contó con el apoyo de las autoridades virreinales tanto para la cría de las ovejas como para el adiestramiento de la mano de obra indígena, logrando que fuera ésta de tan buena calidad como la manejada en España. Los primeros *obrajes*<sup>20</sup> de paño, llamados así por ser paños de lana los que ahí se producían, se establecieron aproximadamente en 1539, siendo Puebla (en un principio), la ciudad de mayor importancia en su producción. Para fines del siglo XVII, lugares como Querétaro, Valladolid, Acámbaro y San Miguel lograron industrializar la producción lanera de una manera exitosa (Contreras, 2013).

Así los pueblos descendientes de aquellos indígenas sometidos a 300 años de colonización española, acogieron la lana como parte de su identidad étnica. Los antropólogos piensan que uno de los más violentos trastornos que sufrió el territorio americano fue ocasionado por la introducción del ganado mayor y menor en el siglo XVI, un proceso que modificó para siempre la vida productiva y el entorno ecológico del continente, y contribuyó a suprimir y

---

<sup>18</sup> **Enjulio.** m. Madero por lo común cilíndrico, colocado horizontalmente en los telares de paños y lienzos, en el cual se va arrollando el pie o urdimbre (RAE, 2014).

<sup>19</sup> **Mecapal.** Del nahuátl *mecapalli*, 'cuerda para llevar bultos' (Thouvenot, 2014).

<sup>20</sup> **Obraje.** m. Lugar donde se labraban paños y otras cosas para el uso común (RAE, 2014).

reemplazar gran parte de la agricultura que sustentaba a las civilizaciones prehispánicas (Alfaro, 2014). Para muestra tenemos, *las mantas coloradas de Mitla*<sup>21</sup> de los *zapotecos*<sup>22</sup> en Oaxaca y los textiles de los *chamulas*<sup>23</sup> en Chiapas.

La manta colorada (ver figura 8), conocida también como *ladvíj* en zapoteco, fue uno de los tres tipos de enredos hechos al estilo antiguo en Mitla. Por el tiempo y el costo de los materiales invertidos en ellos, se reservaban para ocasiones especiales. Se hacían de lana pura, cardada, hilada y teñida a mano con grana cochinilla, un parásito del nopal (*Opuntia spp.*), caracol púrpura mexicano (*Plicopurpura pansa*), añil (*Indigofera suffruticosa*) y huisache (*Acacia farnesiana*). Los motivos de este complejo diseño de la manta colorada, evocan los muros del centro ceremonial arqueológico de Mitla (ver figura 9), cuyas grecas enseñan de manera simbólica del pensamiento filosófico, orden fundamental de la existencia humana y su vinculación directa con la parte espiritual del ser humano, para los zapotecas (Johnson, 2015).

---

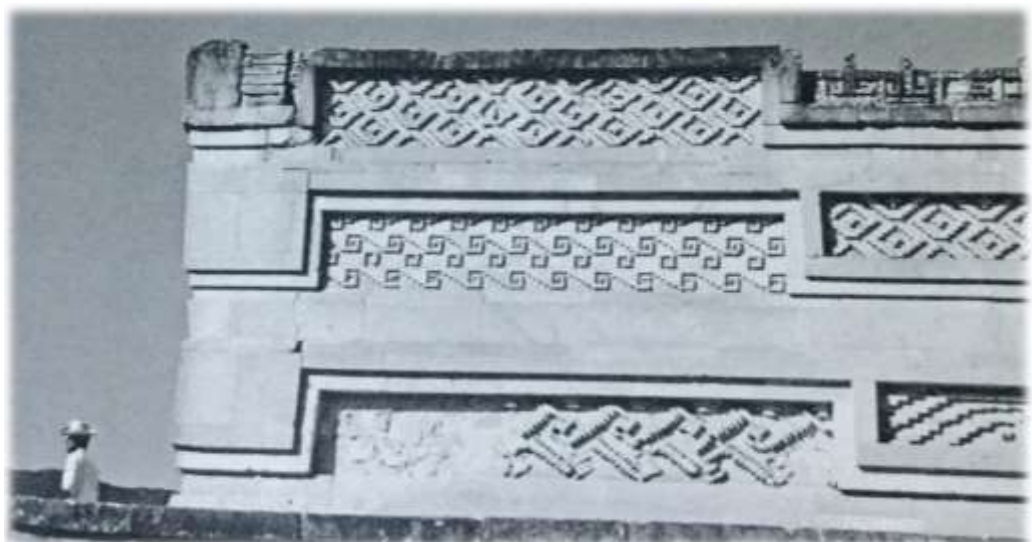
<sup>21</sup> **Mitla.** Del nahuátl *Mictlan*, 'Lugar de muertos' (Thouvenot, 2014).

<sup>22</sup> **Zapotecos.** s. son un pueblo indígena de México. La población zapoteca se concentra principalmente en el estado sureño de Oaxaca (Thouvenot, 2014).

<sup>23</sup> **Chamulas.** s. Gentilicio utilizado para nombrar a diversas etnias mayas que habitan la sierra de Chiapas: tzotzil, tzeltal, mame, tojolabal, choles (Thouvenot, 2014).



**Figura 8.** Manta colorada, de lana teñida con grana cochinilla y Joven zapoteca con una manta colorada frente a un muro del sitio arqueológico de Mitla, Oaxaca. National Museum van Wereldculturen, Amsterdam (Johnson, 2015)



**Figura 9.** Motivos de las franjas de la manta colorada recuerdan los muros de la zona arqueológica de Mitla, CONACULTA-INAH (Johnson, 2015)

La llegada del cristianismo al Nuevo Mundo, cuya ideología posee una concepción del devenir humano que comparte algunos rasgos esenciales con todas las estirpes abrahámicas, dejó una profunda huella en la identidad de los chamulas. En los grandes sistemas religiosos del Mediterráneo, el sacrificio del cordero, real o simbólico, es un elemento de orden cósmico: redención, alianza y fidelidad; es decir, eucaristía y tiempo litúrgico organizado en torno al ciclo pascual (del que forman parte las festividades de Semana Santa). El habitante de las sierras chiapanecas está ahora ligado a un universo de valores y representaciones en donde el Cordero Místico ocupa un lugar primordial. La figura del ovino ha llegado a ser parte interna y vital de estas regiones a tal grado que, los chamulas han desarrollado una relación particular con las ovejas y los carneros que les impide sacrificarlos y comerlos (Alfaro, 2014).

Las indígenas de San Juan Chamula, consideran su labor como tejedoras una de las más importantes; en ella centran su vida diaria, y puede decirse que gracias a ella se realizan como mujeres. Al estar trabajando la lana de sus ovejas, sentada en el patio de su vivienda, la tejedora comparte su experiencia con sus hijas. Los rebaños de las pastoras chamulas son pequeños, con un promedio de 10 animales. La cantidad de lana es casi suficiente para confeccionar la ropa familiar de uso diario y las prendas de gala. Las prendas elaboradas son tan durables que se pueden usar por varios años (Perezgrovas, 2004), (ver figura 10).



**Figura 10.** Rebaño familiar en los Altos de Chiapas, México (Fotografía tomada por Edwina Campos, Julio 2016)

Por ejemplo, el enredo (falda) es de lana negra, entretejida a veces con unas rayitas blancas, y se compone de dos lienzos unidos por puntas de color, zurcidos de lado para que la falda quede tabular, el cual está casi extinto en la actualidad, fundamentalmente por el tiempo que toma su manufactura y porque se ha ido sustituyendo por otras prendas como uso diario de producción industrial (Schevill, 1996), (ver figura 11).



**Figura 11.** Vestimenta típica de la comunidad Chamula. Chiapas, México. (Fotografía tomada por Edwina Campos, Julio de 2016)

En la actualidad, la historia y cultura están entrelazadas en los tejidos tradicionales que dan testimonio de los caminos plurales de la sociedad mexicana, derivado del establecimiento e imposición del orden colonial en México. (Fábregas, 2014).

## 2.2. Razas ovinas en México

Según la FAO, los **recursos zoogenéticos** se define como “aquellas especies animales que se utilizan, o se pueden utilizar, para la producción de alimentos, así como las poblaciones que contiene cada una”. La definición de **raza** adoptada por la FAO desde 1999 es, “un grupo subespecífico de ganado doméstico con características externas definibles e identificables que permiten separarlo por inspección visual de otros grupos definidos de manera semejante dentro de la misma especie, o bien un grupo cuya separación geográfica y/o cultural de grupos fenotípicamente similares ha llevado a aceptar su identidad separada” (FAO, 2010).

A finales del siglo XVIII surgió en Europa occidental la práctica sistemática de mejora de las razas mediante un registro de la cría y pedigríes compartidos, y las primeras organizaciones de mejoramiento se fundaron en Inglaterra durante el siglo XIX. El famoso agricultor inglés, Robert Bakewell y sus seguidores desarrollaron los modos de selección basados en las poblaciones cerradas y definieron las razas en los términos que conocemos hoy. Robert Bakewell revolucionó el ganado bovino y lanar mediante clasificación sistemática, endogamia y matanza selectiva. Fue uno de los primeros en criar ovejas y reses para consumo cárnico y el primero en establecer a gran escala, la práctica de alquilar animales para ser destinados a servir como sementales (Ekarius, 2017).

En los países desarrollados, las razas están definidas de forma relativamente clara. Cabe destacar a este respecto la importancia del papel que desempeñan las asociaciones de mejora ganadera, que suelen ser organizaciones voluntarias, que supervisan los estándares de cría, proporcionan un registro de animales y promueven la utilización de la raza. Por lo general, las razas no están completamente aisladas en términos genéticos. Deben cambiar constantemente en respuesta a las exigencias del mercado, y en ocasiones se las llega a suplementar con material genético de otras razas. Además, aunque existen asociaciones dedicadas exclusivamente a razas específicas, los preceptos a seguir cuando se establecen criterios para definir una raza siguen siendo vagos. Las poblaciones que se aíslan del resto, ya sea por razones geográficas, ecológicas o culturales, tenderán a

diferenciarse a consecuencia de la *selección natural*<sup>24</sup> y *artificial*<sup>25</sup>, así como por la deriva genética (FAO, 2010).

Ninguna otra especie de animales domésticos ha desarrollado tantas razas como la ovina. Sin embargo, la producción de muchas de ellas es de poca importancia comercial. La industria mundial se basa en el aprovechamiento de menos de veinte. En el país, la mayor parte del ganado es de tipo “mestizo” de cara negra, proveniente de la cruce de animales autóctonos “criollos” con borregos Suffolk y Hampshire. Solamente un porcentaje bajo del ganado en nuestro país está formado por razas puras. Por otro lado, la comercialización de esta especie se realiza cada vez más pesando al animal, motivando a los productores a poner mayor atención a la calidad del ganado. Para fines prácticos las razas se clasifican en pelo o lana (INEGI, 2007). A continuación, se presenta el cuadro 1 con las características generales de las razas ovinas más importantes en México.


---




<sup>24</sup> **Selección natural.** Proceso en el que los individuos con un rasgo en particular tienden a dejar una mayor descendencia en la próxima generación, que los individuos con un rasgo diferente (Losos *et al.*, 2014: p. 194).




<sup>25</sup> **Selección artificial.** También llamada selección fenotípica. Una forma de selección en donde el ser humano escoge individuos con ciertos rasgos deseados, produciendo una descendencia con mejores rasgos fenotípicos (Losos *et al.*, 2014: p. 436)



Cuadro 1. Características Generales de las Razas Ovinas en México

Raza	Tipo	Finalidad de Explotación	Origen	Características Zootécnicas más destacadas	Efigie	Localización
<b>Black Belly</b>	Pelo	Materno	Descendiente de la raza española, Churra y de las razas africanas del oeste (Gordon <i>et al</i> , 2017).	Adaptación a climas tropicales. Resistente a parásitos. Rusticidad, Prolificidad, No estacional, Excelente Habilidad Materna. Talla Media. Peso=♀40-45 kg, ♂ 60-80 kg.	 <b>Black Belly</b>	Diseminada por toda la República Mexicana
<b>Katahdin</b>	Pelo	Materno	Islas de Maine (EUA). Experimentación de Selección Artificial (años 50's) por Michael Piel Cruzas de ovinos de pelo (pelaje, proliferación, robustez) con ovinos lanares (tipo de carne y velocidad de crecimiento).	Prolificidad, Habilidad materna, buena producción de leche. Resistencia a parásitos. Tolerancia al calor. Producción de carne magra. Buena ganancia de peso postdeste. Talla mediana musculosa. Peso=♀60-75 kg, ♂ 120-130 kg.	 <b>Katahdin</b>	Diseminada por toda la República Mexicana
<b>Dorper</b>	Pelo	Materno/Paterno	Desarrollada en Sudáfrica desde 1930 resultante del cruzamiento de las razas Dorset Horn y Black Head Persian. Importación: Canadá y Estados Unidos.	Adaptación a climas templados, fríos, secos, tropicales. Alto instinto materno. Introducción para mejorar las razas "criollas" Bajo mantenimiento. Carne Magra. Peso=♀80-95 kg, ♂ 120-130 kg.	 <b>Dorper</b>	Diseminada por toda la República Mexicana
<b>Pelibuey</b>	Pelo	Materno	Su antecesor es de origen africano; a México pasó por la Península de Yucatán, previa difusión por las Islas del Caribe (Cuba).	Variedades: canelo, blanco y pinto. Raza materna para cruzamientos. Rusticidad, Prolificidad, Ciclo reproductivo abierto. Ideal para la producción intensiva de carne. Adaptación a climas tropicales y subtropicales. Peso=♀50-60kg, ♂ 85-100 kg.	 <b>Pelibuey</b>	Diseminada por toda la República Mexicana
<b>Dorset</b>	Lana	Paterno	Origen incierto, se cree que sea de Inglaterra, producto de la cruce de ovinos de la raza merino con la	Producción de corderos. No estacionalidad. Esquema de cruzamiento: primero y terminal. Tamaño mediano. Lana blanca.		Hidalgo Estado de México Jalisco Chiapas Aguascalientes Tlaxcala Guanajuato

			<p>raza encornada de Gales, durante la época que España intentó conquistar Inglaterra.</p> <p>En América llegaron los Dorsets al estado de Oregón en los Estados Unidos, procedentes de Inglaterra por los años 1860 y el 21 de mayo de 1891 se funda la organización de criadores de ovinos Dorset con cuernos (Horned Dorset sheep breeders of América).</p>	<p>Musculoso. Buena conformación cárnica.</p> <p>Elevado Instinto materno.</p> <p>Peso=♀60-70kg, ♂ 120-160 kg.</p>	 <p><b>Dorset</b></p>	
<b>Hampshire</b>			<p>Durante el siglo XVII y producto de la cruce de Berkshire Knot, Wiltshire Horn, <i>Cotswold</i> y <i>Southdown</i> con ovejas locales del condado de Hampshire, es reconocida como raza en 1889 y clasificada como de lana. Especializada en la producción de corderos, llegó a América en 1880, junto con la raza <i>Suffolk</i> y <i>Dorset</i>, como una de las razas más populares para producción de carne.</p>	<p>Tamaño medio-grande, de cara negra, lana blanca.</p> <p>Producción de lana: 5.5-6 kg en ♂.</p> <p>Desarrollo en regiones templadas y frías.</p> <p>Rusticidad.</p> <p>Alta velocidad en ganancia de peso.</p> <p>Raza terminal en razas de pelo (Jalisco, Tamaulipas, Yucatán).</p> <p>Estacionalidad corta.</p> <p>Peso=♀ 70-90 kg, ♂ 100-135 kg.</p>	 <p><b>Hampshire</b></p>	<p>Estado de México Veracruz Querétaro Distrito Federal Hidalgo Puebla Tlaxcala</p>
<b>Rambouillet</b>	Lana	Materno/ Paterno	<p>Raza de origen ibérico, resultado de la cruce del Merino Vermont tipo C (liso) y de los Ohio y Delaine. Se adapta a climas extremos, desérticos y semidesérticos.</p>	<p>Prolificidad.</p> <p>Adaptación a regiones áridas.</p> <p>Lana Fina-Media 19-22 micras.</p> <p>Rendimiento del 62-66%.</p> <p>Rusticidad.</p> <p>Capacidad reproductiva en condiciones adversas.</p> <p>Peso=♀ 70-80 kg, ♂ 120-150 kg.</p>	 <p><b>Rambouillet</b></p>	<p>San Luis Potosí Guanajuato Durango Zacatecas Coahuila Hidalgo</p>

<b>Romanov</b>	Lana	Materno	Raza originaria de Rusia, de la región situada en el Valle del Volga. Se adapta a climas extremos, desérticos y semidesérticos.	Excelente Prolificidad. Uso en programas de cruzamiento. Adaptación a todo tipo de clima,  Peso=♀ 50 kg, ♂ 80-90 kg.	 <b>Romanov</b>	Estado de México Querétaro Hidalgo Guanajuato
<b>Suffolk</b>	Lana	Paterno	Originaria de los condados de Norfolk, Cambridge, Esex y Suffolk, al suroeste de Inglaterra, formada a partir de cruzamientos de carneros Southdown con ovejas salvajes de Norfolk.	Talla grande. Conformación musculosa. Canal magra. Vellón sin lavar 6-7 kg. Raza terminal es esquemas de cruzamiento. Alta Prolificida.  Peso=♀ 60-80 kg, ♂ 100-120 kg.	 <b>Suffolk</b>	Estado de México Hidalgo Querétaro Morelos Aguascalientes Veracruz Jalisco Chihuahua Distrito Federal
<b>Charollais</b>	Lana	Paterno	A principios del siglo XIX, en Francia se cruzó la raza local <i>Landrace</i> con la <i>Leicester</i> , de lana larga, para crear una oveja con carne de las mejores características. Iniciada en 1897, la <i>Charollais</i> fue mejorada aún más en el Reino Unido y exportada a Canadá desde 1994 como embrión para trasplante.	Excelente ganancia de peso y calidad de la canal. Manejo en estabulación y pastoreo. Buen promedio de fecundidad. Lana corta y gruesa (29 micras). Peso=♀ 80-100 kg, ♂ 110-140 kg.	 <b>Charollais</b>	Querétaro Hidalgo Jalisco
<b>East Friesian</b>	Lana	Materno	Raza originaria de la provincia de Friesland, Holanda, y East Friesian, Alemania. Principal raza en Francia y Alemania, aunque también existe en Austria y Suiza. Su llegada a América se dio vía Canadá en	Talla grande. Altamente Prolífica y Fértil. Precocidad. Alto instinto materno. Peso=♀ >70kg, ♂ 90-120 kg.		Querétaro Guanajuato Jalisco Hidalgo

1996, a México en 1997.



*East Friesian*

**Texel**

Lana

Paterno

Origen en Holanda, resultado de la cruce de varias razas como Leicester y Lincoln con la raza local ahora conocida como viejo Texel.

Prolífica.  
Vellón blanco cremoso.  
Lana gruesa (38-42 micras).  
Tamaño grande.  
Peso=♀ >70kg, ♂ 120 kg.



*Texel*

Querétaro  
Estado de México  
Jalisco

I

**“Criollo” de Chiapas**

No aplica

Lana  
(Artesanías)/  
Cárnica  
(Autoconsumo)

Raza desarrollada en el estado de Chiapas, proveniente de diversas razas traídas a México durante la Conquista y la Colonia, lleva más de 400 años de selección empírica por los pastores

Alta adaptabilidad a las condiciones climáticas, vegetación y altitud de Chiapas.  
Alta tasa de supervivencia.  
Chiapas blanco: Tamaño mediano (Peso= 27.8 kg), vellón de color blanco con manchas definidas de color negro alrededor de los ojos,  
Chiapas negro: Tamaño mediano (Peso= 28 kg), La piel y el vellón son de color negro uniforme, con un mechón blanco en la parte alta de la cabeza y en el extremo distal de la cola.  
El máspreciado por la población indígena es el vellón negro y largo.  
Chiapas café: Tamaño mediano (Peso= 25.3 kg).




*Ovino “Criollo” de Chiapas*

Chiapas  
Otro tipo de ovino “Criollo” se encuentra en:  
Estado de México  
Puebla  
Tlaxcala  
Hidalgo  
Oaxaca y Veracruz

---

La piel es pigmentada en colores que van de amarillo claro a café oscuro; su lana es color cremoso, con cantidades variables de fibras cafés o negras.

---

<b>Criollo</b>	No aplica	Cárnica (Ahorro/Autocoseguro)	Origen desconocido. Por lo regular son cruces indefinidas de ovinos criollos con ovinos encastados de Rambouillet, Hampshire, Suffolk y Dorper	No hay registros de indicadores reproductivos, productivos, tecnológicos y de salud.		Diseminado por todo el país, sobre todo en las comunidades más marginadas.
----------------	-----------	----------------------------------	--	--	---	--

**Ovino "Criollo"**

---

### **2.3. Producción ovina en México**

México cuenta con una gran diversidad de climas que van desde el templado hasta el cálido al muy seco. También tiene una orografía muy accidentada y heterogénea, con diferentes tipos de suelo y presenta una tremenda pluralidad socioeconómica, con niveles de educación muy distintos e ingresos económicos muy desiguales, aun dentro del mismo medio rural (CENID, 2013).

El inventario de ganado ovino en el país se incrementó 25% entre 2003 y 2013, alcanzando 8.5 millones de cabezas en 2013 y se estima que en 2014 llegó a 8.6 millones. Las importaciones de ovinos son principalmente para abasto y en el año 2014 alcanzaron las 23 mil cabezas con un valor de 3 millones de dólares. En tanto que las exportaciones no son significativas. México produjo en 2014 alrededor de 58 mil toneladas de carne de ovino y casi 5 mil de lana sucia. Todas las entidades del país producen carne de ovino, sin embargo, Hidalgo y el Estado de México son los de mayor importancia, ya que participan con el 27.3% del volumen y 32.2% del valor generados. En el caso de la lana, sólo doce entidades son productoras, siendo Zacatecas, Chiapas, Hidalgo, el Estado de México y Michoacán las que aportan el mayor valor generado (69.1%), con una participación en el volumen total de 77.4% (FND, 2015).

Los modelos productivos prevalecientes, en su mayoría, son rebaños con índices de producción deficientes y muy poco interés de los productores en constituir una empresa económicamente redituable; sin embargo, es reconocida como una actividad importante dentro del subsector ganadero por el alto valor que representa, al constituir un componente beneficioso para la economía del campesino de escasos recursos, y por tener sus productos una gran demanda entre la población urbana, principalmente en las grandes ciudades como el Distrito Federal y su área conurbada del estado de México, Guadalajara y Monterrey (CENID, 2013).

En la actualidad, de manera práctica, es factible vislumbrar 3 tipos de sistemas de producción ovina, en México: 1) Tradicional o Social. Mayoritario en México, consiste en reducido número de cabezas de ovinos. Los ovinocultores de este sistema, sólo logran un

beneficio de ahorro-autoconsumo. Los productores dependen de los pastizales nativos, cuya calidad y cantidad varía a lo largo del año, para la alimentación de su rebaño. Se emplean técnicas tradicionales de producción, como el empadre continuo, cruzamientos entre animales ya muy emparentados, no hay destete de las crías y los sistemas de producción se basan en aspectos fenotípicos. 2) Empresarial. Sistema minoritario dedicado a la producción de animales para el abasto y generadores de pie de cría, con buena calidad genética de grandes rebaños y donde se pretende una utilidad financiera. Los ovinocultores son personas con gran poder económico o político, reciben asistencia técnica especializada y poseen una infraestructura funcional donde se llevan a cabo técnicas de vanguardia. 3) Transición o Intermedio. Tiene el objetivo zootécnico de producir corderos para el abasto de carne, es representado por ovinocultores que han heredado un sistema tradicional o tienen un estado económico óptimo además de una actitud abierta a las tecnologías zootécnicas para lograr una producción eficiente. Este tipo de sistema es poco numeroso en el país, pero de alguna manera puede servir para lograr una mayor oferta ovina en el mercado nacional. Estos sistemas productivos se pueden desarrollar en estabulación, pastoreo o en combinación de estas modalidades (Cuéllar y col., 2012: p. 18-20).

En México los sistemas de producción más redituables, son los empresariales, pues son los que generan recursos económicos. Estos sistemas intensivos participan en la cadena de producción-consumo, tienen mano de obra, cuentan con asesoría técnica y reciben apoyos gubernamentales, generando así un producto de "buena calidad". La mayoría de las razas que se usan son extranjeras (FND, 2015).

Los sistemas tradicionales, se encuentran fuera de la economía formal, por lo que no participan en la cadena de producción ni tienen acceso al crédito, se manejan con mano de obra familiar. En el día se pastorean los animales en terrenos comunales de áreas federales y en propiedades desatendidas. Por la noche se protegen los rebaños en el traspatio, donde se les proporciona residuos de cosechas y subproductos agrícolas, emplean métodos clásicos que se transfieren de padres a hijos y la "calidad del producto es muy irregular". Casi la totalidad de la producción es destinada al consumo familiar, comúnmente, en celebraciones o fiestas religiosas, con alguna venta ocasional de animales en pie. Los genotipos más usados en estos sistemas son criollos, que proceden de los grupos genéticos

traídos por los españoles y que se han ido mezclando indistintamente con varias razas introducidas más recientemente, tanto de pelo como de lana (FND, 2015).

La comercialización del ganado ovino en México todavía se da, en algunos casos, a través de la compra de animales por pieza o, mejor conocido, a bulto, método que resulta desventajoso para el ovinicultor, pues se subestima el peso y la calidad del animal ofertado. Afortunadamente, la comercialización de los ovinos se está realizando con mayor frecuencia mediante el pesado de los animales en el lugar de crianza (FND, 2015). Los ovinos se pueden clasificar de acuerdo con la finalidad de su explotación: Producción de carne. - Producción de lana. - Producción de leche. - De doble propósito. Actualmente, en México la tendencia es desarrollar animales de conformación cárnica, buscando las formas amplias y perfiles convexos, dejando atrás los animales esbeltos, de hueso fino, formas alargadas, de lomos cortos y piernas pobres (CENID, 2013).

## **2.4. Generalidades de la complejidad en la conservación genética ovina**

La aparición y formación de las razas ganaderas ha estado, desde siempre, dirigida por el hombre. La deriva genética, y sobre todo la selección artificial llevada a cabo con objetivos productivos económicos, culturales y regiones geográficas diferentes, han dado lugar a poblaciones de animales y razas diferentes (Jornada 2013). La diversidad genética de los animales de granja se refiere a una extensa variación genética dentro y entre razas y subespecies. El mantenimiento de la variación genética es un requisito importante para las estrategias futuras de mejoramiento animal, apareamiento controlado y adaptación a los cambios ambientales (Lenstra y col., 2011).

El elevado número de razas ganaderas empezó a declinar a mitad del siglo XX con la llegada de la intensificación ganadera y los nuevos sistemas de producción animal, aún más, en las últimas décadas, con la imparable globalización de la ganadería. Por lo que, surgen preguntas importantes: ¿Aún las poblaciones locales de ganado y sus sistemas tradicionales de producción podrán existir en un mundo cada vez más globalizado?, ¿Se



deben mantener las razas locales como poblaciones competitivamente productivas? Si se pueden conservar, entonces ¿Qué pueden aportar social y económicamente? Las respuestas son complejas cada gremio multidisciplinario (productores, científicos, economistas, médicos veterinarios, políticos, etc.) tienen un punto de vista, en base a razonamientos y evidencias, a favor o en contra de ello (Jornada 2015).

Sin embargo, la diversidad genética de las especies del ganado tiene un interés científico considerable para entender la variación fenotípica y la reconstrucción de la historia ganadera. El interés en la conservación de las razas locales o “criollas” de ganado ha aumentado en los últimos 25 años en respuesta a la expansión razas extranjeras de alta productividad a expensas de las razas locales (Lenstra y col., 2011); (Taberlet y col., 2007).

La caracterización genética molecular de las poblaciones de ganado, se ha convertido en un campo activo de exploración tratando de responder a las siguientes cuestiones: 1. ¿Cuáles son los ancestros “salvajes” y en dónde iniciaron los eventos de domesticación del ganado?, 2. ¿Cuáles son los patrones maternos, paternos y la diversidad autosómica en espacio y tiempo, que nos abre el panorama sobre la evolución y la historia demográfica del ganado?, 3. ¿Cuáles son los *loci* genéticos asociados a la variación fenotípica de los domésticos? y 4. ¿Cómo debemos mantener la diversidad genética en nuestras razas ganaderas?. Los avances en las tecnologías genómicas están abriendo nuevos horizontes de entendimiento para dar respuestas a estas preguntas (Lenstra y col., 2011).

La Genética de la Conservación, aplica los conceptos y herramientas genómicas para solucionar los problemas de la conservación biológica. La FAO desde los años 70 intenta consolidar programas mundiales de preservación a largo plazo de los recursos genéticos porque las necesidades alimentarias futuras son impredecibles (Taberlet y col., 2011). La gestión racional de la biodiversidad agrícola supone un reto cada vez mayor para la comunidad internacional. El sector ganadero en particular está cambiando drásticamente conforme se generaliza la producción a gran escala, como respuesta a la creciente demanda de carne, leche y huevos. Para la adaptación y el desarrollo de los sistemas de producción agropecuarios, es crucial contar con información amplia y sistematizada de los recursos zoogenéticos. El cambio climático y la aparición de nuevas enfermedades

animales virulentas enfatizan la necesidad de mantener esta capacidad de adaptación (FAO 143, 2010).

Para cientos de millones de familias pobres en áreas rurales, el ganado continúa siendo un activo fundamental que, con frecuencia satisface diversas necesidades y constituye la base del sustento en algunos de los entornos más inhóspitos del mundo. La producción ganadera contribuye de forma crucial en el sustento y la seguridad alimentaria, así como en el cumplimiento de los Objetivos de Desarrollo del Milenio de la Organización de Naciones Unidas. Su relevancia será creciente en las próximas décadas. Sin embargo, la diversidad genética aún está amenazada. La tasa estimada de extinción de razas es alarmante, pero todavía lo es más que, se estén perdiendo recursos genéticos de los que no se dispone información, antes de que se puedan estudiar sus características y evaluar su potencial. Se requieren esfuerzos intensos para conocer, establecer prioridades y proteger los recursos zoogenéticos mundiales para la agricultura y la alimentación (FAO iii, 2010).

Se deben establecerse modelos sostenibles de utilización de estos recursos. Los pequeños ganaderos tradicionales, a menudo pobres y en entornos marginales, son quienes han administrado una gran parte de nuestra diversidad zoogenética. Es importante no ignorar su papel ni desatender sus necesidades. Son necesarios acuerdos que aseguren la distribución equitativa de los beneficios y el amplio acceso a los recursos genéticos. Es crucial el establecimiento de un marco internacional para la ordenación de estos recursos (FAO iii, 2010).

La proporción de razas de ganado que, en el mundo, están clasificadas como en peligro de extinción aumentó del 15 al 17 por ciento entre 2005 y 2014. Por otro lado, para un 58 por ciento de las razas se desconoce su estado de riesgo al no disponerse de datos poblacionales recientes. Es, por tanto, posible que se esté subestimando el número de razas amenazadas. El seguimiento de la evolución de las poblaciones es un prerrequisito para una actuación pronta y eficaz con el fin de salvar las razas de la extinción. La erosión de la diversidad intrarracial puede convertirse en un problema, incluso en aquellas razas que mantienen un elevado censo total de población.

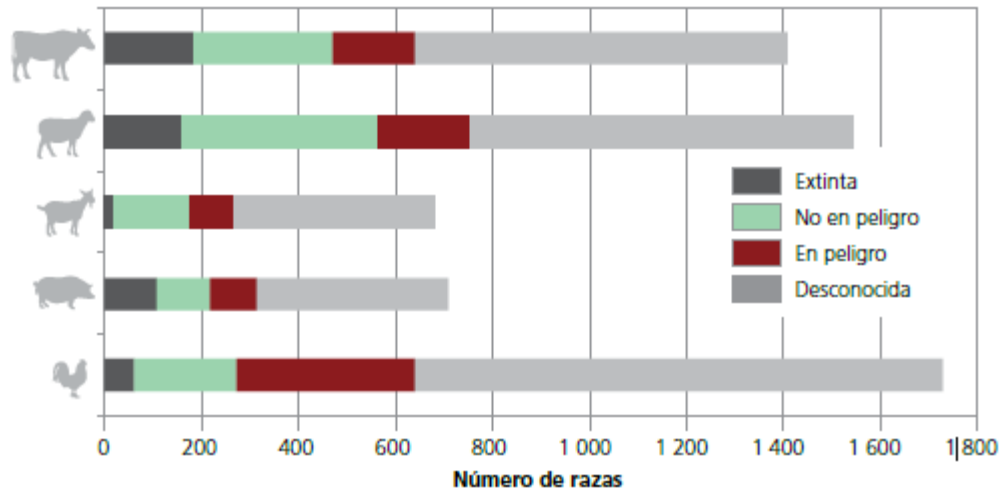
La evaluación del estado de riesgo de razas o poblaciones de ganado es un elemento importante en la planificación de la gestión de los recursos zoogenéticos. El estado de riesgo de una raza informa a todas las partes interesadas sobre si deben emprenderse acciones, y con qué urgencia. Calcular de manera precisa los grados de riesgo no es empresa fácil, ya que incorpora factores tanto genéticos como demográficos (ver cuadro 2).

**Cuadro 2.** Categorías de riesgos establecidas por la FAO (FAO, 2015)

<b>Categoría de riesgo</b>	<b>Nº de animales Hembras</b>	<b>Nº de animales o/y</b>	<b>Nº de animales Machos</b>	<b>Total reproductores</b>	<b>Criterios adicionales</b>
<i>Extinto</i>	0	o	0		Imposible regenerar la producción de reproductores
<i>Crítico</i>	menor o igual a 100	o	menor o igual a 5	o menor o igual a 120 y disminuyendo y < del 89% de reproductores puros	
<i>Crítico-mantenida</i>	menor o igual a 100	o	menor o igual a 5	o menor o igual a 120 y disminuyendo y < del 80% de reproductores puros	Crítico + programa de conservación en marcha
<i>Amenazado</i>	menor o igual a 1.000	o	menor o igual a 20	o entre 81 y 99 y aumentando y > del 80% de reproductores puros o entre 1.001 y 1.200 y disminuyendo y < del 80% de reproductores puros	
<i>Amenazado-mantenida</i>	menor o igual a 1.000	o	menor o igual a 20	o entre 81 y 99 y aumentando y < del 89% de reproductores puros o entre 1.001 y 1.200 y disminuyendo y < del 80% de reproductores puros	Amenazado + programa de conservación en marcha
<i>No en riesgo</i>	menor o igual a 1.000	y	>20	o > 1.200 y aumentando	No se aplican otras categorías

Las acciones para prevenir la erosión genética y la extinción serán más eficaces cuanto mejor se comprendan los factores que las causan. Si bien existe un amplio consenso entre las partes interesadas en cuanto al conjunto de factores que pueden constituir una amenaza potencial para los recursos zoogenéticos, el alcance de estas amenazas y los modos en

que se combinan llegando a afectar a razas concretas en circunstancias específicas siguen estando, por lo general, poco claros (FAO,2015), (ver figura 12).



**Figura 12.** Esquema representativo de la situación de las razas de ganado en el mundo (FAO, 2015)

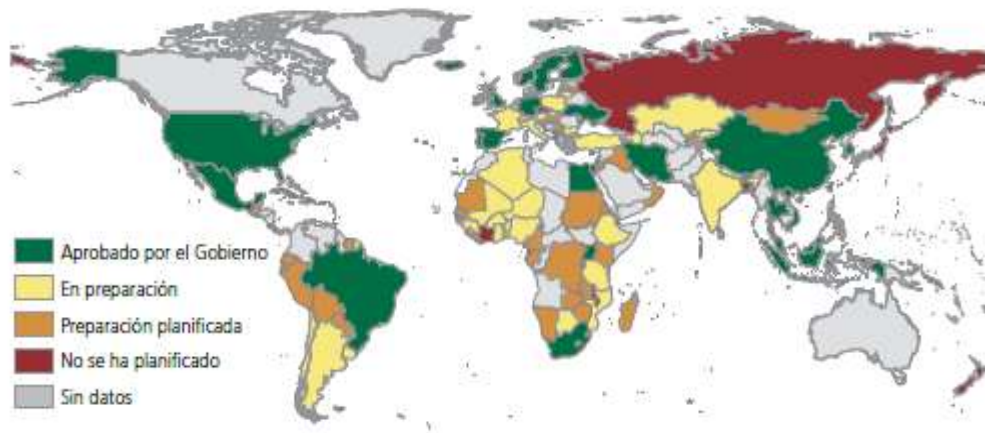


**Figura 13.** Principales amenazas identificadas para los recursos zoogenéticos (FAO,2015)

Los factores económicos, sociales, culturales, técnicos y políticos están induciendo cambios en el sector ganadero que afectan a la gestión de los recursos zoogenéticos. Muchos países creen que, en los próximos años, estos efectos serán aún mayores de lo que han sido en el pasado reciente. El incremento en la demanda de alimentos de origen animal sigue planteando grandes desafíos para la utilización sostenible de los recursos zoogenéticos. Está previsto que Asia meridional y África se conviertan en los principales centros de

aumento del consumo de carne y leche. Estas regiones, que están muy limitadas en recursos, son el hogar de un gran número de pequeños ganaderos y pastores y acogen una gran diversidad de recursos zoogenéticos (FAO,2015), (ver figura 13).

Todavía es necesario reforzar las capacidades en la gestión de los recursos zoogenéticos. Muchos países, entre ellos México, han manifestado que sus capacidades para la gestión de los recursos zoogenéticos han mejorado desde 2007, año en que se adoptó el Plan de Acción Mundial sobre los Recursos Zoogenéticos de la FAO. Sin embargo, siguen dándose muchas debilidades, sobre todo en regiones en desarrollo. Muchos países señalan que las mejoras se ven mitigadas por la falta de recursos financieros (FAO, 2015), o mejor dicho en nuestro país por la descomposición económica administrativa, la falta de comunicación y homogenización de criterios, entre el gremio ganadero (FAO, 2015), (ver figura 14).















**Figura 14.** Estado de las estrategias y planes de acción nacionales para los recursos zoogenéticos (FAO, 2015)

112 países han hecho saber que han preparado, están en proceso de preparación o tienen previsto preparar estrategias y planes de acción nacionales para los recursos zoogenéticos. A nivel internacional, la importancia de los recursos genéticos para la alimentación y la agricultura, incluidos los recursos zoogenéticos, ha sido subrayada en varios acuerdos e iniciativas capitales, entre los cuales el Plan Estratégico para la Diversidad Biológica 2011-2020 y las Metas de Aichi del Convenio sobre la Diversidad Biológica, y los Objetivos de Desarrollo Sostenible post-2015 (FAO, 2015). Las instituciones involucradas en México

sobre la implementación de estos lineamientos internacionales son: SEGOB, SAGARPA (DGSV, CONAZA), CIBIOGEM, CONANP, CONABIO, CONAGUA y la CONAFOR.

En el quinto informe Nacional de México ante el Convenio sobre la Diversidad Biológica, 2014, de las 20 metas de Aichi de interés agropecuario se evaluaron las siguientes finalidades descritas en el cuadro 3:

**Cuadro 3.** Metas de Aichi de interés agropecuario (Modificad de CONABIO, Quinto Informe Nacional de México ante el Convenio sobre Diversidad Biológica, 2014)

Meta de Aichi	Tendencia	Observaciones
 <p>Para 2020, a más tardar, las personas tendrán conciencia del valor de la diversidad biológica y de los pasos que pueden seguir para su conservación y utilización sostenible.</p>		<ul style="list-style-type: none"> <li>γ Es necesario generar y recopilar periódicamente información que permita desarrollar indicadores y establecer líneas base para la evaluación y el seguimiento del tema.</li> <li>γ Se debe fomentar una coordinación entre todas las instituciones que trabajan el tema de educación y cultura ambiental para lograr un trabajo articulado de mayor impacto.</li> </ul>
 <p>Para 2020, a más tardar, los valores de la diversidad biológica habrán sido integrados en las estrategias y los procesos de planificación de desarrollo y reducción de la pobreza nacional y local y se estarán integrando en los sistemas nacionales de contabilidad, según proceda, y de presentación de informes.</p>	<p>Sector Ambiental</p>  <p>Otros sectores</p> 	<ul style="list-style-type: none"> <li>γ En el sector ambiental el tema de la biodiversidad está contenido en todos sus programas y estrategias.</li> <li>γ En otros sectores se identifica una necesidad de fortalecer la presencia del tema en sus estrategias, programas e instrumentos de política.</li> <li>γ Se considera que se requiere mayor información sobre los impactos ambientales de las diferentes políticas sectoriales, en particular, las de los sectores productivos.</li> </ul>
 <p>Para 2020, a más tardar, se habrán eliminado gradualmente o reformado los incentivos, incluidos los subsidios perjudiciales para la diversidad biológica, a fin de reducir al mínimo o evitar los impactos negativos, y se habrán desarrollado y aplicado incentivos positivos para la conservación y utilización sostenible de la diversidad biológica de conformidad con el ODB y otras obligaciones internacionales pertinentes y en armonía con ellos, tomando en cuenta las condiciones socioeconómicas nacionales.</p>	<p>Incentivos del sector ambiental</p>  <p>Incentivos de otros sectores</p> 	<ul style="list-style-type: none"> <li>γ Se conocen los incentivos positivos que aplica el sector ambiental, pero no hay un análisis completo de los incentivos de otros sectores y sus impactos sobre el medio ambiente.</li> <li>γ Los subsidios a los insumos para la producción y los incentivos para las actividades extractivas requieren una evaluación más profunda de su impacto en la biodiversidad y los recursos naturales.</li> <li>γ Los incentivos positivos son muy localizados, mientras que los otros tienen una mayor cobertura a nivel nacional.</li> </ul>
 <p>Para 2020, a más tardar, los gobiernos, empresas e interesados directos, de todos los niveles, habrán adoptado medidas o puesto en marcha planes para lograr la sostenibilidad en la producción y el consumo y habrán mantenido los impactos del uso de los recursos naturales dentro de límites ecológicos seguros.</p>		<ul style="list-style-type: none"> <li>γ Se cuenta con una estrategia nacional de producción y consumo sostenible.</li> <li>γ Hace falta mayor información con respecto a los patrones de consumo de la población y a los impactos sobre la biodiversidad que tienen las principales cadenas de producción.</li> <li>γ Es una meta en la que se identifican más retos que logros, sin embargo, hay una percepción de mejora respecto al tema.</li> </ul>
 <p>Para 2020, se mantiene la diversidad genética de las especies vegetales cultivadas y de los animales en granjas y domesticados y de las especies silvestres emparentadas, incluidas otras especies de valor socioeconómico y cultural, y se han desarrollado y puesto en práctica estrategias para reducir al mínimo la erosión genética y salvaguardar su diversidad genética.</p>		<ul style="list-style-type: none"> <li>γ Se requiere generar, actualizar, sistematizar y divulgar información sobre las condiciones actuales del conocimiento y el estado de conservación de la diversidad genética en México.</li> <li>γ En los últimos años ha habido un esfuerzo institucional por establecer un marco normativo, es necesario desarrollar instrumentos de política, y fortalecer los mecanismos para garantizar la bioseguridad.</li> </ul>

México, cuenta con el Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios (CONARGEN), organismo que en conjunto con SAGARPA han publicado el Programa Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios, cuyos objetivos y metas son viables con los programas internacionales, pero la ejecución es muy ambigua y contradictoria para la conservación de los recursos zoogenéticos. Por ejemplo. El objetivo d) “Promover el mejoramiento genético de los recursos pecuarios, para garantizar que los sistemas de producción cuenten con solidez y sean competitivos en los mercados internacionales” (SAGARPA, 2014). En 2013, SAGARPA y CONARGEN firman un convenio de 48 millones de pesos para mejorar la calidad genética del ganado bovino, ovino y caprino, mediante la certificación genética para garantizar que un animal sea puro, permitiendo que sea una fuente de distribución en la comercialización de semen y embriones, en el Centro de Desarrollo Ovino Integral “Texcaltitla”, Siguilucan Hidalgo, con el Programa Nacional de Inseminación (SAGARPA, 2013).

Hasta ahora, el Organismo de la Unidad Nacional de Ovinocultores (UNO), ha gestionado un programa de Paternidad, con los siguientes” avances”, descritos en el cuadro 4:

**Cuadro 4.** Avances del Programa de Paternidad (UNO, CONARGEN, 2015)

Asociación	Enviados	Reportados	Enviados a Laboratorio
	TSU	TSU	TSU
<b>Tulancingo</b>	4,355	2,647	1,604
<b>Umán</b>	2,792	141	0
<b>Papaloapan</b>	25	22	0
<b>Querétaro</b>	2,735	0	0
<b>Tlaquepaque</b>	2,020	545	0
<b>Valle del Yaqui</b>	195	0	0
<b>Nuevo León</b>	1,527	0	0
<b>Sur de Tamaulipas</b>	200	0	0
Total	<b>13,846</b>	<b>3,355</b>	<b>1,604</b>

También han tipificado algunos sementales de las razas: Suffolk, Dorset, Hampshire, Dorset, Katahdin, Black Belly, Dorper Blanco y han desarrollado un Software Oficial para el Control Genealógico y Productivo *OvisWebs* con costos de licencias para su utilización (UNO, 2016).



Sin embargo, el objetivo c) "Organizar y establecer en su caso, una base de datos de los recursos genéticos pecuarios nacionales, que permita la caracterización de especies y razas para diseñar estrategias de conservación en el contexto de sistemas de producción sustentables" (SAGARPA, 2014). Actualmente, dicha base de datos sigue en la siguiente condición, según el cuadro 5.

**Cuadro 5.** Información relacionada con la utilización de los recursos genéticos ovinos en México (Programa Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios, 2014)

Razas	Grado de uso						Tendencia de tamaño poblacional	Grado de caracterización								Grado de Utilización							
	VE	MU	U	PU	R	P		I	EB	DG	ERC	RG	RP	PC	Blup	EM	S	C	IA	IE	OM	FMD	FMI
Black Belly	L			X			E	X		X	X					+	+						
Columba	E			X			E	X			X					+	+						
Dorper	E			X			A										+	+	+	+			
Dorset	L			X			E	X			X		X			+	+						
Hampshire	L	X					A	X		X	X		X			+	++	+	+				
Kalahoin	E			X			A	X								+	+	+	+				
Merino	L			X			D																
Pelibuey	L	X					A	X		X	X		X			+	++		+				
Poly Pay	E			X			D																
Rambouillet	L		X				D	X		X	X		X			+	++						
Romano	E			X			E																
Saint Croix	E			X			A	X			X												
Suffolk	L	X					A	X		X	X		X			+	++	+	+				
Wiltshire	E																						
<b>Otras</b>																							
Ile de France	E			X			A										+	+	+				
Charolais	E			X			A										+	+	+				
East Friesian	E			X			A										+	+	+				
Texel	E			X			A										+	+	+				
Corriedale	L			X			D	X		X							+						
Cornub	L	X					D	X								+	++				+		

∇ Adecuación (L=localmente adaptadas; E=exóticas).

∇ Grado de Uso (MU=muy usadas; U=moderadamente usadas; PU=poco usadas; R=en riesgo; P=pérdidas en los últimos 50 años).

∇ Tendencia en tamaño de la población I (D= descendente; E= estable; A= ascendente).

∇ Grado de caracterización (EB= estudios básicos descriptivos; DG= distancias genéticas; ERC= evaluación de razas y cruces; RG= bases de datos de registros genealógicos; RP= bases de datos de registros productivos; PC= participación en pruebas de comportamiento; Blup= evaluación genética con modelos mixtos o modelo animal; EM= evaluación molecular).

∇ Grado de utilización (S= selección de reproductores; C= cruzamiento; IA= inseminación artificial; TE= transferencia de embriones; OM= definición de objetivos de mejoramiento; FMD= programas de mejora genética diseñados; FMI= programas de mejora genética implementados).

Donde las DG (Distancias Génicas) y EM (Evaluación Molecular) aún no han sido caracterizadas. Desde 1996, cuando la FAO creó el Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (DAD-IS), México pese a sus “logros” en el sector ganadero ovino, no ha dado a conocer datos básicos importantes sobre las 25 razas registradas en esta base de datos (DAD-IS-FAO, 1996). Por lo anterior, México sufre de las 8 principales amenazas para los recursos zoogenéticos, (Ver Figura 16). Aún con la falta de conocimiento de la diversidad ovina, desde el punto de vista de la genética molecular y de la genética cuantitativa poblacionales; las herramientas biotecnológicas como la inseminación artificial (IA), son utilizadas indiscriminadamente. En 2016, SAGARPA y CONARGEN tienen la meta de “inseminar 600 mil borregas para el mejoramiento genético del rebaño nacional, lo que beneficiará la calidad e inocuidad de este tipo de productos en favor de los consumidores (SAGARPA, 2016).

Antes de la publicación de la estructura molecular del ADN (Watson y Crick, 1953), desde 1950, se discute la disminución de la variabilidad genética (*medida de la tendencia de los genotipos de una población a diferenciarse*), bajo la influencia de la inseminación artificial en una población, como consecuencia del uso de un pequeño número de animales como progenitores paternos y la pérdida del vigor acompañada del fenómeno de la endogamia y la reducción genética de las unidades reproductivas en relación al radio macho-hembra, los cuales tienen que ser sopesados frente a los beneficios de la superioridad genética de los padres seleccionados (Rabasa 1950).

Según la FAO, la IA se realiza extensamente en América Latina y el Caribe. En el caso de los ovinos existen informes donde se mencionan la introducción de razas exóticas por este método. Hay pocos reportes sobre investigaciones moleculares de distancias génicas previas a la práctica de la IA (FAO, 2016). La IA debe ser un recurso utilizado de manera consciente siempre y cuando se fundamente con conocimiento previo: 1. Tipo de sistema de producción 2. Objetivos y Metas de Producción 3. Colección de Información (fenotipos, genotipos, relaciones familiares) 4. Determinación del criterio de selección (modelo genético, estimación del valor de la raza); durante: 5. Selección y empadre (respuesta predictiva de selección y consecuencias de la decisión del empadre); posterior: 6. Diseminación (Estructura del programa de empadre y de cruzamiento de razas) 7. Evaluación (mejoramiento genético y diversidad genética), (Oldenbroek y col., 2015).

## **2.5. mtADN: marcador molecular como herramienta para explorar la diversidad genética ovina**

La diversidad genética representa la presencia de las diferencias en las secuencias de ADN y de los efectos ambientales dentro de las especies y poblaciones. Las variaciones en el ADN son mutaciones resultantes de los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), inserciones o delaciones de fragmentos de ADN de diversas longitudes (desde uno a varios miles de nucleótidos), o duplicaciones o inversiones de fragmentos de ADN. Las variaciones del ADN se clasifican como “neutras” cuando no originan cambios en los caracteres metabólicos o fenotípicos, y por consiguiente no están sometidas a selección positiva, negativa o de reequilibrio; en caso contrario, se denominan “funcionales” (FAO, 2015).

Hoy en día, los polimorfismos basados en el ADN son los marcadores de elección para realizar estudios moleculares sobre la diversidad genética. Tiene gran importancia el hecho de que los marcadores de ADN polimórficos que muestran diferentes patrones de transmisión hereditaria, por lo que se puedan estudiar en las especies de ganado. Entre ellos, suelen contarse las secuencias de ADN mitocondrial (mtADN), los microsatélites (transmisión hereditaria paterna) y los microsatélites autosómicos (transmisión hereditaria biparental). Se han aislado muchos microsatélites autosómicos en la mayor parte de las especies de ganado (FAO, 2015).

Las técnicas moleculares han sido utilizadas para el análisis filogenético entre varias razas/poblaciones. Al comparar secuencias de ADN, se pueden dilucidar las relaciones evolutivas, los niveles de variabilidad y la subestructuración geográfica dentro y entre grupos de razas o población (Avisé *et al.*, 1987). De igual manera, estas herramientas moleculares permiten la identificación de genes implicados en un conjunto de caracteres, incluyendo los caracteres adaptativos, así como los polimorfismos que causan la variación genética funcional (QTL- Quantitative Trait Loci), (FAO, 2010).

La genética molecular del ganado doméstico ha sido objeto de intenso estudio en los últimos dos decenios. Además, la información molecular se está utilizando cada vez más en los

programas de conservación de razas y para mejorar nuestra comprensión del origen y domesticación del ganado (FAO, 2010).

Los estudios de la genética ovina empezaron en 1922, cuando Wodsedalek, reportó uno de los primeros cariotipos, informando que el número diploide de los ovinos domésticos era entre 33-34 cromosomas. En los años 1938 a 1943, Berry, Ahmed y Makino, gracias a nuevas técnicas citogenéticas, encontraron que los ovinos tienen 54 cromosomas en las células diploides ( $2n$ ) y 27 en células haploides ( $n$ ), (ver figura 15).



**Figura 15.** Cariotipo de *Ovis aries* (Modificado de Wodsedalek, 1922)

[Metafase de células en espermatogonia. Técnica convencional: Fijación con solución Champy's y mezcla Flemming's con ácido acético glacial. Tinción con Hematoxilina de Meidenhain's]

Con los avances tecnológicos de la biología y genética molecular, en 1996 Wood y Phua, secuenciaron la región control (1, 181 pb) del mtADN ovino. La secuenciación completa del mitogenoma ovino ( $\approx 16.6$  kb) fue realizada por Hiendleder *et al.* en 1998 y en 2010, el Consorcio Internacional Genómico Ovino secuenció el genoma nuclear ( $\approx 2.6$  Gb).

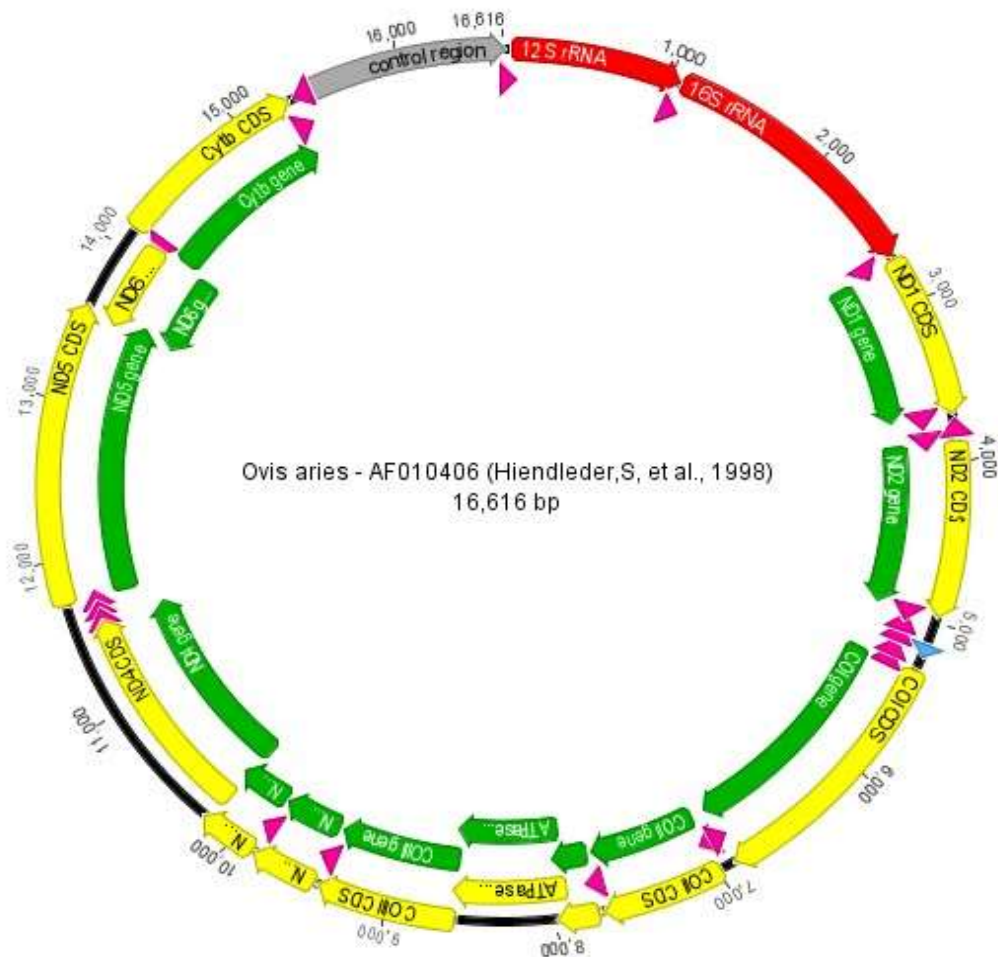
El DNA mitocondrial ovino (mtADN), (ver figura 16), es similar al de otros mamíferos, es una molécula pequeña de 16.7 kb, circular, bicatenario, las dos cadenas del mtADN reciben el

nombre de la cadena L (light) y cadena pesada H (heavy) según su coeficiente de sedimentación. La tasa de evolución del mtADN es aproximadamente de 5 a 10 veces más rápida que el DNA nuclear, además sus genes no se recombinan (Upholt *et al.*, 1977; Wallace *et al.*, 1987; Spikings *et al.*, 2006; Lynch *et al.*, 2008). El mtADN del reino animal es de estricta herencia materna y es muy variable dentro de una especie, por lo que es un material importante para la inferencia filogenética y para el análisis de la diversidad genética (Wolf y col., 1999).

La mayor parte de las secuencias codificantes se encuentran en la cadena H, excepto los genes ND6 y 8 genes tARN que son codificados en la cadena L. El mitogenoma contiene 13 genes que codifican para proteínas involucradas en la fosforilación oxidativa, 2 genes para ARN ribosomales (rARN), 22 genes para ARN de transferencia (tARN) y dos regiones no codificantes: el origen de replicación de la cadena L (OL), y la región control (RC), (Boore, 1999).

Todos los genes de las proteínas codificantes tienen 11, 373 pb, juntos codifican 3,805 aminoácidos. Un total de 13 marcos de lectura abiertos de las secuencias de las proteínas codificantes tienen un codón típico de inicio ATN. 7 genes utilizan la secuencia TAA como codón de terminación, mientras que los genes ND2 y Cytb usan TAG y AGA respectivamente. Además, se ha encontrado en cuatro genes (COX3, ND3, ND4 y ND6) con un codón de paro incompleto (Boore, 1999).

El mitogenoma de *Ovis aries*, contiene una pequeña subunidad 12S rARN (958 pb), y una subunidad grande 16S rARN (1,574 pb), y un juego de 22 genes tARN. Las subunidades ribosomales están localizadas entre los genes tARN-Phe y tARN-Leu y separadas por el gen tARN-Val. El tamaño total de todos los tARN es de 1,510 pb, en un rango desde 64 pb (tRNA-Phe) hasta 75 pb (tARN-Leu). El OL tiene un tamaño de 32 pb, localizado entre los genes tARN-Asn tRNA-Cys dentro del grupo WANCY (tRNA-Asn, tRNA-Cys, tRNA-Trp, tRNA-Ala and tRNA-Tyr). La región control (mtADN-CR) es de 1, 180 pb y está posicionada entre los tRNA-Pro and tRNA-Phe (Boore. 1999).



**Figura 16.** Molécula de mtADN ovino (Tomado de: Geneious v4.8, Heled y cols., 2017. Secuencia Ovis aries AF010406 (GenBank), Hiendleder y col., 1998)

La mtADN-CR es la mayor región no codificante del mtADN. En los mamíferos, la mtADN-CR está flanqueada por los genes tARN-Pro en el extremo 5' de la cadena L y por tARN-Phe en el extremo 3' de la cadena H. En estudios comparativos, Douzery y Randi (1997) y Saccone y col. (1991), demostraron que la mtADN-CR, de la mayoría de las especies, es una zona altamente estructurada formada por 3 bloques seriados conservados (CBS), 1 central altamente conservado y otros 2 más variables situados en los extremos izquierdo (5') y derecho (3'), (Zardoya *et al.*, 1995). La mtADN-CR ovina presenta características estructurales poco comunes, ya que sólo existe un dominio, CBS-1, altamente conservado,

en el extremo derecho, cercano al tARN-Phe. La CBS-1 ovina presenta una alta similitud con la CBS central de otros vertebrados superiores (Saccone y col., 1991).

Hiendleder *et al.*, 1998, demostraron que la longitud de la mtADN-CR ovina, es de 1,180 pb; organizada en 4 copias de motivos repetitivos en tándem, de  $\approx 75$  pb cercanas a la región del tRNA-Pro. De igual manera señaló, que la longitud del mitogenoma ovino no es absoluta, debido a la *heteroplasmia*<sup>26</sup> causada por la diferencia numérica, de los motivos repetitivos en tándem de 75 pb. A este tipo de variaciones en la longitud de la mtADN-CR, se les conoce también, como el Número Variable de Repeticiones en Tándem (mtVNTRs) del mtADN (Lunt *et al.*, 1998). Los mtVNTRs de  $\approx 75$  pb, se han localizado en el dominio izquierdo (5') de la mtADN-CR ovina, cerca de tARN-Pro.

Por otro lado, también se ha identificado otros motivos conservados en la mtADN-CR ovina, 10 terminaciones de secuencia asociadas (TAS), e hipotéticas estructuras secundarias estables, sustentadas por el polinucleótido conservado 5'-TACAT-3'. Ambos motivos están asociados en el arresto de la síntesis de la cadena H, en el dominio izquierdo (Zardoya y col., 1995).

La región control del mtADN, el citocromo b, así como el mitogenoma, han sido los marcadores moleculares para estudios de evolución, domesticación, estructura y diversidad genética (Tapio *et al.*, 2006; Kijas *et al.*, 2012; Lv *et al.*, 2015). Gracias a los estudios, de las regiones del mtADN ovino (CR mtDNA y Cyt B), se ha establecido el linaje materno genético ovino, identificándose 5 *haplogrupos*<sup>27</sup>, que van desde el HA hasta el HE en el mtADN. (Meadows *et al.*, 2007).

---

<sup>26</sup> **Heteroplasmia.** La heteroplasmia es definida, como la coexistencia de moléculas de mtADN normal y mtADN mutado. El nivel de la heteroplasmia varía entre células en el mismo tejido u órgano, de órgano a órgano dentro del mismo individuo y entre individuos del mismo linaje (Stewart & Chinnery, 2015).

<sup>27</sup> **Haplogrupo.** Grupo de *haplotipos* similares que comparten un ancestro en común con polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), (Arora *et al.*, 2015).

En décadas recientes, los notables avances analíticos en paleontología, arqueología y genética molecular han transformado la comprensión de los orígenes y expansión de los ovinos. Las investigaciones *filogeográficas*<sup>28</sup>, utilizando el mitogenoma completo, la mtADN-CR o incluso el citocromo B, han tratado de esclarecer la formación de los haplogrupos ovinos.

En 1996, Wood y Phua identificaron dos linajes de ovinos domésticos en Nueva Zelanda, y en 1998 Heindleder *et al.* caracterizó a éstos como de origen Asiático (*clado*<sup>29</sup> A) o Europeo (*clado* B), después de comparar la distribución de haplotipos de diferentes razas muestreadas en Alemania, Rusia y Kazajstán. En 2005, se reconoció un tercer clado, C, cuando Guo *et al.* y Pedrosa *et al.* (2005), muestrearon ovinos nativos de China y Turquía respectivamente. Se han reportado secuencias del clado C en baja frecuencia en ovinos nativos de Portugal (Pereira *et al.*, 2006), conjeturándose un flujo génico desde el Creciente Fértil a la Península Ibérica. Además, el clado C se ha observado que posee mayor diversidad genética que el clado A y B (Pedrosa *et al.*, 2005). El muflón europeo se asocia al clado B (Heindleder *et al.*, 2002). En 2006, Tapio *et al.* revelaron un cuarto clado matrilineal, D, descubierto en la secuencia de la región mtADN-CR en un ovino de la raza Karachai del norte del Cáucaso, tras observar que esta se agrupaba de manera diferente de los tres cladros antes definidos. En ese mismo año Meadows *et al.* encontraron el quinto clado ovino, E, en las razas ovinas contemporáneas, Tuj y Awassi, muestreadas en Turquía y en Israel.

La formación de los haplogrupos HA y HB, ocurrió al mismo tiempo, durante el proceso inicial de domesticación ovina (Tapio *et al.*, 2006), dichos grupos son comunes en Asia (HA) y Europa (HB). En México, sólo se ha hallado el haplogrupo HB (Ulloa-Arvizu *et al.*, 2009; Alonso *et al.*, 2017). Los otros haplogrupos, menos frecuentes son, el HC se encuentra a través de Euroasia, mientras que los HD y HE están restringidos geográficamente en el Medio Oriente (Lv *et al.*, 2015).

---

<sup>28</sup> **Filogeografía.** Es el análisis espacial de los linajes génicos para reconstruir la historia evolutiva de una especie (Avice 2008).

<sup>29</sup> **Clado.** Es una agrupación que contiene un antepasado común y todos los descendientes (vivos y extintos) de ese antepasado (Losos *et al.*, 2014: p. 51).



Las diferencias genéticas de los haplogrupos ovinos (HA-HE), se deben a la acumulación de varias mutaciones a través del mitogenoma. No obstante, las razas ovinas tienen una amplia distribución compartida de *haplotipos*<sup>30</sup>, a menudo incluyendo individuos de diferentes haplogrupos mitocondriales (Kijas *et al.*, 2012).

Existen 2 hipótesis del origen de formación de los haplogrupos ovinos. 1) Resultado de múltiples eventos independientes de domesticación de las variedades de las subespecies de *Ovis orientalis* (base genética de la domesticación ovina). 2) *Introgresión*<sup>31</sup> posterior de individuos salvajes a las poblaciones ovinas domesticadas, según la expansión de HC hace 4,500 años debido a un cruzamiento deliberada, natural e inducido por el hombre, entre las especies domésticas y salvajes, (Wood y Phua, 1996; Heindleder *et al.*, 1998; Luikart y col., 2001; Bruford *et al.*, 2003; Zeder y col., 2006; Lv *et al.*, 2015).

Medows y Kijas (2009) y Zhang *et al.* (2012), han encontrado que, los ovinos domésticos no sufrieron el proceso de introgresión. Aunque, se puede mencionar que la migración y la introgresión jugaron un papel paralelo pero simultáneo, en conformar la actual diversidad de razas ovinas (Tapio *et al.*, 2006).

Los centros de domesticación frecuentemente exhiben mayor variación genética dentro de las especies domésticas (Zohary 1996; Loftus *et al.*, 1999). En la ausencia de un flujo génico continuo, se podría esperar un decremento en la diversidad, a medida que la distancia aumenta del centro de origen de domesticación ovina (Creciente Fértil), (Tapio *et al.*, 2010; Rannamäe *et al.*, 2016). Este patrón se observa en el ganado bovino (Troy *et al.*, 2001) y aparentemente también en los ovinos (Bruford y Townsend, 2006). No obstante, Pereira *et al.*, 2006, revelaron una alta diversidad genética entre los ovinos y caprinos (Pereira y col., 2005) de Iberoamérica, por lo que no sostienen, la afirmación anterior.

---

<sup>30</sup> **Haplotipo.** Grupo de SNP que se heredan en bloque, por un solo parental y sin recombinación a través de las generaciones, también se le conoce como firma genética (Losos *et al.*, 2014: p. 97).

<sup>31</sup>**Introgresión.** Incorporación permanente de genes desde una población a otra, seguida por retrocruzamientos recurrentes de los híbridos con los parentales y viceversa (Rhymer y Simberloff, 1996).

Además de la investigación de los orígenes y expansión de los ovinos, se han estudiado genes responsables de indicadores productivos y reproductivos ovinos como: 1. prolificidad (Abdoli *et al.*, 2016), 2. peso al nacimiento (Farhadian *et al.*, 2012), 3. calidad de la lana (Guang-Wei *et al.*, 2017), 4. resistencia al parásito *Haemonchus contortus* (Guo *et al.*, 2016). Un ejemplo dentro del estudio mitogenómico ovino, es la asociación de haplogrupos mitocondriales, HB y HC, relacionados con la prolificidad de la raza ovina Afec-Assaf (Gootwine *et al.*, 2012).

Como se ha mencionado anteriormente, México tiene pocos estudios genéticos sobre la historia natural de los ovinos desde su introducción por los españoles (Ulloa-Arvizu *et al.*, 2009; López y Sifuentes, 2014; Alonso *et al.*, 2017). En América algunas investigaciones (Blackburn y col., 2011; Paiva y col., 2011; Ferreira *et al.*, 2014) No obstante, los países de Europa, Asia, Medio Oriente, Oceanía, África han realizado investigaciones de diversidad genética (usando marcadores moleculares como microsatélites, mtADN y cromosoma Y), en ovinos locales, (Hiendleder *et al.*, 1998; Pereira *et al.*, 2006; Tapio *et al.*, 2006; Meadows *et al.*, 2007; Lawson Handley *et al.*, 2007; Peter *et al.*, 2007; Pedrosa *et al.*, 2007; Dalvit y *et al.*, 2009; Tapio *et al.*, 2010; Arora *et al.*, 2011; Kijas *et al.*, 2012; Alvarez *et al.*, 2013; Yilmaz *et al.*, 2014; Pons *et al.*, 2015; Rannamäe *et al.*, 2016; Spangler *et al.*, 2017).

### **3. Objetivos de investigación**

El **objetivo general** de esta tesis es determinar el origen y la diversidad genética matrilineal de los ovinos domésticos en México, mediante el análisis de la región control del mtADN ovino.

En cuanto a los objetivos particulares de esta investigación se derivan los siguientes:

#### **∩ Objetivo particular No. 1**

Obtener muestras biológicas (sangre) de ganado ovino proveniente de diferentes sistemas de producción (social y empresarial), y un núcleo de conservación *ex situ* del Estado de México, para el aislamiento y purificación del DNA genómico de las mismas.

#### **∩ Objetivo particular No.**

Formar un banco genético nacional de la región mtADN-CR ovino para almacenar datos genéticos y conjuntar la riqueza de la información biológica ovina de México.

#### **∩ Objetivo particular no. 3**

Aplicar técnicas de Biología Molecular, Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) y secuenciación Sanger bidireccional, para obtener la región control mitocondrial (mtADN-CR).

#### **∩ Objetivo particular no. 4**

Estimar las variaciones de la región mtADN-CR, la diversidad genética y la relación filogenética de las poblaciones ovinas mexiquenses estudiadas con otras razas de origen europeo y americano.

## **4. Materiales y Métodos**

### **4.1 Colección de las muestras y extracción de DNA genómico**

Se obtuvieron 53 muestras de sangre ovina de las cuáles; 35, proceden de hembras y 7 de machos. Los ejemplares se obtuvieron de los sistemas de traspato y estabulación, en diferentes puntos geográficos del Estado de México (ver figura 17). Los detalles de los ovinos muestreados y municipios visitados, son proporcionados en el cuadro 6. Para más detalles de los ranchos visitados de ver anexo 3.

Las muestras sanguíneas se resguardaron primeramente a  $-4^{\circ}\text{C}$  después de la obtención por un promedio máximo de 18 horas y después a  $-20^{\circ}\text{C}$  en tubos BD Vacutainer® EDTA- $\text{K}_2$  de 4 ml y 6 ml. La extracción de DNA genómico total se realizó según el protocolo Quiagen® DNeasy Blood & Tissue Kit mediante el método de cromatografía de adsorción-minicolumnas de sílice bajo condiciones iónicas controladas.

Para medir la concentración [ $\text{ng}/\mu\text{L}$ ] y pureza (relación  $^{260}/_{280}$ ) del DNA se utilizó un espectrofotómetro UV, NanoDrop ND-1000®, en los límites del espectro de absorción de 200 a 350 nm (UV) de los ácidos nucleicos. La extracción de DNA genómico, la amplificación de la región mitocondrial MT-CR y la purificación de los productos de PCR se realizó en la Unidad de Investigaciones Multidisciplinarias (UIM), laboratorio 8 de la Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán en la Universidad Nacional Autónoma de México, (ver anexos 1 y 2).



**Figura 17.** Localización geográfica de las muestras ovinas de este estudio

**Cuadro 6.** Características generales de las muestras ovinas de este estudio

Población	Código de la Muestra	Descripción	Sistema de Producción	Zona Geográfica (Municipio)	Altitud m.s.n.m	Uso	Número de muestras obtenida	Número de muestras analizadas
1_TP	TP1-TP10	Sexo: ♀ Cruza desconocida "Criollo"	Traspatio Familiar	Tepetzotlán, Estado de México. "Rancho Haro" y "Rancho San Miguel"	2,300	Cárnico	10	10
2_SJR	SJR2-SJR5; SJR8-SJ10[Sexo: ♀]. SJR1, SJR6-SJR7 [Sexo: ♂]	"Criollo"	Traspatio Familiar	San José del Rincón, Estado de México. "Rancho Los Pintados"	2,760	Cárnico	14	11
3_TX	TX1-2;TX4, TX7 [Sexo: ♂] TX3; TX5-6 [Sexo: ♀]	"Criollo"	Conservación Ex situ Estabulación	Texcoco de Mora, Estado de México. Universidad Autónoma de Chapingo. Módulo de Ovinos	2,257	Cárnico	10	7
4_NR	NR1-NR6	Sexo: ♀ Progenitores: ♀ Raza desconocida. ♂ Katahdin	Estabulación	Nicolás Romero, Estado de México. "La Finca"	2,390	Cárnico	9	6
5_ZP	ZP1-ZP7	Sexo: ♀ Romanov	Estabulación	Zumpango, Estado de México	2,500	Cárnico	10	7
<b>Total</b>							<b>53</b>	<b>41</b>

#### 4.2. Amplificación de la región control del mtDNA ovino y secuenciación

Se amplificó la región control del mtADN ovino de 53 muestras de DNA, mediante la reacción en cadena de la polimerasa punto final (PCR), la cual se llevó a cabo a 12.5  $\mu$ L de volumen final, la mezcla contenía 1  $\mu$ L del DNA platilla, 0.5  $\mu$ L a 25  $\mu$ M de cada primer: (OA\_15346F: 5'GGA GAA CAA CCA ACC TCC CTA 3' [Tm °C= 56.3, Tm[salina] °C= 61.2, OA\_157R: 5' TGA TTC GAA GGG CGT TAC TC 3' [Tm °C= 54.7, Tm [salina] °C= 58.4]) (Othman y col.,2015); 6.25  $\mu$ L de GoTaq® G2 Hot Start Colorless Master Mix, Promega (GoTaq®G2 Hot Start DNA Polimerasa, Buffer de reacción (pH 8.5), 400 $\mu$ M dATP, 400 $\mu$ M dGTP, 400 $\mu$ M dCTP, 400 $\mu$ M dTTP and 4mM MgCl<sub>2</sub>) y 4.25  $\mu$ L de H<sub>2</sub>O 18.2  $\Omega$ -cm (Milli-Q®, Millipore Co).

Las condiciones de PCR<sup>32</sup> consistieron, temperatura inicial de desnaturalización a 95°C por 15 min., seguido de 30 ciclos a 95°C 30 seg., 57°C 30 seg., 72°C 2 min. y una extensión final de 72°C 10 min. La amplificación de la región mitocondrial MT-CR fue realizada en el termociclador Apollo® ATC- 401(GX design engineers, RU). Para visualizar el producto de PCR de la región mitocondrial MT-CR se realizó una electroforesis en gel de agarosa (CAS No. 9012-36-6, Sigma Aldrich®) al 0.7% teñido con bromuro de etidio 0.5  $\mu$ g/ $\mu$ L, (CAS No. 1239-45-8, Sigma Aldrich®) en buffer TAE 1X (T6025, Sigma Aldrich®), programándose la fuente de poder (Bio-Rad® Powerpac 200), a 70 volts 40 min. Posteriormente los productos de PCR se purificaron según el protocolo ExoSAP-IT® PCR Product Cleanup, Affymetrix (ver anexos 1 y 2).

Se hizo uso del servicio de secuenciación<sup>33</sup>, de la Facultad de Estudios Superiores Iztacala (FESI) en la Unidad de Biología, Tecnología y Prototipos (UBIPRO) en la Universidad

---

<sup>32</sup> **PCR.** Polymerase Chain Reaction. Reacción en Cadena de la Polimerasa. Técnica molecular enzimática para obtener de manera in-vitro un gran número de copias de un fragmento de ADN en particular, partiendo de un mínimo. (Losos *et al.*, 2014: p. 475)

<sup>33</sup> **Secuenciación de ADN** Es un conjunto de técnicas bioquímicas cuya finalidad es conocer el orden de los nucleótidos , adenina (A); citosina (C); guanina (G) y timina (T), en un fragmento de ADN de interés. (Losos *et al.*, 2014: p. 475)

Nacional Autónoma de México. La secuenciación bidireccional automática mediante electroforesis capilar (Soporte polímero DT3130 POP7, química BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit, Applied Biosystems), se realizó con los primers descritos (Othman y col., 2015), en un secuenciador de 16 capilares ABI Prism 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems, EUA).

### 4.3. Análisis de datos

Las 53 secuencias delanteras y reversas, tuvieron un proceso de edición, en el programa Geneious v.4.8.2 (Drummond *et al*, 2009; <http://www.geneious.com>), que consistió en las siguientes etapas: 1) Limpieza de las secuencias, 2) Recorte de los extremos derecho e izquierdo de las secuencias y 3) Acondicionamiento de las secuencias delanteras y reversas en una secuencia consenso. Solamente se obtuvieron 41 secuencias consenso óptimas para los análisis de diversidad genética y filogenéticos, las cuales fueron clasificadas según la zona geográfica de muestreo y sistema productivo (ver cuadro 6). El resto de las secuencias no utilizadas presentaban fallas de secuenciación.

En los estudios filogenéticos de evolución molecular basados en secuencias de proteínas, ADN o ARN, se necesita de un alineamiento<sup>34</sup> múltiple de secuencias (MSA) para determinar las correspondencias de homología. Este alineamiento fue seleccionado para el análisis de la mtADN-CR ovinas de las secuencias en este estudio, utilizándose el programa Geneious v.4.8.2 (Drummond *et al*, 2009; <http://www.geneious.com>). Un MSA, consiste en una alineación de tres o más secuencias biológicas. Se asume que el grupo de secuencias de estudio que se ingresan como entrada, es decir, el conjunto problema, tienen una relación evolutiva por la cual comparten un linaje y descienden de un ancestro común. Para realizar un MSA se utilizan algoritmos computacionales (Wang 1994).

---

<sup>34</sup> **Alineamiento.** El proceso de agregar espacios a los datos de la secuencia de ADN de manera que cada columna de la matriz de datos contiene bases de ADN que son homólogas entre sí (todas derivadas de la misma base en el análogo común de las secuencias). La matriz de datos alineados se puede denominar alineación. (Losos *et al.*, 2014: p. 475)



El algoritmo MUSCLE 3.6, utilizado en este estudio, con los parámetros estándar, sitios con gaps/missing considerados. Se llevó a cabo en tres etapas: 1. *esbozo progresivo*, 2. *mejoramiento progresivo* y 3. *refinamiento*. En la etapa *esbozo progresivo*, el algoritmo produce un boceto de un alineamiento múltiple, enfatizando la velocidad sobre la exactitud. En la fase *mejoramiento progresivo*, la distancia genética de Kimura se utiliza para reestimar el árbol binario de tal manera que, se crea una alineación del trazado, produciéndose a su vez, un alineamiento múltiple más preciso. La etapa final de *refinamiento*, se depura la alineación mejorada de la etapa 2 (Edgar 2004).

Los parámetros más importantes considerados en los MSA realizados, se observan en el cuadro 8, sección 6.1. Cada parámetro se define: 1. *Secuencias* se refiere al número total de secuencias utilizadas en el alineamiento. 2. *Longitud*, es la extensión de la región estudiada en pb. 3. *Identical sites*, es el porcentaje en que las columnas de los datos en la alineación tienen al menos 2 nucleótidos que no son extremos libres, no hay brechas internas y los nucleótidos son iguales. 4. *Parwise identity*, es el porcentaje promedio de la identidad de la alineación, computándose mediante la observación de las pb. Se califica con el número 1 cuando las pb son idénticas, dividiéndose por el número total de las pb (Geneious, v9.1 2016; p.76-77).

#### 4.3.1. Estudio de las variaciones de diversidad genética del mtADN-CR de los ovinos domésticos de México

El número de sitios polimórficos<sup>35</sup> (S) (ecuación 12.50 Nei y Kumar, 2000), número de haplotipos (Hap), *diversidad haplotípica*<sup>36</sup> (HD), (ecuaciones 8.4 y 8.12 de Nei, 1987) y *diversidad nucleotídica*<sup>37</sup> ( $\pi$ ) (ecuaciones 10.5 y 10.6 de Nei, 1987); fueron calculados con la opción Polymorphism Data, excluyéndose los sitios con gaps/missing data, usando el programa DnaSP v.5.10.1. (Rozas y Librado, 2009; <http://www.ub.edu/dnasp/>).

Las estimaciones de la diversidad genética representan un recurso valioso para las evaluaciones de la biodiversidad y se utilizan cada vez más para guiar los programas de conservación y manejo. Las evaluaciones más comúnmente reportadas de la diversidad de secuencias de ADN en poblaciones animales, son la diversidad de haplotípica (HD) y la diversidad nucleotídica ( $\pi$ ) para la mtADN-CR (Goodall Copestake y col., 2012).

#### 4.3.2 Historia demográfica de las poblaciones ovinas de Iberoamérica

Se utilizaron los estadísticos de neutralidad Tajima's D (Tajima 1989) y Fu's Fs (Fu, 1997). Los análisis fueron calculados en el programa Arlequin 3.5.2.2 (Excoffier y Lischer, 2015; <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/>).

---

<sup>35</sup> **Número de sitios polimórficos (S).** Son posiciones donde 2 o más nucleótidos diferentes en un set de secuencias de ADN homólogas (Fu 1995).

<sup>36</sup> **Diversidad haplotípica (HD).** Mide la singularidad de un haplotipo en una población dada. La HD es controlada por la mutación, la recombinación y la demografía (Nei & Tajima, 1980; Stumpf 2004). <http://www.nature.com/articles/5201179>

<sup>37</sup> **Diversidad nucleotídica ( $\pi$ ).** El promedio de las diferencias de los nucleótidos por sitio entre dos secuencias de ADN, elegidas al azar (Graur & Li, 2000: p.59).

El indicador Tajima's D, es una prueba estadística de genética poblacional, cuyo objetivo es distinguir entre una secuencia de ADN que evoluciona aleatoriamente ("neutralmente"), y una que evoluciona bajo un proceso no aleatorio, incluyendo la *selección direccional*,<sup>38</sup> *selección estabilizadora*,<sup>39</sup> expansión o contracción demográfica, la introgresión o la *deriva génica*<sup>40</sup> Se calcula a partir de los estimadores: 1) Número de sitios polimórficos (S) y 2) El número promedio de las diferencias por pares. Cada parámetro se espera que sea igual en una población de evolución constante y neutral. Un valor negativo indica un exceso de polimorfismos de baja frecuencia, indicando una expansión del tamaño de la población (por ejemplo, después de un  *cuello de botella*<sup>41</sup> o un *barrido selectivo*<sup>42</sup>) y/o por la selección de purificación o estabilizadora Un valor positivo refleja, bajos niveles de polimorfismos de baja y alta frecuencia, lo que indica una disminución en el tamaño de la población y/o la selección de equilibrio (Tajima 1989).

La prueba Fu's Fs, es más sensible para detectar la presencia de las fuerzas evolutivas resultado de mutaciones recientes en una población. Fu (1997) propuso un estadístico basado en la estimación de la probabilidad de observar una muestra al azar con un número igualitario de alelos o menor de los valores observados, bajo el supuesto un criterio de

---

<sup>38</sup> **Selección direccional.** También llamada selección positiva. Es un tipo de selección natural que favorece un extremo fenotípico sobre los demás, ocasionando que la frecuencia alélica cambie con el tiempo en dirección a ese fenotipo (Losos *et al.*, 2014: p. 512)

<sup>39</sup> **Selección estabilizadora.** Es conocida como la selección negativa purificadora o normalizadora. En selección natural indica la eliminación o purga de los alelos que son perjudiciales. En selección artificial s los rasgos negativos, más que positivos, de una especie se eligen para la continuidad evolutiva. Generalmente no es deseable, pero puede ser. (Losos *et al.*, 2014: p. 380)

<sup>40</sup> **Deriva génica.** Fuerza evolutiva asociada con eventos de muestreo aleatorio (efecto estocástico), que altera las frecuencias de variantes genéticas en un conjunto de genes en el tiempo. También se le conoce como efecto Sewall Wright (Losos *et al.*, 2014: p. 809)

<sup>41</sup> **Cuello de botella.** Es una reducción brusca en el tamaño efectivo de la población debido a fenómenos naturales o actividades humanas (Losos *et al.*, 2014: p. 307).

<sup>42</sup> **Barrido selectivo.** Es la eliminación o reducción de la variabilidad genética entre los nucleótidos vecinos a una mutación como resultado de un proceso reciente y positivo de selección natural. Un barrido selectivo puede ocurrir cuando se produce una mutación que incrementa la eficacia biológica de un organismo en relación a sus congéneres de la misma población. La selección natural favorecerá a aquellos individuos con la mayor aptitud y, con el transcurso de las generaciones, el nuevo alelo mutante incrementará su frecuencia en la población (Losos *et al.*, 2014: p. 370).

selección neutra. Un valor negativo de  $F_u$ 's  $F_s$ 's señala un exceso de alelos, esperado en una reciente expansión de la población o por un evento de deriva génica. Un valor positivo marca la deficiencia de alelos, esperado en una población con un proceso de botella genético reciente.

Para probar la evidencia de la expansión poblacional, se utilizó la distribución mismatch. Este método se basa en la suposición de que el crecimiento o disminución de la población deja firmas distintivas en las secuencias de ADN, en comparación con un tamaño poblacional constante (Rogers y Harpending, 1992). La distribución mismatch fue construida al comparar la distribución de la frecuencia observada de las diferencias nucleotídicas pairwise entre haplotipos especulando una expansión (demográfica-espacial) súbita poblacional (Schneider y Excoffier, 1999).

Se espera que la distribución mismatch sea multimodal en poblaciones estables y unimodal en poblaciones en expansión. El índice Harpending's Raggedness (IRH), cuantifica la uniformidad de la distribución mismatch observada. Esta medida se calculó para determinar la bondad del ajuste a una distribución unimodal (Harpending, 1994).

La significancia estadística fue probada usando un número de réplicas bootstrap: 100. Se tomó un valor significativo del índice IRH ( $P_{IRH} < 0.05$ ) como evidencia para rechazar el modelo de expansión súbita de la población (demográfica-espacial). Una expansión espacial de la población generalmente ocurre si el rango de una población está inicialmente restringido a un área muy pequeña, y luego el rango de la población aumenta con el tiempo y el espacio. La población resultante se subdivide generalmente en el sentido de que los individuos tienden a aparearse con individuos geográficamente cercanos en lugar de individuos remotos (Ray y col., 2003).

### **4.3.3 Relaciones filogenéticas de los ovinos domésticos de México**

Cada subconjunto de secuencias se utilizó para construir las redes de haplotipos Median Joining (MJ), en el software NETWORK V4.6.1.2 (<http://www.fluxus-engineering.com>), el cual permite representar de manera gráfica las relaciones y diferencias genéticas (figuradas como mutaciones en las ramas) entre los haplotipos (simbolizados por los nodos).

El tamaño del nodo (círculo) es proporcional al número de muestras representadas en un haplotipo. El nodo más pequeño que representa un solo individuo. La longitud de la rama (clado) es proporcional a la distancia mutacional.

Se realizó una comparación de los datos con otros estudios, reportados en la base de datos del Centro Nacional para la Información Biotecnológica, (NCBI, EUA), GenBank: Se utilizaron las secuencias de referencia (HA-HE), Meadows y cols. (2011), (M236174–HM236183) para identificar correctamente el haplogrupo de las secuencias muestreadas. El cuadro 7 describe los países, el número de secuencias, el número de acceso GenBank y las referencias; de las secuencias utilizadas en este estudio.

**Cuadro 7.** Lista de las secuencias del mtADN-CR de *Ovis aries* utilizadas en este estudio

<b>País</b>	<b>Secuencias (n)</b>	<b>Números de acceso GenBank</b>	<b>Referencia</b>	
<b>España</b>	214	Ver en anexo 4	Mariotti y cols, 2011	
<b>México</b>	61	AY582800-AY582820	Secuencias de estudio; Ulloa-Arvizu y cols, 2009; Alonso y cols, 2017	
<b>Portugal</b>	155	DQ491660-DQ491709; DQ491711-DQ491736; JN574069-JN574072	Pereira y cols, 2006; Mariotti y cols, 2011	
<b>Egipto</b>	4	DQ473877, DQ473888, DQ473906, DQ473858	Tapio y cols, 2006	
<b>Rusia</b>	9	DQ242334-DQ242342	Tapio y cols, 2006	
<b>Troncos</b>	<b>Raza</b>	<b>Secuencias (n)</b>	<b>Números de acceso GenBank</b>	<b>Referencia</b>
<b>Churro</b>	Badana, Churra Algarvia, Churra, Colmenareña, Mondegueira, Churra de Terra Quente	106	Ver en anexo 4	Pereira y cols, 2006; Mariotti y cols, 2011
<b>Entrefino</b>		70	“ ”	
<b>Ibérico</b>	Manchega, Rubia del Molar, Segureña	19	“ ”	Mariotti y cols, 2011
<b>Merino</b>	Merino Preto	34	“ ”	Pereira y cols, 2006
<b>Haplogrupos</b>		<b>Secuencias (n)</b>	<b>Números de acceso GenBank</b>	<b>Referencia</b>
	HA, HB, HC, HD, HE	10	HM236174-HM236183	Meadows y cols, 2011

## **5. Resultados**

### **5.1 Alineamientos masivos múltiples tipo MUSCLE de la MTADN-CR de los ovinos domésticos de México**

Sólo 40 secuencias de 41 fueron utilizadas en este estudio, denominándose secuencias de la Población Ovina Mexicana (POM). En esta investigación se realizaron un total de 9 alineamientos MSA, con el algoritmo MUSCLE de la mtADN-CR de las secuencias de la POM y de otras publicadas en GenBank. Cada alineamiento tenía un propósito en particular (ver cuadro 8 para más detalles). El AM1 fue realizado para establecer las relaciones filogenéticas entre la POM. El AM2 se utilizó para determinar el haplogrupo ovino correspondiente de la POM. El AM3 se empleó para esclarecer las relaciones filogénicas de la POM con secuencias publicadas en GenBank de Portugal y España. El AM4 fue usado para establecer la historia demográfica ovina de Iberoamérica. Las secuencias del AM5 se clasificaron de acuerdo a los troncos Iberoamericanos entre Portugal y España comparados con las secuencias de México y la POM. Los alineamientos AM6 y AM7 fueron usados para determinar las relaciones filogenéticas entre la raza Romanov de Rusia, Egipto y México. Los alineamientos AM8 y AM9 se aprovecharon para comparar la diferencia entre la diversidad genética de los sistemas productivos de traspatio y estabulados de la POM.

**Cuadro 8.** Alineamientos múltiples con el algoritmo MUSCLE realizados en este estudio

<b>Código</b>	<b>Posición del mtADN</b>	<b>Descripción</b>	<b>n (Secuencias)</b>	<b>Longitud (pb)</b>	<b>Identical Sites*</b>	<b>Pairwise % Identity**</b>	<b>Referencias</b>
<b>AM1</b>	15,437-16,633	Secuencias de estudio	40	1,196	1,121 (93.7%)	99.2%	Secuencias de estudio
<b>AM2</b>	15,437-16,636	Secuencias de estudio y Haplogrupos Ovinos (HA-HE)	50	1,201	1,057 (88.0%)	98.3%	Secuencias de estudio. Meadows y cols, 2011
<b>AM3</b>	16,093-16,622	Iberoamérica Países (España, México y Portugal)	429	531	448 (84.4%)	99.4%	Secuencias de estudio. Ulloa-Arvizu y cols, 2009; Alonso y cols, 2017. Pedrosa y col., 2007;Pereira y cols, 2006; Mariotti y cols, 2011
<b>AM4</b>	15,437-16,616	Iberoamérica Países (España, México y Portugal)	232	1,199	957 (79.8%)	99.0%	Secuencias de estudio. Ulloa-Arvizu y cols, 2009; Alonso y cols, 2017. Pereira y cols, 2006; Mariotti y cols, 2011
<b>AM5</b>	16,093-16,622	Iberoamérica Troncos (Churro, Entrefino, Ibérico, Merino y México)	300	530	453 (85.5%)	99.4%	Secuencias de estudio Ulloa-Arvizu y cols, 2009; Alonso y cols, 2017. Pedrosa y col., 2007;Pereira y cols, 2006; Mariotti y cols, 2011
<b>AM6</b>	15,541-16,276	Secuencias de estudio y raza Romanov de Rusia	49	736	661 (89.8%)	98.8%	Secuencias de estudio, Tapio y cols, 2006
<b>AM7</b>	15,542-16,028	Secuencias de estudio y raza Romanov de Egipto	44	488	418 (85.7%)	98.3%	Secuencias de estudio, Tapio y cols, 2006
<b>AM8</b>	15,437-16,630	Sistema de Producción Estabulado	20	1,194	1,133 (94.9%)	99.1%	Secuencias de estudio
<b>AM9</b>	15,437-16,619	Sistema de Producción Traspatio	20	1,183	1,154 (97.5%)	99.3%	Secuencias de estudio

\*/\*\* Se conservan los nombres en lengua inglesa. Identical sites: Sitios idénticos. Pairwise identity: Identidad de dos variedades.



## 5.2. Variaciones de diversidad genética del mtADN-CR de los ovinos domésticos de México

En esta investigación, se estudió la diversidad genética de la POM con las 40 secuencias antes mencionadas, las cuales también se dividieron en los sistemas productivos estabulado y de traspatio.

Para determinar la significancia estadística de la POM, se realizó la prueba de chi cuadrada ( $\chi^2$ ) o de Pearson. En otro orden de ideas, se estableció que la POM fuera una población heterogénea de acuerdo a los parámetros de diversidad genética (diversidad haplotípica (HD y diversidad nucleotídica por sitio  $\pi$ ).

La hipótesis nula se determinó como: ( $H_0 = TP = SJR = TX = NR = ZP$ ), las subpoblaciones de la POM son homogéneas.

La hipótesis alternativa ( $H_1 = TP \neq SJR \neq TX \neq NR \neq ZP$ ) las subpoblaciones de la POM no son homogéneas (Prueba de homogeneidad).

Donde:

***H<sub>0</sub> = Hipótesis nula***

***H<sub>1</sub> = Hipótesis alternativa***

***Subpoblaciones: TP = Tepetzotlán, SJR = San Juan del Rincón, TX***

***= Texcoco de Mora, NR = Nicolás Romero, ZP = Zumpango***

Por lo tanto, se acepta la H1, hipótesis alternativa, es decir las subpoblaciones de la POM no son homogéneas, en función de la variable categórica, la diversidad genética (diversidad haplotípica (HD y diversidad nucleotídica por sitio  $\pi$ ). Por lo que la POM, es una población representativa.

En el cuadro 9, se ilustra la comparación de cada subpoblación de manera intraespecífica de acuerdo a los estimados de diferenciación genética. Donde se aprecia que, la única

subpoblación con diferenciación genética, fue la SJR [ $\chi^2 = 20$   $p = 0.0453^*$  ( $df = 11$ )]. Significancia estadística:  $0.01 < P < 0.05$ ], en comparación con la subpoblación TP.

**Cuadro 9.** Estimados de diferenciación genética entre subpoblaciones ovinas mexicanas

	TP	SJR	TX	NR	ZP
TP	/	$\chi^2 = 20$ $p = 0.0453^*$ ( $df = 11$ )	$\chi^2 = 17$ $p = 0.1993$ ( $df = 13$ )	$\chi^2 = 16$ $p = 0.1912$ ( $df = 12$ )	$\chi^2 = 17$ $p = 0.11496$ ( $df = 12$ )
SJR	-	/	$\chi^2 = 17$ $p = 0.1079$ ( $df = 11$ )	$\chi^2 = 16$ $p = 0.0996$ ( $df = 10$ )	$\chi^2 = 17$ $p = 0.0744$ ( $df = 10$ )
TX	-	-	/	$\chi^2 = 13$ $p = 0.3690$ ( $df = 12$ )	$\chi^2 = 14$ $p = 0.3007$ ( $df = 12$ )
NR	-	-	-	/	$\chi^2 = 13$ $p = 0.2933$ ( $df = 11$ )

Los cálculos fueron realizados en DNAsp. Se utilizó la prueba de Pearson  $\chi^2$ , chi cuadrada distribución de Pearson;  $p$ : significancia estadística;  $gl$ : grados de libertad. *Significancia estadística*:  $0.01 < P < 0.05$ . Número de permutaciones: 1000 réplicas.

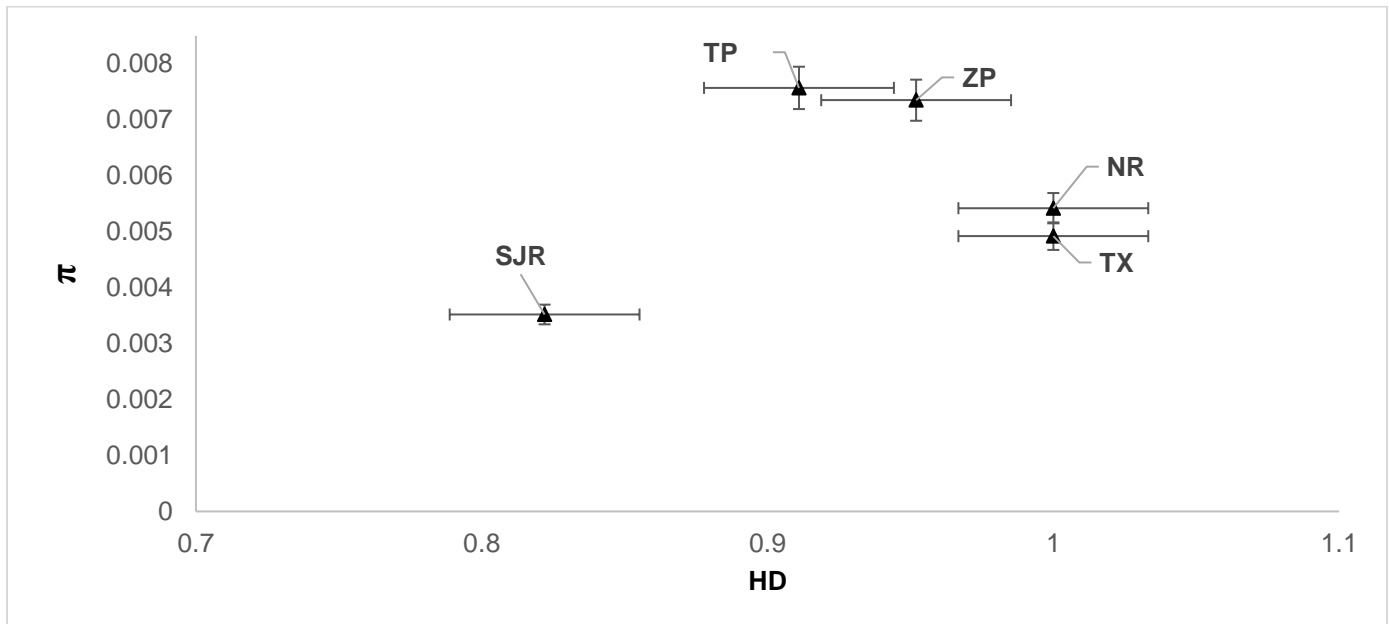
En la POM, un total de 58 sitios polimórficos (S) fueron contabilizados, incluyendo 24 sitios variables singleton y 34 sitios informativos de parsimonia. Se identificaron. 31 haplotipos (Hap), Gaps considerados (Gc) y 21 Hap, Gaps no considerados (Gnc). La diversidad haplotípica (HD) fue de 0.983 (Gc) y  $0.96 \pm 0.013$  (Gnc) La diversidad nucleotídica por sitio ( $\pi$ ) fue de  $0.00744 \pm 0.00081$  (Gnc). Los cálculos se basaron en 1,196 pb de longitud en la mtADN-CR.

Para los cálculos de los índices de diversidad genética, la POM se dividió en 2 grupos. El primer grupo, en 5 subpoblaciones según el punto geográfico (municipio) de muestreo: **TP** de Tepozotlán, **SJR** de San José del Rincón, **TX** de Texcoco de Mora, **NR** de Nicolás Romero y la población **ZP** de Zumpango. En el cuadro 9 se detallan los resultados obtenidos de dichos parámetros de la POM y de las subpoblaciones.

**Cuadro 10.** Índices de diversidad genética de las poblaciones ovinas estudiadas

POM y subpoblaciones	(n)	S		Hap		HD		$(\pi)$	
		[Gnc]	[Gc]	[Gnc]	[Gc]	[Gnc] Con desviación estándar	[Gc]	[Gnc] Con desviación estándar	[Gc]
<b>POM</b>	40	58	75	21	31	0.96± 0.013	0.983	0.00744± 0.00081	0.00744
<b>TP</b>	10	22	25	5	7	0.822± 0.097	0.911	0.00757± 0.00140	0.00757
<b>SJR</b>	10	12	25	5	7	0.822± 0.097	0.822	0.00352± 0.00103	0.00352
<b>TX</b>	7	19	26	4	7	0.714± 0.181	1.000	0.00492± 0.00254	0.00492
<b>NR</b>	6	18	26	5	6	0.933±0.122	1.000	0.00542± 0.00142	0.00542
<b>ZP</b>	7	20	25	4	7	0.810±0.130	0.952	0.00735± 0.00152	0.00735

Los cálculos se basan en 1,196 pb de la mtADN-CR. Los resultados son presentados con Gaps no considerados [Gnc] y Gaps considerados [Gc] como un quinto estado. Número de secuencias (n), número de sitios polimórficos (S), número de haplotipos (Hap), diversidad de haplotípica (HD), diversidad de nucleotídica por sitio ( $\pi$ ) y contenido C+G. Población Mexicana Ovina, POM. Subpoblaciones: TP de Tepetzotlán; SJR de San José del Rincón; TX de Texcoco de Mora; NR de Nicolás Romero ZP de Zumpango. POM=  $\chi^2 = 160$ ;  $p = 0.0086^*$ ; ( $gl = 120$ );  $\chi^2$ : chi cuadrada distribución de Pearson;  $p$ : significancia estadística;  $gl$ : grados de libertad. *Significancia estadística*:  $0.001 < P < 0.01$ .



**Figura 18.** Diagrama de dispersión para la diversidad nucleotídica ( $\pi$ ), eje de las ordenadas, y diversidad haplotípica (HD), eje de las abscisas, entre las subpoblaciones ovinas mexicanas. Los cálculos se basan en 1,196 pb de la mtADN-CR. Los valores de HD y  $\pi$  son considerados los gaps como un quinto estado. Subpoblaciones: TP de Tepetzotlán (n=10); SJR de San José del Rincón (n=10); TX de Texcoco de Mora (n=7); NR de Nicolás Romero (n=6) y ZP de Zumpango (n=7). Las barras de error indican la desviación estándar (ver cuadro 10).

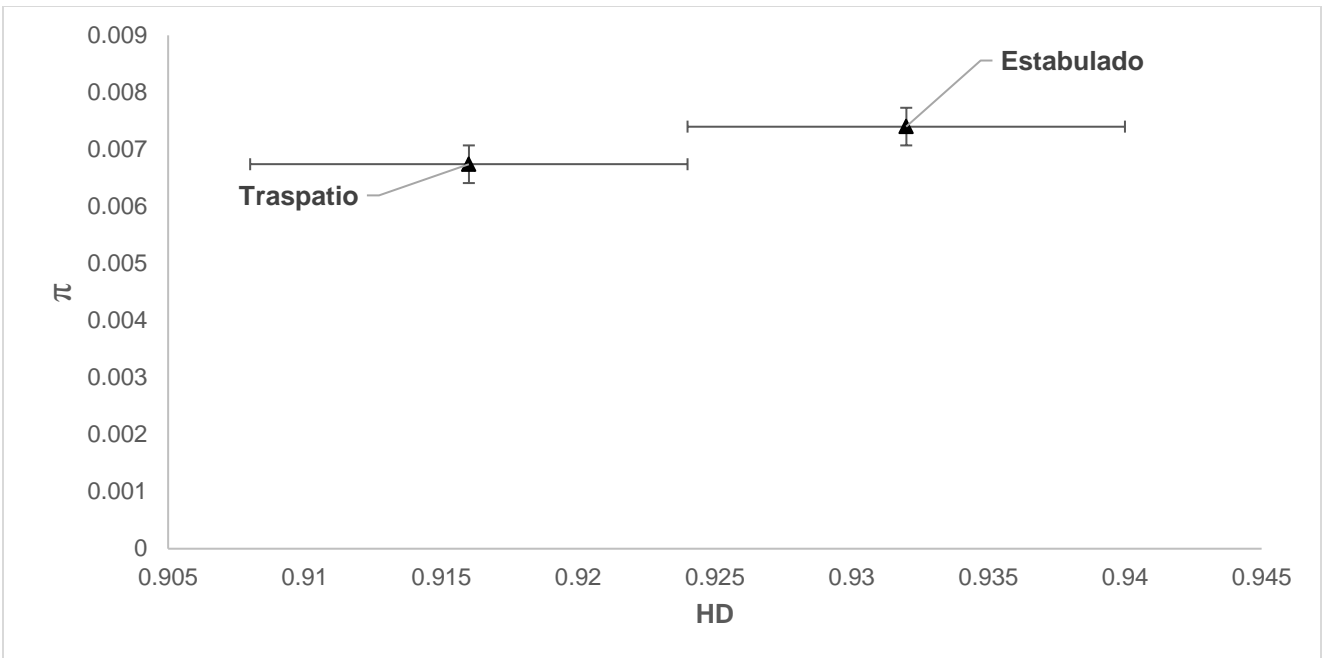
La diversidad haplotípica (HD), osciló entre [ $\mathbf{HD}^{\text{menor}}(\mathbf{Gnc})_{\text{TX}} = 0.714 \pm 0.181$ ;  $\mathbf{HD}^{\text{menor}}(\mathbf{Gc})_{\text{SJR}} = 0.822$ ] y [ $\mathbf{HD}^{\text{mayor}}(\mathbf{Gnc})_{\text{NR}} = 0.933 \pm 0.122$ ;  $\mathbf{HD}^{\text{mayor}}(\mathbf{Gc})_{\text{NR y TX}} = 1.000$ ]. La diversidad nucleotídica por sitio ( $\pi$ ), [ $\pi^{\text{menor}}(\mathbf{Gnc})_{\text{SJR}} = 0.00352 \pm 0.00103$ ;  $\pi^{\text{menor}}(\mathbf{Gc})_{\text{SJR}} = 0.00352$ ] y [ $\pi^{\text{mayor}}(\mathbf{Gnc})_{\text{TP}} = 0.00757 \pm 0.00140$ ;  $\pi^{\text{mayor}}(\mathbf{Gc})_{\text{TP}} = 0.00757$ ]. En el cuadro 10, se aprecian los estimados estadísticos de diferenciación genética, según la prueba de Pearson  $X^2$ : chi cuadrada. En el diagrama de dispersión (ver figura 18), se observa que la subpoblación SJR refleja una menor diversidad genética considerando los parámetros HD y  $\pi$ , en comparación con el resto. Las subpoblaciones TP y ZP presentaron valores de  $\pi$  altos mientras que las subpoblaciones NR y TX tuvieron valores altos de HD.

El segundo grupo de estudio se dividió de acuerdo al sistema de producción (ver cuadro 11): 1. Estabulación y 2. Traspatio. La diversidad haplotípica (HD) del sistema productivo estabulado fue  $0.932 \pm 0.035$  (Gnc) y 0.994 (Gc); mientras que, la diversidad nucleotídica ( $\pi$ ) fue de  $0.0074 \pm 0.00131$  (Gnc). En el sistema productivo de traspatio, la diversidad haplotípica (HD) fue de  $0.916 \pm 0.036$  (Gnc) y 0.936 (Gc), la diversidad nucleotídica ( $\pi$ ) fue de  $0.00674 \pm 0.00079$ . Los demás parámetros de diversidad genética se resumen en el cuadro 11. Se observa en el diagrama de dispersión (ver figura 19), que el sistema de producción estabulado es ligeramente mayor en diversidad genética que el sistema de traspatio.

**Cuadro 11.** Índices de diversidad genética de los sistemas de producción estudiados

Sistema de Producción	(n)	S		Hap		HD		$\pi$	
		[Gnc]	[Gc]	[Gnc]	[Gc]	[Gnc] Con desviación estándar	[Gc]	[Gnc] Con desviación estándar	[Gc]
<b>Estabulación (SPE)</b>	20	46	60	12	19	$0.932 \pm 0.035$	0.994	$0.0074 \pm 0.00131$	0.0074
<b>Traspatio (SPT)</b>	20	26	29	10	12	$0.916 \pm 0.036$	0.936	$0.00674 \pm 0.00079$	0.00674

Los cálculos se basan en 1,194 pb para el sistema de producción estabulado y 1,183 pb para el sistema de producción de traspatio, de la mtADN-CR. Los resultados son presentados con Gaps No Considerados [Gnc] y Gaps considerados [Gc] como un quinto estado. Número de secuencias (n), número de sitios polimórficos (S), número de haplotipos (Hap), diversidad de haplotípica (HD), diversidad de nucleotídica por sitio ( $\pi$ ).



**Figura 19.** Diagrama de dispersión para la diversidad nucleotídica ( $\pi$ ), eje de las ordenadas, y diversidad haplotípica (**HD**), **eje de las abscisas, entre los sistemas productivos (estabulación y traspatio)**. Los cálculos se basan en 1,194 pb para el sistema de producción estabulado y 1,183 pb para el sistema de producción de traspatio, de la mtADN-CR. Los valores de HD y  $\pi$  son considerados los gaps como un quinto estado. Sistemas de producción: Estabulación (n=10) y Traspatio (n=10). Las barras de error indican la desviación estándar (ver cuadro 11).

Una secuencia de la subpoblación TX, mostró sólo 3 copias de 4 de mtVNTRs de 75 pb (número de copias normal en la mtADN-CR ovina). La longitud total de la secuencia fue 1,113 pb (ver figura 20), por lo que no fue tomada en cuenta para este estudio.



**Figura 20.** Motivo mtVNRs de 75 pb de la subpoblación TX de la POM. (Tomado de: Geneious v4.8, Heled y cols., 2017)

### 5.3. Historia demográfica de las poblaciones ovinas de Iberoamérica

El cuadro 12 muestra las pruebas neutrales Tajima's D y Fu's Fs, cuyos valores fueron negativos y significativos para todos los países, con la finalidad de inferir la historia demográfica de los ovinos domésticos. De igual forma, se utilizaron los estadísticos SSD y el Índice Harpending's Reggedness, como pruebas de la expansión demográfica y espacial, se observó que dichos parámetros fueron significativos para los países de Iberoamérica.

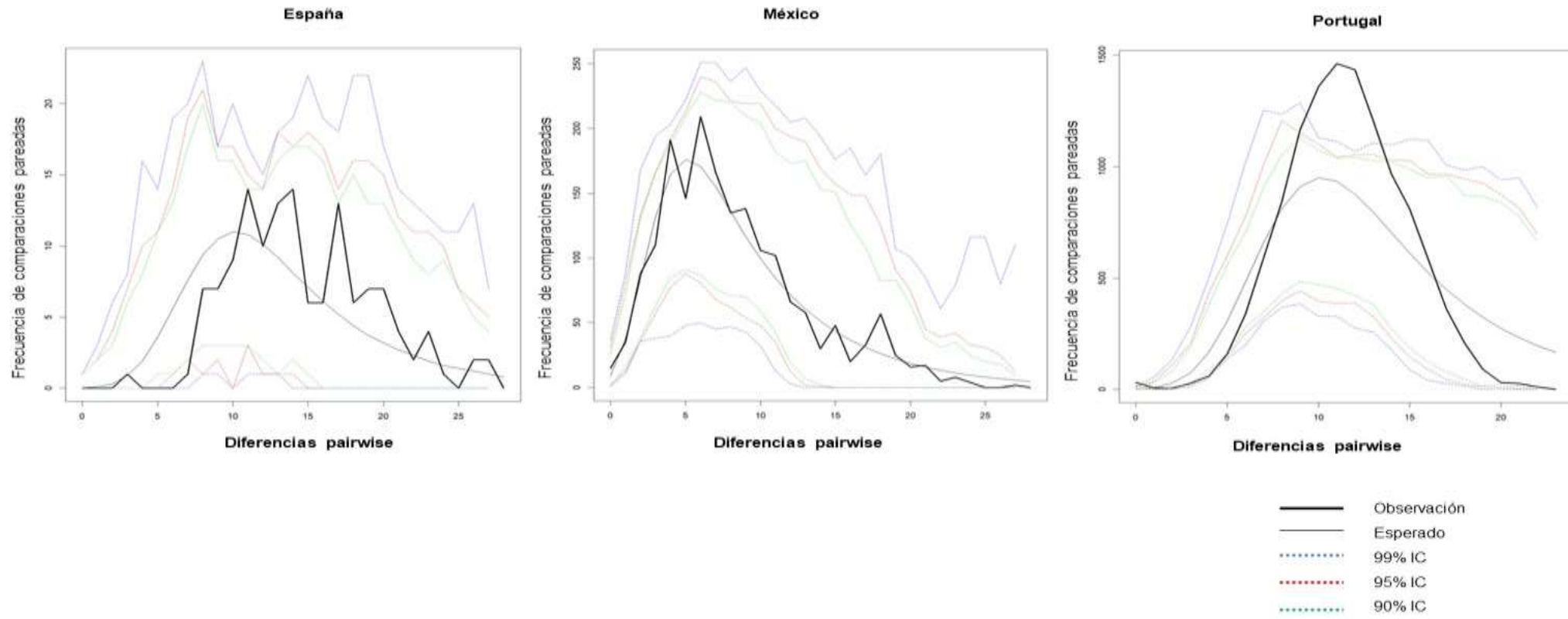
**Cuadro 12.** Historia demográfica de las poblaciones ovinas estudiadas de Iberoamérica

País	Tajima's D ( $\rho$ )	Fu's Fs ( $\rho$ )	Modelo de expansión demográfica		Modelo de expansión espacial	
			SSD ( $\rho$ )	Índice Harpending's Raggedness ( $r$ ) ( $\rho$ )	SSD ( $\rho$ )	Índice Harpending's Raggedness ( $r$ ) ( $\rho$ )
<b>España</b>	-1.44122* (0.07500)	-6.98097* (0.00800)	0.01474103* (0.11000000)	0.01578720* (0.50000000)	0.00604533* (0.56000000)	0.01578720* (0.41000000)
<b>México</b>	-1.68680* (0.01900)	-24.82067* (0.00000)	0.00194553* (0.84000000)	0.00758548* (0.10000000)	0.00171943* (0.70000000)	0.00758548* (0.41000000)
<b>Portugal</b>	-2.08729* (0.00000)	-24.15790* (0.00000)	0.01004989* (0.00000000)	0.00432392* (0.18000000)	0.00025690* (0.16000000)	0.00432392* (0.03000000)

Resultados de las pruebas neutrales Tajima's D, Fu'sFs y distribución mismatch (modelos de expansión demográfica y espacial) con sus respectivos valores de  $\rho$  asociados. Los cálculos se basan en 1,199 pb de la mtADN-CR. Número de secuencias utilizadas  $n=232$  [España ( $n=17$ ), México ( $n=61$ ), Portugal ( $n=154$ )]. *Valores estadísticamente significativos cuando: Tajimas's D:  $\rho$  (D simulada < D observada). Fus's FS:  $\rho$  (simulada\_Fs  $\leq$  observada\_Fs). Distribución mismatch. Número de réplicas bootstrap: 100. Método de distancia: Diferencias pareadas (no corrección Gamma, inserciones o deleciones no tomadas en cuenta). SSD (Suma de desviaciones cuadradas):  $\rho$  (SSD Simulada  $\geq$  SSD Observada). Índice Harpending's ( $r$ ):  $\rho$  (IHR Simulada  $\geq$  IHR Observada);  $p(r) < 0.05$ .*

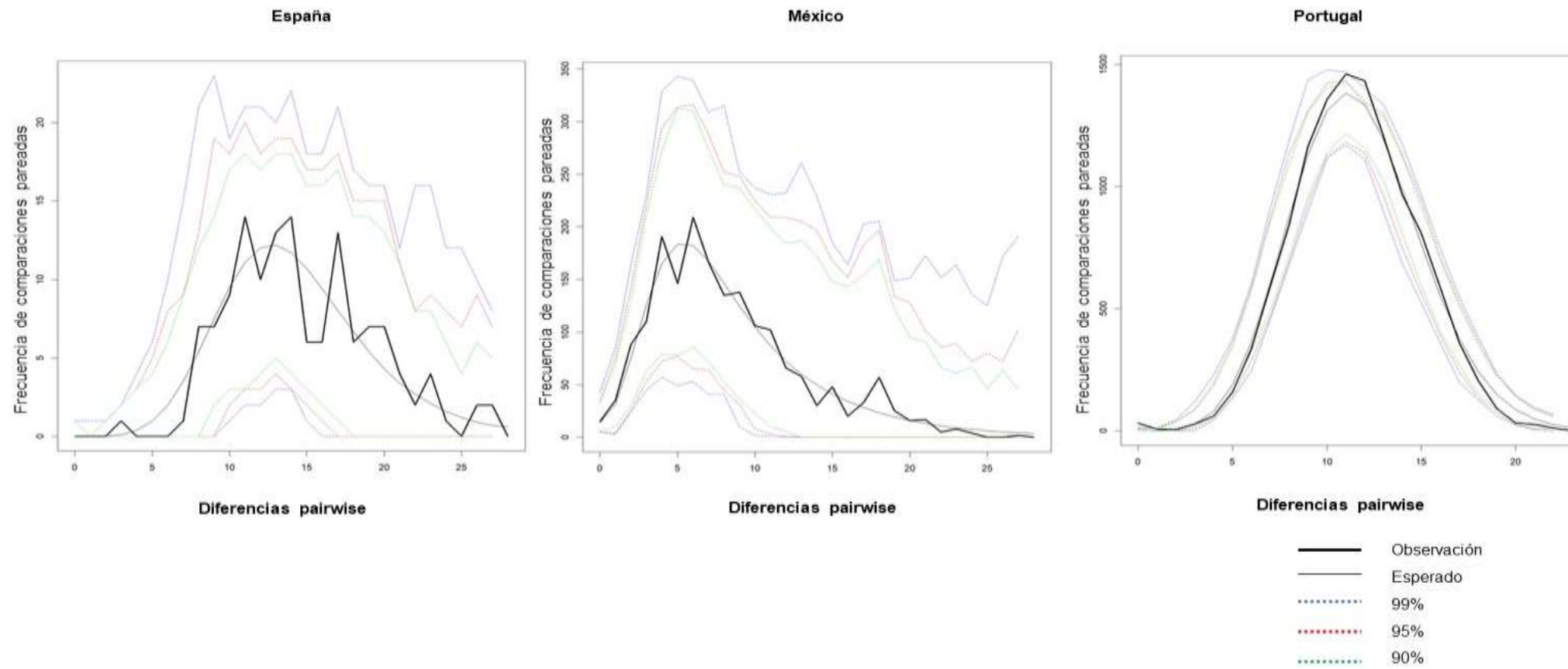
Las figuras 21 y 22 representan gráficamente la distribución mismatch según los modelos de expansión demográfica y espacial, respectivamente. Ambos modelos tienen una forma gráfica semejante. Portugal muestra una forma de distribución mismatch, típicamente unimodal es decir, una población en expansión a través del tiempo, México y España tienden a tener un modelo unimodal, según los cálculos teóricos sin embargo, por el número de secuencias utilizadas (México= 61 y España=15), revelan una representación multimodal, en otro orden de ideas, poblaciones estables.





**Figura 21.** Gráficos de distribución mismatch (modelo de expansión demográfica), de los ovinos domésticos de Iberoamérica (España, México y Portugal)

El eje de las abscisas (eje x) representa el número de diferencias pairwise. El eje de las ordenadas (eje y) se muestra la frecuencia de las comparaciones pareadas. Las frecuencias observadas son representadas por la línea sólida gruesa de color negro. Las frecuencias esperadas bajo la hipótesis del modelo de expansión se figuran por una línea sólida delgada de color gris. Las líneas punteadas de color azul rojo y verde corresponden a los intervalos de confianza 99, 95 y 90%.



**Figura 22.** Gráficos de distribución mismatch (modelo de expansión espacial), de los ovinos domésticos de Iberoamérica (España, México y Portugal)

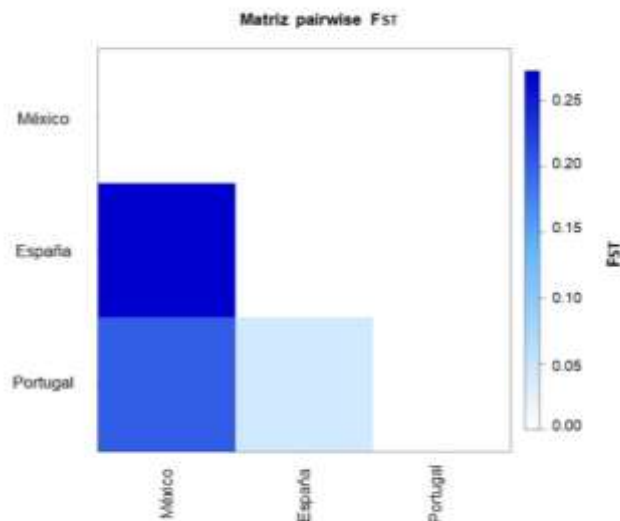
El eje de las abscisas (eje x) representa el número de diferencias pairwise. El eje de las ordenadas (eje y) se muestra la frecuencia de las comparaciones pareadas. Las frecuencias observadas son representadas por la línea sólida gruesa de color negro. Las frecuencias esperadas bajo la hipótesis del modelo de expansión se figuran por una línea sólida delgada de color gris. Las líneas punteadas de color azul rojo y verde corresponden a los intervalos de confianza 99, 95 y 90%

**Cuadro 13.** Matriz FST de las poblaciones ovinas estudiadas de Iberoamérica

País	México	España	Portugal	País	México	España	Portugal
<b>México</b>	0			<b>México</b>	*		
<b>España</b>	0.2723	0		<b>España</b>	0.00000+- 0.0000	*	
<b>Portugal</b>	0.20323	0.04056	0	<b>Portugal</b>	0.00000+- 0.0000	0.00000+- 0.0000	*

Método de distancia: Diferencias Pairwise FST valores de  $P$ . Número de Permutaciones:110  
Significancia estadística<sup>†</sup>:  $P < 0.05$

En el cuadro 13, se representa el Índice de Fijación (FST), (extremo izquierdo); así como los valores de  $P$  asociados al FST (extremo derecho), para los países de Iberoamérica. Se aprecia que los valores de FST para los países de Iberoamérica son significativos, ya que son diferentes a cero. Se observa que la distancia genética (DG) entre España-México (0.2723) es mayor que entre México-Portugal (0.20223) y Portugal-España (0.04056), según la figura 23 que se presenta a continuación:.



**Figura 23.** Matriz pairwise FST de las poblaciones ovinas estudiadas de Iberoamérica. Los valores FST pairwise entre cada país, se encuentran codificados con un código de color en el extremo derecho. El índice FST indica la diferenciación genética dentro de poblaciones >tonalidad azul >DG; <tonalidad azul <DG. Bajadiferenciación genética:  $\leq 0.05$  FST. Moderada diferenciación: 0.05-0.25 FST. Alta diferenciación:  $>0.25$  FST.

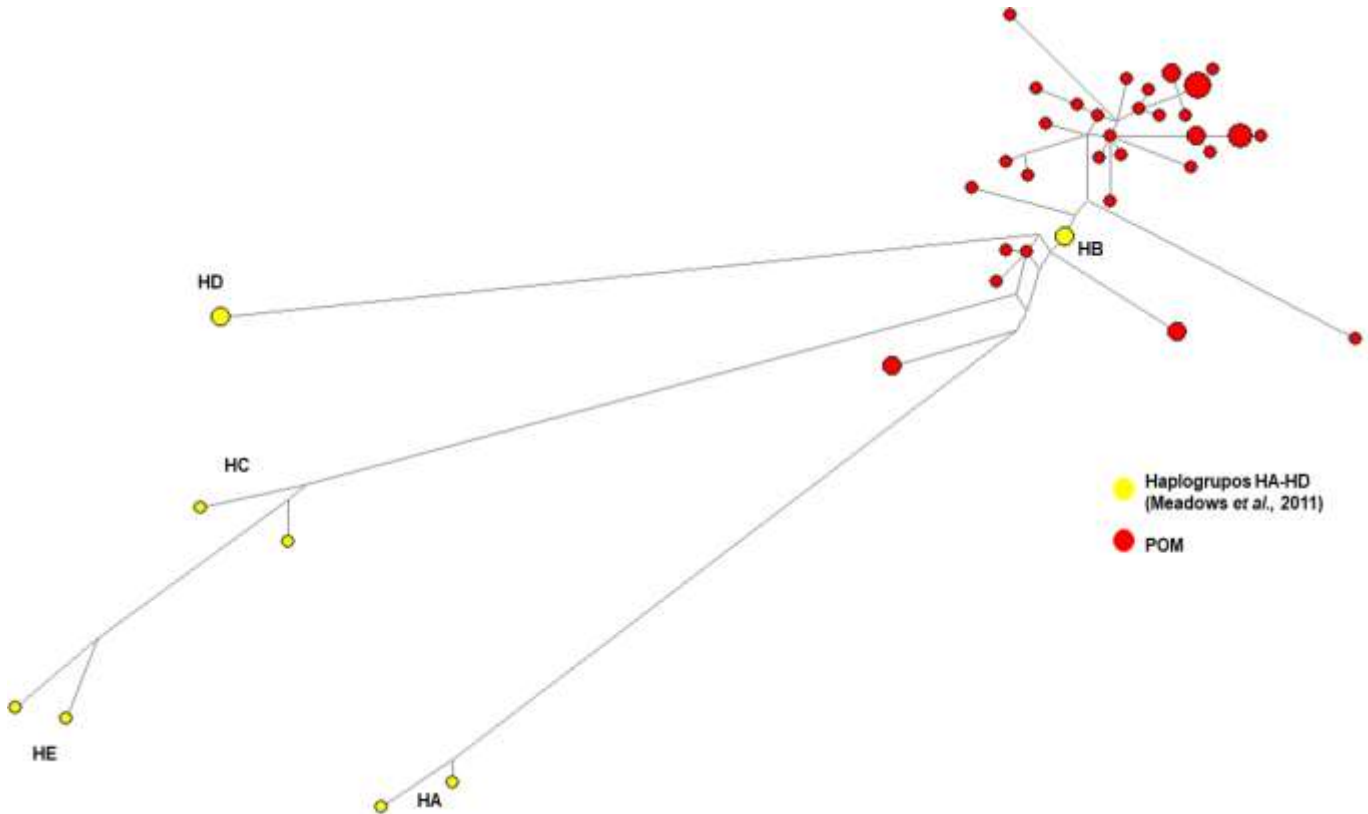
#### 5.4. Relaciones filogenéticas de los ovinos domésticos de México

Para comprender la estructura de la población e identificar el probable linaje filogenético matrilineal de los ovinos domésticos de México, se construyeron 8 redes haplotípicas Median-Joining (MJ). El cuadro 14 detalla que cada red MJ tiene un código, una descripción, el número de secuencias utilizadas y las referencias de las secuencias empleadas. Cada red haplotípica MJ esta descrita en su pie de figura correspondiente).

**Cuadro 14.** Redes haplotípicas MJ analizadas en este estudio

Código	Descripción	Secuencias (n)	Referencias
<b>MJ1</b>	Secuencias de estudio y Haplogrupos Ovinos (HA-HE)	50	Haplogrupos Ovinos (Meadows <i>et al.</i> , 2011) México (Secuencias de estudio)
<b>MJ2</b>	Secuencias de estudio	40	(Suboblaciones: TP de Tepoztlán; SJR de San José del Rincón; TX de Texcoco de Mora; NR de Nicolás Romero y ZP de Zumpango).
<b>MJ3</b>	Iberoamérica Países (España, México y Portugal)	429	España (Mariotti <i>et al.</i> , 2011; Pedrosa <i>et al.</i> , 2007) México (Secuencias de estudio; Ulloa-Arvizu <i>et al.</i> , 2009; Alonso <i>et al.</i> , 2017) Portugal (Pereira <i>et al.</i> , 2006; Pedrosa <i>et al.</i> , 2007)
<b>MJ4</b>	Iberoamérica Troncos Ovinos (Churro, Entrefino, Ibérico, Merino y México)	300	Alonso <i>et al.</i> , 2017 Mariotti <i>et al.</i> , 2011; Secuencias de estudio; Ulloa-Arvizu <i>et al.</i> , 2009; Pedrosa <i>et al.</i> , 2007 Pereira <i>et al.</i> , 2006
<b>MJ5</b>	Secuencias de estudio y raza Romanov de Egipto	49	México (Secuencias de estudio) Raza Romanov de Egipto (Tapio <i>et al.</i> , 2006)
<b>MJ6</b>	Secuencias de estudio y raza Romanov de Rusia	44	México (Secuencias de estudio) Raza Romanov de Rusia (Tapio <i>et al.</i> , 2006)

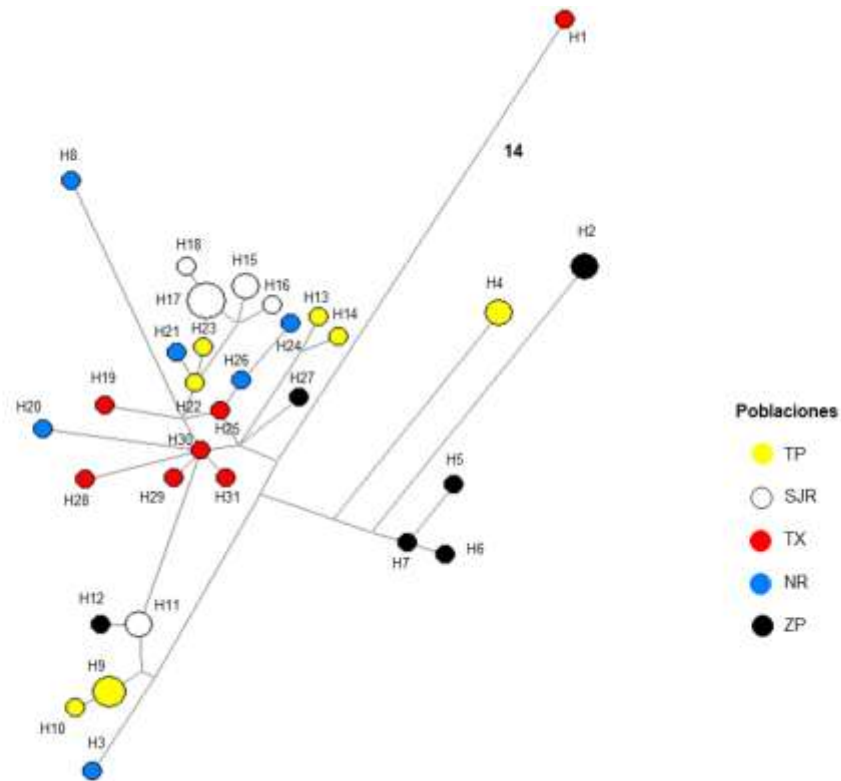
En la red haplotípica MJ1, se aprecia que las poblaciones de los ovinos domésticos de México analizados pertenecen al haplogrupo B del mitogenoma ovino (Medows y col., 2011), observándose como un racimo alrededor del HB (círculos en rojo).



**Figura 24.** Red haplotípica MJ1.

De 1,200 pb de la mtDNA-CR representando las relaciones entre las poblaciones de ovinos domésticos de México y los haplogrupos ovinos. NETWORK V4.6.1.2 [Parámetros determinados]. Las muestras de la red haplotípica son: HA (n=2), HB (n=2), HC (n=2), HD (n=2), HE (n=2) de (Medows y col., 2011). Poblaciones de estudio: TP(n=10), SJR (n=10), TX (n=7), NR (n=6), ZP (n=7).

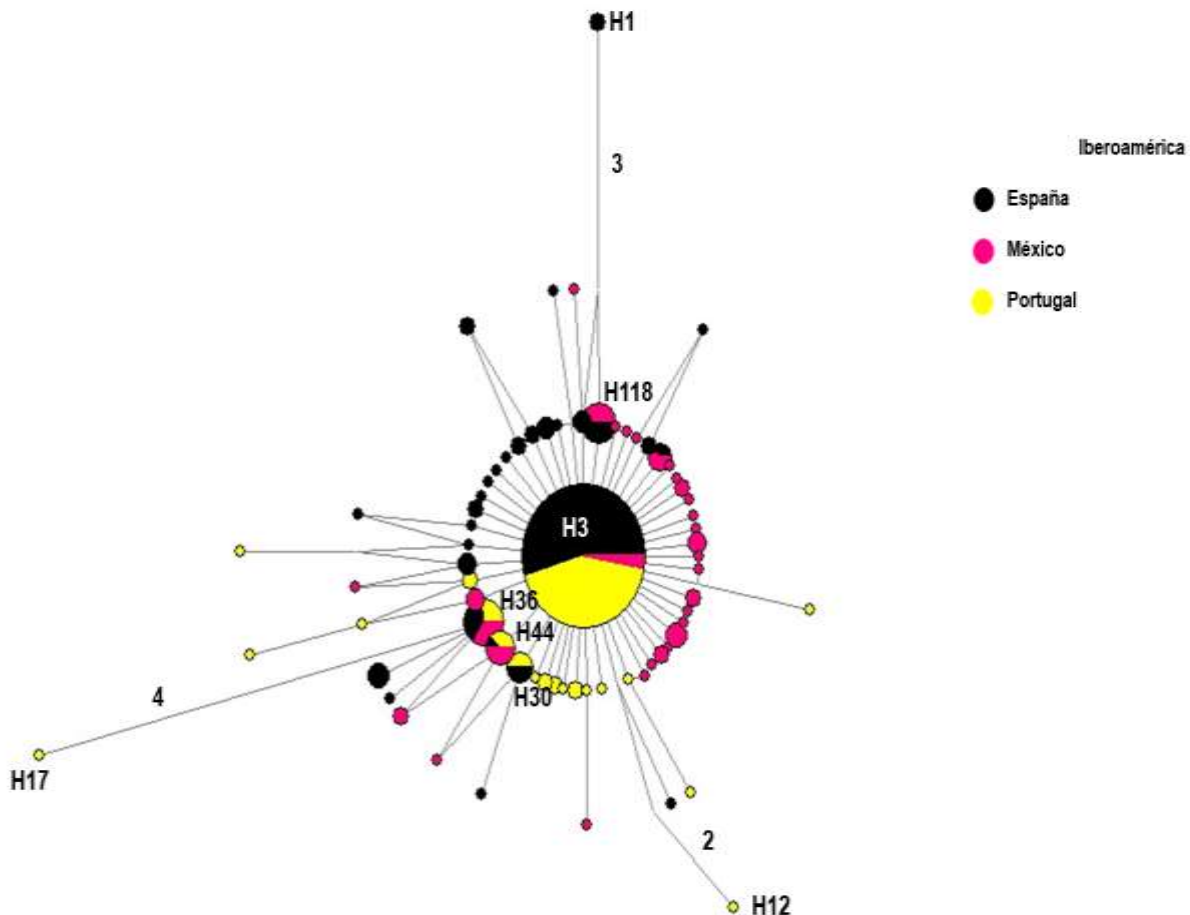
La red haplotípica MJ2, tiene en total 31 haplotipos. No existe un haplotipo central. No hay una separación clara en la distribución de los haplotipos entre las subpoblaciones. La subpoblación TP está compuesta por 7 haplotipos, los cuales están distribuidos por toda la red. La subpoblación SJR está constituida por 5 haplotipos, 4 de ellos están en grupo y uno (H11) se encuentra separado, relacionándose con los haplotipos PT, NR y ZP. La subpoblación TX contiene 7 haplotipos, 6 de ellos están vinculados en grupo y uno (H1) se encuentra alejado, por 14 pasos mutacionales, del resto de los haplotipos de la POM. La subpoblación NR abarca 6 haplotipos, 5 afines entre sí y uno (H3), separado relacionado con las subpoblaciones PT, SJR y ZP. La subpoblación ZP está constituida por 6 haplotipos, 4 agrupados entre sí y dos (H12 y H27), separados. Sólo las subpoblaciones TX y NR presentaron mismo número de haplotipos e individuos.



**Figura 25.** Red haplotípica MJ2

De 1,196 pb de la mtDNA-CR representando las relaciones entre las subpoblaciones de ovinos domésticos de México. NETWORK V4.6.1.2 [Parámetros determinados]. Poblaciones de estudio: TP (n=10), SJR (n=10), TX (n=7), NR (n=6), ZP (n=7).

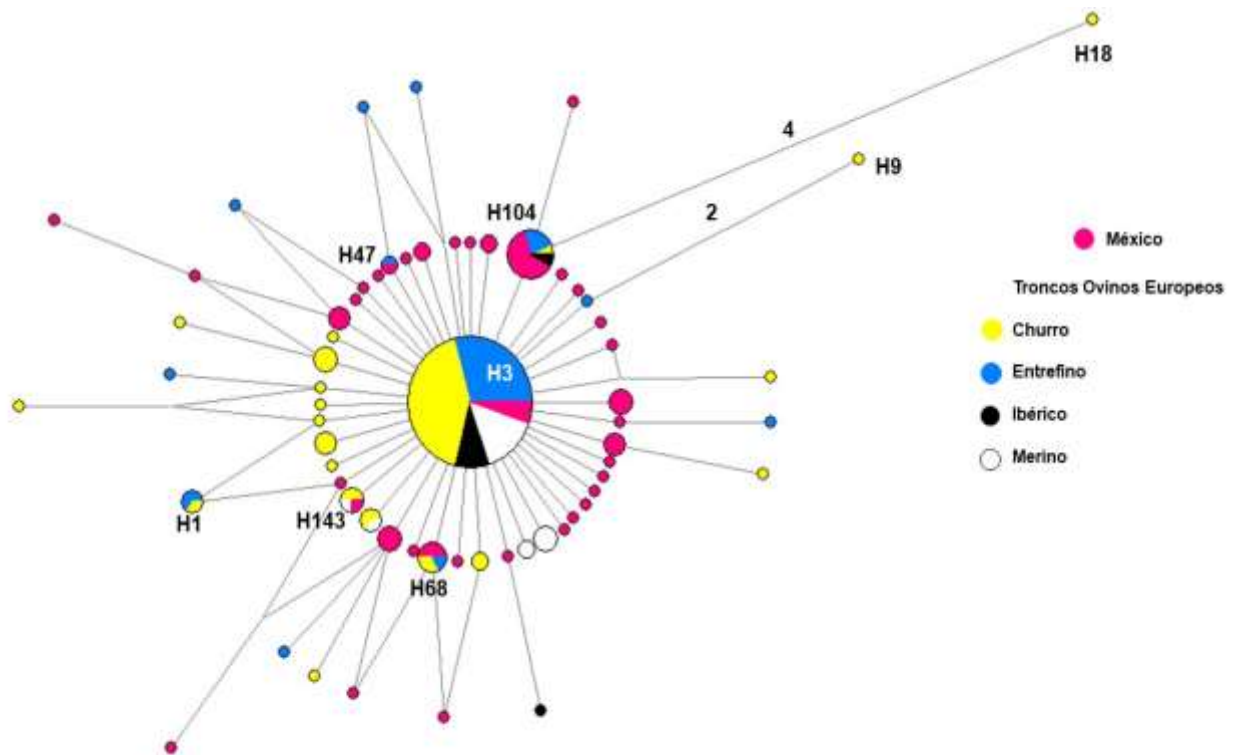
En la red haplotípica MJ3, se observa un haplotipo ancestral (H3) de alta frecuencia compartido entre los tres países. Existen 3 haplotipos bipartidos entre España-México y Portugal-España y 2 haplotipos tripartidos entre los países de Iberoamérica. Hay varios haplotipos con un solo paso mutacional. Los haplotipos H1, H12 y H17 tienen 3, 2 y 4 pasos mutacionales respectivamente. 16 haplotipos con un paso mutacional se encuentran fuera del haplotipo ancestral. La forma de la red es de estrella, indicando una expansión poblacional empezando con el haplotipo H3 de alta frecuencia.



**Figura 26.** Red haplotípica MJ3

De [531 pb](#) de la mtDNA-CR representando las relaciones entre las poblaciones de ovinos domésticos de México con España y Portugal. NETWORK V4.6.1.2 [Opción MP\_WC]. España (n=214), México (n=61) y Portugal (n=154).

La red haplotípica MJ4, contiene un haplotipo ancestral (H3) de alta frecuencia compartido entre México y los cuatro troncos Ibéricos ovinos. El haplotipo H104 está tetrapartido entre México y los troncos Churro, Entrefino e Ibérico. El haplotipo H68 se encuentra tripartido entre México y los troncos Churro y Entrefino. El haplotipo H143 se encuentra tripartido entre México y los troncos Churro y Merino. El haplotipo H48 se encuentra bipartido entre México y el tronco Entrefino. El haplotipo H1 se encuentra bipartido entre los troncos Churro y Entrefino. Hay varios haplotipos con un solo paso mutacional. Los haplotipos H9 y H18 tienen 2 y 4 pasos mutacionales respectivamente. La forma de la red es de estrella, indicando una expansión poblacional empezando con el haplotipo H3 de alta frecuencia.

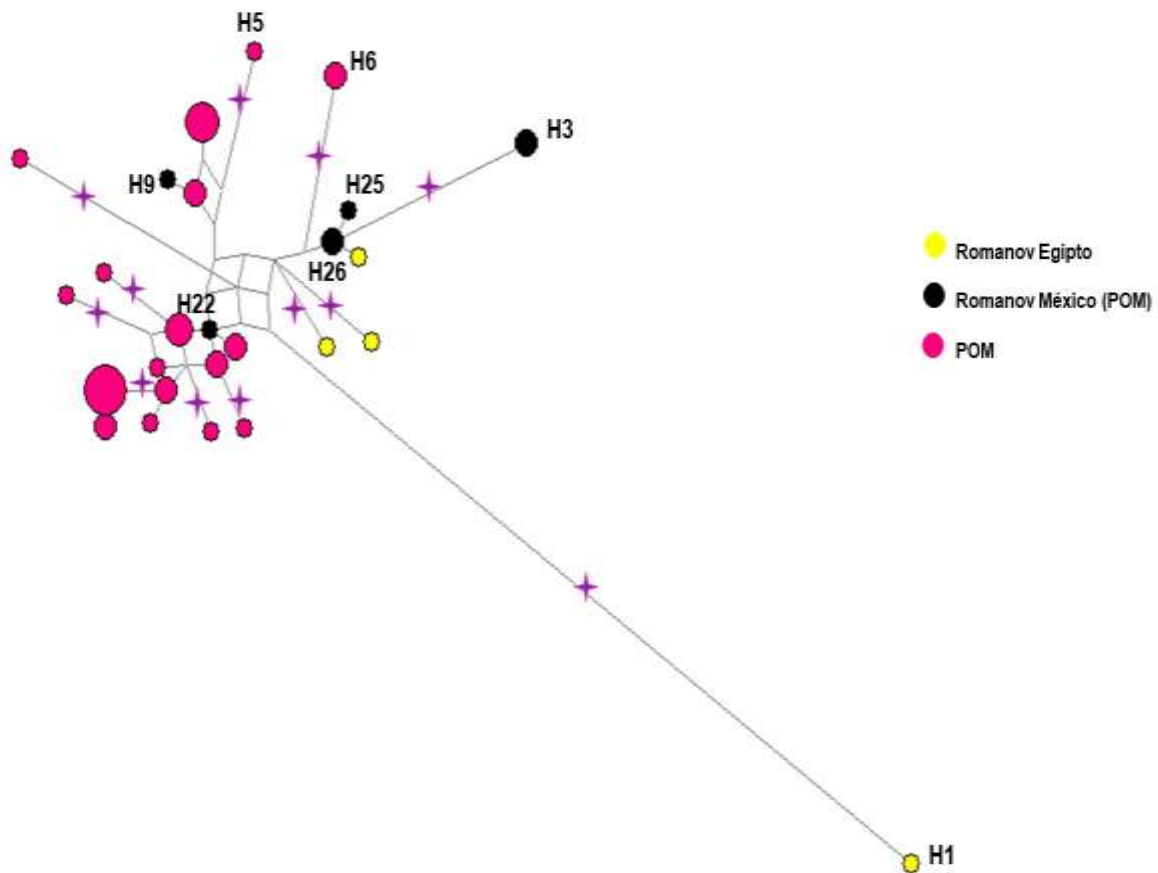


**Figura 27.** Red haplotípica MJ4

De 530 pb de la mtDNA-CR representando las relaciones entre las poblaciones de ovinos domésticos de México con los troncos ovinos europeos. NETWORK V4.6.1.2 [Opción MP\_WC]. México (n=69), Tronco Churro (n=107), Tronco Entrefino (n=70), Tronco Ibérico (n=19), Tronco Merino (n=35).



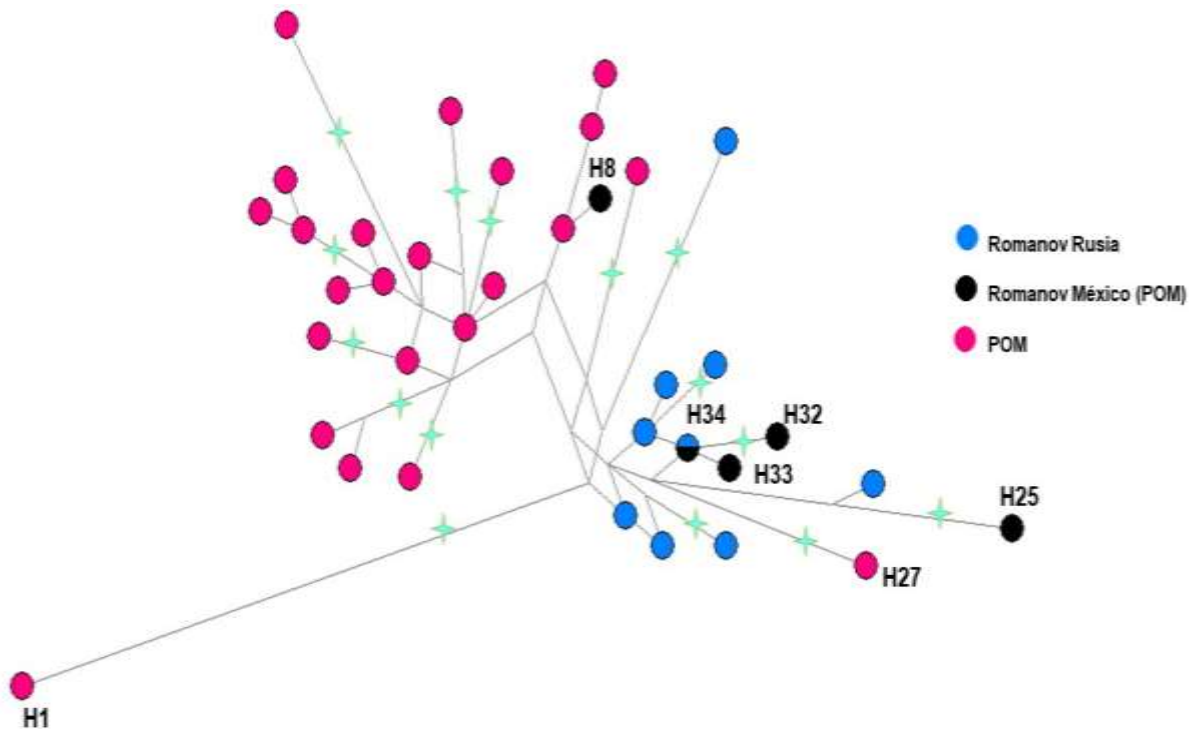
La red haplotípica MJ7, no muestra un haplotipo central. Se observa en color negro 3 haplotipos de la raza Romanov de México (H3, H25, H26) y uno de la POM (H6), relacionados con los haplotipos de la raza Romanov en Egipto (haplotipos de color amarillo). El resto de los haplotipos de la POM y dos de la raza Romanov de México (H9 y H22), se encuentran distribuidos en diferentes sitios de la red. Los haplotipos marcados con una estrella presentan más de un paso mutacional.



**Figura 28.** Red haplotípica MJ5

De 488 pb de la mtDNA-CR representando las relaciones entre las poblaciones de ovinos domésticos de México con la raza Romanov en Egipto. NETWORK V4.6.1.2 [Parámetros determinados]. Poblaciones de estudio: POM (n=40) y Romanov Egipto (n=4).

La red haplotípica MJ8 no presenta un haplotipo central. Se aprecia 4 haplotipos de la raza Romanov de México (H25, H32, H33), uno de ellos compartido (H34); un haplotipo de la POM (H27), relacionados con los haplotipos de la raza Romanov de Rusia (círculos de color azul). El haplotipo H28 de la raza Romanov en México, se encuentra agrupado con el resto de los haplotipos de la POM. Los haplotipos marcados con una estrella presentan más de un paso mutacional.



**Figura 29.** Red haplotípica MJ6

De 736 pb de la mtDNA-CR representando las relaciones entre las poblaciones de ovinos domésticos de México con la raza Romanov de Rusia. NETWORK V4.6.1.2 [Parámetros determinados]. Poblaciones de estudio: POM (n= 40) y Romanov Rusia (n=9).

## 6. Discusión

Los análisis genéticos de esta investigación, proporcionan nuevos datos sobre el desarrollo de las poblaciones ovinas en México, así como la relación filogenética de éstas, con los ovinos de Europa. Además, se complementa con estudios previos de la misma temática en el país (Ulloa-Arvizu *et al.*, 2009; Alonso *et al.*, 2017). Se pudo trazar un panorama sobre la introducción de los ovinos, por parte de los conquistadores españoles en el siglo XVI, de acuerdo a los resultados obtenidos, dicho horizonte impacta actualmente en el desarrollo productivo ovino en México.

Sin embargo, en este estudio, no solo se incluyeron ovejas “criollas”, sino también de la raza Romanov y ovinos con descendencia maternal desconocida, tanto de los sistemas productivos estabulados y de traspatio. La razón de incluir estos grupos ovinos, es porque también forman parte de los recursos zoogenéticos del país (FND, 2015), y en cierta manera, la producción ovina mexicana funciona con una gran diversidad de ovinos (CENID, 2013). Es necesario mencionar que los resultados obtenidos apenas son el principio del complejo estudio y mantenimiento de la diversidad genética ovina en México. Estos tópicos se discuten a continuación.

Según la prueba de la prueba de chi cuadrada ( $X^2$ ) o de Pearson, la POM resultó ser una población representativa ya que, las subpoblaciones que la componen son diferentes entre sí (ver cuadro 9).

En comparación con los resultados de poblaciones de ovinos “criollos” mexicanos (MCS), de Alonso *et al.*, 2017; la diversidad haplotípica (HD) de la POM y de la MCS fue igual, pero la diversidad nucleotídica ( $\pi$ ) de la POM fue mayor a la de la MCS. Por tanto, la POM presentó una alta diversidad relativa genética en la mtADN-CR ovina. Esta diferencia probablemente, se debe a las características de cada población. Alonso *et al.*, 2017 sólo estudió a los ovinos “criollos” mexicanos, mientras que en esta tesis la población ovina fue mucho más variada (ver cuadro 6).

Se esperaba que los parámetros de diversidad genética, de las subpoblaciones SJR, TP y TX fueran mayores y gráficamente diferenciados (ver figura 18), ya que, categóricamente,

los ovinos son “criollos” de gran rusticidad e importancia económica. De igual forma, dichos parámetros se esperaban que fuesen mayores en el SPT que en el SPE (ver figura 19).

Una probable hipótesis de este fenómeno apunta, a la forma de manejo ovina, independiente de la raza y del sistema de producción puesto que, la subpoblación ZP está compuesta por animales de raza pura, Romanov, dentro de un SPE; ésta exhibió una diversidad genética alta en comparación con la subpoblación SJR constituida por ovinos “criollos” de un SPT. Sin embargo, estos resultados se deben tomar con precaución ya que, la composición numérica ovina de la POM fue limitada.

La diversidad genética de los animales de granja es necesaria para satisfacer las necesidades actuales de producción en diversos entornos (FAO, 2015). Mayoritariamente los SPE utilizan animales con una uniformidad genética para una explotación intensiva que los SPT. El mejoramiento genético bajo una selección unidireccional relativamente intensa puede implicar, tanto aumentos en la frecuencia de alelos/haplotipos aditivos favorables como la descomposición progresiva de los mecanismos de regulación homeostática, establecidos bajo la el tipo de selección estabilizadora que caracteriza a las poblaciones naturales (Notter, 1999).

Este estudio abre la siguiente interrogante, ¿El manejo de los ovinos independientemente de la raza y del sistema de producción, repercute en la diversidad genética?, más investigaciones son necesarias al respecto. Aunque, si la respuesta es afirmativa, se deberá entrelazar el potencial de alternativas de variación genética (fenotipo-genotipo) tomando en cuenta la evolución de los contextos sociales, económicos, ecológicos, culturales e históricos implicados en el manejo ovino en México. Una ventaja para la conservación ovina, es que estos pequeños rumiantes no son competitivos con la alimentación humana (Peña *et al.*, 2013), es por ello la urgente necesidad de estudios en conservación ovina, para lograr óptimas normatividades en Seguridad-Soberanía Alimentaria y una producción sustentable ante los retos del cambio climático (FAO, 2015).

La secuencia de la subpoblación TX, que sólo obtuvo 3 copias de motivos mtVNTRs, no se tomó en consideración para este estudio. Se han reportado este tipo de variaciones

comunes en los 4 motivos mtVNTRs, provocando la reducción en longitud de la mtADN-CR ovina (Pereira *et al.*, 2006; Prajoga y Maksun, 2009; Singh *et al.*, 2013; Liu *et al.*, 2016). Por lo que, esta secuencia se debe estudiar con otras que presenten características similares.

En cuanto a la historia demográfica de los ovinos Iberoamericanos, según las pruebas de neutralidad (Tajima's D y Fu's F) así como, los estadísticos SSD y el Índice Harpending's Reggedness indicaron que las poblaciones de España, México y Portugal sufrieron una expansión demográfica y espacial. No obstante, los gráficos de distribución mismatch de los modelos de expansión demográfica y expansión espacial, mostraron una forma discontinua y multimodal, para España y México, es decir, las poblaciones están en "equilibrio" demográfico y espacial o que mantiene un tamaño constante a lo largo de un periodo largo; mientras que para Portugal la forma fue continua y unimodal o la representación de una expansión demográfica y espacial poblacional (ver figuras 21 y 22), (Slatkin 1991; Ray *et al.*, 2003).

Aunque, hay que tomar cautela en la interpretación demográfica y espacial para España y México, ya que se utilizaron un bajo número de secuencias en el análisis, en comparación con Portugal. Si las poblaciones ovinas de Iberoamérica efectivamente sufrieron una expansión demográfica y espacial poblacional, las causas probables se remontan a eventos históricos, políticos, ecológicos, económicos y culturales en Iberoamérica (Hamnett, 2017)

El índice FST (Wright 1965; Weir y Cockerham, 1984), fue significativo para los países de Iberoamérica. Cuanto mayor sea la DG entre dos poblaciones, menor es la reproducción y mayor aislamiento están el uno del otro, como en el caso de España-México (0.2723), que es mayor que entre México-Portugal (0.20223). Por otro lado, cuanto menor sea la DG, mayor es la reproducción y menor aislamiento, como España-Portugal (0.04056), (ver cuadro 13), (Hedrick 2005). La matriz FST (ver figura 23), de manera gráfica se observa que entre mayor sea la tonalidad del color azul, mayor es la DG, como en España-México, una tonalidad media indicó una DG mediana, México- Portugal, y finalmente un tono azul muy claro mostró una DG menor, España-Portugal.

Estos resultados tienen cierto sentido ya que, geográficamente México está separado de la Península Ibérica por el Océano Atlántico, aproximadamente 8, 720 km (Geodatos, 2017a). Por el contrario, la distancia centro de Portugal al centro de España, es apenas de  $\approx 400$  km por tierra (Geodatos, 2017b). Sin embargo, es importante mencionar que dichos valores se deben tomar con reserva, debido al número de secuencias mexicanas y españolas utilizadas en el estudio

El análisis filogenético reveló que la POM está asociada al haplogrupo B ovino (HB), (ver figura 24), frecuente en las poblaciones ovinas europeas (Pereira *et al.*, 2006; Pedrosa *et al.*, 2007; Mariotti *et al.*, 2011 y Álvarez *et al.*, 2013). Ulua- Arvizu *et al.* (2009) y Alonso *et al.* (2017), también identificaron el HB en poblaciones ovinas “criollas” mexicanas.

El estudio regional filogenético de la POM mostró varios haplotipos únicos por subpoblación. No se logró identificar un haplotipo ancestral (ver figura 25). Esto sugiere una diferenciación genética local entre las subpoblaciones probablemente a las distintas zonas geográficas de muestreo y/o origen, aislamiento o un probable *efecto fundador*<sup>43</sup>. Un hallazgo similar fue reconocido en la población MCS de Alonso *et al.* (2017). Sin embargo, es evidente que se necesita muestreo más extenso para confirmar esta suposición.

Las relaciones filogenéticas entre los países de Iberoamérica (España, México y Portugal) y los troncos ibéricos ovinos evidenciaron una expansión poblacional además de encontrarse un haplotipo ancestral (H3), (ver figuras 26 y 27) y 3 haplotipos compartidos (H36, H44 y H118) entre los países de Iberoamérica (ver figura 23). Los enfoques estadísticos Tajima's D, Fu's F, SSD y el Índice Harpending's Reggedness, analizados en este estudio reafirman esta inferencia.

Ahora bien, los hechos históricos que respaldan esta relación filogenética ovina iberoamericana, se destacan por un lado en la península Ibérica; desde la Hispania romana (218 a.C - principios del siglo V), la Hispania musulmana (711-1492), el nacimiento de la

---

<sup>43</sup> **Efecto fundador.** Es la reducción en la variación genética que se produce cuando un pequeño subconjunto de una población grande se utiliza para establecer una nueva colonia. La nueva población puede ser muy diferente de la población original, tanto en sus genotipos como en sus fenotipos (Losos *et al.*, 2014: p. 307).

Mesta (1273), (Klein 1920), la formación de los reinos de España y Portugal (1469 y 1640). Y por el otro en América, gracias a la exploración y conquista del Nuevo Mundo por parte de los españoles y portugueses (1492,1521,1534). Aunado con el crisol de tradiciones y costumbres de diferentes culturas, sobre todo árabe, acerca del mejoramiento (Davis 2006), manejo y uso (García 2014: p. 3-6,11, 35-36, 151-55) de los ovinos; fueron los principales motores de definición genética en la población demográfica y espacial ovina, en la península Ibérica y en América (Butzer 1988; Pereira *et al.*, 2006).

En México, los datos filogenéticos analizados junto con las crónicas de la Nueva España, pueden esbozar un horizonte histórico sobre el desarrollo demográfico y espacial de las poblaciones ovinas y la repercusión de éstas en la cultura mexicana (ver capítulos 2.4 y 2.5). Melville (1994) analiza la expansión de las ovejas en un caso particular, durante la colonia en el del valle del Mezquital, y coloca la fase de expansión entre 1530 y 1565 (cuando se llegó a unas 2 000 000 de cabezas de *ganado menor*<sup>44</sup>), percibiendo cómo los animales penetraron paulatinamente en nuevos espacios e impusieron una creciente presión sobre el ambiente (Melville, 1994).

La mayoría de los haplotipos de las secuencias analizadas de México se hallaron 5 haplotipos compartidos con los troncos Churro, Entrefino, Ibérico y Merino (H1, H47, H68, H104 y H143) y un ancestral (H3), (ver figura 27). La población MCS de Alonso *et al.* (2017), sólo se relacionó con los troncos Churro y Entrefino. De cierta manera los resultados apoyan los informes históricos que indican que las poblaciones de ovejas mexicanas se originaron de razas de razas de la Península Ibérica (Matezanz 1965, Saucedo 1984, Pedraza *et al.*, 1992, Pereira *et al.*, 2006), aunque no está clara la participación de una raza en particular, como también fue mencionado por Alonso *et al.* (2017).

Las relaciones filogenéticas POM comparadas con la raza Romanov de Rusia y Egipto, evidenciaron que el haplotipo H6 (figura 28) y el H27 (figura 29), corresponden a dos muestras de la subpoblación TP, lo que prueba los programas de mejoramiento genético en México, con la raza Romanov (ver capítulo 2.4). Es importante señalar, que los ovinos

---

<sup>44</sup>**Ganado menor** Ganado formado por animales de pequeño y mediano tamaño (ovejas, cabras, cerdos, etc.), (Melville 1994: p.79-85).

Romanov de la red MJ5 (figura 28) son de origen ruso introducidos en Egipto (Tapio *et al.*, 2006).

En la red MJ6 (figura 29), el haplotipo H36 está bipartido con una muestra de la raza Romanov en México y Romanov en Rusia, lo que sugiere que: A) Sea un haplotipo antiguo presente en la población Romanov de Rusia o bien B) El origen de una mutación independiente en el mismo sitio del mtADN. El resto de los haplotipos de la subpoblación ZP se agrupan entorno a los haplotipos de la raza Romanov (red MJ5 y MJ6), indicando la descendencia matrilineal de las ovejas Romanov en México. Sólo un haplotipo que corresponde a una muestra de la subpoblación ZP no mostró dicha relación (H9 en la red MJ5 y H8 en la red MJ6). Según el productor de esta subpoblación, parte de su rebaño ovino viene directamente de Rusia pasando por Canadá para arribar a México y otra tiene un origen sospechoso, no obstante, se argumentaba que todas las ovejas eran de raza Romanov.

Este tipo de estudios filogenéticos, puede ser útil para los productores de pie de cría siempre y cuando su población ovina sea de raza pura y tenga un registro genealógico controlado, así podrán verificar el origen matrilineal de su ganado (Bandelt *et al.*, 1999).

Las investigaciones mitogenómicas, tienen limitaciones, en especial si se utilizan fragmentos cortos. Es necesario estudiar, indicadores de productividad ovina y correlacionarlos con datos de genética cuantitativa y molecular, para tener un panorama más amplio y certero del comportamiento productivo en México.



## 7. Conclusiones

Esta tesis se logró determinar el origen y la diversidad genética matrilineal de los ovinos domésticos en México, mediante el análisis de la región control del mtADN ovino.

Se obtuvieron 53 muestras biológicas (sangre) de ganado ovino proveniente de diferentes sistemas de producción (social y empresarial), y un núcleo de conservación *ex situ* del Estado de México, para el aislamiento y purificación del DNA genómico de las mismas.

Se empezó la formación un banco genético nacional de las secuencias de la región mtADN-CR ovino para futuras investigaciones contribuyendo a conjuntar la riqueza de la información biológica ovina de México.

Se aplicaron las técnicas Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) punto final secuenciación Sanger bidireccional, para obtener la región control mitocondrial (mtADN-CR), de 53 muestras ovinas.

Se estimaron las variaciones de la región mtADN-CR, de 40 secuencias ovinas. Se halló una alta diversidad genética en la población ovina estudiada y en el sistema de producción estabulado, así como la asociación filogenética al haplogrupo B (HB) ovino, frecuente en las poblaciones europeas. Se identificaron las relaciones filogenéticas y filogeográficas de los ovinos domésticos de México con sus raíces Ibéricas.

Se observó una probable expansión demográfica y espacial entre los ovinos de Iberoamérica (España, México y Portugal), confirmándose con los eventos históricos ocurridos en Iberoamérica.

## 8. Perspectivas

En esta sección se expresan algunos aspectos derivados de la presente investigación para posteriores estudios.

- ∞ Ejecutar las nuevas técnicas de Biología Molecular, como la secuenciación masiva de nueva generación (NGS) del genoma de los ovinos mexicanos, en los diferentes sistemas de producción; para establecer una comparación de diversidad, distancias genéticas y filogenias, con la posibilidad de lograr una producción sustentable con miras a proyectos de políticas de conservación adecuadas en México, contribuyendo así a los perfiles de Seguridad-Soberanía Alimentaria y Cambio Climático dictados por la FAO (FAO, 2015).
- ∞ Realizar una investigación arqueogenómica con los restos óseos de los ovinos durante de la época Colonial en México (Matos, 1992), para realizar una comparación genómica con las poblaciones ovinas actuales de diferentes sistemas de producción, estableciendo una historia demográfica ovina en México.
- ∞ Investigar los prototipos ecológicos relacionados a la producción ovina durante la época de la Colonia en la Nueva España con los de la Península Ibérica durante la ocupación de los Romanos y Moros (Butzer, 1988); para concebir la herencia del manejo ovino en México y así establecer una conexión genética, histórico, social, cultural y económica; que repercuten hoy día en la producción ovina mexicana.
- ∞ Expandir este estudio a un experimento más controlado, un sistema de producción empresarial; donde los tiempos y parámetros de producción son más estables, para establecer una posible relación fenotipo-genotipo (mitocondrial y nuclear) ovina, logrando así un consejo genético óptimo para el desarrollo sustentable y rentable en este tipo de sistema productivo.

- ∩ Tratar de explicar el proceso de diferenciación genética en un periodo corto, donde pocas mutaciones son acumuladas pero los eventos de deriva genética y migración son sustanciales; siguiendo un modelo lineal de distancias genéticas respecto al tiempo para una óptima construcción de filogenias, de acuerdo a la ecuación  $Fst = 1 - e^{-\frac{t}{2N}}$ ;  $t = -2N \ln(1 - Fst)$ ;  $D = -\log(1 - Fst)$ , (Reynolds y col., 1983), en los sistemas de producción ovinos en México. Dichos sistemas caen este tipo de estudio, pues en un breve tiempo se observan pocas mutaciones acumuladas y eventos como la deriva genética y migración son centrales, pues siempre existe un cambio constante de razas ovinas machos, dependiendo de las necesidades fisiológicas de las hembras.
- ∩ Elaborar una base de datos de fenotipos y genotipos ovinos, relacionados con aspectos culturales, sociales económicos e históricos, con la información acumulada de los puntos anteriores; para lograr una monitorización del comportamiento de producción y conservación ovina en México.

## Referencias

- Abdoli R, Z. P.-Z. (2016). A review on prolificacy genes in sheep. *Reprod Domest Anim.*, 51(5), 631-637.
- Ahmed, I. A. (1940). The structure and behaviour of the chromosomes of the sheep during mitosis and meiosis. *Proc. Roy. Soc. Edinb.*, 60, 26G270.
- Alfaro, A. (2014). Elogio de la Opulencia, la distancia y el cordero. *Textiles de Chiapas*(19), 15-22.
- Alonso RA, U.-A. R.-V. (2017). Mitochondrial DNA sequence analysis of the Mexican Creole sheep (*Ovis aries*) reveals a narrow Iberian maternal origin. *Mitochondrial DNA Part A*, 28(6), 793-800.
- Alvarez I, C. J. (2013). Mitochondrial analysis sheds light on the origin of hair sheep. *Animal Genetics*, 44(3), 344–347 .
- Arora D, S. A. (2015). HgsDb: Haplogroups Database to understand migration and molecular risk assessment. *Bioinformatics.*, 11(6), 272-275.
- Arora R, B. S. (2011). Population structure in Indian sheep ascertained using microsatellite information. *Animal Genetics*, 42(3), 242–250 .
- Arvizu-Ulloa, R. V.-G.-M. (2009). Determining the genetic origin of Mexican creole sheep (*Ovis aries*) by cytochrome C oxidase subunit I gene analysis. *Téc Pecu Méx*, 47(3), 323-328.
- Avise J.C., A. J. (1987). Intraspecific phylogeography: The mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 18, 489–522.
- Avise, J. (2008). Phylogeography: retrospect and prospect. *Journal of Biogeography*, 36(1), 3-15.
- Bandelt HJ, F. P. (1999). Median-Joining Networks for Inferring Intraspecific Phylogenies. *Mol. Biol. Evol*, 16(1), 37-48.
- Barona, L. (2009). Las razas ovinas Ibéricas y su participación en la colonización de Iberoamérica. En V. N. Delgado (Ed.), *Biodiversidad Ovina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable* (págs. 17-19). Córdoba.
- Barrera, N. (1996). Los orígenes de la ganadería en México. *Ciencias*, 44, 14, 26, 27.
- Bernardi, G. (2000). Isochores and the evolutionary dynamics of vertebrates. *Gene*, 17, 241-243.
- Bernardi, G. (2007). The neoselectionist theory of genome evolution. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 104, 8385–8390.
- Berry, R. O. (1938). Comparative studies on the chromosome numbers in sheep, goat, and sheep-goat hybrids. *J. Hered.*, 29, 343-350.
- Blackburn HD, P. S. (2011). Genetic structure and diversity among sheep breeds in the United States: Identification of the major gene pools. *Journal of Animal Science Abstract - Animal Genetics*, 89(8), 2336-2348.
- Bökönyi, S. (1977). *Animal Remains from the Kermanshah Valley, Iran*. Oxford: British Archaeological Reports .
- Boore, J. L. (1999). Animal mitochondrial genomes. *Nucl. Acids Res*, 27, 1767-1780.
- Brown, A. (2010). Variation under domestication in plants: 1859 and today. *Phil. Trans. R. Soc. B*, 365, 2523–2530.
- Bruford M, T. S. (2006). Mitochondrial DNA diversity in modern sheep: implications for domestication. En *Documenting domestication: new genetic and archaeological paradigms* (págs. 307-317). Berkeley, CA: University of California Press.
- Bruford M.W., B. D. (2013). DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nature Reviews Genetics*, 4, 900-910.
- Bruford MW, B. D. (2003). DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nature Reviews Genetics*, 4, 900-910.

- Burbelo, P. C. (2010). Antibodyprofiling technologies for studying humoral responses to infectious agents. *Expert Rev. Vaccines*, 567–578.
- Butzer, K. (1988). Cattle and Sheep from the Old to New Spain: Historical Antecedents. *Cattle and Sheep*, 29-56.
- Casane D, D. N. (1997). Nonneutral evolution of tandem repeats in the mitochondrial DNA control region of Lagomorphs. *Mol. Biol. Evol.*, 14, 779–789 .
- CeMeGO. (2017). Recuperado el 17 de 11 de 2017, de <http://veterinaria.uaemex.mx/CeMeGO/index.php>
- CENID. (2013). *Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias*. Recuperado el 05 de 12 de 2015, de <http://www.sagarpa.gob.mx/ganaderia/Documents/MANUALES%20INIFAP/Manual%20Producci%C3%B3n%20de%20Carne%20Ovina.pdf>
- Chen, S.-Y. D.-Y.-F.-P. (2006). Origin, genetics diversity and population structure of Chinese domestic sheep. *Gene. Evolutionary Genomics*, 19(376(2)), 216-23.
- Činkulov M, P. Z. (2008). Genetic diversity and structure of the West Balkan Pramenka sheep types as revealed by microsatellite and mitochondrial DNA analysis. *Journal of animal breeding and genetics*, 125(6), 417–426.
- Contreras, M. (2013). *Diseño de nuevos productos con textil artesanal de Teotitlán del Valle, en coordinación con el Centro de Arte Textil Zapoteco Bii Daüü*. HUAJUAPAN DE LEÓN, OAXACA: UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA DE LA MIXTECA .
- Cuéllar OJA, G. L. (2011). 2. Situación de la ovinocultura en México. En *Manual práctico para la cría ovina* (pág. 6). México: Ediciones Pecuarias .
- Cuéllar, J. T. (2012). *La producción ovina mexicana particulares y complejidades*. México: Ariadna.
- Dalvit C, D. M. (2009). Genetic variation and population structure of Italian native sheep breeds undergoing in situ conservation. *J Anim Sci.*, 87(12), 3837-3844.
- Delgado, J. M. (2000). The Wool-Less Canary Sheep and their relationship with the present breeds in America. *Animal Genetic Resources Information*, 28, 27-34.
- Delgado, J. V., Martínez, R., Revidatti, M. A., Vaca, J., Stemmer, A., & Sereno, J. R. (2005). Balance de siete años en pro de la conservación de razas iberoamericanas. *Archivos de Zootecnia*, 54(206-207), 129-134 .
- Diamond, J. (2002). Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature*, 418, 700-707.
- Duarte CM, N. M. (2007). Rapid domestication of marine species. *Science*, 316, 382–3.
- Dunmire, W. (2013). The animals ganado menor. En *New Mexico's Spanish Livestock Heritage: Four Centuries of Animals, Land, and People* (págs. 174-188). UNM Press.
- Edgar, R. (2004). MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32, 1792-1797.
- Ekarius, C. (2017). *Storey's Illustrated Breed Guide to Sheep, Goats, Cattle and Pigs: 163 Breeds from Common to Rare*. Storey Publishing.
- engineering, F. (28 de Mayo de 2017). *Network Software*. Obtenido de <http://www.fluxus-engineering.com/index.htm>
- Española, R. A. (2004). *Diccionario de la Real Academia Española*. Recuperado el 17 de 04 de 2017, de <http://dle.rae.es/?id=1AGmsT1>
- Española, R. A. (2004). *Diccionario de la Real Academia Española*. Recuperado el 21 de 04 de 2017, de <http://dle.rae.es/?id=F8Wuw8>
- Española, R. A. (2004). *Diccionario de la Real Academia Española*. Recuperado el 21 de 04 de 2017, de <http://dle.rae.es/?id=aRYDUBD>
- Española, R. A. (2004). *Diccionario de la Real Academia Española*. Recuperado el 18 de 04 de 2017, de <http://dle.rae.es/srv/search?m=30&w=feral>
- Española, R. A. (2014). *Diccionario de la lengua española*. Recuperado el 16 de 04 de 2017, de <http://dle.rae.es/srv/search?m=30&w=neotenia>
- Española, R. A. (2014). *Diccionario de la Real Academia Española*. Recuperado el 15 de 04 de 2017, de <http://dle.rae.es/srv/search?m=30&w=barbacoa>

- Española, R. A. (2014). *Diccionario de la Real Academia Española*. Recuperado el 17 de 04 de 2017, de <http://dle.rae.es/srv/search?m=30&w=maguey>
- Española, R. A. (2014). *Diccionario de la Real Academia Española*. Recuperado el 17 de 04 de 2017, de <http://dle.rae.es/srv/search?m=30&w=urdimbre>
- Española, R. A. (2014). *Diccionario de la Real Academia Española*. Recuperado el 17 de 04 de 2017, de <http://dle.rae.es/srv/fetch?id=FTCQ30T>
- Española, R. A. (2014). *Diccionario de la Real Academia Española*. Recuperado el 17 de 04 de 2017, de <http://dle.rae.es/srv/search?m=30&w=obraje>
- Española, R. A. (2014). *Diccionario de la Real Academia Española*. Recuperado el 13 de 12 de 2015, de <http://www.rae.es/rae.html>
- Evershed RP, S. P. (2008). Earliest date for milk use in the Near East and southeastern Europe linked to cattle herding. *Nature*, *455*, 528–31.
- Fábregas, A. (2014). El textil como resistencia cultural. *Textiles de Chiapas*(19), 9-11.
- FAO. (2010). *La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura*. Roma, Italia: CGFRA.
- FAO. (2015). *Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture*. Recuperado el 16 de 12 de 2015, de <http://www.fao.org/3/a-i4787e/index.html>
- Farhadian M, H. A. (2012). Polymorphisms in the ovine myostatin gene are associated with birth weight but not with weight gain in Iranian Makoei sheep. *Genet Mol Res.*, *11*(4), 3568-3575.
- Farris, J. (1970). Methods for computing Wagner trees. *Syst.Zool.*, *19*, 83-92.
- Fenner, F. J., Gibbs, E. P., Murphy, F. A., Rott, R., Studdert, M. J., & White, D. O. (2003). *Veterinary Virology*. NY, USA.: Academic Press.
- Ferreira J, P. S. (2014). Genetic diversity and population structure of different varieties of Morada Nova hair sheep from Brazil. *brGenetics and Molecular Research*, *13*(2), 2480-2490.
- Flores, J. (2004). Todo comenzó en Veracruz. En *Breve Historia de la Comida Mexicana* (págs. 81-88). México: Random House Mondadori.
- FND. (2015). *Panorama de la Carne y Lana de Ovino*. Recuperado el 28 de 03 de 2016, de [http://www.financierarural.gob.mx/informacionsectorrural/Panoramas/Panorama%20Ovino%20\(feb%202015\).pdf](http://www.financierarural.gob.mx/informacionsectorrural/Panoramas/Panorama%20Ovino%20(feb%202015).pdf)
- Fresno, M. C. (1992). The canary Islands Breeds: Past, Present and Future. *Archivos de Zootecnia. Archivos de Zootecnia*, *41*, 513-518.
- Ganoa, M. T. (2012). Historia y Mestizaje de México a través de su gastronomía. *Culinaria*, 30-58.
- García, M. (2001). Los primeros pasos del ganado en México. En *La ganadería en México* (págs. 99-110). México: Plaza y Valdes.
- Geneious, v. (2016). CREATING, VIEWING AND EDITING SEQUENCES. En *Geneious v9.1 Manual* (págs. 76-77).
- Geodatos. (2017). *Geodatos*. Recuperado el 13 de 11 de 2017, de <https://www.geodatos.net/distancias/paises/de-portugal-a-mexico>
- Geodatos. (2017). *Geodatos*. Recuperado el 13 de 11 de 2017, de <https://www.geodatos.net/distancias/paises/de-portugal-a-espana>
- Geografía, I. N. (2007). *Censo Agropecuario. El ganado ovino en México*. México.
- Gepts, P. (2004). Crop Domestication as a Long-term Selection Experiment. En J. Janick (Ed.), *PLANT BREEDING REVIEWS* (pág. 1). Hoboken, New Jersey : John Wiley & Sons, Inc.
- Goodall Copestake WP, T. G. (2012). On the comparison of population-level estimates of haplotype and nucleotide diversity: a case study using the gene *cox1* in animals. *Heredity*, *109*(1), 50-56.
- Gootwine, E. R. (2012). Ovine mitochondrial DNA sequence variation and its association with production and reproduction traits within an Afec-Assaf flock. *J. Anim. Sci.*, *90*, 2084-2091.
- Guang-Wei Ma, Y.-K. C.-J.-Y.-S.-G.-Q.-Z. (2017). Polymorphisms of FST gene and their association with wool quality traits in Chinese Merino sheep. *PLoS One.*, *12*(4).
- Guasp, M. (2016). *México sobre ruedas*. Recuperado el 03 de 12 de 2017, de <http://mexicosobreruedas.mx/barbacoa-de-hoyo/>
- Guo, Z. G.-M. (2016). Possible mechanisms of host resistance to *Haemonchus contortus* infection in sheep breeds native to the Canary Islands. *Scientific Reports*, *6*, 26200.

- Harpending, R. (1994). Signature of ancient population growth in a low-resolution mitochondrial DNA mismatch distribution. *Hum Biol*, 66, 591–600.
- Hart, B. (1985). En *The Behavior of Domestic Animals* (págs. 56-57). New York, NY. : W. H. Freeman.
- Hedrick, P. (2005). A standardized genetic differentiation measure. *Evolution*, 59, 1633-1638.
- Hiendleder, S. L. (1998). The complete mitochondrial DNA sequence of the domestic sheep (*Ovis aries*) and comparison with the other major ovine haplotype. *J Mol Evol*, 47, 441–448.
- Hongying F, F. Z. (2016). Complete Mitochondrial Genome Sequences of Chinese Indigenous Sheep with Different Tail Types and an Analysis of Phylogenetic Evolution in Domestic Sheep. *Asian Australas. J. Anim. Sci.*, 29(5), 631-639.
- Indias, R. A. (1864). *Documentos inéditos relativos al descubrimiento conquista y colonización en América y Oceanía*. Madrid: Torija.
- Information, N. C. (2017). *Taxonomy Database*. Recuperado el 17 de 04 de 2017, de <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=9940>
- Information., N. C. (28 de 05 de 2017). *GenBank*. Obtenido de <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>
- Information., N. C. (2017). *PubChem*. Recuperado el 16 de 04 de 2017, de <https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/compound/895#section=3D-Conformer>
- Information., N. C. (2017). *PubChem Compound Database*. Recuperado el 16 de 04 de 2017, de <https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/compound/5281>
- Institute, E. E. (28 de 05 de 2017). *Ensembl genome database*. Obtenido de <http://www.ensembl.org/index.html>
- J, A. (2017). *Travel report*. Recuperado el 03 de 12 de 2017, de <https://www.travelreport.mx/gastronomia/barbacoa-de-hoyo-de-tlaxcala/>
- J. Rozas, P. L.-D. (28 de Mayo de 2007). *DNAsp*. Recuperado el 11 de 09 de 2015, de <http://www.ub.edu/dnasp/>
- Jobling, M. K.-S. (2013). *Human Evolutionary Genetics*. United States: Garland Science.
- Johnson, A. K. (2005). En *Nature in Fragments: The Legacy of Sprawl* (pág. 212). Columbia University Press.
- Johnson, K. (2015). *Saberes enlazados*. México: CONACULTA.
- Jornada, J. D. (2013). Una viión socio-económica de la conservación de las razas y sistemas locales basada en sus productos diferenciados . En *Memorias XVI Simposio Iberoamericano sobre la conservación y utilización de recursos zoogenéticos* (pág. 20). Concepción, Chile: Red CONBIAND.
- Kijas J.W., L. J. (2012). Genome-wide analysis of the historic mixture and strong recent selection. *PLoS Biology*, 10(2), e1001258.
- Klein, J. (1920). En *The Mesta: A study in Spanish economic 1273-1836* (págs. 175-185). Cambridge: Harvard University Press.
- Kruskal, J. (1956). On the shortest spanning subtree of the graph and the travelling salesman problem. *Proc. Amer.Math. Soc*, 7, 48-57.
- Lawson Handley LJ, B. K. (2007). Genetic structure of European sheep breeds. *Heredity*, 99(6), 620–631.
- Lenstra, J. G.-M. (2011). Molecular tools and analytical approaches for the characterization of farma animal diversity. *Animal Genetics*, 43(5), 365-2052.
- Li, D. G.-H. (2000). *Fundamentals of Molecular Evolution*. Sunderland, MA: Sinauer Associates, Inc.
- Liu J, D. X. (2016). enetic Diversity and Phylogenetic Evolution of Tibetan Sheep Based on mtDNA D-Loop Sequences. *PLoS ONE*, 7(11), e0159308.
- Liu J, D. X. (2016). Genetic Diversity and Phylogenetic Evolution of Tibetan Sheep Based on mtDNA D-Loop Sequences. *PLoS One*, 11(7), e0159308.
- Loftus RT, E. O.-B. (1999). A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: The Near East. *Molecular Ecology*, 8(12), 2015–2022.
- López Morales Carlos Augusto, S. R. (24 de 11 de 2004). *Evaluación de la diversidad genética de razas de ovinos en México mediante el uso de marcadores microsatélites*. Recuperado el 16 de 12 de 2015, de <http://tesis.ipn.mx/handle/123456789/333>
- Losos, J. B. (2014). Phylogeografy. En *The Princenton guide to Evolution* (págs. 51, 97, 194, 307, 370, 380, 436, 475, 512, 804). Princeton, NY.: Pricenton University Press.

- Luikart G., G. L.-D. (2001). Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 98(10), 5927–5932.
- Lunt D, W. L. (1998). Mitochondrial DNA variable number tandem repeats (VNTRs): utility and problems in molecular ecology. *Mol. Ecol*, 7, 1441–1455 .
- Lv F.-H., P. W.-F.-X.-R.-J.-H.-J. (2015). itogenomic metaanalysis identifies two phases of migration in the history of eastern Eurasian sheep. *Molecular Biology and Evolution*, 32(10), 2515–2533.
- Lynch M, S. W. (2008). A genomewide view of the spectrum of spontaneous mutations in yeast. *Proc Natl Acad Sci U S A* , 105, 9272-9277.
- Makino, S. (1943). The chromosome complexes in goat (*Capra hircus*) and sheep (*Ovis aries*) and their relationship. (Chromosome studies in domestic mammals, 11) . - *Cyrologia* , 13, 39-54.
- Mann S, P.-C. Y. (2010). Bacterial genomic G + C composition-eliciting environmental adaptation. *Genomics* , 15, 95-97.
- Mariotti M, P. T. (2011). A re-evaluation of the genetic structure and domestication of European sheep breeds using mitochondrial DNA sequence variation. *Unpublished*.
- Mastache, A. (2005). El tejido en el México antiguo. *Textiles del México de ayer y hoy*, 19, 20-28.
- Matos, M. (1992). Arqueología urbana en el centro de la Ciudad de México. *Estudios de cultura Náhuatl*(22), 131-151.
- Meadows J, C. I. (2007). Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near East. *Genetics*, 175(3), 1371–1379.
- Meadows J, K. J. (2009). Re-sequencing regions of the ovine Y chromosome in domestic and wild sheep reveals novel paternal haplotypes. *Animal Genetics*, 40(1), 119-123.
- Meadows J.R., H. S. (2011). Haplogroup relationships between domestic and wild sheep resolved using a mitogenome panel. *Heredity*, 106, 700-706.
- Medrano, J. (2000). Recursos animales locales del centro de México. *Archivos de Zootecnia*, 49(187), 385-390.
- Melville, E. (1994). *A Plague of Sheep: Environmental Consequences of the Conquest of Mexico* . 6-7, 39-59, 127-139. : Cambridge University Press .
- México, D. (2017). *México Distancia*. Recuperado el 13 de 11 de 2017, de <http://www.mexicodistancia.com/cc/PT-MX>
- Mundial, B. (2016). *WorldBank*. Recuperado el 10 de 04 de 2017, de <https://blogs.worldbank.org/opendata/es/nuevas-clasificaciones-de-los-paises-por-nivel-de-ingreso>
- Mundy NI, W. C. (1996). Tandem repeats and heteroplasmy in the mitochondrial DNA control region of the Loggerhead Shrike (*Lanius ludovicianus*). . *J. Heredity.*, 87, 21–26 .
- Nacional, P. (s.f.). *Palacio Nacional*. Recuperado el 20 de 04 de 2017, de <http://www.palacionacionaldemexico.mx/>
- Nei, M. K. (2000). *Molecular Population Genetics and Evolution*. Oxford: Oxford University Press.
- NGH. (2017). *NGH*. Recuperado el 17 de 11 de 2017, de <http://www.rala.is/beta/05%20Romanov%20sheep.htm>
- Nordborg M, I. H. (2002). Molecular population genetics. *Curr Opin Plant Bio*, 5, 69-73.
- Notter, D. (1999). The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *J Anim Sci.*, 77(1), 61-9.
- Oldenbroek, K. v. (2015). *Textbook Animal Breeding and Genetics*. Dutch University for Applied Agricultural Sciences.
- Omote K, N. C. (2013). Limited phylogenetic distribution of a long tandem-repeat cluster in the mitochondrial control region in Bubo (Aves, Strigidae) and cluster variation in Blakiston's Fish Owl (*Bubo blakistonii*). . *Mol. Phylogenet. Evol*, 66, 889–897 .
- Paiva, S. R. (2011). Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. *Tropical Animal Health and Production; Dordrecht*, 43(7), 1449-1457.
- Pedrosa S, A. J. (2007). Mitochondrial diversity and the origin of Iberian sheep. *Genet. Sel. Evol.*, 39, 91–103.



- Peña JAP, V. B. (2013). *Producción de Carne Ovina*. México DF.: Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias .
- Pereira F, D. S. (2006). Genetic signatures of a Mediterranean influence in Iberian Peninsula sheep husbandry. *Mol Biol Evol.*, 23, 1420–1426.
- Pereira F, D. S. (2006). Genetic Signatures of a Mediterranean Influence in Iberian Peninsula Sheep Husbandry. *Molecular Biology and Evolution*, 23(7), 1420–1426.
- Pereira F, P. L. (2005). The mtDNA catalogue of all Portuguese autochthonous goat (*Capra hircus*) breeds: high diversity of female lineages at the western fringe of European distribution. *Mol Ecol*, 14, 2313–2318.
- Pereira, F. D. (2006). Genetic signatures of a Mediterranean influence in Iberian Peninsula sheep husbandry. *Molecular Biology and Evolution*, 23(7), 1420–26.
- Perezgrovas, R. (2004). *Los Carneros de San Juan. Ovinocultura Indígena en los Altos de Chiapas* (Tercera ed.). San Cristóbal de las Casas, Chiapas. México: Instituto de Estudios Indígenas.
- Perezgrovas, G. (1998). Comparación de recursos genéticos: el borrego Chiapas (México) y las razas autóctonas de origen español. *Archivos de Zootecnia*, 47(178-179), 425-430.
- Peter C, B. M. (2007). Genetic diversity and subdivision of 57 European and Middle-Eastern sheep breeds. *Animal Genetics*, 38(1), 37–44.
- Peters J, H. D. (1999). Animal husbandry in the northern Levant. *Paléorient*, 25, 27–48.
- Pineda, F. (2014). *La revolución del sur: Historia de la guerra zapatista 1912-1914*. México: Era.
- Pons AL, L. V. (2015). The biodiversity and genetic structure of Balearic sheep breeds. *J Anim Breed Genet.*, 132(3), 268-276. .
- Prajoga BK, M. I. (2009). GENETIC EVALUATION OF PRIANGAN SHEEP USING MULTIVARIATE MATERNAL GENETIC EFFECT AND THEIR VARIATION OF SHEEP MITOCHONDRIAL-DNA. *Biotechnology in Animal Husbandry.*, 25, 917-924.
- Price, E. (1999). Behavioral development in animals undergoing domestication. *Applied Animal Behaviour Science* , 65, 245-271.
- Przeworski M, H. R. (2000). Adjusting the focus on human variation. *Trends Genet*, 16, 296–302.
- Purugganan, M. F. (2009). The nature of selection during domestication. *Nature*, 457, 843-848.
- Rabasa, S. (1950). Genetical Reduction of a Reproductive Unit in Relation to the Male-Female Ratio. *Nature*, 166, 821-822.
- Rannamäe E, L. L. (2016). Three Thousand Years of Continuity in the Maternal Lineages of Ancient Sheep (*Ovis aries*) in Estonia. *PLoS ONE*, 11(10), e0163676.
- Ray N, C. M. (2003). Intra-Deme Molecular Diversity in Spatially Expanding Populations. *Mol Biol Evol*, 20(1), 76-86.
- Reynolds J, W. B. (1983). Estimation for the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105, 767-779.
- Rezaei H.R., N. S.-M. (2010). Evolution and taxonomy of the wild species of the genus *Ovis* (Mammalia, Artiodactyla, Bovidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 54(2), 315–326.
- Rhymer J, S. D. (1996). Extinction by hybridization and introgression. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*, 27, 83-109.
- Rico, R. (2008). *Terminologías». Historia de México* (3ra ed.). México: Santillana.
- Rodero, A. D. (1992). Primitive Andalusian Livestock and their implication in the Discovery of América . *Archivos de Zootecnia*, 41, 383-400.
- Rogelio A. Alonso, R. U.-A.-V. (2017). Mitochondrial DNA sequence analysis of the Mexican Creole sheep (*Ovis aries*) reveals a narrow Iberian maternal origin. *Mitochondrial DNA Part A*, 1-8.
- Rogelio A. Alonso, R. U.-A.-V. (2017). Mitochondrial DNA sequence analysis of the Mexican Creole sheep (*Ovis aries*) reveals a narrow Iberian maternal origin. *MITOCHONDRIAL DNA PART A*, 1-8.
- Rogers AR, H. H. (1992). Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. *Mol Biol Evol.* , 9(3), 552-569.
- Rozas J, L. P. (2009). DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25, 1451-1452.
- Ryder, M. (1984). *Sheep and Man*. London: Duckworth.
- Samuel, B. (2011). *Medical Microbiology*. Stuttgart : Thieme Stuttgart.

- Sánchez, A. (2014). Trama Profunda del Textil. *Textiles de Chiapas*(19), 6-7.
- Schaller, G. (1977). *Mountain monarchs: wild sheep and goats of the Himalaya*. Chicago, Illinois: University of Chicago Press.
- Schevill, M. B. (1996). *Textile traditions of Mesoamerica and the Andes*. NY. USA: Garland.
- Schneider S, E. L. (1999). Estimation of past demographic parameters from the distribution of pairwise differences when the mutation rates vary among sites: application to human mitochondrial DNA. *Genetics.*, 152(3), 1079-1089.
- Simberloff, R. J. (1996). Extinction by hybridization and introgression. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*, 27, 83-109.
- Singh S, K. J. (2013). Extensive Variation and Sub-Structuring in Lineage A mtDNA in Indian Sheep: Genetic Evidence for Domestication of Sheep in India. . *for Domestication of Sheep in India. PLoS ONE* , 8(11), e77858.
- Slatkin, M. (1991). FST in a hierarchical island model. *Genetics*, 127, 627-629.
- Smith, B. (2001). Low-Level Food Production. *Journal of Archaeological Research*, 9(1), 1-43.
- Smith, B. (2007). Niche construction and the behavioral context of plant and animal domestication. *Evolutionary Anthropology*, 16, 189-199.
- Spangler GL, R. B. (2017). Whole genome structural analysis of Caribbean hair sheep reveals quantitative link to West African ancestry. *PLoS ONE*, 12(6), e0179021.
- Spikings EC, A. J. (2006). Transmission of mitochondrial DNA following assisted reproduction and nuclear transfer. *Human Reproduction Update*, 12(4), 401–415.
- Spoonemberg, D. (1992). Colonial Spanish Sheep, Hogs and Asses in the United States. *Archivos de Zootecnia*, 41, 415-419.
- Stewart J, C. P. (2015). The dynamics of mitochondrial DNA heteroplasmy: implications for human health and disease. *Nature Reviews Genetics*, 16, 530–542.
- Stothard, P. (28 de Mayo de 2017). *Sequence Manipulation Suite*. Obtenido de <http://www.bioinformatics.org/sms2/reference.html>
- Taberlet, P. C. (2011). Conservation genetics of cattle, sheep and goats. *C.R.Biologies*, 334, 247-254.
- Taberlet, P. V.-M. (2007). Are cattle, sheep and goats endangered species? *Molecular Ecology*, 17(1), 275-84.
- Tajima, F. (1989). Statistical Method for Testing the Neutral Mutation Hypothesis by DNA Polymorphism. *Genetics*, 123(3), 585–595.
- Tapio M, M. N. (2006). Sheep Mitochondrial DNA Variation in European, Caucasian, and Central Asian Areas. *Molecular Biology and Evolution*, 23(9), 1776–1783.
- Tapio M, O. M. (2010). Microsatellite based genetic diversity and population structure of domestic sheep in northern Eurasia. *BMC Genetics*, 11(76).
- Thouvenot, M. (2014). *Diccionario náhuatl-español. Basado en los diccionarios de Alonso de Molina con el náhuatl normalizado y el español modernizado*. Recuperado el 17 de 04 de 2017, de <http://www.historicas.unam.mx/publicaciones/publicadigital/libros/diccionario/nahuatl.html>
- Troy CS, M. D. (2001). Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature*, 410, 1088–1091.
- Ulloa A, V.-G. A.-M. (2009). Determining the genetic origen of Mexican creole sheep (*Ovis aries*) by cytochrome C oxidasa subunit I gene analysis. . *Téc Pecu Méx.*, 47(3), 323-328. .
- Ulloa-Arvizu, R., Gayosso-Vázquez, A., & Alonso Morales, R. A. (2009). Origen genético del ovino criollo mexicano (*Ovis aries*) por el análisis del gen del Citocromo C Oxidasa subunidad I . *Técnica Pecuaria en México*, 47(3), 323-328.
- UNESCO. (2010). *Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura*. Recuperado el 10 de 04 de 2017, de <http://www.unesco.org/culture/ich/es/RL/la-cocina-tradicional-mexicana-cultura-comunitaria-ancestral-y-viva-el-paradigma-de-michoacan-00400>
- UNO. (2007). *AMCO*. Recuperado el 17 de 11 de 2017, de [http://www.uno.org.mx/razas\\_ovinas/catalogo\\_razas.pdf](http://www.uno.org.mx/razas_ovinas/catalogo_razas.pdf)
- Upholt, W. B. (1977). Mapping of mitochondrial DNA of individual sheep and goats: rapid evolution in the D loop region. . *Cell*, 11, 571-583.

- Vigne J-D, C. I. (2003). Unstable status of early domestic ungulates in the Near East: the example of Shillourokambos (Cyprus, IX-VIIIth millennia Cal. B.C.). *Bull Corr Hell Suppl*, 43, 239-251.
- Wallace DC, Y. J. (1987). Sequence analysis of cDNAs for the human and bovine ATP synthase beta subunit: mitochondrial DNA genes sustain seventeen times more mutations. *Curr Genet*, 12, 81-90.
- Wang L, J. T. (1994). On the complexity of multiple sequence alignment. *J Comput Biol*, 1, 337-348.
- Weir BS, C. C. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evol*, 38, 1358-1370.
- WODSEDALEK, J. E. (1922). Studies on the cells of sheep with special reference to spermatogenesis, oogenesis, and sex-determination. *Anat. Rec.*, 23, 103.
- Wolf, C. J. (1999). PCR-RFLP analysis of mitochondrial DNA: a reliable method for species identification. *J. Agric. Food Chem*, 7, 1350-1355.
- Wood, N. J. (1996). Variation in the control region sequence of the sheep mitochondrial genome. *Anim. Genet.*, 27, 25-33.
- Wright, S. (1965). The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evol*, 19, 395-420.
- Yilmaz O, C. I. (2014). Genetic diversity in nine native Turkish sheep breeds based on microsatellite analysis. *Anim Genet.*, 45(4), 604-608.
- Zeder, M. (2012). Pathways to Animal Domestication. En P. Gepts (Ed.), *Biodiversity in Agriculture Domestication, Evolution, and Sustainability* (págs. 227-259). Cambridge : Cambridge University Press .
- Zeder, M. E. (2006). Documenting domestication: the intersection of genetics and archaeology. *TRENDS in Genetics*, 22(3), 139-155.
- Zeuner, F. E. (1963). The Origins and Stages of Domestication . En *A history of domesticated animals* (págs. 36-40). Michigan: Harper & Row.
- Zhang G, V. S. (2012). Limited polymorphisms of two Y-chromosomal SNPs in Chinese and Iranian sheep. *Animal Genetics*, 43(4), 479-480.
- Zilhao. (2001). Radiocarbon evidence for maritime pioneer colonization at the origins of farming in west Mediterranean Europe. *Proc Natl Acad Sci USA*, 98, 14180-14185.
- Zohary D, T. E. (1998). The role of unconscious selection in the domestication of sheep and goats. *Journal of Zoology*, 245(2), 129-135.

## Anexos

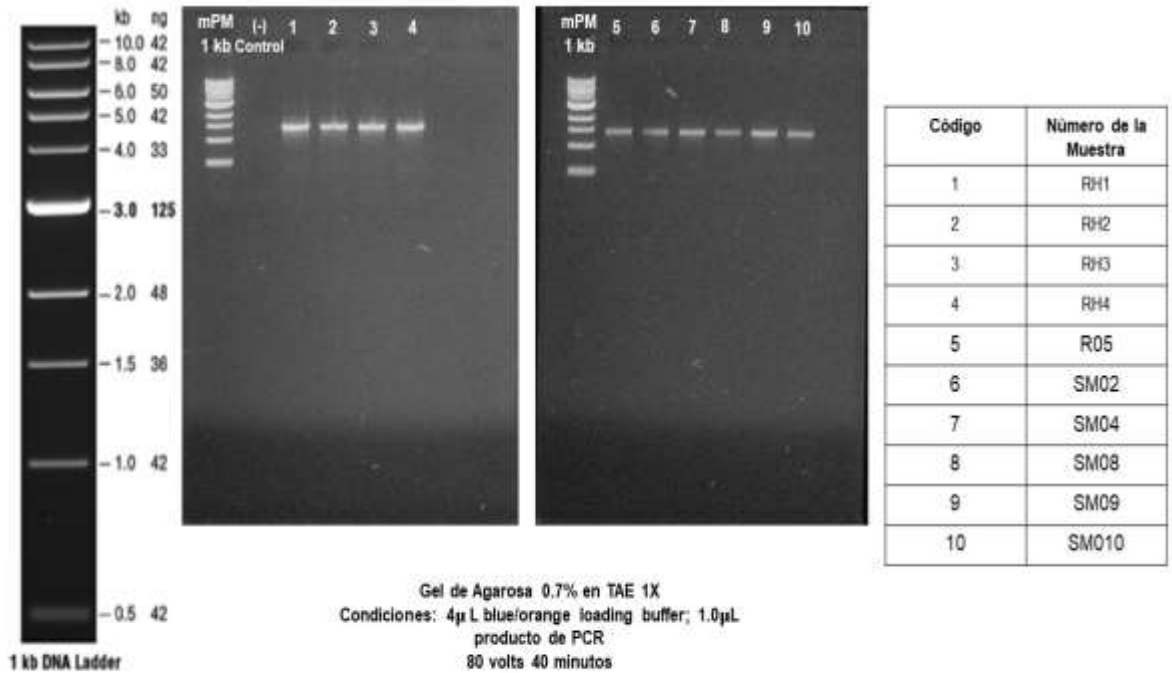
En esta sección se incluyen tablas y fotografías de las técnicas moleculares y del trabajo de campo que se, realizaron en este presente estudio.

### Anexo 1. Parámetros de extracción y purificación de DNA y productos de PCR

Número de Muestra	Código de la Muestra	Concentración de DNA	Relación	Producto de PCR	Relación	Longitud de la secuencia
		Extracción [ng/μL]	Extracción 260/280	Purificación [ng/μL]	Purificación 260/280	[bp]
1	RH1♀	67.4	1.66	365	1.77	1,180
2	RH2♀	62.2	1.65	400	1.77	1,180
3	RH3♀	45.2	1.38	285.4	1.85	1,180
4	RH4♀	38	1.65	351.9	1.78	1,181
5	RH5♀	48.9	1.54	253.8	1.72	1,180
6	SM1♀	24.5	1.61	263.5	1.74	1,180
7	SM2♀	41.8	1.75	331.6	1.69	1,180
8	SM3♀	49.4	1.5	330.5	1.52	1,181
9	SM4♀	50.1	1.62	340	1.68	1,181
10	SM5♀	40.5	1.58	251.5	1.78	1,181
11	LP1♂	50.9	1.44	334.5	1.64	1,180
12	LP2♀	80.2	1.68	207.3	1.62	1,113
13	LP3♀	60.5	1.62	240.2	1.8	1,180
14	LP4♀	56.8	1.48	353.2	1.5	1,180
15	LP5♀	47.3	1.51	246.7	1.83	1,180
16	LP7♀	105.3	1.62	265.4	1.77	1,180
17	LP8♀	54.1	1.72	245.1	1.68	1,180
18	LP9♀	40.1	1.78	341.6	1.75	1,180
19	LP10♀	46.5	1.71	243.4	1.76	1,180
20	LP13♂	58.6	1.72	305.6	1.72	1,180
21	LP14♂	60.4	1.55	223.4	1.75	1,180
22	CU1♂	29	1.75	261	1.71	1,180
23	CU2♂	55.7	1.88	218.6	1.74	1,183
24	CU3♂	38.5	1.97	305.6	1.74	1,180
25	CU4♂	53.9	1.86	201	1.77	1,182

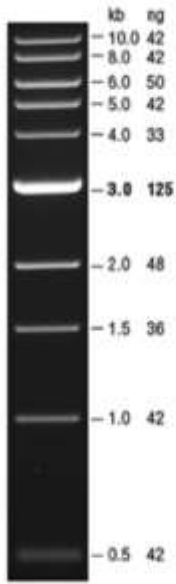
26	CU7♀	34.3	1.84	180.1	1.78	1,180
27	CU8♀	28.4	1.86	182	1.76	1,180
28	CU9♀	66.3	1.82	183.9	1.75	1,181
29	NR1♀	34.01	1.83	191.29	1.74	1,180
30	NR2♀	31.48	1.76	162.32	1.73	1,181
31	NR3♀	20.98	1.84	168.2	1.75	1,180
32	NR4♀	32.92	1.75	190.98	1.69	1,182
33	NR7♀	51.37	1.64	58.89	1.7	1,183
34	NR8♀	20.41	1.82	202.68	1.75	1,181
35	R1♀	34.16	1.57	191.59	1.75	1,182
36	R2♀	55.58	1.96	155.12	1.74	1,179
37	R3♀	36.2	1.5	146.6	1.62	1,180
38	R5♀	58.65	1.91	147.47	1.74	1,180
39	R7♀	45.35	1.73	181.27	1.76	1,181
40	R8♀	58.94	1.69	154.02	1.76	1,182
41	R9♀	48.49	1.75	179.43	1.76	1,180

**Anexo 2. Geles de agarosa 0.7% en TAE 1X**

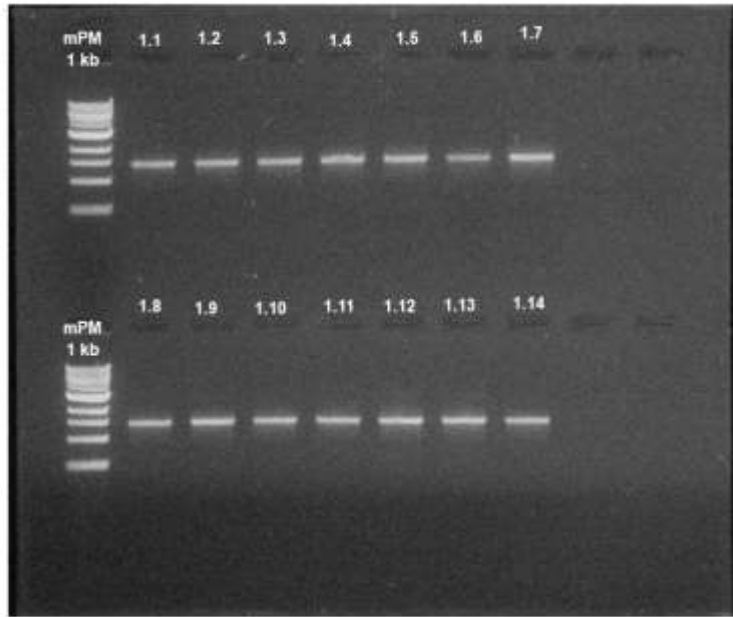


Código	Número de la Muestra
1	RH1
2	RH2
3	RH3
4	RH4
5	R05
6	SM02
7	SM04
8	SM08
9	SM09
10	SM010

New England, BioLabs.  
1 kb DNA Ladder

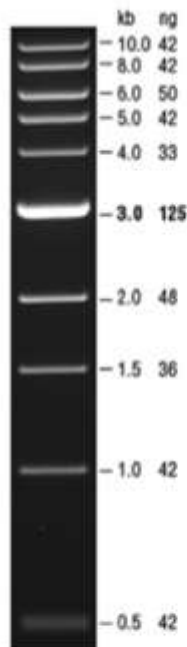


New England, BioLabs.  
1 kb DNA Ladder

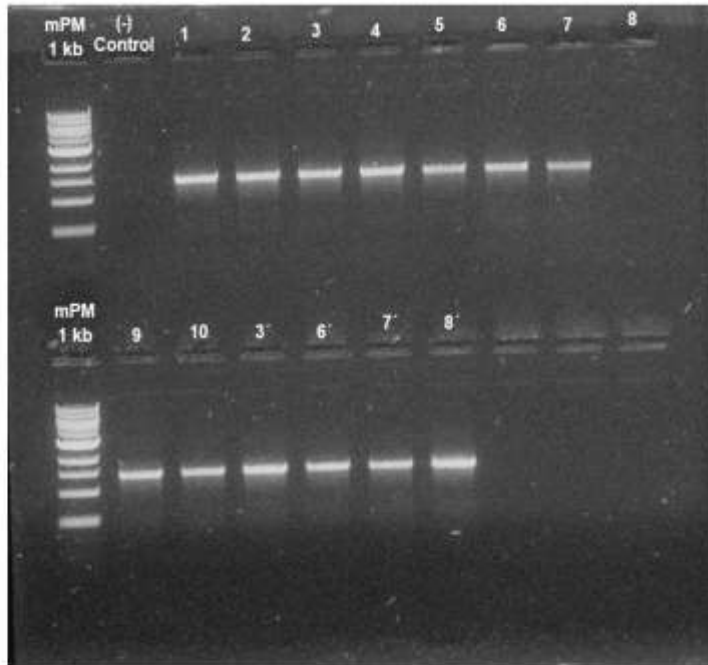


Gel de Agarosa 0.7% en TAE 1X  
Condiciones: 4µL blue/orange loading buffer; 1.0µL producto de PCR  
80 volts 40 minutos

Código	Número de la muestra
1.1	LP1
1.2	LP2
1.3	LP3
1.4	LP4
1.5	LP5
1.6	LP6
1.7	LP7
1.8	LP8
1.9	LP9
1.10	LP10
1.11	LP11
1.12	LP12
1.13	LP13
1.14	LP14

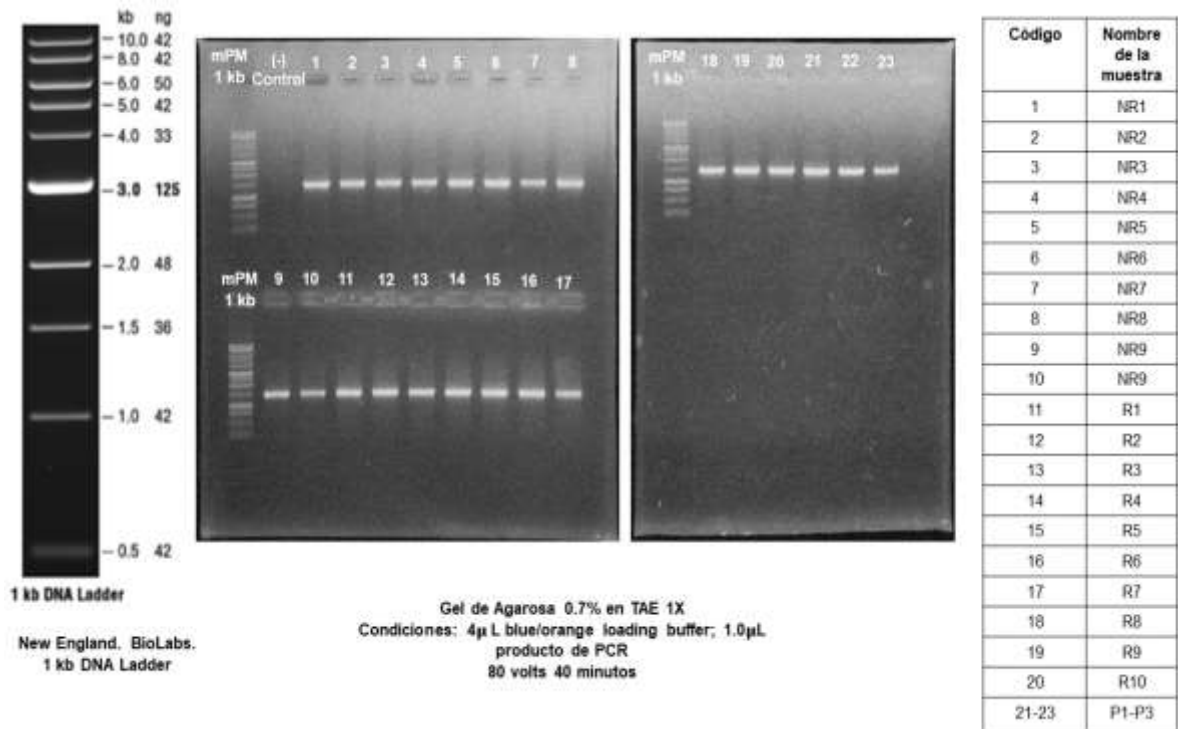


New England, BioLabs.  
1 kb DNA Ladder



Gel de Agarosa 0.7% en TAE 1X  
Condiciones: 4µL blue/orange loading buffer; 1.0µL producto de PCR  
80 volts 40 minutos

Código	Nombre de la muestra
1	C1
2	C2
3	C3
4	C4
5	C5
6	C6
7	C7
8	C8
9	C9
10	C10
3'	C3'
6'	C6'
7'	C7'
8'	C8'



### Anexo 3. Descripción y recopilación fotográfica de los ranchos ovinos visitados

#### Tepotzotlán, México. Rancho Haro y Rancho San Miguel

- Los animales no tienen ninguna identificación y no hay Libro de Rebaño.
  - Los ovinos pastorean en los terrenos comunitarios.
  - Los dueños aseguraban que sus animales eran "criollos".
    - **Recurso Limitante:** Agua.
    - **Uso:** Autoconsumo-Ahorro.
- **Infraestructura:** Machos, hembras y corderos conviven en el mismo corral. En el Rancho Haro cuentan con un horno para barbacoa. Corral: Techo: Lámina. Paredes: Tabique. En el rancho San Miguel el corral está a la intemperie. Corral: Alambrado.
- **Asistencia Técnica:** Sólo se aplica medidas sanitarias como la desparasitación sistémica, suplementación de vitaminas del complejo B y selenio.



Ovinos del Rancho San Miguel, Tepotzotlán, México



## San José del Rincón, México. Rancho Los Pintados

- El técnico es que el que lleva el total control del rebaño. El dueño sólo confía en él.
- Los animales tienen aretes de identificación.
  - **Recurso limitante:** Agua.
  - **Uso:** Autoconsumo-Ahorro.
- **Infraestructura:** Machos, hembras y corderos conviven en el mismo corral. Existen comederos. Corral de tabique.
  - Pastoreo en el agostadero nativo.
  - **Asistencia técnica:** ICAMEX.



Fotografías tomadas por Edwina Campos, Mayo de 2016

Ovinos "criollos" de San José el Rincón, México

## Nicolás Romero, Estado de México. Rancho "La Finca"

- El técnico es que el que lleva el total control del rebaño.
- Los animales tienen aretes de identificación.
- **Uso:** Carne.
- **Infraestructura:** Existen corrales fijos, corrales para la engorda, corrales para sementales, parideras, heniles, comederos, bebederos, corral para las crías, corral de manejo.
- Las hembras no son de una raza definida, los sementales son de raza Hampshire y Katahdin.



Fotografías tomadas por Edwina Campos, Junio de 2016

Ovinos del Rancho "La Finca",  
Nicolás Romero, México



Texcoco de Mora, México.  
Granja experimental  
Universidad Autónoma  
de Chapingo

- El técnico es que el que lleva el total control del rebaño.
- Los animales tienen aretes de identificación.
- **Uso:** Carne.
- **Infraestructura:** Los machos y hembras están en un corral separado. Las hembras gestantes tienen un espacio único. Existe una división entre comedero y corral.
- **Asistencia técnica:** M en C MVZ. Eliseo Romero Escobedo.
- La Granja Experimental cuenta con otras razas: Suffolk, Rideau Arcott.



Fotografías tomadas por Edwina Campos, Mayo de 2016

Ovinos "criollos" de Texcoco de Mora, México.  
Granja Experimental de Chapingo

**Anexo 4. Números de acceso GenBank de Mariotti et al., 2011 y Pereira et al., 2006**

Números de acceso GenBank			Referencia
DQ491584	DQ491654	DQ491707	Mariotti et al., 2011 y Pereira et al., 2006
DQ491587	DQ491658	DQ491708	
DQ491588	DQ491661	DQ491712	
DQ491592	DQ491663	DQ491717	
DQ491594	DQ491666	DQ491718	
DQ491596	DQ491671	DQ491719	
DQ491601	DQ491672	DQ491720	
DQ491616	DQ491674	DQ491721	
DQ491620	DQ491683	DQ491722	
DQ491626	DQ491684	DQ491723	
DQ491629	DQ491685	DQ491725	
DQ491638	DQ491687	DQ491726	
DQ491640	DQ491688	DQ491730	
DQ491642	DQ491690	DQ491736	
DQ491643	DQ491692	JN574070	
DQ491645	DQ491696	JN574072	
DQ491646	DQ491699	JN574108	
DQ491647	DQ491700	JN574108	
DQ491650	DQ491701	JN574110 JN574112, JN574122, JN574123,	
DQ491651	DQ491702	JN574117, JN574130, DQ491607, DQ491675, DQ491689, DQ491585, DQ491586 JN574110, JN574111, JN574114, JN574116, JN574117, JN574123, JN574126, JN574127- JN574130	