



COLEGIO DE POSTGRADUADOS

**INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN
EN CIENCIAS AGRÍCOLAS**

CAMPUS MONTECILLO

**POSTGRADO DE RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD
GANADERÍA**

CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA DE GALLINAS CRIOLLAS CON MARCADORES MOLECULARES EN OAXACA

HECTOR LUIS CHINCOYA

T E S I S
PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE:

MAESTRO EN CIENCIAS

MONTECILLO, TEXCOCO, EDO. DE MEXICO

2016

La presente tesis titulada **CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE GALLINAS CRIOLLAS CON MARCADORES MOLECULARES EN OAXACA** realizada por el alumno: **Hector Luis Chincoya** bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

**MAESTRO EN CIENCIAS
RECURSOS GENETICOS Y PRODUCTIVIDAD
GANADERÍA**

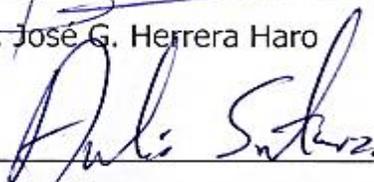
CONSEJO PARTICULAR

CONSEJERO



Dr. José G. Herrera Haro

ASESOR



Dr. Amalio Santacruz Varela

ASESORA



Dra. Martha Patricia Jerez Salas

ASESOR



Dr. Alfonso Hernández Garay

Montecillo, Texcoco, Estado de México, Enero 2016

CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA DE GALLINAS CRIOLLAS CON MARCADORES MOLECULARES EN OAXACA

Hector Luis Chincoya M.C.

Colegio de Postgraduados, 2016

RESUMEN

La avicultura familiar en pequeña escala en México, basada en poblaciones de gallinas criollas, las cuales son consideradas como un reservorio genético, debido a las características que van adquiriendo durante su proceso de adaptación a los diferentes climas que son explotadas, cuya importancia radica en proporcionar proteína de buena calidad y un ingreso complementario para la familia, además de ser fuente de empleo de mujeres que no tienen oportunidad de trabajo en el mercado formal. Para caracterizar este sistema de producción se realizó una encuesta directa en 11 municipios de la región de Valles Centrales de Oaxaca, México, se obtuvo una muestra aleatoria de 140 gallinas criollas en su primera etapa de postura, y 27 gallos adultos, se tomaron medidas morfológicas para su clasificación tipológica y colecta de sangre para caracterizar su diversidad genética. Los resultados de las UP es de autoconsumo, manejadas por mujeres (89%), cuya edad promedio es de 49.4 ± 14.4 años, con 22 años de experiencia. La alimentación es principalmente maíz en grano. El peso de las gallinas fue de 2.0 ± 0.50 kg, altura 28.2 ± 3 cm, perímetro pectoral 40.5 ± 3.1 cm, largo de la pierna 13.6 ± 1.1 cm, inician la postura a 6.3 ± 1.6 meses. Para reducir el espacio multidimensional de variables y diferenciar fenotípicamente las gallinas criollas, se utilizó la técnica multivariada de Componentes Principales (CP) y el Análisis Cluster (AC), generando tres componentes que explicaban el 70% de la variación total; el CP1 incluyó la conformación de la cabeza (largo y ancho de barbilla, cresta y orejuela) y extremidades (longitud del tarso y pierna). El CP2 estuvo conformado por el tamaño del ave (altura y peso), mientras que los demás componentes (CP3) se relacionaron estrechamente con la edad. El análisis de diversidad genética de las 9 poblaciones de gallinas criollas y dos como testigo (Plymouth Rock), se consideraron 12 marcadores de microsátelites, se detectó 131 alelos en todas las poblaciones, con un promedio de 10 ± 3.1 alelos por locus. El valor de heterocigosidad H_o y H_e para poblaciones de gallinas, variaron desde 0.623 (Población Nazareno) hasta 0.728 (Población ITVO) y 0.653 (Población San Lucas) hasta 0.777 (Población Tenango), respectivamente. La diferenciación genética; número de individuos heterocigotos (F_{IS}), pérdida de individuos heterocigotos (F_{IT}) fueron; las agrupaciones Testigo y ETLA, el índice de diferenciación de la población (F_{ST}) fue de 0.046. En el dendograma de árbol, se observó que las poblaciones de gallinas criollas; Itvo, San Antonio, San Lucas, fueron las que presentaron una mayor diversidad genética. Estos resultados encontrados pueden ser usados como base de información genética para futuros programas de conservación, o mejora genética de las aves locales de la región de Oaxaca.

Palabras clave: Aves locales, Unidades de producción familiar, Microsatélite, Diversidad genética.

GENOTYPIC CHARACTERIZATION OF CREOLE HENS WITH MOLECULAR MARKERS IN OAXACA

Hector Luis Chincoya M.C.

Colegio de Postgraduados, 2016

ABSTRACT

Family poultry on a small scale in Mexico, based on native poultry populations, which are considered as a genetic reservoir, due to the characteristics that they acquire during their adaptation to different climates who are exploited, whose importance lies in providing good quality protein and additional income for the family, besides being a source of employment for women who have no opportunity to work in the formal market. To characterize this production system a direct survey in 11 municipalities in the region of Central Valleys of Oaxaca, Mexico was conducted, a random sample of 140 native hen in its first stage of production, and 27 adult roosters was obtained, morphometric measures were taken typological classification for blood collection and to characterize genetic diversity. The results of the productive unit (PU) is subsistence, managed by women (89%), with an average age of 49.4 ± 14.4 years, with 22 years' experience. Food is mainly grain maize. The weight of the chickens was 2.0 ± 0.50 kg, 28.2 ± 3 cm height, chest circumference 40.5 ± 3.1 cm, length of the leg 13.6 ± 1.1 cm, 6.3 starting position ± 1.6 months. To reduce the multidimensional space of variables and phenotypically differentiate native hen, the multivariate technique of principal components (PC) and the Cluster Analysis (CA) was used, generating three components that explained 70% of the total variation; PC1 included the formation of the head (chin throughout crest and appendage) and legs (tarsus length and leg). PC2 was formed by bird size (height and weight), while the other components (PC3) were closely related to age. Analysis of genetic diversity of 9 populations of native hens and two witnesses (Plymouth Rock), 12 microsatellite markers were considered, 131 alleles were detected in all populations, with an average of 10 ± 3.1 alleles per locus. The value of heterozygosity OH and EH for hen populations, ranged from 0.623 (Nazareno Population) to 0.728 (Population ITVO) and 0.653 (Population San Lucas) to 0.777 (Population Tenango), respectively. Genetic differentiation; number of heterozygous individuals (FIS), loss of heterozygous individuals (FIT) were; the Witness and Etna, clusters index population differentiation (FST) was 0.046. In the dendrogram tree, it was observed that populations of native hens; Itvo, San Antonio, San Lucas, were those that had a higher genetic diversity. These results can be used as the basis of genetic information for future conservation programs, or local breeding birds in the region of Oaxaca.

Keywords: Local birds, Family production units, Microsatellite, Genetic diversity.

AGRADECMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), por el apoyo económico brindado durante la realización de la Maestría.

Al Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, por haberme dado la oportunidad de realizar mis estudios de Maestría

Al Dr. José G. Herrera Haro, por la dirección de la tesis, por su paciencia, apoyo, guía y su gran amistad

A la Dra. Martha Patricia Jerez Salas por su asesoría y todo su apoyo incondicional para la realización de este trabajo en campo.

Al Dr. Amalio Santacruz Varela, por su importante contribución y orientación concedida durante el proceso de la investigación. Y sobre todo su amistad.

Al Dr. Alfonso Hernández Garay, por ser parte de mi consejo particular, por su apoyo en esta investigación.

A Laura, por su incondicional apoyo durante todo el proceso de Laboratorio, por su disposición y su gran amistad.

A mis amigos: Yuri, Paty, Paco, Daniel, Danilo, Vicente. Y a ti amor que siempre estuviste apoyándome:

Al personal académico y administrativo del programa de ganadería.

DEDICATORIA

A mis padres:

ANA CHINCOYA MARTÍNEZ Y ROMUALDO LUIS RUIZ.

GRACIAS POR SEGUIR IMPULSÁNDOME, EN CUALQUIER MOMENTO Y CIRCUNSTANCIA DE LA VIDA, POR CREER EN MÍ, Y EN LAS DECISIONES QUE TOME.

POR SER EL MOTIVO DE MI SUPERACIÓN. GRACIAS

A mis hermanos:

MIGUEL, IDALIA, GLADYS

GRACIAS POR SU APOYO, COMPRENSIÓN, DURANTE ESTA ETAPA DE MI VIDA, Y POR SEGUIR JUNTOS.

CONTENIDO

RESUMEN	II
ABSTRACT	II
AGRADECMIENTOS.....	IV
DEDICATORIA	V
LISTA DE CUADROS.....	ix
LISTA DE FIGURAS.....	xi
I. INTRODUCCIÓN	1
1.1. Planteamiento del problema.....	3
1.2. Objetivos	4
Objetivo general.....	4
Objetivos específicos.....	4
1.3. Hipótesis	4
II. REVISIÓN DE LITERATURA	5
2.1. Gallinas criollas	5
2.1.1. Situación de las aves de traspatio.....	5
2.1.2. Genética de las gallinas criollas	6
2.1.3. Variabilidad genética	7
2.1.4. Estudios en gallinas criollas	7
2.1.5. El estudio y la explotación de recursos genéticos autóctonos.....	8
2.1.6. Caracterización genética.....	10
2.2. Marcadores moleculares	11

2.2.1.	Utilización de marcadores moleculares	11
2.2.2.	Microsatélites	12
2.2.3.	Reacción en cadena de Polimerasa (PCR)	13
2.2.4.	Desnaturalización del ADN molde	15
2.2.5.	Alineamiento del iniciador.....	15
2.2.6.	Extensión del iniciador	16
2.2.7.	Diseño de iniciadores para la PCR.....	16
2.2.8.	Selección del iniciador.....	17
III.	MATERIALES Y MÉTODOS.....	18
3.1.	Área y poblaciones de estudio.....	18
3.2.	Diseño de muestreo y tamaño de muestra.....	18
3.3.	Metodología de campo.....	19
3.3.1.	Descripción del sistema de Producción.....	19
3.3.2.	Recopilación de datos morfométricos	20
3.4.	Metodología de laboratorio.....	21
3.4.1.	Extracción y cuantificación de ADN.....	21
3.4.2.	Amplificación por PCR.....	22
3.4.3.	Análisis de fragmentos	24
3.5.	Análisis estadístico	25
3.5.1.	Análisis de información de las encuestas.....	25
3.5.2.	Análisis de variables morfométricas	25
3.5.3.	Análisis de la diversidad genética	25
3.5.4.	Análisis combinado de datos moleculares y variables morfométricas	26
IV.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	27
4.1.	Análisis del sistema de producción	27
4.1.1.	Descripción del sistema de producción	27

4.1.2.	Alimentación.....	29
4.1.3.	Instalaciones	30
4.1.4.	Reproducción	31
4.1.5.	Sanidad	33
4.2.	Análisis de variables morfométricas	34
4.2.1	Análisis de componentes principales de las características morfométricas....	34
4.3.	Análisis de la diversidad genética de las gallinas criollas	40
4.3.1.	Parámetro de diversidad genética.....	40
4.3.2.	Diferenciación genética de las poblaciones de gallinas	45
4.3.3.	Relaciones entre las poblaciones.....	46
4.3.4.	Análisis combinado con datos moleculares y variables morfométricas	50
V.	CONCLUSIONES	52
VI.	BIBLIOGRAFÍA.....	53
VII.	ANEXOS	62

LISTA DE CUADROS

	<u>Página</u>
Cuadro 1. Municipios considerados en el estudio.	18
Cuadro 2. Descripción de la medición de variables en la especie.	20
Cuadro 3. Loci de microsatélites utilizados en el estudio de las gallinas criollas, sus secuencias y fuente reportado.	23
Cuadro 5. Agrupamiento de los primers para PCR de acuerdo con temperaturas de alineamiento similares y tamaños de fragmentos diferentes.	24
Cuadro 6. Características generales de los productores y de las parvadas de gallinas criollas en las unidades de producción familiar de la región de Valles Centrales, Oaxaca.	28
Cuadro 7. Medias \pm Desviación estándar de las variables morfométricas de las gallinas criollas de acuerdo a las variables y sexo.	35
Cuadro 8. Componentes principales (CP), autovalores (λ_i) y varianza explicada (%VCP) de los caracteres morfométricos.	36
Cuadro 9. Vectores propios correspondientes a los componentes seleccionados.	36
Cuadro 10. Correlaciones de Pearson de las variables morfométricas de las gallinas criollas.	37
Cuadro 11. Tamaño de los alelos encontrados en cada locus usando la técnica de microsatélite, en poblaciones de gallinas criollas de Valles Centrales de Oaxaca.	40
Cuadro 12. Número de alelos observados en las poblaciones de gallinas consideradas en el estudio.	41
Cuadro 13. Número de alelos efectivos para cada población de gallinas consideradas en el estudio.	42
Cuadro 14. Número de alelos, heterocigosidad observada y esperada de toda población de gallinas criollas.	43
Cuadro 15. Heterocigosidad observada y esperada de las poblaciones en estudio.	44

Cuadro 16. Estadísticos F calculados a partir de 12 loci de microsatélites para cinco grupos de gallinas.....	46
Cuadro 17. Valores propios y proporción de varianza explicada de los 7 componentes principales a partir de la matriz de frecuencias de los 131 alelos en 12 loci en 11 poblaciones de gallinas.....	47
Cuadro 18. Componentes Principales, formados a partir de los alelos de los 12 loci en las 11 poblaciones de gallinas estudiadas.	67

LISTA DE FIGURAS

	<u>Página</u>
Figura 1. Fases de la amplificación por PCR.	14
Figura 2. Amplificación exponencial del DNA mediante PCR.	14
Figura 3. Ubicación del área de estudio.....	19
Figura 4. Esquema de medición de las variables.....	21
Figura 5. Procedencia de las gallinas criollas, en la región de los Valles Centrales, Oaxaca.....	29
Figura 6. Tipo de alimentación ofrecida a las gallinas criollas.....	30
Figura 7. Instalaciones con percheros y techo, para gallinas y guajolotes.....	30
Figura 8. Tipo de alojamiento de las gallinas criollas	31
Figura 9. Características que influyen en la selección del huevo para la incubación	32
Figura 10. Accesorios que toman en cuenta para la selección de los reproductores	33
Figura 11. Proporción de unidades de producción, según prácticas de manejo sanitario en gallinas criollas.....	33
Figura 12. Distribución de las gallinas criollas del CP1 y CP2 en el plano de la dimensionalidad.....	38
Figura 13. Agrupamiento de las gallina criollas de la region de los Valles Centrales, Oaxaca.....	39
Figura 14. Dendograma de las poblaciones de gallinas, en base a las frecuencias de los alelos por loci.....	48
Figura 15. Plano de la dimensionalidad de las poblaciones de gallinas de los componentes Principales; a) CP1 y CP2, b) CP1 y CP3, generados con la frecuencia alélica.	49
Figura 16. Dendograma en base a la frecuencia de alelos de los loci microsatélite y variables morfométricas de gallinas criollas	51

I. INTRODUCCIÓN

La implementación de sistemas de producción avícola intensivos, altamente eficientes y rentables, además de la exigencia del mercado de productos uniformes, de buena calidad e inocuos, propicia la incorporación de razas especializadas en carne y huevo con alto rendimiento y la disminución de los genotipos avícolas locales, denominados “criollos”, explotados en forma menos intensiva en unidades de producción de menor escala, caracterizados por ser; rústicos, adaptados a bajos insumos, en condiciones de bienestar animal, tolerantes a enfermedades (FAO, 2010), y formando parte del patrimonio cultural de las comunidades rurales, las cuales han conservado este reservorio de genes. La introducción de líneas y estirpes especializadas en la producción de carne y huevo en estas comunidades, está propiciando la erosión genética de los recursos locales, consecuencia de su entrecruzamiento y disminución de su tamaño efectivo de población (Abebe *et al.*, 2015).

La FAO (2015) señala la importancia para la humanidad de conservar los recursos genéticos de animales autóctonos dada de la introducción indiscriminada de genotipos de alto rendimiento en los sistemas de producción poco intensivos, sin haber analizado la importancia de la conservación de genotipos locales adaptados al clima y con mayor tolerancia a enfermedades que los de alto rendimiento. Algunos investigadores mencionan que las poblaciones de gallinas nativas requieren de una atención especial para su mejora y conservación (Kaya y Yildiz, 2008), ya que su diversidad biológica presenta cambios continuos por selección natural y migración.

Actualmente los estudios realizados sobre la avicultura en pequeña escala en México, con gallinas criollas, generalmente se han enfocado a la caracterización del sistema de producción, sin información para identificar su diversidad genética basadas en marcadores moleculares. En consecuencia, hay una necesidad de definir las poblaciones avícolas existentes y desarrollar programas para la mejora y

conservación con el fin de beneficiar a las personas que viven en zonas rurales (*Qu et al.*, 2006).

Los recientes avances en la tecnología molecular han proporcionado nuevas oportunidades para evaluar la variabilidad genética a nivel del ADN. Los microsatélites son repeticiones en tándem de una a seis bases. Son ampliamente utilizados, se consideran como una herramienta muy conveniente ya que son numerosos, se encuentran distribuidos al azar en el genoma, son altamente polimórficos, y muestran herencia codominante (Muir y Cheng, 2014; Dorji *et al.*, 2011).

Un gran número de publicaciones han revelado que los marcadores de microsatélites son útiles en la determinación de muchas estadísticas genéticas descriptivas tales como heterocigosidad, distancia genética, número de alelos efectivos y son de alto Contenido de Información Polimórfica entre poblaciones estrechamente relacionadas. Por lo anterior, la meta de la presente investigación es generar conocimiento para el diseño de estrategias de conservación de los recursos genéticos locales de gallinas criollas en el estado de Oaxaca, mediante el estudio de la diversidad genética en la región de Valles Centrales, Oaxaca.

1.1. Planteamiento del problema

Las gallinas criollas (*Gallus gallus*) son de gran importancia en la avicultura en pequeña escala, por su amplia distribución y generación de alimentos (carne y huevo) de alta calidad, que complementan la dieta de familias rurales; quienes han conservado el patrimonio genético de estas especies de gran valor cultural y social (FAO, 2010).

Las gallinas criollas de los traspatios de las localidades rurales son genotipos locales que contienen los genes y alelos pertinentes a su adaptación a entornos particulares (Kaya & Yildiz 2008). Además de características como la clueques, baja mortalidad y resistencia a enfermedades Sin embargo, estas poblaciones con estas características han sufrido una gran erosión genética debido a la importación de razas exóticas con una base genética muy estrecha, por medio de paquetes tecnológicos introducidos a las comunidades rurales (Juárez-Caratachea y Ortiz, 2001; Segura *et al.*, 2007).

En México, las gallinas criollas de las localidades rurales han sido desplazadas por las razas y líneas comerciales especializados en la producción, de carne o huevo (Alonso y Ulloa, 1997). Estas gallinas criollas locales son necesarios para mantener los recursos genéticos que permiten la adaptación y base de la futura cría como una fuente de material de investigación (Kaya y Yildiz, 2008). En México actualmente no se cuenta con investigación sobre la información genética que poseen las especies de origen autóctono y criollo, las cuales tienen gran importancia en la biodiversidad del ecosistema; ya que forman parte de la herencia biológica para el futuro (FAO, 2009). Es importante iniciar un proceso de investigación de las poblaciones de origen autóctono y criollo ya que existe una amplia diversidad genética dentro de los diferentes biotipos del material avícola local explotado en condiciones de traspatio, ofreciendo una opción de desarrollo para las comunidades rurales.

1.2. Objetivos

Objetivo general

Caracterizar el sistema de producción, definir una tipología y evaluar la diversidad genética de gallinas criollas, en la región de Valles Centrales, Oaxaca.

Objetivos específicos

- Caracterizar el sistema de producción familiar de gallinas criollas en la región de Valles Centrales, Oaxaca.
- Establecer una tipología de gallinas criollas, basada en sus características morfométricas sobresalientes.
- Determinar la diversidad genotípica de las gallinas criollas mediante marcadores moleculares de tipo microsatélites, usando una muestra aleatoria de animales.

1.3. Hipótesis

- El sistema de producción avícola familiar puede ser descrito mediante la estimación de estadísticos descriptivos y pruebas de concordancia entre diferentes caracteres.
- Las gallinas criollas en la región de Valles Centrales de Oaxaca, presentan caracteres morfométricos particulares que pueden ser usados para definir su tipología.
- Las poblaciones de gallinas criollas en la región de Valles Centrales de Oaxaca, presentan una amplia diversidad genética, la cual puede ser descrita mediante marcadores moleculares.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. Gallinas criollas

Las gallinas criollas o locales son descendientes de razas española introducidas a México durante el siglo XVI., las cuales han sido conservadas y multiplicadas por los productores rurales usando selección y cruzamiento empíricos (Herrera y García, 2010), adquiriendo características apropiadas para sistemas de producción en pequeña escala relacionadas con la tolerancia a enfermedades (Quero-Ruíz, 2014), adaptación a diferentes climas y condiciones de subnutrición. Estas aves pueden clasificarse como semipesadas, aprovechan insectos y desechos alimenticios del hogar familiar (Jerez, 2004). Los estudios realizados por Jerez (2004) reportan que estas poblaciones introducidas al traspatio son fenotípicamente heterogéneas y posiblemente con una amplia variabilidad genética; son explotadas con formas tradicionales de producción y seleccionadas localmente. Al alimentarse con maíz en grano, desechos de cosechas, larvas y desperdicios de comida, producen huevos con un sabor diferente al obtenido en la avicultura en gran escala, y son conocidos como huevo de rancho, que es preferido por la población rural, producto que obtiene un mejor precio en el mercado que el producido en forma comercial.

2.1.1. Situación de las aves de traspatio

En los países no industrializados, la población rural depende considerablemente de la avicultura no especializada como fuente de proteína de alto valor biológico; sin embargo, se han observado procesos de sustitución de genotipos avícolas, por otros mejorados, que son ajenos al ecosistema. Un problema relacionado con la preservación es la inevitable pérdida de muchas razas adaptadas a ambientes muy locales, aunado a la ignorancia del valor real de la mayoría de las razas autóctonas en su propio ambiente y como componente de un sistema integrado de producción animal (Juárez-Caratachea y Ortiz, 2001).

La población de gallinas criollas representan un material genético, derivado de distintas razas, pero que ha estado cerrado a material genético externo durante varias generaciones y que puede ser obtenido en distintos países de Latinoamérica (Juárez-Caratachea y Ortiz, 2001). No obstante se tiene poco conocimiento acerca de sus características genéticas. Además de la pérdida gradual de genes nativos existe también un problema sociológico, donde el progreso y el desarrollo reemplazan parte de la forma étnica de la cría y explotación animal, así como aquellas formas primitivas de producción de aves locales, ocasionando la desaparición de las culturas étnicas (Juárez-Caratachea y Ortiz, 2001).

La problemática a la que se enfrentan los recursos genéticos animales en el mundo de acuerdo con la FAO (2010) consiste básicamente en la disminución de la variabilidad genética de razas o líneas altamente productivas de las zonas templadas, explotadas en sistemas de producción intensivo; una rápida desaparición de razas locales de animales domésticos, como consecuencia de la introducción de razas exóticas y su desarrollo en climas cálidos y húmedos y otros ambientes hostiles, comunes a los países en desarrollo (Segura-Correa y Montes-Perez, 2001).

2.1.2. Genética de las gallinas criollas

La constitución genética de un individuo, es la suma total de información genética contenida en sus cromosomas y puede referirse a un gen, al conjunto de varios genes, o a la totalidad de ellos, según sea el objetivo o características considerados, mientras que el fenotipo es la expresión que manifiesta cierto genotipo frente a un ambiente dado. Existen genes de apariencia fenotípica, asociada a la adaptabilidad de las aves, como el plumaje rizado (F), el de plumaje sedoso (h), el scalers (sc) cuyos portadores muestran en los folículos escamas en lugar de plumas y el de cuello desnudo (Barrantes, 2008).

A pesar de la importancia descrita, en la población avícola de traspatio se desconoce la variabilidad y frecuencia de rasgos de apariencia fenotípica, así como los genes que les confieren adaptabilidad productiva. Solamente se conoce que las especies pasan por modificaciones y que descienden por generación directa de las preexistentes (Trigo, 2010), formándose el material genético localmente de las gallinas criollas.

2.1.3. Variabilidad genética

Actualmente entre las poblaciones de animales domésticos en México pueden distinguirse varios tipos: a) razas modernas bien definidas y altamente productivas, importadas recientemente de países desarrollados en donde fueron seleccionadas para una producción específica; b) Las poblaciones "criollas", consistentes en poblaciones originalmente introducidas durante la época colonial, con gran heterogeneidad fenotípica y que difícilmente conforman razas definidas y, c) cruza entre las dos anteriores (Alonso y Ulloa, 1997)

En los Valles Centrales de Oaxaca la gallina criolla no corresponde a una raza definida sino que es una serie de razas, las cuales se han adaptado a la región, pudiéndose clasificar de acuerdo a semejanzas fenotípicas, tomando en cuenta características de color, forma de cresta y conformación general. En esta zona se han clasificado en; negras, grises, rojas amarillas y de cuello pelón y un grupo fenotípico llamado empedrado o avado (Jerez *et al.*, 1994).

2.1.4. Estudios en gallinas criollas

Las características que tienen las gallinas criollas, les confieren una gran importancia para la economía familiar en el medio rural y los estudios realizados generalmente son de tipo descriptivos y basados en encuestas, faltando investigar aspectos productivos y reproductivos (Juárez-Caratachea y Ortiz, 2001); de igual manera se tiene poco conocimiento de sus características genéticas. En este sentido

el uso de marcadores moleculares representa una buena alternativa para la caracterización de las poblaciones de gallinas criollas (Juárez y Pérez, 2003).

De acuerdo con Barrantes (2008) para identificar poblaciones de gallinas criollas, es necesario dividir las variedades uniformes buscando homogeneidad de colores básicos e incluir rendimientos productivos en carne. Cuando se plantea conservar estos genotipos es necesario considerar fines productivos alternativos, ya que se observa cierta demanda de pollos rústicos, criados en libertad y de crecimiento lento, o con mejores características organolépticas, correspondiendo esta demanda a un pollo criado en forma artesanal o tradicional. Los animales criollos, actualmente están amenazados debido a las políticas de absorción y reemplazo por variedades comerciales mejoradas, provenientes de países más desarrollados. La investigación genómica en animales domésticos puede ser importante para desarrollar y mantener una avicultura competitiva en una economía de mercado mundial (Alonso y Ulloa, 1997).

2.1.5. El estudio y la explotación de recursos genéticos autóctonos

La diversidad biológica cambia continuamente y es determinada por las fuerzas evolutivas, en especial la selección natural y mutaciones genéticas, que dan lugar a nuevas especies, y a su vez, las nuevas condiciones ecológicas ocasionan la desaparición de otras especies. Las poblaciones que tienen rasgos genéticos particulares y únicos se denominan recursos genéticos. Con base en el valor de uso que tienen los recursos genéticos, las poblaciones de animales domésticos y de especies silvestres relacionadas constituyen los recursos genéticos animales (Hodges 1990), por lo que es importante realizar una caracterización molecular donde se puede desempeñar un papel en explicar la historia, y estimar la diversidad, caracteres distintivos y estructura poblacional de los recursos zoogenéticos. Puede también servir de ayuda en el manejo genético de pequeñas poblaciones, para evitar una endogamia excesiva (FAO, 2011).

Es fundamental evaluar las características anatómicas, reproductivas, y adaptativas de las poblaciones nativas de animales domésticos, con el fin de obtener información sobre el potencial genético presente en estas variedades y establecer las bases que permitan explotar adecuadamente dichos recursos. Con estos conocimientos se podrán desarrollar nuevas razas locales mediante la selección de las poblaciones nativas, y se podrá evaluar la formación de razas sintéticas por medio de cruzamientos con razas comerciales modernas. (Alonso y Ulloa, 1997), puesto que los productores se han limitado a utilizar razas importadas para cruzamientos, sin preocuparse por los efectos del medio ambiente tropical sobre su rendimiento productivo y reproductivo, por lo que se han debido modificar el ambiente, que resulta algunas veces económicamente no viable.

Para un desarrollo eficiente de los recursos zoogenéticos se requiere de la implementación de sistemas bien estructurados de evaluación genética, que permitan determinar los individuos que presentan el mejor comportamiento y que pueden ser seleccionados obteniendo progresos genéticos consistentes (FAO, 2011; 2015).

Latinoamérica posee una amplia diversidad de recursos genéticos animales, los cuales son utilizados en diferentes sistemas y bajo variadas condiciones ecológicas y sociales. Algunos de estos recursos poseen características que son únicas para ambientes específicos y que están sufriendo una dilución genética o extinción. Estos recursos a través de la selección natural y la selección realizada por el hombre han desarrollado características que los hacen bien adaptados a las condiciones ambientales bajo las cuales los animales tienen que vivir y producir. Este valioso material genético necesita ser mantenido y mejorado como la base para políticas y programas nacionales de mejoramiento (Dinesh *et al.*, 2015)

2.1.6. Caracterización genética

Los ecosistemas en el mundo cambian continuamente y las especies animales tienen problemas para su adaptación, la cual puede llegar a ocasionar la desaparición de muchas de ellas. Un mejor conocimiento de estas especies, particularmente de aquellos animales nativos o locales es un objetivo urgente, tanto para conocer su estado, capacidad de sobrevivencia y rol en el funcionamiento de ecosistema, como para diseñar acciones adecuadas de protección y conservación, incluyendo un mejor manejo para aprovechar los servicios y productos que brindan (Dinesh *et al.*, 2009).

De acuerdo con la (FAO, 2011), la caracterización genética molecular se realiza fundamentalmente para explorar la diversidad genética dentro de una población y entre distintas poblaciones animales, y para determinar relaciones genéticas entre ellas. Más concretamente, los resultados de los estudios de laboratorio sirven para:

- a. Determinar los parámetros de diversidad dentro de una raza y entre razas.
- b. Identificar las localizaciones geográficas de determinadas poblaciones y/o de mezclas entre poblaciones de orígenes genéticos distintos.
- c. Proporcionar información sobre relaciones evolutivas (árboles filogenéticos) y determinar centros de origen y rutas migratorias.
- d. Iniciar actividades de cartografía génica, incluyendo la identificación de portadores de genes conocidos.
- e. Identificar relaciones de parentesco y genéticas (e.g. huella de ADN) dentro de las poblaciones.
- f. Apoyar la mejora genética de las poblaciones animales mediante el uso de marcadores.
- g. Desarrollar depósitos de ADN para investigación y desarrollo (FAO, 2011).

2.2. Marcadores moleculares

El término marcador se utiliza para designar a un carácter o gen que debido a ligamiento permite identificar otro gen; su importancia radica en que ofrece la posibilidad de estudiar poblaciones de organismos y seleccionar los que son de interés para el hombre; algunas veces, la selección con ayuda de marcadores puede realizarse antes de que los organismos expresen la característica de interés. Hay dos tipos de marcadores genéticos, los morfológicos y los moleculares (Solís y Andrade, 2005). Los marcadores moleculares pueden ser cualquier gen cuya expresión permite un efecto cuantificable u observable (características fenotípicas), que además se pueden detectar fácilmente (Valadez y Kahl, 2000). Este tipo de marcadores pueden ser evaluados con base en muestras de ADN de los individuos, cualquiera que sea su estadio de desarrollo.

Los marcadores moleculares se pueden dividir en dos clases, los bioquímicos y los de ADN. Entre los bioquímicos se encuentran proteínas como algunas isoenzimas o aloenzimas y forman parte de la primera generación de marcadores moleculares; los marcadores de ADN son catalogados como la nueva generación de marcadores moleculares (Solís y Andrade, 2005). Algunos marcadores moleculares que utilizan ADN se basan en la clonación y secuenciación de fragmentos de ADN, mientras que otros, se basan en la detección de polimorfismo al azar. Estos marcadores deben tener una serie de características que permitan maximizar su utilidad, tales como, buena distribución a lo largo del genoma y alto grado de polimorfismo. La técnica para analizar el marcador debe ser rápida, práctica y debe repetirse con fiabilidad en otros laboratorios (Dodgson *et al.*, 1997)

2.2.1. Utilización de marcadores moleculares

Los marcadores moleculares de ADN se han utilizado para realizar análisis de genética poblacional, construir mapas genéticos, determinación de genes importantes, medición del polimorfismo del ADN que han permitido mapeos, manipulación y

clonación de genes asociados con características biológicas de interés (Aranguren-Méndez *et al.*, 2005).

Valadez y Kahl (2000) mencionaron que existen varias técnicas para identificar los marcadores y se agrupan en tres categorías: las de hibridación tipo Southern, las de reacción en cadena de polimerasa (PCR) y las que combinan PCR o sus productos de ADN con la hibridación tipo Southern. La hibridación consiste en la formación de una molécula de doble cadena mediante el apareamiento o unión de bases complementarias a la cadena líder. La PCR es una técnica que se basa en que las moléculas de ADN desnaturizantes migran a través de un gel no desnaturizante de poliacrilamida de acuerdo con su tamaño y su secuencia (Van Marle-Köster & Nel 2003).

2.2.2. Microsatélites

Los microsatélites; también conocidos como STRs (short tandem repeat), SSR (simple sequences repeats), SSLP (simple sequence length polymorphisms), son secuencias de ADN constituidas por repeticiones de motivos nucleotídicos de uno a seis pares de bases (pb). Este tipo de secuencias se han encontrado tanto en genomas eucariontes como procariontes, e incluso se han identificado en genomas de mitocondrias y cloroplastos. Los microsatélites se distribuyen en regiones codificantes y no codificantes y se caracterizan por ser altamente polimórficos en cuanto a su longitud, por lo tanto son regiones adecuadas para usarse como marcadores moleculares en el nivel poblacional. Este alto grado de polimorfismo es consecuencia de una elevada tasa de mutación (desde 10^{-6} hasta 10^{-2} mutaciones por sitio por generación; que se atribuye a eventos de inserción y deleción durante la replicación del ADN. Debido al alto grado de polimorfismo en el tamaño, y a que estos marcadores son codominantes, pueden ser estudiados como electromorfos, lo cual reduce el tiempo y el costo de la técnica en los casos en los que es necesario estudiar numerosas muestras y múltiples loci (Vázquez y García, 2011).

2.2.3. Reacción en cadena de Polimerasa (PCR)

La reacción en cadena de la polimerasa (PCR, Polimerase Chain Reaction) (Mullis & Faloona 1987) es una técnica *in vitro* utilizada para amplificar enzimáticamente una región determinada de ADN, situada entre dos regiones cuya secuencia se conoce. Antes sólo se podía obtener cantidades mínimas de un gen específico, ahora incluso un único ejemplar de un gen puede amplificarse con la PCR hasta un millón de ejemplares en unas pocas horas.

Los principios de la PCR se basan en el mecanismo de la replicación *in vivo* del ADN: el ADN bicatenario ha sido desenrollado y pasado a ADN monocatenario, duplicado y vuelto a enrollar. Esta técnica consiste en ciclos repetitivos de: a) desnaturalización del ADN por fusión a temperatura elevada, a fin de convertir el ADN bicatenario en ADN monocatenario; b) unión (alineamiento) de dos oligonucleótidos, utilizados como iniciadores; c) extensión de la cadena de ADN por adición de nucleótidos, a partir de los iniciadores utilizando ADN polimerasa como catalizador; extraída del microorganismo *Thermophilus aquaticus* (Taq ADN polimerasa)., en presencia de iones Mg^{2+} (Sambrook *et al.*, 1989) Los oligonucleótidos consisten normalmente en secuencias relativamente cortas, diferentes entre sí y complementarias de los sitios de reconocimiento que flanquean el segmento de ADN que se ha amplificado. Las fases de desnaturalización del ADN molde, alineamiento del iniciador y extensión del iniciador, constituyen un ciclo del método de amplificación por PCR (Figura 1).

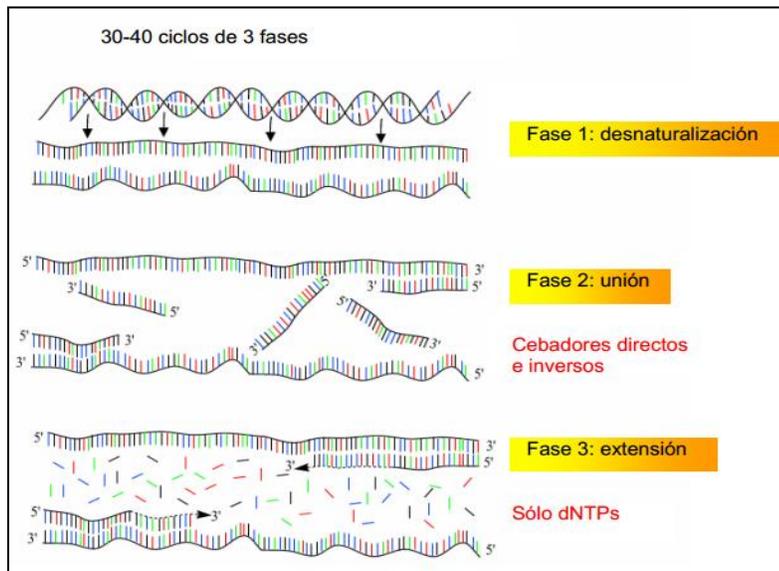


Figura 1. Fases de la amplificación por PCR.

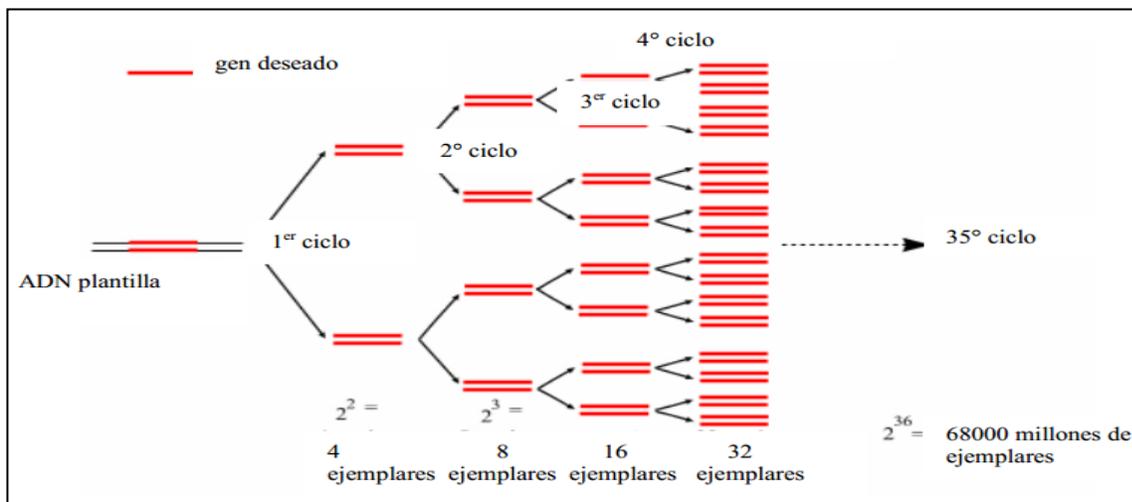


Figura 2. Amplificación exponencial del DNA mediante PCR.

Tras cada ciclo, las hebras de ADN recién sintetizadas sirven de ADN molde para el ciclo siguiente (Figura. 2). El producto principal de esta reacción exponencial es un segmento de ADN bicatenario, cuyos extremos vienen definidos por los extremos 5' de los oligonucleótidos iniciadores. Los productos de una primera ronda de amplificación efectiva son moléculas de ADN de diferentes tamaños, cuyas longitudes superan la distancia entre los sitios de unión de los dos iniciadores. En la segunda

ronda, estas moléculas generan hebras de ADN de longitud definida que se han acumulado de forma exponencial en rondas posteriores de amplificación y constituyen los productos dominantes de la reacción. Así, la amplificación, es el número final de ejemplares de la secuencia objetivo, expresados en la ecuación $(2^n - 2n) X$: donde n es el número de ciclos, 2n el número de moléculas del primer producto obtenidas tras el primer ciclo y de los segundos productos obtenidos tras el segundo ciclo con longitud indefinida y X el número de ejemplares del ADN molde original. Teóricamente, en 20 ciclos de PCR hay una amplificación de 2^{20} veces, suponiendo que cada ciclo tiene un rendimiento del 100 %.

2.2.4. Desnaturalización del ADN molde

Durante la desnaturalización, la hebra doble se funde, abriéndose para originar el ADN monocatenario, y se han detenido todas las reacciones enzimáticas (la extensión de un ciclo anterior), las dos cadenas complementarias se han separado por el aumento de la temperatura, para obtener la desnaturalización del ADN. La temperatura suele aumentar hasta unos 93 – 96 °C. De esta manera, se han roto los puentes de hidrógeno y aumentado el número de bases desapareadas. La reacción se completa cuando todo el ADN bicatenario se convierte en monocatenario (la temperatura a la que la mitad del ADN bicatenario ha pasado a monocatenario se denomina temperatura de fusión, T_f); el valor de la T_f se puede ver afectado por la concentración de G/C y T/A, la T_f de una estructura de ADN con una elevada proporción de G/C es más alta que la de un ADN más rico en T/A (Sambrook *et al.*, 1989).

2.2.5. Alineamiento del iniciador

La unión o rehibridación de las hebras de ADN se efectúa a una temperatura inferior (generalmente, entre 55 y 65 °C). Una vez que se ha reducido la temperatura,

las dos hebras complementarias de ADN monocatenario tienden a formar de nuevo una molécula de ADN bicatenario. En esta fase, los iniciadores se mueven libremente y, la formación y la ruptura de puentes de hidrógeno es continua, entre el iniciador monocatenario y el ADN molde (monocatenaria). Los enlaces más estables duran un poco más (los iniciadores que corresponden exactamente con el ADN molde) y es en ese pequeño fragmento de ADN bicatenario (ADN molde con iniciador), donde se fija la polimerasa y empieza a copiar el ADN molde. Cuando se han introducido unas cuantas bases, el enlace iónico entre el ADN molde y el iniciador es tan fuerte que ya no se rompe (Sambrook *et al.*, 1989).

2.2.6. Extensión del iniciador

En esta fase, los iniciadores se extienden a lo largo de la secuencia objetivo utilizando una ADN polimerasa termoestable (frecuentemente ADN Taq polimerasa) en presencia de dNTP's, lo que produce la duplicación del material diana inicial. La temperatura de trabajo ideal para la ADN Taq polimerasa es de 72°C. Cuando los iniciadores se han extendido unas cuantas bases, ejercen una atracción iónica más fuerte sobre el ADN molde, lo que reduce la probabilidad de que se invierta el proceso. Los iniciadores que no se corresponden exactamente se vuelven a soltar (debido a la temperatura elevada) y no dan lugar a la extensión del fragmento. Las bases (complementarias del ADN molde) se unen al iniciador en el extremo 3' (la polimerasa añade dNTP's desde 5' hacia 3', leyendo el ADN molde desde 3' hacia 5'). La duración del tiempo necesario para las fases de extensión del iniciador aumenta, si la región de ADN que se amplifica es larga (Sambrook *et al.*, 1989).

2.2.7. Diseño de iniciadores para la PCR

El parámetro más crítico para tener éxito con la PCR, es el diseño de los iniciadores. Un iniciador mal diseñado, puede hacer fracasar una PCR, como resultado de poco producto o incluso ninguno, debido a una amplificación inespecífica o a la

formación de dímeros de iniciador, lo que ha podido llegar a competir con la formación de producto hasta suprimirla. La secuencia de un iniciador determina varios aspectos, como la posición y la longitud del producto, la temperatura de fusión y finalmente, el rendimiento (Dieffenbach *et al.*, 1993).

2.2.8. Selección del iniciador

Al diseñar iniciadores para PCR, se debe tener en cuenta diversas variables. Entre ellas cabe destacar: a) la longitud del iniciador, los oligonucleótidos que tuvieron entre 18 y 24 bases presentan una especificidad extrema de secuencia. Siempre que la temperatura de hibridación es óptima, la longitud del iniciador también influye en la eficacia de la hibridación, cuanto más largo sea el iniciador, menos eficaz será la hibridación, pero tampoco deben ser demasiado cortos. El objetivo debe ser diseñar un iniciador con una temperatura de alineamiento de al menos 50°C; b) la temperatura de fusión (T_f), los dos iniciadores oligonucleotídicos deben diseñarse de forma que tengan temperaturas de fusión similares; c) la especificidad del iniciador, depende parcialmente de su longitud, los iniciadores han de elegirse de forma que tengan una secuencia única dentro del ADN molde que debe amplificarse. Los mejores resultados se obtiene con una temperatura de fusión de 55 a 72°C (longitud 18 y 24 bases); d) las secuencias complementarias del iniciador, es absolutamente necesario que el diseño de los iniciadores no incluya ninguna homología interna del iniciador de más de 3 pares de bases, dado que puede interferir con la hibridación al ADN molde (Dieffenbach *et al.*, 1995).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Área y poblaciones de estudio

La presente investigación se realizó en el estado de Oaxaca, durante el periodo de enero-octubre de 2015, se muestrearon a 11 poblaciones de gallinas criollas de 8 municipios seleccionados de cada distrito de la región de los Valles Centrales, Oaxaca (Cuadro 1, Figura 3) y se consideraron dos poblaciones de gallinas de postura de la raza comercial Plymouth rock como testigo.

Cuadro 1. Municipios considerados en el estudio.

Distrito	Nº	Clave de municipio	Nombre
Centro	1	107	San Antonio de la Cal
	2	023	Cuilápam de Guerrero
	3	385	Santa Cruz Xoxocotlán
Ocotlán	4	112	San Baltazar Chichicapam
	5	546	Teotitlán del Valle
Tlacolula	6	483	Santiago Suchi quitongo
	7	150	San José Tenango
Etla	8	193	Testigo

3.2. Diseño de muestreo y tamaño de muestra

Para analizar el sistema de producción se utilizó un Muestreo Aleatorio Irrestringido (MAI) (Sukhatme y Sukhatme, 1970) y se obtuvo una muestra aleatoria de 18 Unidades de Producción (UP) que correspondieron al 23% de la población. Posteriormente, se escogió una muestra de 189 animales en forma proporcional al tamaño de las UP, de las cuales 157 eran gallinas adultas, en la primera etapa de postura, con un peso promedio aproximado de 2.00 kg, y 32 gallos adultos a las cuales se midieron sus caracteres morfométricos como indicadores de variabilidad fenotípica, colectando muestras de sangre para el análisis de diversidad genética, distribuidos en toda la región de estudio.



Figura 3. Ubicación del área de estudio

3.3. Metodología de campo

3.3.1. Descripción del sistema de Producción

La información considerada determinante en la caracterización del sistema de producción avícola familiar, se consideraron los siguientes aspectos; Alimentación, que es ofrecido a la gallinas criollas, Manejo, describiendo las principales actividades en la UP, Reproducción, identificando características que toman en cuenta para selección de los reproductores, Instalaciones, caracterizar el tipo alojamiento que existe en la UP y Sanidad; identificando las causas más frecuentes que afectan a las gallinas criolla. Obteniéndose esa información por medio de los reactivos formulado por una encuesta de campo (ver Anexos 1 y 2).

3.3.2. Recopilación de datos morfométricos

Para el registro de los caracteres morfométricos externos de cada gallina criolla, se utilizó una báscula digital con aproximación a gramos, un vernier digital y cinta métrica. Los detalles sobre la forma de obtención de la información se proporcionan en el Cuadro 2 y en la Figuras 4.

Cuadro 2. Descripción de la medición de variables en la especie.

VARIABLES MORFOMÉTRICAS	DESCRIPCIÓN DE MEDIDA
Peso vivo	Peso por animal en una balanza con aproximación a gramos
Largo corporal (LC) ¹	Longitud total del animal, desde la punta del pico pasando por la parte dorsal, hasta la cola, sin considerar las plumas
Altura dorsal (AD) ²	Se posicionó al animal erguido, tomando la medida con cinta métrica a la altura de las patas hasta la parte dorsal, justo a la altura de inserción de las alas.
Perímetro pectoral (PPE) ³	Obtenida de la circunferencia de la cavidad torácica en el extremo posterior de la pechuga.
Largo de tarso (LTARSO) ^{*4}	Longitud entre la articulación del tarso y el cojinete entre los dedos.
Largo de la pierna (LPIE) ^{*5}	Longitud entre la articulación de la rodilla hasta la articulación del tarso.
Largo del muslo (LMUSLO) ^{*6}	Longitud entre la articulación coxofemoral hasta la articulación de la rodilla.
Largo del ala (LALA) ^{*7}	Longitud tomada con el ala extendida considerando desde el miembro torácico hasta las falanges de la punta del ala.
Ancho del ala (AALA) ^{*8}	Desde la articulación del humero hasta la altura de las falanges.
Altura de la cresta (AC) ⁹	Desde la base de la cresta hasta el pico más alto.
Largo de la cresta (LC) ¹⁰	Medida transversal en la parte más ancha de la cresta.
Ancho del pico (AP) ¹¹	Desde inserción del pico, medido con el vernier digital
Largo del pico (LP) ¹²	En la inserción en la cabeza, hasta la punta del pico
Largo de la barbilla (LB) ¹³	Desde la base inserción de la cabeza hasta la punta.
Ancho de la barbilla (AB) ¹⁴	De manera transversal en la parte más ancha.
Ancho de la orejuela (AO) ^{*15}	De manera transversal en la parte más ancha.
Largo de la orejuela (LO) ^{* 16}	De manera longitudinal desde el orificio del odio hasta la punta.
Ancho de la cabeza (AC) ¹⁷	Medida de lado a lado, tomando como referencia la altura de los ojos.
Largo de la cabeza (LC) ¹⁸	Media desde la inserción del pico hasta la parte anterior de la cabeza

*Variables que se midieron de ambos lados (derecho e izquierdo).

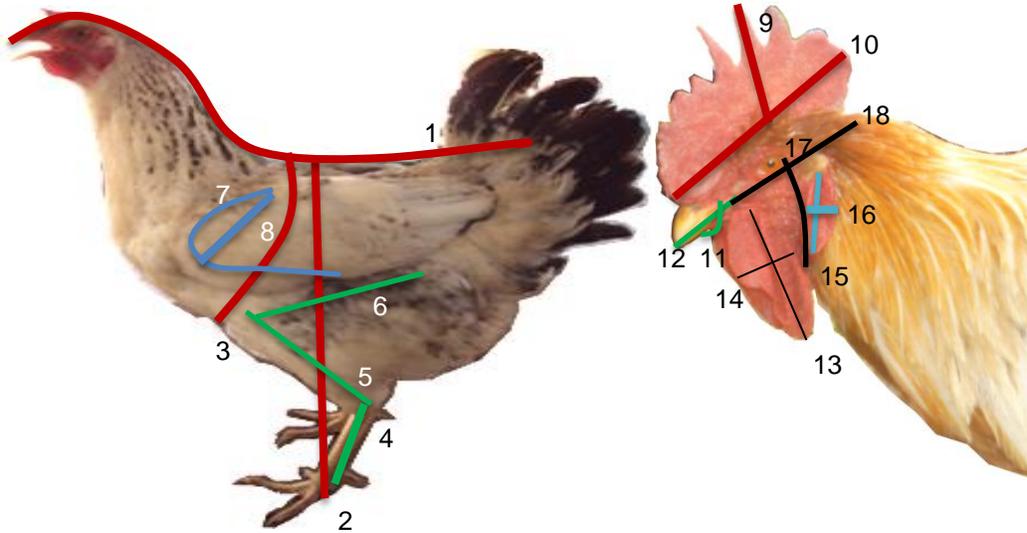


Figura 4. Esquema de medición de las variables.

3.4. Metodología de laboratorio

Para los análisis de laboratorio, se consideraron 61 gallinas; adultas, en la primera etapa de postura, con un peso de 2.00 kg, procedentes del estado de Oaxaca, región de Valles Centrales, además se consideró un grupo testigo de la raza comercial Plymouth Rock que fueron 32 gallinas. En el trabajo de campo se colectaron las muestras de sangre, 1 a 3 mL por individuo; extraída de la vena cubital interna del ala, ésta se depositó en tubos vacutainer con anticoagulante EDTA, conservándose a una temperatura a 4°C hasta su procesamiento en el laboratorio.

3.4.1. Extracción y cuantificación de ADN

La extracción se realizó con el kit comercial ChargeSwitch® gDNA Plant Kit de invitrogen.

Se añadieron 600 µl de solución de lisis (Lysis Buffer (L18)), 30 µL de sangre y 100 µL de reactivo A (Lysis Buffer, PBP 10, y cloruro de Calcio), en un tubo de eppendorf de 2 mL, luego se homogenizo la mezcla con un triturador TissueLyser II (Marca Quiagen) durante 3 minutos, posteriormente se le añadieron 300 µL de lisis y

100 μ L de reactivo A; después se agregó 2 μ l de RNAsa a la mezcla. Posteriormente dió vortex durante 15 segundos, en seguida se agregaron 100 μ L de SDS (Dodecil sulfato de sodio al 10%), al lisado, luego se volvió a dar vortex por 15 segundos. La mezcla se incubó a temperatura ambiente durante 5 min. Después se añadieron 400 μ L de buffer de precipitado (N5), se le dio vortex por 30 segundos para centrifugar a 15,000 rpm durante 15 minutos.

Se realizaron lavados con el Robot (Thermo Scientific®, King Fisher Flex, Waltham, MA) de la siguiente manera; una placa con detergente D1 (Detergente al 10%) y perlas magnéticas (25 mg/ml in 10 mM MES, pH 5.0, 10 mM NaCl, 0.1% Tween 20), en una relación (80:40); se transfirió cuidadosamente el sobrenadante a la placa, en la cual se depositó el sobrenadante, seguido de tres placas de lavado con reactivo buffer de lavado (W12), 750 μ L buffer de precipitado por pozo; donde se realizó lavados al sobrenadante, y una placa con buffer de elución (E6; 10 mM Tris-HCl, pH 8.5 with 1 mM EDTA) se deposita el ADN al terminar el proceso de lavado.

Para evaluar la calidad y cantidad del ADN se colocó 1 μ l de cada muestra en un espectrofotómetro (NanoDrop 2000, Thermo Scientific), mediante la absorbancia a longitudes de onda de 260 y 280 nm. Finalmente se realizó la dilución de las muestras; ajustándolas a una concentración de 10 ng de ADN μ L de solución.

3.4.2. Amplificación por PCR

En los estudios de Crooijmans et al. (1996), Ya-bo *et al.* (2006) y Horbańczuk et al. (2007) (Cuadro 3). Los iniciadores "Forward", fueron marcados con fluoróforo (6-FAM, HEX o ROX) en el extremo 5' para su posterior detección.

Cuadro 3. Loci de microsatélites utilizados en el estudio de las gallinas criollas, sus secuencias y fuente reportado.

Nombre	Secuencia 5' - 3'	Referencia
MCW32-F	[6-FAM]AAGTTCCTTGTACAATTGTTA	(Ya-bo <i>et al.</i> , 2006;)
MCW32-R	TCATTACTAGTACAATCAAGATGG	
MCW68-F	[6-FAM]CCTCACTGTGTAGTGTGGTAGTCA	(Horbańczuk <i>et al.</i> , 2007)
MCW68-R	GAGAAGCTTGAACCTACCAGTCTT	
MCW88-F	[HEX]TTGCAAATGAACGTATCATGC	(Crooijmans <i>et al.</i> , 1996)
MCW88-R	TCCAATCCTAGAAGTGTTATG	
MCW94-F	[6-FAM]GGAGCTGGTATTTGTCCTAAG	(Crooijmans <i>et al.</i> , 1996)
MCW94-R	GCACAGCCTTTTGACATGTAC	
MCW95-F	[HEX]GATCAAAACATGAGAGACGAAG	(Crooijmans <i>et al.</i> , 1996)
MCW95-R	TTCATAGCTTGAATTGCATAGC	
MCW114-F	[ROX]AGCAAACCTGCTCAGTGCTGTG	(Horbańczuk <i>et al.</i> , 2007)
MCW114-R	GCGTTGAAAGTAGTGCTTCCG	
MCW120-F	[6-FAM]CTATGTAAAGCTTGAATCTTCA	(Crooijmans <i>et al.</i> , 1996)
MCW120-R	ATTCCTGGGTGCTAATTTACC	
MCW131-F	[6-FAM]GTTGCTGATTCTAAGGCAGGC	(Horbańczuk <i>et al.</i> , 2007)
MCW131-R	TTGCAGTTGTAAAGGTGTAGC	
MCW134-F	[HEX]GGAGACTTCATTGTGTAGCAC	(Ya-bo <i>et al.</i> , 2006)
MCW134-R	ACCAAAAGACTGGAGGTCAAC	
MCW135-F	[6-FAM]ATATGCTGCAGAGGGCAGTAG	(Crooijmans <i>et al.</i> , 1996)
MCW135-R	CATGTTCTGCATTATTGCTCC	
MCW145-F	[HEX]ACTTTATTCTCCAAATTTGGCT	(Ya-bo <i>et al.</i> , 2006)
MCW145-R	AAACACAATGGCAACGGAAAC	
MCW158-F	[ROX]GATCCATTTATAAAGACCCAC	(Crooijmans <i>et al.</i> , 1996)
MCW158-R	TTCAATACTCCTTTGTAAAGCA	

La mezcla de reacción constó de un volumen total de 25 μ L, compuesta de 5 μ L de Buffer 5X (Promega), 2 μ L de mM de MgCl₂ (Promega), 0.5 μ L mezcla de dNTPs (Promega), a 2 mM, 1 μ L de cada iniciador 5 pmol, 1U de Taq polimerasa (Promega), y 1 μ L de ADN a una concentración de 10 ng/ μ L. La amplificación se realizó en el termociclador (Marca; Bio-Rad C1000TM Thermal cycler, USA) con las siguientes etapas de: desnaturalización inicial a 94°C por 5 minutos, seguido de un desnaturalización de 94°C por 45 segundos durante 35 ciclos, con una etapa de alineación por grupos; 53.6°C, 56.6°C, 62°C durante 1 minuto (Cuadro 5), seguido de una extensión de 72°C por 1 minuto, y una extensión final a 72°C durante 10 minutos.

Cuadro 4. Agrupamiento de los primers para PCR de acuerdo con temperaturas de alineamiento similares y tamaños de fragmentos diferentes.

Grupo	Primers	Temperatura (°C)
Grupo 1	MCW158	53.6
	MCW32	
	MCW131	
	MCW94	
Grupo 2	MCW88	56.6
	MCW120	
Grupo 3	MCW95	62
	MCW135	
	MCW68	
	MCW145	
	MCW114	
	MCW134	

3.4.3. Análisis de fragmentos

Los productos de PCR fueron separados por medio de electroforesis capilar en un secuenciador Genetic Analyzer 3130 (ABI3130, Applied Biosystems, Foster City), utilizando 2 µL de producto de PCR, 0.25 µL de Size Standard (LIZ 500), y 7.75 µL de formamida para cada muestra, en las placas de secuenciación de 96 pozos. Las reacciones fueron desnaturalizadas durante 3 minutos a 96°C y después colocadas en congelación durante 3 minutos antes de ser llevadas al secuenciador. Las muestras corrieron a un voltaje de 1500 V y a una temperatura de 60°C durante 15 minutos. Se utilizó polímero POP7™ como soporte de separación.

Los archivos generados, una vez terminada la electroforesis capilar, fueron la base para el análisis de fragmentos con el programa GeneMapper® V.4.0. El tamaño de los fragmentos fue calculado utilizando el método Local Southern para ser etiquetados con el nombre del alelo correspondiente.

3.5. Análisis estadístico

Los datos obtenidos de campo, como; variables morfométricas para el análisis de tipología, y los análisis para obtener los parámetros de la diversidad genética, de la siguiente manera:

3.5.1. Análisis de información de las encuestas

Para describir el sistema de producción, se obtuvieron los estadísticos descriptivos, de aspectos más importantes de; producción, manejo, alimentación, reproducción y alojamiento de las aves, fueron realizados usando el programa SAS versión 9.0 (SAS Institute, 2002).

3.5.2. Análisis de variables morfométricas

Se realizó un análisis multivariado de componentes principales para reducir el espacio multidimensional de variables morfométricas en un subconjunto de combinaciones lineales. Para lo anterior, se estandarizaron las variables para evitar los efectos de distintas escalas de cada variable. Únicamente los valores propios superiores a 0.4 fueron considerados. Posteriormente se realizó un análisis de conglomerados, que permitió agrupar las poblaciones de gallinas criollas. Se desarrollaron agrupaciones jerárquicas basadas en el método del centroide más cercano. Todos los análisis fueron realizados usando el programa SAS versión 9.0 (SAS Institute, 2002).

3.5.3. Análisis de la diversidad genética

Se registraron los diferentes alelos detectados para cada uno de los individuos en cada uno de los loci para obtener frecuencias alélicas en cada una de las poblaciones evaluadas. A partir de esta información se generó un perfil alélico para cada una de las poblaciones analizadas.

La diversidad genética de cada población y grupos de poblaciones fue cuantificada mediante el número de alelos por locus (A), heterocigosidad observada (H_o), heterocigosidad esperada (H_e) bajo equilibrio Hardy-Weinberg, para cada locus y el promedio para todos los loci (Nei, 1978). Utilizando el programa POPGEN (Yeh *et al.* 1999).

Se generó una matriz de frecuencias alélicas de cada loci, de todas las poblaciones, la cual sirvió de base para un análisis estadístico multivariado de componentes principales con el paquete SAS V. 9.0 (SAS Institute, 2002) y un análisis de agrupamiento para definir las similitudes entre las poblaciones de gallinas criollas y el grupo testigo comercial.

3.5.4. Análisis combinado de datos moleculares y variables morfométricas

Los datos de las frecuencias de los alelos, que se obtienen de los 12 loci estudiados, las variables morfométricas que más influyeron en el análisis de la tipología de las gallinas, se combinaron mediante un agrupamiento, por medio de un análisis Cluster mediante usando la distancia de Gower.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Análisis del sistema de producción

4.1.1. Descripción del sistema de producción

La crianza de las gallinas criollas es la actividad pecuaria predominante en las comunidades rurales de la región de Valles Centrales de Oaxaca (Cuadro 6), la cual es practicada principalmente por mujeres (89%), debido a que sus instalaciones rústicas son un anexo de la casa familiar y la edad promedio es de 49.2 ± 14.2 años. En general, el grado de escolaridad es baja, ya que el 13% de los productores no tiene estudios escolarizados, el 31% cuenta con primaria, 37 % secundaria y preparatoria y el 19% cuenta con alguna profesión, pero en su mayoría son personas jubiladas, y se dedican a la cría de las gallinas como una forma de obtener un ingreso y conservar la tradición familiar (87.9%).

En cada unidad de producción existe un promedio de 1.7 dependientes económicos (Cuadro 6), que generalmente son menores de edad o ancianos. Similares resultados han sido informados por otros investigadores en África (Badubi *et al.*, 2006; Haoua *et al.*, 2015). La experiencia en la crianza de las gallinas criollas es muy variable, en promedio fue de 22.2 ± 17.6 años, cuya finalidad es tener parvadas con gallinas adultas (88.9%), que al completar varios ciclos de postura sean sacrificadas para ser consumidas por la familia (91%). Es común que en las unidades de producción existan genotipos comerciales cuya producción de huevo se enfoque hacia la comercialización exclusivamente de huevo en los mercados locales, tal como lo han reportado otros investigadores (Jerez-Salas *et al.*, 2014).

Las gallinas criollas en estudio inician su postura a una edad promedio de 6.3 ± 1.6 meses, resultado que es similar a lo informado por otros investigadores en diferentes países explotando genotipos locales y avicultura en pequeña escala: México, 5.5 meses (Segura *et al.* 2007); Uganda, 5.5 a 7.0 meses (Kugonza *et al.*, 2008); Etiopía, 5.9 a 7.1 meses (Moges *et al.* 2010; Letebrhan *et al.* 2015) y Botswana, 6 a 10

meses (Badubi *et al.* 2006; Moreki, 2010). Las gallinas son sacrificadas a 1.6 ± 0.6 años, después de terminar la primera etapa de postura, consecuencia de su uso en el consumo familiar.

Cuadro 5. Características generales de los productores y de las parvadas de gallinas criollas en las unidades de producción familiar de la región de Valles Centrales, Oaxaca.

Unidad de producción	N	Media	Desviación estándar
Características generales			
Edad del productor (años)	19	49.2	14.2
Dependientes económicos	19	1.7	1.8
Experiencia en la actividad (años)	19	22.2	17.6
Producción de autoconsumo (%)	19	91.1	13.7
Dedicación a la cría (%)	19	87.9	12.7
Autoconsumo	19	88.9	19.7
Características de la parvada			
Edad al romper postura (meses)	19	6.3	1.6
Edad al sacrificio (años)	19	1.6	0.6
Eclosión (%)	19	72.6	27.5

El 59% de los productores obtienen sus gallinas de reemplazo de la misma UP, 12% las compra en otras UP de la misma comunidad y el restante 29% en diferentes mercados cercanos a la región y de otras entidades federativas (Figura 5), siempre y cuando cumplan con los criterios de selección, que se basan en la calidad de sus progenitores (tamaño, postura y rusticidad) los cuales son evaluados en forma subjetiva, sin registros definidos expofeso. De acuerdo con Ben Larbi *et al.* (2013), los criterios más importantes para la compra de aves son el tamaño, seguido por el número de huevos puestos, tolerancia a enfermedades y resistencia al calor.

La compra de animales se realiza de acuerdo con su etapa fenológica, el 80% prefiere comprar polluelos, debido a que consideran que es más rápido el proceso de adaptación al sistema de manejo, instalaciones, alimentación y ambiente prevaleciente en la unidad de explotación, lo cual coincide con lo informado por Ben Larbi *et al.*

(2013). Algunos productores se ven en la necesidad de vender sus gallinas en los mercados más cercanos (55%) o en la misma comunidad (45%) con el objeto de allegarse recursos económicos que les permitan apoyar la economía familiar, resolver problemas de salud o celebraciones familiares; a este respecto, Mtileni *et al* (2009), estudiando este tipo de avicultura en Sudáfrica, reporta que la venta de gallinas es común en el 98% de los productores.

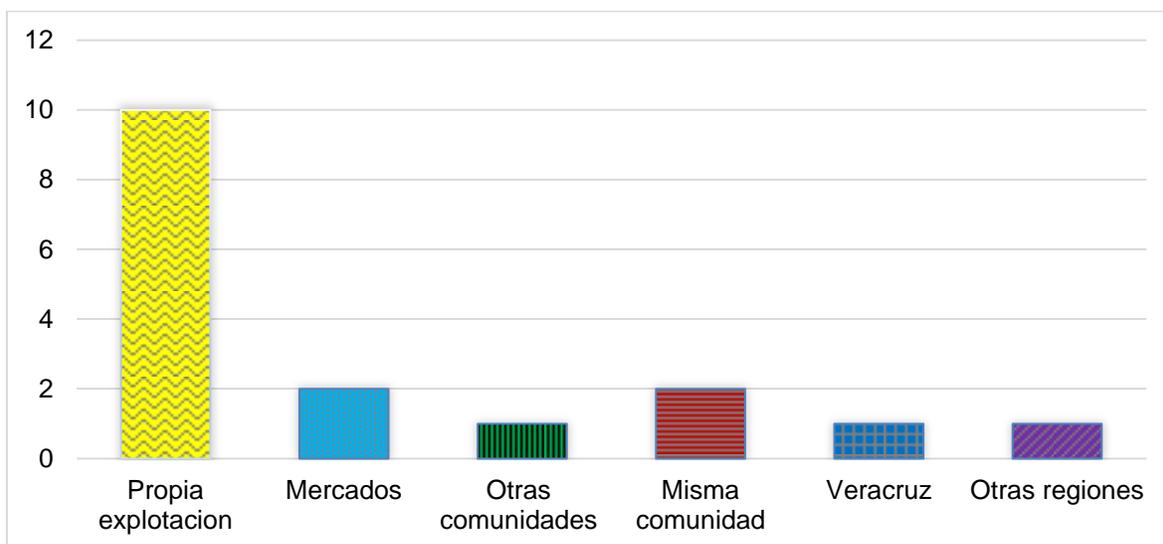


Figura 5. Procedencia de las gallinas criollas, en la región de los Valles Centrales, Oaxaca

4.1.2. Alimentación

En la región de estudio, la principal fuente de alimento es el maíz en grano entero, acompañada con desperdicios de cocina, desechos de bebida tradicional de la región, como es el atole de maíz, llamado “chicaxtle” y ocasionalmente les ofrecen forraje verde, como alfalfa (Figura 6), lo cual no cubre las necesidades nutricionales de las aves criollas, retrasando su crecimiento y obteniendo bajos parámetros productivos. La alimentación de pollitos en las primeras cuatro semanas de edad consiste básicamente de alimento comercial y bolitas de masa de maíz, pero esta forma de alimentación únicamente la realiza un número reducido de productores (30%). Otros estudios en Botswana. (Badubi *et al.*, 2006) Sudán (Khalafallah *et al.*, 2001) en Etiopía (Assefa 2007; Mekonen 2007; Letebrhan *et al.*, 2015) y en Kenia (King’ori *et al.*, 2009)

encontraron, sistemas de alimentación similar, los cuales presentan serias deficiencias nutricionales en la alimentación de la parvada.

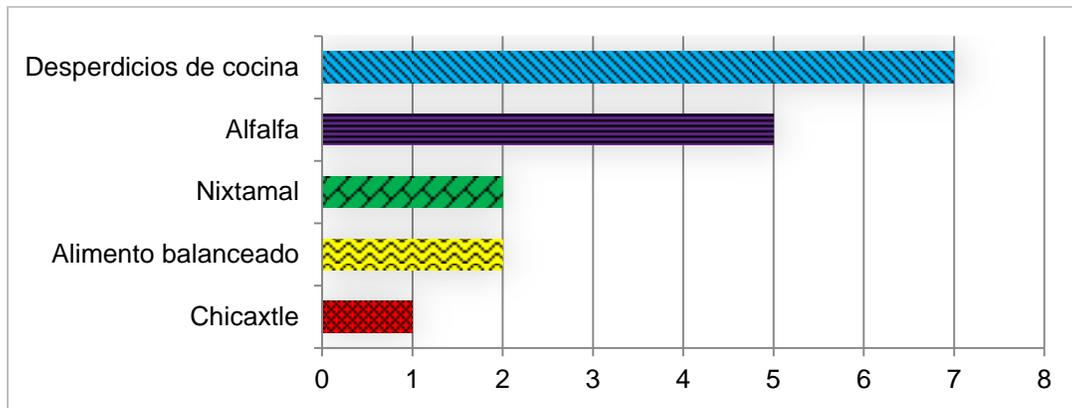


Figura 6. Tipo de alimentación ofrecida a las gallinas criollas

4.1.3. Instalaciones

Los gallineros en las comunidades, están elaborados principalmente de; malla metálica, los corrales cuentan con techo comúnmente de lámina y perchero (Figura 7), para descanso de las gallinas con 72% el 11% menciona que cuenta con corrales con perchero, pero sin ningún tipo de techo, el 17% tiene a las gallinas en el patio de su casa, utilizando como perchero árboles (Figura 8), Se asignan desde 2 hasta 6 gallinas por metro cuadrado en el gallinero como máximo, con la finalidad de que no haya competencia por el espacio.



Figura 7. Instalaciones con percheros y techo, para gallinas y guajolotes

El tipo de piso es frecuentemente tierra (92%), para que las aves puedan tomar baños de tierra y sólo unas productoras (8%) tienen sus gallineros con piso de concreto. Los bebederos que utilizan principalmente son; recipientes de cocina, bandejas, piedra, dándoles un segundo uso cuando son desechados del hogar, los comederos, fueron recipientes de aluminio, cajones de madera, en la tierra y comederos especiales.

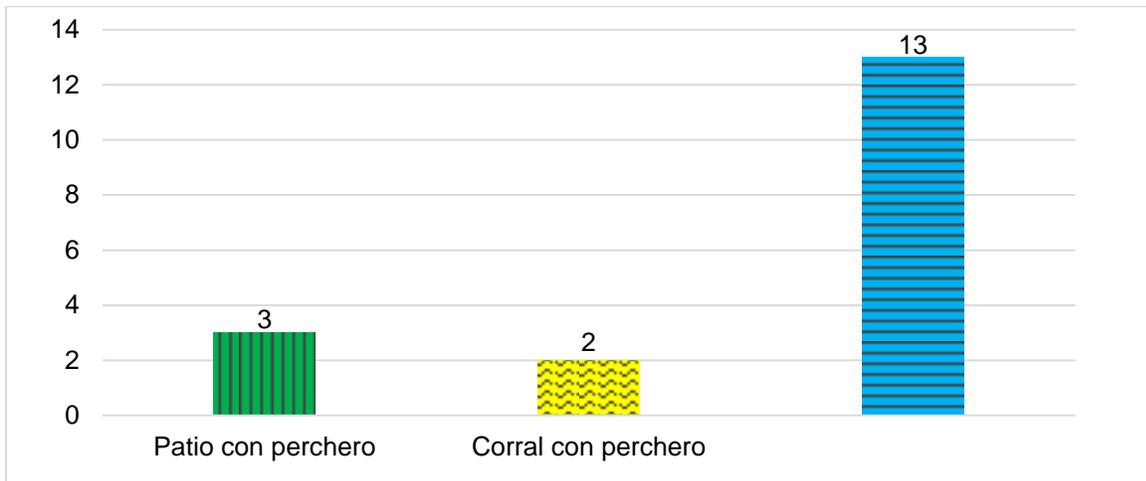


Figura 8. Tipo de alojamiento de las gallinas criollas

4.1.4. Reproducción

Las gallinas criollas de los Valles Centrales de Oaxaca, rompen postura a los 6.3 meses en promedio, la temporada de cloquez, se presenta con mayor frecuencia en primavera, que es la mejor época, debido a la presencia de lluvias y por ende abundancia de insectos y de hierba, para el pastoreo, en la selección del huevo a incubar; las productoras consideran importantes las siguientes características: el tamaño (53%), edad del huevo (16%), color (10%) y forma (5%) (Figura 9); estos resultados concuerdan con (Badubi *et al.*, 2006) quienes reportan en un estudio en Bostwana que los huevos más grandes incubados, resulta en polluelos más grandes, y estos pueden soportar las duras condiciones impuestas por el sistema de producción y por lo tanto sobrevivir mejor obteniendo un porcentaje de eclosión del 72% de la nidada resultados similares encontraron Guni *et al.*, (2013); sin embargo resultados registrados

en Botswana (Badubi *et al.*, 2006) y la India (Iqbal y Pampori 2008) muestran las cifras de incubabilidad más bajas. Cabe mencionar que 60% de las unidades de producción utilizan a las guajolotas para la incubación de los huevos de gallina, con esta alternativa de producción aprovechan la cloquez de ambas especies para obtener pollitos durante todo el año.

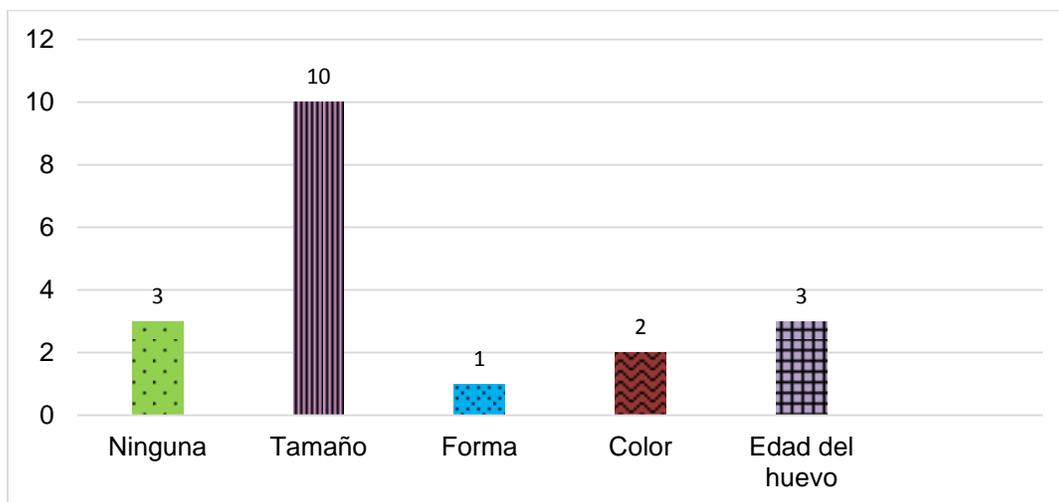


Figura 9. Características que influyen en la selección del huevo para la incubación

Las características que toman en cuenta los productores para la selección de sus reproductores; en las hembras: el tamaño (32%), cloquez (26%), y postura (21%), Letebrhan *et al.*, (2015) afirman que en Etiopia la característica de cloquez no es de importancia económica, debido a que afecta a la producción de huevo y ganancia de peso. En los machos, consideran las características; de tamaño (55%), color (25%), y peso (5%), debido que son de importancia económica, como fuente de carne, el resto de los productores no toma en cuenta alguna característica como criterio de selección. Entre las características visuales tomadas en cuenta como accesorios se encuentran; el color de los tarsos (37%), accesorios en la región de la cabeza (16%), así como la presencia de copete o barba, tipo de cresta, y el tipo de plumaje; rizado o chino (5%) (Figura 10).

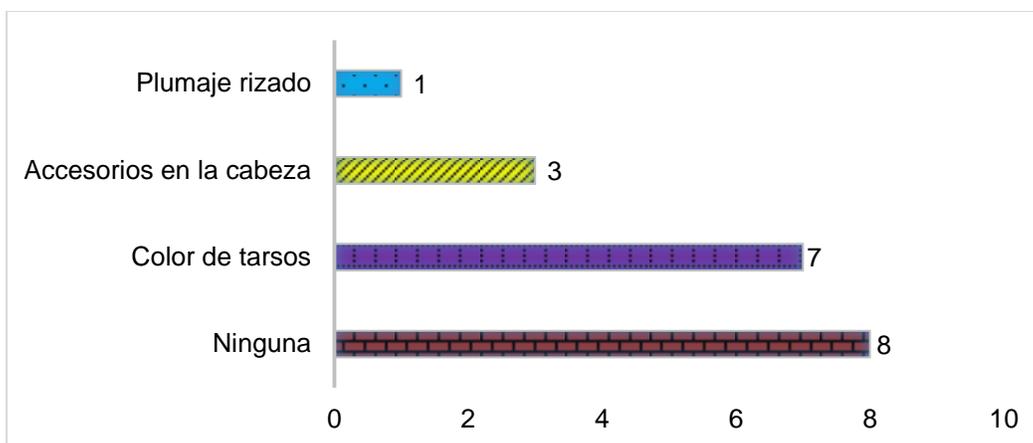


Figura 10. Accesorios que toman en cuenta para la selección de los reproductores

La relación de gallo: gallinas, es de un macho por cada 5 a 12 gallinas, con la finalidad de evitar peleas entre los gallos. En Etiopía (Letebrhan *et al.*, 2015) reportan que la relación gallo: gallina es de 1: 3,4.

4.1.5. Sanidad

Las prácticas de prevención y sanidad en la unidad de producción, son muy bajas, la aplicación de vacunas; el 26.3% de la productoras aplican algún tipo de fármaco, como consecuencia que no cuentan con ningún tipo asesoramiento respecto al plan de vacunación, en el caso de la aplicación de desparasitante, sólo el 15.78% aplica algún fármaco como desparasitante (Figura 11).

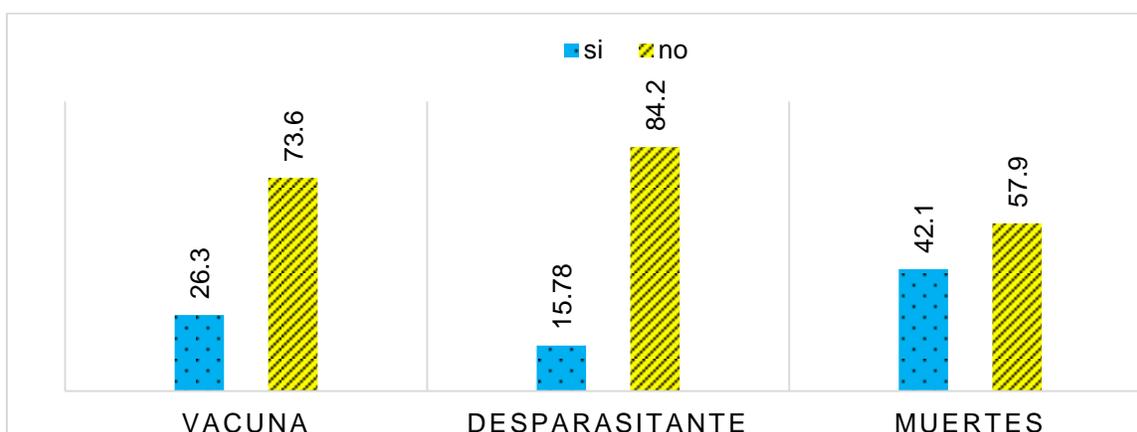


Figura 11. Proporción de unidades de producción, según prácticas de manejo sanitario en gallinas criollas

Otras productoras optan por ofrecer plantas con usos medicinales. Como consecuencia del deficiente plan de sanidad, el 42% de las unidades de producción presentan muerte de gallinas reportando un número máximo de 5 gallinas/año, principalmente por diarrea y gripe (Letebrhan *et al.*, (2015) y Haoua *et al.*, (2015), reportando estas mismas enfermedades en Etiopia y Camerún, respectivamente.

4.2. Análisis de variables morfométricas

Los estadísticos descriptivos de las características morfométricas, se diferenciaron por sexo (Cuadro 7), el peso de los machos fue de 2.5 a 3 kg, las hembras fue de 2 a 2.5 kg. El cual coincide con los resultados de Jerez-Salas (2014) en México, Campo (2009) en España, Badubi *et al.*, (2006) en Etiopia, sin embargo en otro estudio realizado por Zaragoza *et al.*, (2013) en el sureste de México, reportó un peso promedio para machos 2.3 kg y para hembras de 1.9 kg los cuales son bajos con respecto a los encontrados en este estudio.

4.2.1. Análisis de componentes principales de las características morfométricas

El análisis de componentes principales permitió reducir la dimensionalidad de las 21 variables consideradas para caracterizar las gallinas criollas, y obtener las principales variables morfométricas que mejor describen al animal. Los tres primeros componentes principales, explicaron el 70% de la variación total de las gallinas criollas, como se muestra en el Cuadro 8.

Cuadro 6. Medias \pm Desviación estándar de las variables morfométricas de las gallinas criollas de acuerdo a las variables y sexo.

Variable	Hembras			Machos		
	N	Media	D.E	N	Media	D.E.
PESO (gr)	140	2008.64	498.31	27	2498.15	590.38
EDAD (años)	140	1.13	0.63	27	1.12	0.60
AD ¹ (mm)	140	282.25	30.11	27	313.33	48.44
LD ² (mm)	140	414.79	33.67	27	454.63	45.51
PPE ³ (mm)	140	404.91	31.63	27	441.74	37.17
LB ⁴ (mm)	140	21.49	9.11	27	47.00	17.12
AB ⁵ (mm)	140	25.71	8.10	27	43.52	12.16
LC ⁶ (mm)	140	45.84	9.33	27	53.88	9.99
AC ⁷ (mm)	140	33.75	7.14	27	36.27	6.35
LPC ⁸ (mm)	140	34.92	6.66	27	38.22	6.57
APC ⁹ (mm)	140	23.78	6.74	27	25.21	5.28
LCR ¹⁰ (mm)	140	27.14	11.53	27	49.83	15.25
ACR ¹¹ (mm)	140	48.41	13.23	27	92.18	23.50
LTARSO ¹² (mm)	140	107.05	9.70	27	124.94	15.24
LPIERNA ¹³ (mm)	140	136.05	11.17	27	158.34	13.87
LMUSLO ¹⁴ (mm)	140	102.50	10.96	27	116.51	10.21
LALA ¹⁵ (mm)	140	183.77	16.99	27	203.33	16.62
AALA ¹⁶ (mm)	140	94.69	9.14	27	106.11	7.86
PPLUMA ¹⁷ (mm)	140	115.43	28.75	27	129.15	31.62
LOREJUELA ¹⁸ (mm)	140	24.27	7.63	27	35.95	9.01
AOREJUELA ¹⁹ (mm)	140	18.76	6.31	27	21.75	7.13

N= Numero de gallinas, D.E.= Desviación Estándar, EEM= Error Estándar de la Media, AD¹=Altura dorsal, LD²=Largo Dorsal, PPE³=Perímetro Pectoral, LB⁴= Largo de barbilla, AB⁵= Ancho de barbilla, LC⁶= Largo de cresta, AC⁷= Ancho de cresta, LPC⁸= Largo de pico, APC⁹=Ancho de pico, LCR¹⁰=Largo de Cresta, ACR¹¹=Ancho de cresta, LTARSO¹²= Largo de tarso, LPIERNA¹³=Largo de pierna, LMUSLO¹⁴= Largo de muslo, LALA¹⁵= Largo del ala, AALA¹⁶= Ancho del ala, PPLUMA¹⁷= Pluma primaria, LOREJUELA¹⁸=Largo de orejuela, AOREJUELA¹⁹=Ancho de orejuela.

Cuadro 7. Componentes principales (CP), autovalores (λ_i) y varianza explicada (%VCP) de los caracteres morfométricos

CP	λ_i	%VCP	%VCP (Acumulada)
CP1	10.53	0.5013	0.5013
CP2	2.70	0.1284	0.6298
CP3	1.56	0.0744	0.7042

El primer componente está directamente relacionado con características como largo y ancho de la barbilla, largo y ancho de la cresta y largo y ancho de la orejuela, que en conjunto describen la conformación de la cabeza, y las extremidades como de tarso y el muslo, los cuales describen el tamaño del animal. El segundo componente está relacionado con las variables de altura y peso, las cuales están involucradas con la talla del animal, mientras que el tercer componente está estrechamente relacionado con la edad (Cuadro 9).

Cuadro 8. Vectores propios correspondientes a los componentes seleccionados.

	CP1	CP2	CP3
PESO	0.119	0.428	0.089
EDAD	-0.001	0.149	0.458
LD ¹	0.108	0.419	-0.147
PPE ²	0.155	0.323	0.148
LTARSO ³	0.257	0.173	-0.215
LMUSLO ⁴	0.259	-0.043	-0.130
LB ⁵	0.256	0.028	0.324
AB ⁶	0.262	-0.013	0.171
LC ⁷	0.233	-0.203	0.031
AC ⁸	0.252	-0.271	-0.027
LPC ⁹	0.253	-0.220	-0.134
APC ¹⁰	0.236	-0.267	-0.135
LCR ¹¹	0.253	0.040	0.299
LOREJUELA ¹²	0.281	-0.084	0.136
AOREJUELA ¹³	0.238	-0.248	0.003

LD¹=Largo Dorsal, PPE²=Perímetro Pectoral, LTARSO³= Largo de tarso, LMUSLO⁴= Largo de muslo, LB⁵= Largo de barbilla, AB⁶= Ancho de barbilla, LC⁷= Largo de cresta, AC⁸= Ancho de cresta, LPC⁹= Largo de pico, APC¹⁰=Ancho de pico, LCR¹¹=Largo de Cresta, LOREJUELA¹²=Largo de orejuela, AOREJUELA¹³=Ancho de orejuela.

Los resultados del análisis de la correlación de Pearson se presentan en la Cuadro 10. Sólo se incluyeron las variables que fueron significativas, con un valor superior a 0.40. Las variables con mayor correlación fueron peso con: el perímetro pectoral (0.62), con largo de tarso (0.45), mientras, largo de tarso está altamente correlacionada con largo de muslo (0.69) y largo y ancho de orejuela (0.67 y 0.54) respectivamente, lo que indica que son animales con un desarrollo normal y con accesorios bien desarrollados. Estos resultados coinciden con los reportados por Zaragoza (2012) en México, quien encontró correlaciones altas en los mismos caracteres estudiados. Por su parte Guni *et al.*, (2015), en Tanzania y Alabi *et al.*, (2012), en Nigeria encontraron una alta correlación de peso vivo con perímetro pectoral, que influyen directamente en la talla del animal.

Cuadro 9. Correlaciones de Pearson de las variables morfométricas de las gallinas criollas.

	P	EDAD	PPE	LB	AB	LC	AC	LPC	APC	LCR	LTAR	LMU	LORE
P ¹	1	0.19	0.62	0.36	0.29	0.14	0.04	0.07	0.03	0.35	0.45	0.27	0.31
ED ²		1	0.13	0.10	-0.04	-0.14	-0.05	-0.12	-0.06	0.12	-0.04	-0.08	0.05
PPE ³			1	0.45	0.41	0.26	0.19	0.24	0.11	0.50	0.50	0.40	0.39
LB ⁴				1	0.91	0.63	0.60	0.55	0.49	0.82	0.57	0.61	0.83
AB ⁵					1	0.63	0.64	0.61	0.56	0.73	0.64	0.65	0.82
LC ⁶						1	0.76	0.74	0.64	0.63	0.47	0.67	0.68
AC ⁷							1	0.90	0.88	0.64	0.57	0.65	0.80
LPC ⁸								1	0.85	0.60	0.64	0.69	0.75
APC ⁹									1	0.52	0.57	0.65	0.74
LCR ¹⁰										1	0.60	0.58	0.77
LTA ¹¹											1	0.69	0.67
LMU ¹²												1	0.73
LORE ¹³													1

P¹=Peso, ED= Edad, PPE³=Perímetro Pectoral, LB⁴= Largo de barbilla, AB⁵= Ancho de barbilla, LC⁶= Largo de cresta, AC⁷= Ancho de cresta, LPC⁸= Largo de pico, APC⁹=Ancho de pico, LCR¹⁰=Largo de Cresta, LTA¹¹= Largo de tarso, LMU¹²= Largo de muslo, LORE¹³=Largo de orejuela.

En el plano de la dimensionalidad de los rasgos de las gallinas criollas se identificaron tres grupos principales (Figura 12) de acuerdo con los dos primeros componentes principales de las variables morfométricas; el primero conformado por descripción de la cabeza y tamaño de las extremidades, el segundo está representado por la peso y talla del animal, conformado por un pequeño grupo superior, con extremidades y cabeza bien conformadas, con respecto a la media poblacional. El tercer grupo, fue el inferior, el cual se caracterizó por ser de una menor talla y peso, es decir animales adultos que son pequeños, lo cual puede estar influenciado directamente por una deficiente alimentación, con la que no alcanzan a cubrir sus necesidades de proteína y energía, reduciendo su desarrollo.

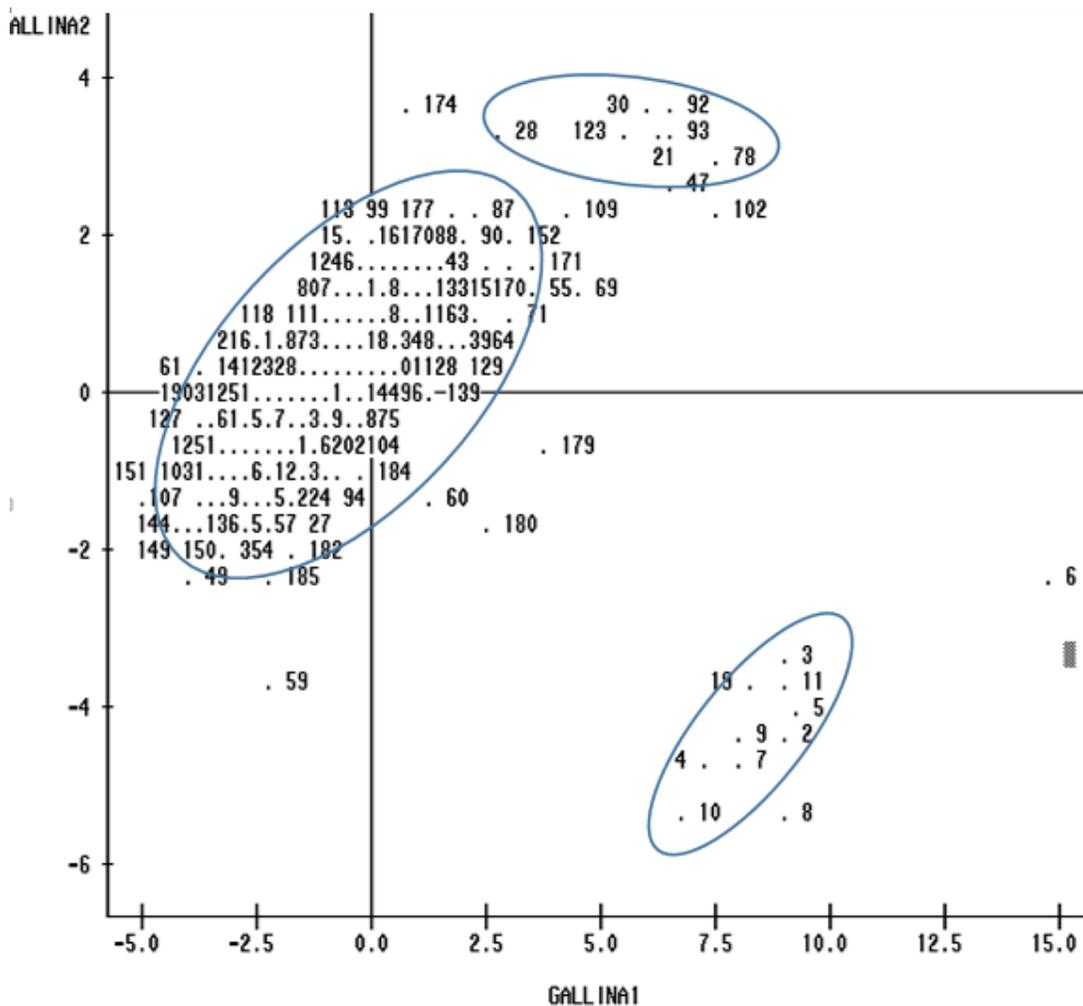


Figura 12. Distribución de las gallinas criollas del CP1 y CP2 en el plano de la dimensionalidad

El análisis de agrupamiento, estableció cinco grupos bien diferenciados, el primer grupo se caracteriza por tener animales que son identificados por las variables que describen al área de la pechuga como grande, esto representa un potencial pero no se ve reflejado en el peso del animal, que es limitado por el tipo de alimentación, mientras el grupo dos, se caracteriza por tener animales con mayor tamaño de extremidades como largo de pierna y largo de tarso, el grupo tres fue el más numeroso, se caracterizó por tener animales que se encuentran dentro de la media poblacional con un peso de 2 kg, el grupo cuatro se distinguió por ser animales de talla mediana pero con buen peso, el grupo cinco se caracteriza por estar conformado por animales machos de talla grande y pesados (Figura 13).

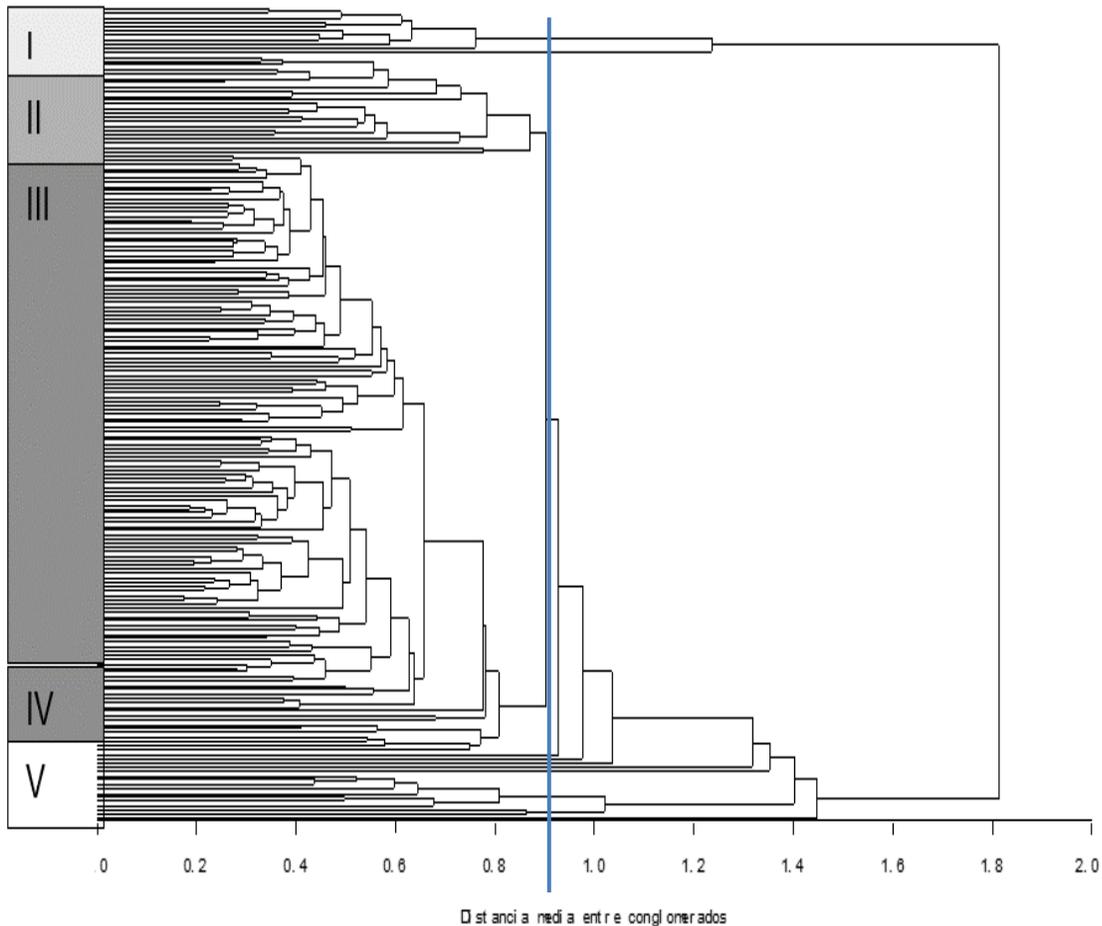


Figura 13. Agrupamiento de las gallina criollas de la region de los Valles Centrales, Oaxaca

4.3. Análisis de la diversidad genética de las gallinas criollas

4.3.1. Parámetro de diversidad genética

Con base en la técnica de microsatélites se detectaron 131 alelos en total en las 93 gallinas, divididas en 11 poblaciones, con los 12 loci analizados en este estudio (Cuadro 11), todos ellos probaron ser polimórficos, evidenciando la amplia variabilidad genética de la población estudiada. Lo anterior coincide con los resultados reportados por Crooijmans *et al.*, (1996), quienes realizaron un mapeo de pollos, encontrando que todos sus loci fueron polimórficos. El tamaño de los alelos encontrados para el conjunto de los locus varió de 68 pb en el locus MCW94, hasta 313 pb en el locus MCW32 (Cuadro 11), mostrando un tamaño similar al informado por Crooijmans *et al.*, (1996) y Horbańczuk *et al.*, (2007).

Cuadro 10. Tamaño de los alelos encontrados en cada locus usando la técnica de microsatélite, en poblaciones de gallinas criollas de Valles Centrales de Oaxaca.

Primer	Tamaño de alelos por locus																Na		
MCW32	270	272	274	276	283	285	287	291	307	309	311	313							12
MCW68	166	169	170	172	176	180	184	186	191	193									10
MCW88	277	279	281	283	285	287	289	294	297	302	303								11
MCW94	68	70	73	75	78	81	83	89	92	93									10
MCW95	72	80	83	85	89	90	94	103											8
MCW114	253	255	266	273	276	278	284	287	289	291									10
MCW120	264	267	269	271	273	275	277	279	281										9
MCW131	193	195	199	201	203	206	208	216											8
MCW134	252	255	257	260	262	268	270	272	273	274	276	278	280	283					14
MCW145	159	161	166	170	173	177												6	
MCW158	164	169	180	183	186	195	197	199	205	207	209	217	219	221	224				15
MCW185	112	119	120	123	125	127	129	131	133	135	137	141	143	146	148	150	166	17	

Na= Número de alelos

La población que reportó el mayor número de alelos por locus fue la testigo con 84 alelos, seguida de Cuilápam con 80 y Teotitlán con 55 con un menor número (Cuadro 12). Estos resultados mostraron un mayor número de alelos por locus respecto a lo informado por otros autores, usando diferentes marcadores microsatélite en esta especie. Así, en Suecia, Alemania y Polonia, reportando 113, 217 y 62 alelos

observados en 24, 29 y 10 loci respectivamente (Abebe *et al.*, 2015, Al-Qamashoui *et al.*, 2014 y Antos *et al.*, 2013); en China, Tailandia e India encontraron 276, 227 y 170 alelos con 29, 20 y 17 loci (Bao *et al.*, 2009; Dorji *et al.*, 2011 y Mukesh, 2011). En Israel e Irán, (Illel *et al.*, 2003, Esfahani *et al.*, 2012) reportaron 211 y 310 alelos en la poblaciones estudiadas, usando 22 y 31 loci de microsatélites.

Cuadro 11. Número de alelos observados en las poblaciones de gallinas consideradas en el estudio

Locus	Pob 1	Pob 2	Pob 3	Pob 4	Pob 5	Pob 6	Pob 7	Pob 8	Pob 9	Pob 10	Pob 11
MCW131	5	5	5	4	2	5	4	3	4	3	4
MCW158	6	9	7	6	9	11	9	8	6	5	4
MCW32	3	6	6	4	8	7	6	6	4	5	5
MCW94	5	6	4	6	7	7	5	8	5	6	5
MCW120	8	7	6	6	7	9	5	6	6	9	6
MCW88	6	6	5	7	6	9	7	6	4	6	3
MCW114	6	5	5	5	6	6	5	6	6	4	5
MCW134	7	10	7	7	10	7	6	8	6	5	8
MCW135	6	8	7	7	9	10	8	7	7	9	7
MCW145	1	2	2	3	4	2	1	2	1	1	1
MCW68	5	6	5	6	7	7	3	5	3	4	5
MCW95	5	5	4	4	5	4	3	4	3	4	4
Media	5.25	6.25	5.25	5.41	6.66	7	5.16	5.75	4.58	5.08	4.75
Desv est	1.82	2.09	1.48	1.38	2.26	2.55	2.24	1.96	1.73	2.27	1.81

Pob1= Nazareno, Pob2=Itvo, Pob3= San Antonio, Pob4= San Lucas, Pob5= Cuilápam, Pob6= Testigo 1 (Plymouth Rock), Pob7=Tenango, Pob8=Chichicapam, Pob9= Teotitlán, Pob10= Testigo 2, Pob 11= Súchil.

La población de Cuilápam presento el mayor número efectivo de alelos por locus, como se muestra en el Cuadro 13, con un total de 50 en promedio de 4.2 por locus, seguido de la población ITVO con un total de 48.5 alelos efectivos en promedio de 4 y la población que presentó el menor número de alelos efectivos fue Súchil con 39. Lo que significa que un alto número de alelos puede ser transmitido a la siguiente generación de gallinas criollas.

Se observó un mayor número de alelos efectivos en las poblaciones de gallinas criollas, con respecto a las dos poblaciones testigo de gallinas de postura, indicando

que las razas de postura cuentan con menor diversidad genética, consecuencia de los procesos de endocria y selección empleados durante su formación. Sin embargo, hubo poblaciones de gallinas criollas con un número bajo de alelos efectivos, probablemente por un manejo que propicio niveles altos de endocria durante su reproducción, lo cual ocasionó pérdida de alelos que inicialmente caracterizaban esas poblaciones.

Cuadro 12. Número de alelos efectivos para cada población de gallinas consideradas en el estudio

Locus	Pob1	Pob2	Pob3	Pob4	Pob5	Pob6	Pob7	Pob8	Pob9	Pob10	Pob11
MCW94	1.9	2.6	4.1	2.9	1.1	2.3	1.7	1.6	2.1	1.5	2.5
MCW131	4.7	6.4	3.4	4.5	6.9	8.0	7.2	6.5	4.0	3.1	1.8
MCW32	2.4	3.8	4.0	3.3	4.2	2.3	2.7	3.3	3.4	4.2	3.9
MCW158	4.0	3.1	3.8	4.9	3.7	3.5	3.6	5.8	2.6	4.6	2.9
MCW88	6.5	4.9	3.8	4.3	3.8	5.0	3.6	4.9	5.1	6.0	4.6
MCW120	3.7	3.7	4.0	5.8	4.6	4.8	4.8	4.5	3.1	3.9	2.7
MCW114	4.4	2.7	3.2	3.1	3.0	2.9	2.1	2.3	3.8	2.1	1.9
MCW134	4.9	6.7	3.9	4.7	7.6	4.2	4.0	5.8	4.5	3.8	6.5
MCW135	5.3	6.7	5.3	5.8	5.0	6.3	7.2	5.4	5.5	6.8	6.1
MCW145	1.0	1.1	1.1	1.8	2.1	1.0	1.0	1.4	1.0	1.0	1.0
MCW68	4.3	3.9	2.3	4.2	4.9	4.1	2.0	3.1	2.6	3.3	3.5
MCW95	3.6	2.9	2.2	2.8	3.3	1.3	1.7	2.2	1.7	2.1	1.6
Media	3.9	4.0	3.4	4.0	4.2	3.9	3.5	3.9	3.3	3.5	3.3
Desv est	1.5	1.8	1.1	1.2	1.8	2.0	2.1	1.8	1.4	1.7	1.8

Pob1= Nazareno, Pob2= Itvo, Pob3= San Antonio, Pob4= San Lucas, Pob5= Cuilápam, Pob6= Testigo 1(Plymouth Rock) Pob7=Tenango, Pob8=Chichicapam, Pob9= Teotitlán, Pob10= Testigo 2, Pob 11= Súchil.

En el Cuadro 14, se muestra el número de alelos por locus, clasificados según las poblaciones de gallinas, ocurriendo 17 en el locus MCW135 y 15 en el locus MCW158, que fueron los que presentaron el mayor número de alelos, estos valores son similares a los encontrados por Bao *et al.*, (2008 y 2009) en China. Contrastando con el locus MCW145, el cual presentó únicamente 6 alelos. Este último locus coincide con el estudio realizado por Choi *et al*, (2015) en Corea, quienes reportaron siete alelos para el locus MCW145, en una raza de aves descendientes de ese país.

Respecto a la heterocigosidad esperada, el locus que resultó con el valor más alto (0.90) fue el MCW135, seguido del MCW158 y MCW134 con valores de 0.88 y 0.86, respectivamente, con un promedio de 0.748; en contraste, la heterocigosidad más baja que se presentó del locus MCW131 con un valor de 0.53. En estudios publicados por Choi *et al*, (2015) y Ya-bo *et al*, (2006) para el locus MCW145 se reportaron 0.69 y 0.77, respectivamente, los cuales fueron mayores a lo encontrado en este estudio (0.55). En el caso de MCW134, Ya-bo *et al*, (2006) reportaron 0.68 y en este estudio se obtuvo un valor de 0.86, el cual fue superior a lo reportado en el estudio en China.

La heterocigosidad observada (Ho) fue de 0.678, variando desde 0.104 hasta 0.932; es decir valores más bajos con respecto a lo esperado (He). En estudios publicados por Yang *et al*, (2010) se informó en gallinas del Tíbet de valores superiores a los encontrados en China, mientras que Ya-bo *et al*. (2006) y Suh *et al*. (2014), encontraron valores similares en China y Corea. Por otro lado Yang *et al*, (2009) y Abebe *et al*, (2015), encontraron valores más bajos para Ho y He, en estudios en China y Suecia, respectivamente.

Cuadro 13. Número de alelos, heterocigosidad observada y esperada de toda población de gallinas criollas.

Locus	na*	ne**	Ho	He	Nei**	Ave Het
MCW131	8	2.122	0.533	0.532	0.529	0.487
MCW158	15	8.438	0.535	0.887	0.882	0.767
MCW32	11	4.084	0.793	0.760	0.755	0.694
MCW94	10	4.263	0.851	0.770	0.765	0.728
MCW120	11	6.037	0.933	0.839	0.834	0.784
MCW88	11	5.313	0.966	0.816	0.812	0.747
MCW114	10	3.181	0.560	0.689	0.686	0.627
MCW134	14	7.170	0.923	0.865	0.861	0.795
MCW135	17	9.563	0.766	0.900	0.895	0.830
MCW145	6	2.243	0.105	0.557	0.554	0.138
MCW68	10	4.401	0.705	0.777	0.773	0.690

MCW95	8	2.399	0.466	0.586	0.583	0.525
Mean	10.9167	4.935	0.678	0.748	0.744	0.651
Dest est	3.1176	2.453	0.250	0.129	0.128	0.193

*Número de alelos observados ** Número de alelos efectivos Ho= Heterocigosidad observada, He= Heterocigosidad esperada, Nei= Heterocigosidad con la fórmula de Nei, Ave Het= Promedio de Heterocigosidad

Los valores de heterocigosidades Ho y He por poblaciones de gallinas de Valles Centrales de Oaxaca, variaron desde 0.623 (Población Nazareno) hasta 0.728 (Población ITVO), y 0.653 (Población San Lucas) hasta 0.777 (Población Tenango), respectivamente (Cuadro 15). Autores como, Alipanah *et al*, (2011) publicaron resultados de heterocigosidad de 0.70 para tres poblaciones de aves nativas de Irán. Mientras Zanetti *et al.*, (2010), obtuvieron valores más bajos, que variaron para Ho= 0.24 a 0.622 y para He= 0.243 a 0.559, en razas locales de Italia. De igual manera Suh *et al.*, (2014) reportaron valores bajos para Ho desde= 0.326 hasta=0,591 y He desde= 0.416 hasta= 0.696, en razas locales de Corea.

Estos valores de heterocigosidad son importantes para normar los programas de conservación de aves locales, buscando aumentar la variabilidad entre poblaciones, con un tamaño efectivo suficientemente grande para representar dicha variabilidad.

Cuadro 14. Heterocigosidad observada y esperada de las poblaciones en estudio

	Ho	Desv est	He	Desv. est	Nei**	Dest est
Nazareno	0.623	0.313	0.718	0.252	0.669	0.236
Itvo	0.728	0.266	0.715	0.217	0.684	0.208
San Antonio	0.683	0.260	0.704	0.199	0.660	0.187
San Lucas	0.686	0.269	0.777	0.119	0.720	0.110
Cuilápam	0.672	0.300	0.725	0.223	0.691	0.212
Testigo 1.	0.706	0.277	0.670	0.249	0.644	0.239
Tenango	0.653	0.344	0.653	0.270	0.598	0.248
Chichicapam	0.671	0.269	0.718	0.207	0.666	0.193
Teotitlán	0.694	0.308	0.674	0.251	0.618	0.230
Testigo 2	0.652	0.309	0.668	0.266	0.619	0.249
Súchil	0.658	0.342	0.655	0.269	0.592	0.241

4.3.2. Diferenciación genética de las poblaciones de gallinas

El grado de endogamia que existe entre los grupos de gallinas en estudio, está determinada por los estadísticos F de Wright, cuyos valores indican el grado de diferenciación genética de las poblaciones de gallinas. Así, fue posible distinguir cinco grupos de acuerdo con su localización geográfica en el área de estudio (Cuadro 16). Se destaca que los grupos que tuvieron los valores más bajos (F_{IS} ; indicador de individuos heterocigotos), fueron el testigo y Etna, lo cual indica que existe un mayor número de individuos heterocigotos bajo el supuesto de equilibrio de Hardy-Weinberg; sin embargo, los demás agrupaciones de poblaciones de gallinas criollas mantuvieron valores cercanos a cero, lo cual indica que cada una de las poblaciones se encuentran muy cercanas al equilibrio de manera independiente. Asimismo los grupos de poblaciones que presentaron los valores más bajos de F_{IT} (indicador de la pérdida de heterocigotos) fueron el testigo y Etna, sugiriendo una menor pérdida de heterocigotos; en el testigo se debe a que tiene un esquema de producción definido. En las poblaciones de Etna, a pesar de mantener un esquema de reproducción aleatoria, se mantienen individuos heterocigotos. Por el contrario el grupo de Cuilápam presentó los valores más altos, confirmando una mayor pérdida de heterocigotos. Los grupos de poblaciones Cuilápam, Etna y Tlacolula, presentaron los valores más altos de F_{ST} (la diferenciación genética), indicando un reducido flujo genético entre las poblaciones de cada agrupación, la agrupación ITVO presenta un valor bajo, consecuencia que mantiene un flujo genético más amplio, debido a que funciona como centro de conservación y vende las gallinas criollas excedentes a las unidades de producción cercanas.

Con un valor general de F_{ST} de 0.046 de todos los grupos, se señala que un 95.4% de la variación de las gallinas estudiadas se encuentran dentro de las poblaciones muestreadas, y solo el 4.6% entre ellas (Cuadro 16), mostrando una alta proporción de diversidad genética dentro de las poblaciones estudiadas, lo cual es un indicador de un

programa de selección para aprovechar la variación de manera más eficiente, además de considerarse el establecimiento de conservación *in situ*.

Cuadro 15. Estadísticos F calculados a partir de 12 loci de microsatélites para cinco grupos de gallinas

Poblaciones	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
Itvo	0.003	0.033	0.031
Testigo	-0.095	-0.069	0.024
Etla	-0.084	-0.032	0.048
Tlacolula	-0.063	-0.023	0.038
Cuilápam	0.015	0.105	0.091
General	-0.0448	0.0028	0.0464

F_{IS} = Número de individuos heterocigotos, F_{IT} = Pérdida de heterocigotos, F_{ST} = Diferenciación genética

Resultados publicados por Suh *et al*, (2014), señalan un valor promedio de F_{IS} =0.105, un valor de F_{IT} =0.142 y un valor de F_{ST} =0.234, lo cual indica que el 23.4% de la diversidad se encuentra entre poblaciones y el 76.6% dentro de las gallinas nativas de Corea. Al-Qamashoui *et al*, (2014) publicaron valores similares a este estudio, con F_{ST} =0.034, indicando una baja diferenciación genética en las poblaciones de gallinas nativas de Alemania. En otro estudio en Japón Tadano *et al*. (2009) se encontraron valores de F_{ST} =0.383, es decir, la diferenciación genética se encuentra en un 38.3% entre poblaciones y un 61.7% dentro de las poblaciones. Mientras Abebe *et al*, (2015) encontró F_{IT} = 0.545 y una F_{ST} = 0.44, concluyendo que hay diferenciación genética significativa en las poblaciones de gallinas de Suecia.

4.3.3. Relaciones entre las poblaciones

En análisis de componentes principales los primeros componentes explicaron el 81.1% de la variación total (Cuadro 17). El primer componente principal (CP1) aportó el 14.5% de dicha variación, mientras que el CP2, CP3 y CP4 explicaron el 14.1, 13.3 y 11.4%, respectivamente.

Cuadro 16. Valores propios y proporción de varianza explicada de los 7 componentes principales a partir de la matriz de frecuencias de los 131 alelos en 12 loci en 11 poblaciones de gallinas

Componente	Autovalor	Diferencia	Proporción	Acumulada
1	19.083	0.619	0.146	0.146
2	18.463	1.033	0.141	0.287
3	17.430	2.502	0.133	0.420
4	14.929	1.901	0.114	0.534
5	13.028	1.001	0.099	0.633
6	12.027	0.718	0.092	0.725
7	11.309	1.142	0.086	0.811

Los alelos que influyeron de manera más importante en la conformación del CP1 fueron de los loci siguientes: MCW131-A, MCW131-C, MCW94-A, MCW94-D, MCW94-H, MCW88-B, MCW88-D, MCW114-B, MCW114-D, MCW114-F, MCW186-E, MCW186-M, MCW186-O, MCW145-A, MCW145-E, MCW68-B, MCW68-F, MCW95-D mientras para el CP2 fueron de los loci: MCW131-C, MCW131-E, MCW131-G, MCW131-H, MCW158-D, MCW32-B, MCW32-D, MCW32-G, MCW94-A, MCW94-G, MCW120-E, MCW120-F, MCW88-I, MCW134-L, MCW186-D, MCW186-J, MCW186-I, MCW68-E, MCW68-E, MCW95-G. Para el CP3 estuvo integrado principalmente por: MCW158-F, MCW158-G, MCW158-F, MCW158-G, MCW32-E, MCW94-F, MCW120-C, MCW120-G, MCW88-C, MCW88-K, MCW114-A, MCW114-B, MCW134-A, MCW186-I, MCW145-B, MCW145-E, MCW145-F, MCW68-F, MCW95-H, mientras el CP4 estuvo integrado por: MCW131-H, MCW158-A, MCW158-N, MCW32-C, MCW32-J, MCW94-B, MCW120-H, MCW120-J, MCW114-G, MCW114-J, MCW134-M, MCW186-F, MCW186-P, MCW95-E como se muestra en el Cuadro 18 del Anexo.

Con el análisis de conglomerados, se obtuvo un dendograma estructurando a todas las gallinas en grupos con base a las frecuencias de los alelos de cada población; se distinguen dos grandes agrupaciones de las poblaciones (Figura 14), en el primer grupo la conforman; ITVO, Nazareno, San Antonio, San Lucas, con una

distancia euclidiana de 1.20, la cual es lejana, indica que estas poblaciones de gallinas criollas cuentan con una diferenciación genética única con características definidas y mantienen un reducido flujo genético del exterior de la unidad de producción, distinguiéndose del resto de las poblaciones en estudio.

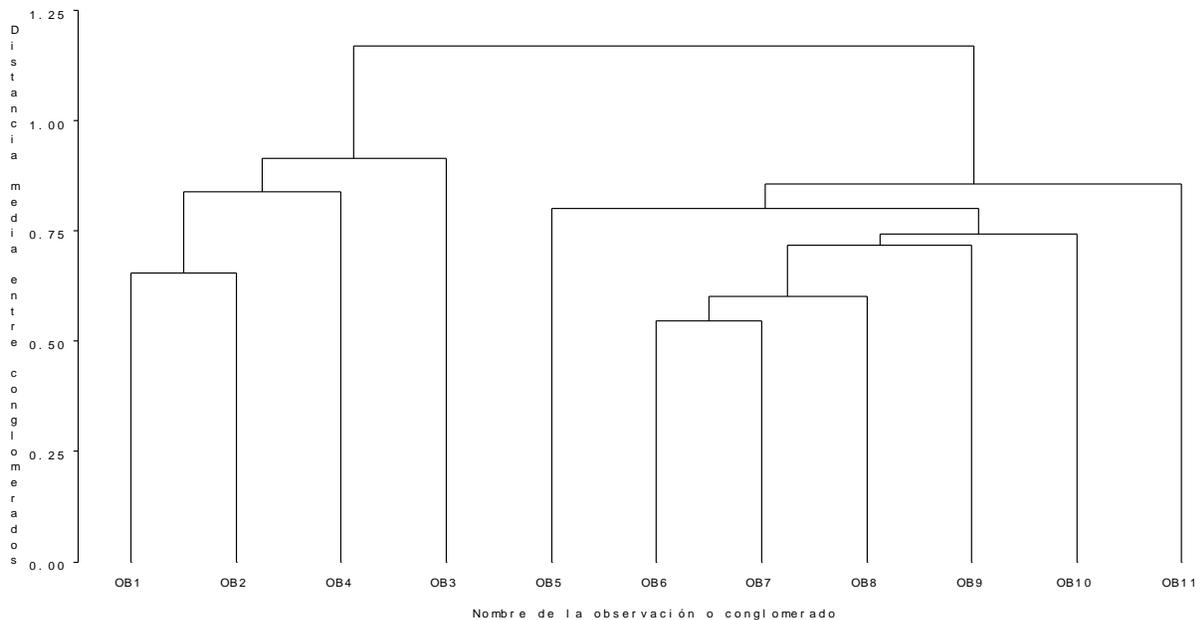


Figura 14. Dendrograma de las poblaciones de gallinas, en base a las frecuencias de los alelos por loci

En la segunda agrupación se encuentran las demás poblaciones, dentro de las cuales las dos poblaciones de gallinas de postura Plymouth Rock que fueron las poblaciones testigo, tienen una similitud definida por su distancia euclidiana de 0.50, reflejándose la similitud que comparten en esta agrupación. Las poblaciones de gallinas criollas relacionan genéticamente, debido al entrecruzamiento, que se ha dado entre las poblaciones criollas de cada comunidad con la raza Plymouth Rock, principalmente, la cual ha sido introducida a las comunidades por medio de paquetes tecnológicos que incluyen pollitos de esta raza.

En el plano de la dimensionalidad de las poblaciones de gallinas, definido por la frecuencia de alelos de mayor influencia, se establecieron los siete Componentes

Principales, determinando la identidad de las poblaciones de gallinas criollas; el CP1 con el CP2, indicó que las poblaciones de gallinas criollas que estuvieron más alejadas fueron: Población A (Nazareno), Población B (ITVO), las cuales se caracterizan por; estar cercanas geográficamente, mantienen un flujo genético de gallinas criollas, además de no incluir material genético avícola comercial, y de otras unidades de Producción ofrecidos en los diferentes mercados de la zona. La Población C (San Antonio), se encuentra alejada de las demás poblaciones, se considera diferente ya que cuenta con individuos únicos se distinguen en características visuales como tipo de plumaje (chino), talla y peso de las gallinas criollas, además no introducen material genético externo y comercial. En contraste, se observó la Población E (Cuilápam), que se encuentra alejada, en la parte inferior como se muestra en la figura 15a.

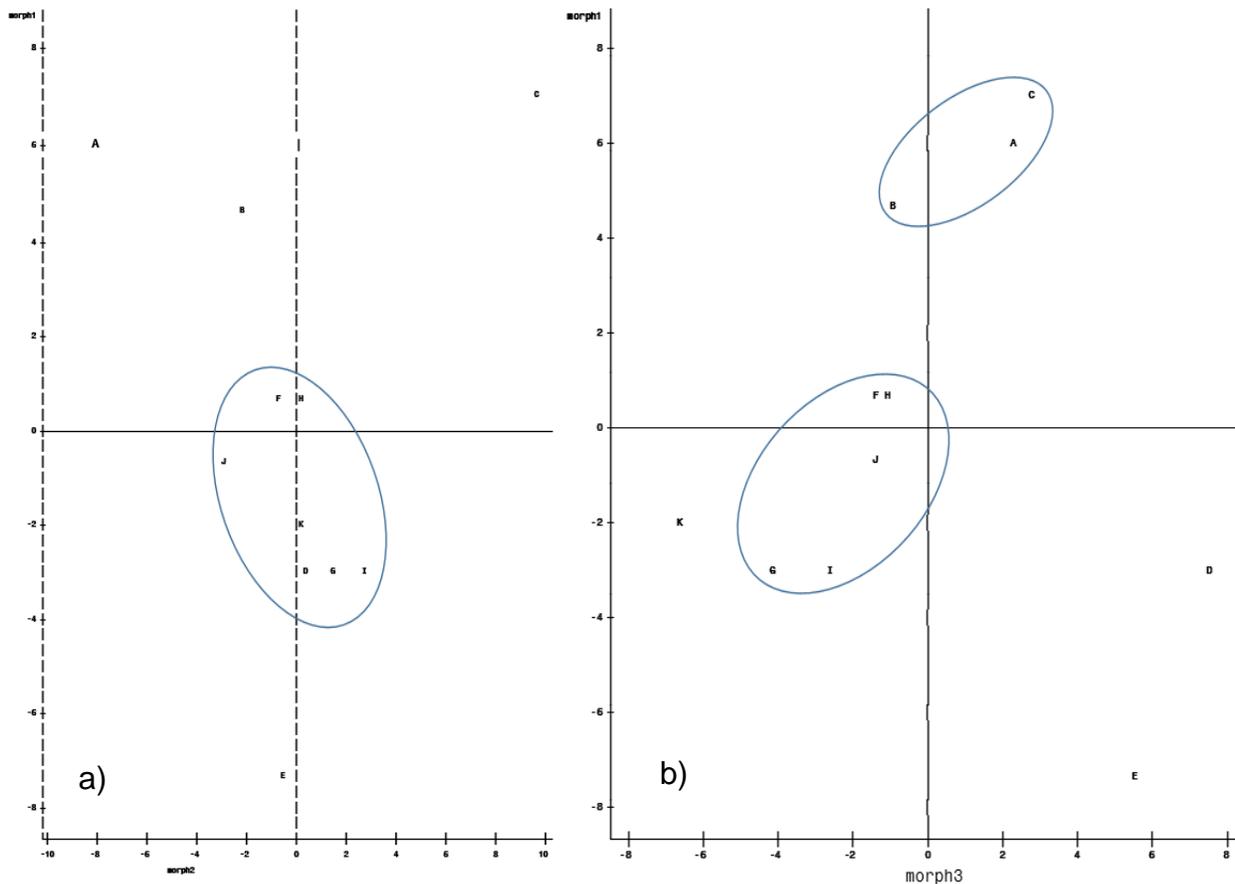


Figura 15. Plano de la dimensionalidad de las poblaciones de gallinas de los componentes Principales; a) CP1 y CP2, b) CP1 y CP3, generados con la frecuencia alélica.

En los CP1 con el CP3 en el plano bidimensional, hubo tendencias similares de asociación (Figura 15b); Población A (Nazareno), Población B (ITVO), Población C (San Antonio), donde se formó una agrupación, caracterizándose como diferentes al resto de las demás poblaciones. Otra agrupación de las poblaciones Teotitlán, San Antonino, Chichi, Súchil y Testigo que tenían mayor similitud entre ellas, esto concuerda con lo encontrado en el agrupamiento Cluster, debido al cruzamiento que se ha dado entre las poblaciones de gallinas criollas con material genético de otras razas definidas. El último grupo que se distinguió, fueron las poblaciones D (San Lucas), y la población e (Cuilápam), siendo más similares entre ellas, debido a que provienen de la misma región geográfica.

Se analizó las poblaciones de gallinas criollas tomando en cuenta como criterio de clasificación la; ubicación geográfica y frecuencia alélica, se corroboró que las poblaciones de gallinas criollas que se encuentran cerca del Itvo, fueron diferentes a las otras poblaciones. La otra agrupación formada, son similares entre ellos, razón porque mantienen un flujo genético entre estas poblaciones.

4.3.4. Análisis combinado con datos moleculares y variables morfométricas

En el dendograma obtenido del análisis combinado, se aprecia que la población que se encuentran a una distancia más cercana fueron; las poblaciones testigo (F y G), Plymouth Rock, las poblaciones de Teotitlán, Chichicapam, San Lucas y Tenango, son las que se encuentran más relacionadas fenotípica y molecularmente con las poblaciones testigo, comparten características que se identifican como similares, las poblaciones ITVO (C), Cuilápam (E), San Antonio (A), y Nazareno (D) resultando ser las más lejanas, debido a que estas poblaciones cuentan con características (fenotípica y molecularmente) que definen a su población, del resto de la poblaciones respectivamente como se muestra en la Figura 16.

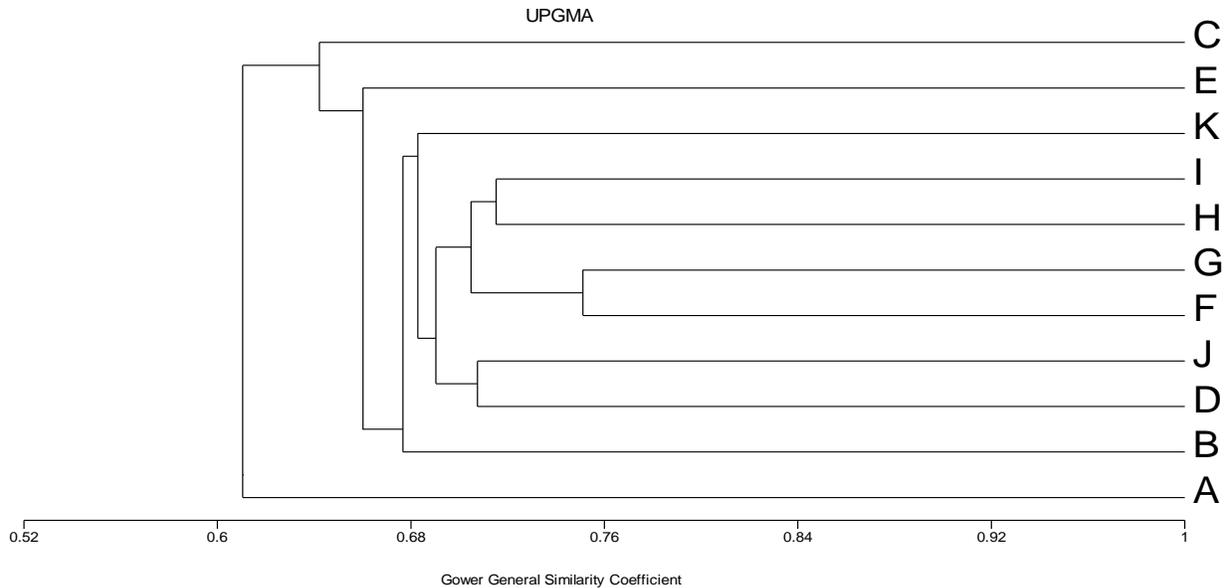


Figura 16. Dendrograma en base a la frecuencia de alelos de los loci microsatélite y variables morfométricas de gallinas criollas

El Análisis de Componentes principales con las 21 variables morfológicas, mostraron tres combinaciones lineales que explicaban el 70.42% de la variación total, siendo las más importantes largo y ancho de la barbilla, largo y ancho de la cresta y largo, ancho de la orejuela, que en conjunto describen la conformación de la cabeza, así como también las extremidades, tarso y muslo, las cuales describen el tamaño del animal. El segundo componente está relacionado con las variables de altura y peso, que definen la talla del animal, mientras que el tercer componente está estrechamente relacionado con la edad. Lo anterior se asocia con el método tradicional usado por las productoras para seleccionar sus gallinas y escoger sus reemplazos en la unidad de producción.

Las poblaciones que siempre se estuvieron distinguiendo fueron; ITVO, Nazareno, San Antonio, ya que poseen características que se pueden definir como mayor rendimiento, animales más pesados, además que tenían una mejor alimentación cubriendo sus necesidades nutricionales, y como consecuencia las crías, alcanzaban un mejor peso en un menor tiempo, llegando a la etapa adulta con una talla superior a la media poblacional que se estableció en este estudio de 2 kg en las hembras.

V. CONCLUSIONES

El sistema de producción familiar de gallinas criollas se basa en Unidades de Producción en pequeña escala enfocadas al autoconsumo y es la principal actividad pecuaria en las comunidades rurales de Valles Centrales de Oaxaca, cuyo manejo de las parvadas las realizan principalmente las mujeres.

La experiencia, escolaridad y edad de las mujeres de las pequeñas Unidades de Producción se relacionó con un mejor desarrollo de las parvadas de gallinas criollas.

El análisis de Componentes Principales mostró que la talla del animal (altura y peso) explicó la mayor variación en los rasgos de las gallinas criollas y puede ser usada como base futuros estudios tipológicos de la especie.

Existe una amplia diversidad genética en las gallinas criollas de la región de estudio. Se detectaron 131 alelos generados a partir de los 12 loci de microsatélites evaluados en las 11 poblaciones, los cuales permitieron la diferenciación entre las distintas poblaciones provenientes de la región de los Valles Centrales de Oaxaca; en particular, la complejidad genética es más elevada en la población del ITVO y San Antonio, existiendo una mayor diversidad dentro de estas poblaciones.

Las poblaciones ITVO, la Plymouth Rock, fueron las que presentaron mayor diferenciación genética, con base en sus valores de heterocigosidad, mientras que las demás poblaciones de gallinas criollas, tuvieron valores moderados de diferenciación.

Se identificaron al menos a 105 alelos significativos que constituyeron en mayor medida en la variabilidad de los 7 primeros componentes principales y la clasificación de las poblaciones de gallinas criollas, las cuales destacan los marcadores MCW131, MCW94, MCW88, ya que la mayoría de sus alelos aportan de manera significativa a la explicación de la variación de dichos componentes principales.

VI. BIBLIOGRAFÍA.

- Abebe, A. S., S. Mikko and A. M. Johansson. 2015. Genetic diversity of five local Swedish chicken breeds detected by microsatellite markers. *Plos One* 10(4): p.e0120580. . doi:10.1371/journal.pone.0120580.
- Alipanah, M., A. Torkamanzehi, Z. Amiry and F. Rabani. 2011. Study of genetic diversity of Dashtiari, Khazak and Zabol chickens using microsatellite markers. *Trakia Journal of Sciences* 9: 76–81.
- Al-Qamashoui, B., H. Simianer, I. Kadim and S. Weigend. 2014. Assessment of genetic diversity and conservation priority of Omani local chickens using microsatellite markers. *Tropical Animal Health and Production* 46: 747-752.
- Alabi, D. O., J. W. Ng'ambi, D. Norris D and S. S. A. Egena. 2012. Comparative study of three indigenous chicken breeds of South Africa: body weight and linear body measurements. *Agricultural Journal* 7: 220-225.
- Alonso M., R. A. y R. Ulloa A. 1997. Hacia un proyecto nacional de investigacion en genomas de animales domesticos. *Veterinaria México* 28: 365-370.
- Antos, P., K. Andres, and E. Kapkowska, E., 2013. Preliminary studies on genetic diversity of selected Polish local chicken varieties. *Journal of Central European Agriculture* 14: 11–22.
- Aranguren-Méndez, J. A. R. Román-Bravo, W. Isea, Y. Villasmil y J. Jordana. 2005. Los microsatélites (STR's), marcadores moleculares de ADN por excelencia para programas de conservación: una revisión. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal* 13: 30–42.
- Assefa, T. 2007. Poultry management practices and on farm performance evaluation of

- Rhode Island Red, Fayomy and local chicken in Umbulo Wachu water shade in Sidama zone. M.Sc. Thesis . Hawassa University, Ethiopia. 126p.
- Badubi, S. S., M. Rakereng and M. Marumo. 2006. Morphological characteristics and feed resources available for indigenous chickens in Botswana. *Livestock Research for Rural Development* 18, Article #3. Disponible online en <http://www.Irrd.org/Irrd18/1/badu18003.htm> (Consultado 4 de noviembre de 2015).
- Bao, W. B., G. H. Chen, B. C. Li, X. S. Wu, J. T. Shu, S. L. Wu, Q. Xu and S. Weigend. 2008. Analysis of genetic diversity and phylogenetic relationships among red jungle fowls and Chinese domestic fowls. *Science in China, Series C: Life Sciences* 51: 560–568.
- Bao, W. B., J. T. Shu, X .S. Wu, H. H. Musa, C. L. Ji and G. H. Chen. 2009. Genetic diversity and relationship between genetic distance and geographical distance in 14 Chinese indigenous chicken breeds and red jungle fowl. *Czech Journal of Animal Science* 54: 74–83.
- Barrantes M., F. A., 2008. Caracterización de la gallina criolla de la región Cajamarca. Curso Seminario Avanzado de Investigación–Cajamarca. Universidad Nacional de Cajamarca. Cajamarca, Perú. 3 p.
- Ben Larbi, M., N. M’hamdi and B. Haddad. 2013. Indigenous chicken production systems in villages in the south of Tunisia. *Livestock Research for Rural Development* 25, Article #99. Disponible on line en <http://www.Irrd.org/Irrd25/6/larb25099.htm> (Consultado el 4 de noviembre de 2015).
- Campo, J. L. 2009. Valoración morfológica de las gallinas. *In: Valoración Morfológica de los Animales Domésticos*. Sañudo, A., C. (coord.). Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino. España. pp: 585-612.
- Choi, N. R., D. W. Seo, S. B. Jemaa, H. Sultana, K. N. Heo, C. Jo and J. H. Lee. 2015. Discrimination of the commercial Korean native chicken population using microsatellite markers. *Journal of Animal Science and Technology* 57:5. DOI 10.1186/s40781-015-0044-6 .

- Crooijmans, R. P. M. A., P. A. M. Van Oers, J. A. Strijk, J. J. Van Der Poel and M. A. M. Groenen. 1996. Preliminary linkage map of the chicken (*Gallus domesticus*) genome based on microsatellite markers: 77 new markers mapped. Poultry Science 75: 746–754.
- Dieffenbach, C. W., T. M. J. Lowe and G. S. Dveksler. 1993. General Concepts for PCR Primer Design. PCR Methods and Applications 3: S30-S37.
- Dinesh, M. T., J. Sölkner, M. Wurzinger, E. Geerlings, O. Thieme and S. Thea. 2009. Characterization of indigenous chicken production systems in Cambodia. Food and Agriculture Organization of the United Nations. AHBL - Promoting Strategies for Prevention and Control of HPAI. Rome. 52 p.
- Dodgson, J. B., H. H. Cheng, and R. Okimoto. 1997. DNA marker technology: a revolution in animal genetics. Poultry Science 76: 1108–1114.
- Dorji, N., M. Daungjinda and Y. Phasuk. 2011. Genetic characterization of Thai indigenous chickens compared with commercial lines. Tropical Animal Health and Production 43: 779–785.
- Esfahani, E. N., M. P. Eskandarinasab, S. E. Khanian, M. Nikmard and V. Molaee. 2012. Genetic diversity of a native chicken breed in Iran. Journal of Genetics 91: e28-e31.
- FAO. 2010. La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura, editado por Barbara Rischkowsky y Dafydd Pilling. Roma pp.596 (disponible en <http://www.fao.org/docrep/011/a1250s/a1250s00.htm>) (traducción de la versión original en inglés, 2007).
- FAO, 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources, FAO Animal Production and Health Guidelines. Rome. 85 p.
- FAO, 2015. Animal Genetic Resources, 2015, 56, 111–117. © Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2015 doi:10.1017/S207863361400054X

- Guni, F. S., A. M. Katule and P. A. A. Mwakilembe. 2013. Characterization of local chickens in selected districts of the Southern Highlands of Tanzania: II. Production and morphometric traits. *Livestock Research for Rural Development* 25, Article #190. Disponible online en <http://www.lrrd.org/lrrd25/11/guni25190.htm> (Consultado el 4 de noviembre de 2015).
- Haoua, M. T., C. T. Keambou, M. Y. Poutougnigni and Y. Manjeli. 2015. Characterisation of indigenous chicken production systems in the Sudano-sahelian zone of Cameroon. *Livestock Research for Rural Development* 27, Article #30. Disponible online en <http://www.lrrd.org/lrrd27/2/haou27030.html> (Consultado 4 de noviembre de 2015).
- Hillel, J. H., M. A. M. Groenen, M. Tixier-Boichard, A. B. Korol, L. David, V. M. Kirzhner, T. Burke, A. Barre-Dirie, R. P. M. A. Crooijmans, K. Elo, M. W. Feldman, P. J. Freidlin, A. Mäki-Tanila, M. Oortwijn, P. Thomson, A. Vignal, K. Wimmers and S. Weigend. 2003. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genetics Selection Evolution* 35: 533–557.
- Hodges, J. 1990. Animal genetic resources. *Impact of Science on Society* 40: 143-153.
- Horbańczuk, J. O., M. Kawka, M. Sacharczuk, R. G. Cooper, K. Boruszewska, R. Parada and K. Jaszczak. 2007. A search for sequence similarity between chicken (*Gallus domesticus*) and ostrich (*Struthio camelus*) microsatellite markers. *Animal Science Papers and Reports* 25: 283–288.
- Iqbal, S. and Z. A. Pampori. 2008. Production potential and qualitative traits of indigenous chicken of Kashmir. *Livestock Research for Rural Development* 20, Article #182. Disponible online en <http://www.lrrd.org/lrrd20/11/iqba20182.htm> (Consultado el 4 de noviembre de 2015).
- Jerez S., M. P., J. Herrera H. y M. A. Vásquez D. 1994. La gallina criolla en los Valles Centrales de Oaxaca. Reporte de Investigación No. 1. Instituto Tecnológico Agropecuario de Oaxaca No. 23. Nazareno Xoxocotlan, Oaxaca. 89 p.

- Jerez S., M. P. 2004. Características productivas y reproductivas de gallinas Plymouth Rock barrada X Rhode Island roja y criollas en condiciones semiintesivas. Tesis de Doctorado, Colegio de Postgraduados. pp. 83.
- Jerez-Salas, M. P. M. A. Vásquez-Dávila, F. Chávez-Cruz, M.I. Pérez-León, Carrillo-Rodríguez, J. 2014. Conocimiento tradicional, manejo y morfología de gallinas criollas en tres localidades de los Valles Centrales de Oaxaca. publicado en en libro: Gallinas criollas y Guajolotes nativos de México. Perezgrovas G., R. A., M. P. Jerez S. y M. A. Camacho E. (eds.). Universidad Autónoma de Chiapas, Red CONBIAND. i.e. 8-32
- Juárez C., A. y T. J. Pérez. 2003. Comportamiento de la parvada de gallinas en condiciones naturales del medio rural. Ciencia Nicolaita 35: 73–80.
- Juárez-Caratachea, A. y M. A. Ortiz A. 2001. Estudio de la *incubabilidad* y crianza en aves criollas de traspatio. Veterinaria México 32: 27–32.
- Kaya, M. and Yildiz, M.A., 2008. Genetic diversity among Turkish native chickens, Denizli and Gerze, estimated by microsatellite markers. Biochemical Genetics 46: 480–491.
- Khalafalla Al, S. Awad y W. Hass. 2001. Village poultry production in the Sudan. Department of Microbiology, Faculty of Veterinary Science, University of Khartoum, Khartoum North, Sudan. pp. 7 <http://www-naweb.iaea.org/nafa/aph/public/9-village-khalafalla.pdf> Consultado el 8^o de agosto de 2015.
- King'ori, A.M., H. K. Tuitouek, Muiuri and A. M. Wachira. 2009. Effect of dietary crude protein levels on egg production, hatchability and post-hatch offspring performance of indigenous chickens. International Journal for Poultry Science 9: 324-329
- Kugonza, D. R., C. C. Kyarisiima and A. Lisa. 2008. Indigenous chicken flocks of Eastern Uganda: I. Productivity, management and strategies for better performance. Livestock Research for Rural Development 20, Article #137. Disponible online en <http://www.lrrd.org/lrrd20/9/kugo20137.htm> (Consultado el 4

de noviembre de 2015).

Letebrhan, G., A. Melesse, S. Banerjee and G. Beyene. 2015. Characterization of village chicken production system under traditional management in Gantaafeshum district of Eastern Tigray, Ethiopia. *Livestock Research for Rural Development* 27, Article #179. Disponible online en <http://www.lrrd.org/lrrd27/9/gebr27179.html> (Consultado el 4 de noviembre de 2015).

Mekonnen G E 2007 Characterisation of Smallholder Poultry Production and Marketing System of Dale, Wonsho and Loka Abaya Werdas of Southern Ethiopia. M.Sc. Thesis. Hawassa University, Ethiopia., pp. 111

Moges, F., A. Tegegne y T. Dessie. 2010. Pollo Indígena sistemas de producción y comercialización en Etiopía: Características y oportunidades para el desarrollo orientado al mercado. IPMS (Mejora de la productividad y el éxito de mercado) de Etiopía Proyecto de Agricultores. Documento de Trabajo 24 de Nairobi, Kenia. pp.132

Moreki, J. C. 2010. Village poultry production in Serowe-Palapye sub-district of Botswana. *Livestock Research for Rural Development* 22, Article #46. Disponible online en <http://www.lrrd.org/lrrd22/3/more22046.htm> (Consultado el 4 de noviembre de 2015).

Mtileni, B. J., F. C. Muchadeyi, A. Maiwashe, P. M. Phitsane, T. E. Halimani, M. Chimonyo and K. Dzama. 2009. Characterisation of production systems for indigenous chicken genetic resources of South Africa. *Applied Animal Husbandry & Rural Development* 2: 18-22.

Muir, W. M. and H. W. Cheng. 2014. Genetic Influences on the behavior of chickens associated with welfare and productivity. *In: Genetics and Behavior of Domestic Animals*. Grandin, T. and M. J. Deesing (eds.). Second ed. Academic Press. San Diego, CA. pp: 317-359.

Mukesh, R. Javed, U. Gaur, H. Jianlin and S. Sathyakumar. 2011. Cross-species applicability of chicken microsatellite markers for investigation of genetic diversity in

- Indian duck (*Anas platyrhynchos*) populations. African Journal of Biotechnology 10: 17623–17631.
- Mullis, K. B. and F. A. Faloona. 1987. Specific synthesis of DNA *in vitro* via a polymerase-catalyzed chain reaction. Methods in Enzymology 155: 335–350.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics 89: 583–590.
- Qu, L. X. Li, G. Xu, K. Chen, H. Yang, L. Zhang, G. Wu, Z. Hou, G. Xu and N. Yang. 2006. Evaluation of genetic diversity in Chinese indigenous chicken breeds using microsatellite markers. Science in China, Series C: Life Sciences 49: 332–341.
- Quero-Ruíz, D. 2014. Calidad de huevo para plato de gallinas criollas alimentadas con diferentes dietas. Tesis de Maestría, Instituto Tecnológico del Valle de Oaxaca. pp.75.
- Sambrook, J., E. F. Fritsch, and T. Maniatis. 1989. *In vitro* amplification of DNA by the polymerase chain reaction *In: Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 2nd ed. Vol. 2. Cold Spring Harbor Laboratory Press. Cold Spring Harbor, N.Y., USA. Chapter 6 y 14.
- SAS Institute. 2002, SAS/TAT User's Guide: Software version 9.0. Statistical Analysis System Institute. Cary, North Carolina, USA, 4424 p.
- Segura C., J. C. M. P. Jerez S. y L. Sarmiento F. y R. Santos R. 2007. Indicadores de producción de huevo de gallinas criollas en el trópico de México. Archivos de Zootecnia 56: 309-317.
- Segura-Correa, J. C. y R. C. Montes-Pérez. 2001. Razones y estrategias para la conservación de los recursos genéticos animales. Revista Biomédica 12: 196–206.
- Solís R., L. Y. y A. Andrade T. 2005. ¿Qué son los marcadores moleculares? La Ciencia y El Hombre, Revista de Divulgación Científica y Tecnológica de la Universidad Veracruzana XVIII: 41-46.

- Suh, S., A. Sharma, S. Lee, C.-Y. Cho, J.-H. Kim, S.-B. Choi, H. Kim, H.-H. Seong, S.-H. Yeon, D.-H. Kim and Y.-G. Ko. 2014. Genetic diversity and relationships of Korean chicken breeds based on 30 microsatellite markers. *Asian Australasian Journal of Animal Science* 27: 1399–1405.
- Sukhatme, P. V. 1970. *Sampling Theory of Surveys with Application*. Iowa State College Press. Ames, Iowa. 491 p.
- Tadano, R., M. Sekino, M. Nishibori and M. Tsudzuki. 2009. Microsatellite marker analysis for the genetic relationships among Japanese long-tailed chicken breeds. *Poultry Science*,86: 460–469.
- Trigo A.,J. 2010. Frecuencia de rasgos fenotípicos en la avicultura rural municipio de Cuajinicuilapa, Guerrero. Tesis de Licenciatura. Universidad Michoacana de San Nicolas de Hidalgo. Morelia, Mich. pp.28
- Van Marle-Köster, E. and L. H. Nel. 2003. Genetic markers and their application in livestock breeding in South Africa: A review. *South African Journal of Animal Science* 33: 1–10.
- Valadez M., E. y G. Kahl. 2000. *Huellas de DNA en Genomas de Plantas (Teoría y Protocolos de Laboratorios)* Mundi-Prensa, Universidad Autónoma Chapingo. México, D.F. 147 p.
- Vázquez L. Y., A. y A. E. Morales G. 2011. Microsatélites. *In: Herramientas Moleculares Aplicadas en Ecología: Aspectos Teóricos y Prácticos*. Cornejo R., A., A. Serrato D., B. Rendón A. y M. G. Rocha M. (comps.). Instituto Nacional de Ecología y Cambio Climático–SEMARNAT. México, D.F. pp: 75–100.
- Ya-bo, Y., W. Jin-Yu , D.M. Mekki, T. Qing-Ping, L. Hui-Fang, G. Rong, G. Qing-Lian, Z. Wen-Qi and C. Kuan-Wei. 2006. Evaluation of genetic diversity and genetic distance between twelve Chinese indigenous chicken breeds based on microsatellite markers. *International Journal of Poultry Science* 5: 550–556.
- Yang, K., X. Luo, Y. Wang, Y. Yu and Z. Chen. 2009. Eight trinucleotide microsatellite

- DNA markers from Tibetan chicken, *Gallus gallus domesticus*. *Conservation Genetics Resources* 1: 225–227.
- Yang, K., X. Luo, Y. Wang, Y. Yu and Z. Che. 2010. Ten polymorphic microsatellite loci in Tibetan chicken, *Gallus gallus domesticus*. *Conservation Genetics* 11: 671–673.
- Zanetti, E., M. De Marchi, C. Dalvit and M. Cassandro. 2010. Genetic characterization of local Italian breeds of chickens undergoing *in situ* conservation. *Poultry Science* 89: 420–427.
- Zaragoza, M.L. J. V. Rodríguez H., J. S. Hernández Z., G. R. Perezgrovas, B. Martínez C. y J. A. Méndez E. 2013. Caracterización de gallinas *BATSI ALAK* en las tierra altas del sureste de México. *Archivos de Zootecnia* 62: 321–332.
- Zaragoza M., M.L., 2012. Caracterización fenotípica, producción y uso tradicional de gallinas locales en los altos de Chiapas. Tesis de Doctorado. Colegio de Postgraduados. Puebla, Pue. 142 p.

VII. ANEXOS

Anexo 1



COLEGIO DE POSTGRADUADOS PROGRAMA EN GANADERÍA INSTITUTO TECNOLÓGICO DEL VALLE DE OAXACA



Este cuestionario tiene como propósito el conocer las prácticas de manejo reproductivo, alimentación, problemas sanitarios, comercialización e infraestructura con la que cuentan los productores de gallinas criollas de la región de Valles Centrales, Oaxaca, como base para caracterizar la gallina criolla genéticamente y fenotípicamente de esta región. **LA INFORMACION PROPORCIONADA SERA UTILIZADA UNICA Y EXCLUSIVAMENTE CON FINES DE ESTUDIO, POR LO CUAL ES ABSOLUTAMENTE CONFIDENCIAL.**

INFORMACIÓN PERSONAL

1. Productor o unidad de producción _____

2. Localización de la unidad de producción

Municipio Colonia Calle Número

3. Sexo y edad del productor: H M _____

Edad

4. Escolaridad

1. Primaria ()
2. Secundaria ()
3. Preparatoria ()
4. Universidad ()
5. Otra: _____

Especifique

5. Dependientes económicos _____

Especifique

INFORMACION GENERAL

6. ¿Quién es el responsable de la unidad de producción?

1. Productor ()
2. Familia ()
3. Otro ()

7. Experiencia en la cría de gallinas _____

Especifique años

8. Motivo de la crianza de las gallinas criollas

1. Tradición Familiar ()
2. Subsistencia ()
3. Autoconsumo ()
4. Otra _____

Especifique

9. Dedicación de la cría (Especifique %)

1. Autoconsumo ()
2. Venta ()
3. Producción de huevo ()

10. Procedencia de las gallinas (Especifique %)

1. Propia explotación ()
2. De la comunidad ()
3. De los mercados ()

11. ¿Qué tipo de gallinas compra?

1. Gallinas adultas ()
2. Gallos adultos ()
3. Crías ()

12. Donde vende sus gallinas

1. En la comunidad ()
2. En los mercados ()
3. Otro _____

Especifique

31. ¿Qué tipo de bebederos utiliza?
1. Bebederos especiales ()
 2. Llantas ()
 3. Recipientes de cocina ()
 4. Otro: _____
- Especifique

32. ¿Qué tipo de comederos utiliza?
1. Comederos especiales ()
 2. De aluminio ()
 3. De madera ()
 4. Otro: _____
- Especifique

SANIDAD

33. ¿Ha tenido problemas de enfermedades en sus gallinas?
1. Si ()
 2. No ()

34. ¿De qué se enferman?
1. Diarrea ()
 2. Gripe ()
 3. Viruela ()
 5. Otro: _____ ()

35. ¿Utiliza desparasitantes?
1. Si ()
 2. No ()

Especifique de que tipo

36. ¿Administra vacunas?
1. Si ()
 2. No ()

Especifique de que tipo

37. ¿Tiene muertes de gallinas?
1. Si ()
 2. No ()
- Cuantos aprox.: _____
- Especifique

ADAPTACIÓN Y ASIMETRÍA

38. Tipo de alojamiento de las aves.
1. Corrales con techo y perchero ()
 2. Corral sin perchero ()
 3. Patio ()
 4. patio con perchero ()
 3. Otro _____

39. ¿De qué material es el piso de las gallinas?
1. tierra ()
 2. concreto ()
 3. Otro: _____

40. ¿Cómo los confina?
1. Por la noche ()
 2. Todo el tiempo ()
 3. Solo los pollos ()
 4. No los confina ()

41. ¿Cuántas gallinas y gallos tiene por metro cuadrado?
1. De 5 a 7 ()
 2. De 7 a 9 ()
 3. De 9 a 11 ()
 4. Otra: _____

Anexo 2



COLEGIO DE POSTGRADUADOS
PROGRAMA EN GANADERÍA
INSTITUTO TECNOLÓGICO DEL VALLE DE



Instrucciones: Estos datos deberán de ser tomados con instrumentos de medición. Para la variable peso, se deberá utilizar una balanza; para las medidas de longitud se debe de utilizar cinta métrica; para altura dorsal un metro y para región de las extremidades, ala y región de la cabeza se utilizará un Vernier. ANOTE EN LA CASILLA CORRESPONDIENTE EL VALOR DE LA MEDICIÓN SEGÚN LA VARIABLE. APOYESE EN LAS IMÁGENES E INSCRIBA EL NUMERO DE VARIABLE Y COMO DEBE SER TOMADA SEGÚN SU TRAYECTORIA.

	NUMERO GALLINA	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
N° DE FOTO													
PESO													
SEXO	Indique SEXO: (H) Y (M)												
EDAD													
REGION DEL CUERPO													
1. Altura Dorsal													
2. Largo Dorsal													
3. Perímetro Pectoral													
REGION DE EXTREMIDADES													
4. Largo de tarso lado DERECHO													
Largo de tarso lado IZQUIERDO													
5. Largo de pierna DERECHO													
Largo de pierna IZQUIERDO													
6. Largo de Muslo DERECHO													
Largo de muslo IZQUIERDO													
REGION DEL ALA													
7. Ancho del Ala DERECHO													
Ancho del ala IZQUIERDO													

8. Largo del Ala DERECHO													
Largo del Ala IZQUIERDO													
Pluma primaria DERECHO													
Pluma primaria IZQUIERDO													
REGION DE LA CABEZA													
9. Largo de la orejuela DERECHO													
Largo de la orejuela IZQUIERDO													
10. Ancho de la orejuela DERECHO													
Ancho de la orejuela IZQUIERDO													
11. Largo de la barbilla													
12. Ancho de la barbilla													
13. Largo de la Cabeza													
14. Ancho de la cabeza													
15. Largo del Pico													
16. Ancho del pico													
17. Alto de la cresta													
18. Ancho de la cresta													
Se enferma su gallinas? 1. Si 2. No													
De que se enferma?. 1. Resp 2. Infección 3. Virus													
Presenta cluequez? 1. Si 2. No													
Porcentaje de pollos nacidos presenta													
Comportamiento? 1. Salubable 2. Agonistico													
Presenta lesiones? 1. Si 2. no													

Nota: La medida debe de ser tomada en Cm. y en Kg para la variable Peso

Anexo 3.

Cuadro 17. Componentes Principales, formados a partir de los alelos de los 12 loci en las 11 poblaciones de gallinas estudiadas.

Alelo	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7
MCW131-A	-0.133	-0.126	-0.013	0.019	0.059	-0.039	-0.005
MCW131-C	0.138	-0.152	0.029	0.001	0.080	0.001	-0.057
MCW131-D	0.029	0.085	0.084	0.019	-0.085	0.153	0.075
MCW131-E	0.103	-0.148	0.044	-0.025	0.032	0.031	-0.045
MCW131-G	0.121	0.174	0.052	-0.054	-0.003	-0.049	-0.023
MCW131-H	0.049	0.147	-0.044	-0.158	-0.086	-0.014	-0.006
MCW158-A	-0.014	0.056	0.087	0.179	-0.071	0.029	-0.018
MCW158-D	0.060	-0.135	0.075	0.018	0.077	-0.059	-0.042
MCW158-F	-0.016	-0.076	0.160	-0.067	0.018	-0.119	-0.006
MCW158-G	-0.029	0.007	-0.152	-0.104	0.054	0.012	0.047
MCW158-I	0.004	0.028	0.016	0.000	0.189	-0.062	0.142
MCW158-L	0.068	0.084	0.006	0.011	-0.001	0.154	-0.001
MCW158-M	-0.053	0.104	0.045	-0.078	0.145	-0.103	0.106
MCW158-N	-0.034	0.025	-0.058	0.165	0.032	-0.020	0.032
MCW158-O	0.009	-0.014	-0.027	0.038	0.029	-0.031	0.184
MCW32-A	-0.026	-0.122	-0.010	0.082	0.103	0.080	0.174
MCW32-B	0.056	-0.143	0.024	0.141	-0.098	-0.061	-0.041
MCW32-C	-0.026	-0.102	-0.056	-0.171	-0.070	0.123	-0.061
MCW32-D	0.012	0.163	0.072	0.020	-0.098	-0.053	-0.113
MCW32-E	0.008	-0.012	-0.144	-0.061	0.088	-0.016	0.090
MCW32-F	0.018	0.083	-0.013	-0.024	0.149	-0.106	0.194
MCW32-G	0.121	0.174	0.052	-0.054	-0.003	-0.049	-0.023
MCW32-H	0.061	0.183	0.025	0.066	0.032	-0.010	-0.086
MCW32-J	-0.128	-0.006	0.006	-0.163	0.080	-0.021	-0.112
MCW32-K	-0.039	-0.028	-0.084	0.015	-0.096	-0.157	0.158
MCW94-A	0.136	-0.174	0.011	0.018	0.018	-0.074	-0.011
MCW94-B	-0.019	-0.084	-0.116	-0.164	0.070	0.074	0.020
MCW94-D	0.135	0.020	0.115	0.022	0.056	0.004	0.045
MCW94-E	0.117	0.067	0.092	0.017	-0.049	-0.002	0.171
MCW94-F	-0.126	-0.015	0.151	0.069	-0.103	0.010	-0.014
MCW94-G	0.068	0.191	0.023	-0.008	-0.057	0.079	-0.058
MCW94-H	-0.156	0.052	-0.047	0.021	-0.002	0.164	-0.028
MCW94-J	-0.010	-0.052	-0.028	0.016	-0.182	-0.170	-0.011
MCW120-C	0.002	-0.055	0.198	0.063	-0.068	0.076	-0.005
MCW120-D	-0.076	0.061	0.116	0.027	0.106	-0.075	0.168
MCW120-E	0.138	-0.146	0.003	0.029	0.057	-0.068	-0.025
MCW120-F	0.042	0.149	-0.115	-0.107	-0.032	0.062	-0.060
MCW120-G	-0.012	-0.077	-0.148	-0.145	-0.051	-0.010	0.032
MCW120-H	-0.104	-0.010	-0.045	0.175	0.016	-0.039	0.076

MCW120-J	0.022	0.084	-0.093	-0.177	-0.046	0.039	-0.098
MCW88-B	-0.138	0.058	0.047	-0.075	0.030	0.137	-0.096
MCW88-C	0.127	-0.049	-0.150	-0.055	-0.003	-0.021	-0.091
MCW88-D	0.158	-0.075	-0.037	0.080	-0.001	-0.137	0.005
MCW88-F	0.009	-0.014	-0.027	0.038	0.029	-0.031	0.184
MCW88-H	0.005	-0.042	0.036	0.059	-0.090	-0.061	0.174
MCW88-I	0.076	0.166	0.082	-0.066	0.044	-0.022	-0.042
MCW88-J	-0.060	0.009	0.089	0.022	-0.082	0.069	0.194
MCW88-K	-0.075	0.008	-0.136	-0.175	0.002	0.042	-0.024
MCW114-A	-0.090	-0.054	-0.159	-0.065	-0.046	0.011	0.067
MCW114-B	-0.133	-0.005	0.139	0.035	-0.077	-0.023	-0.088
MCW114-C	0.096	-0.144	-0.046	-0.023	0.142	0.029	0.082
MCW114-D	0.162	0.120	0.058	-0.074	0.038	-0.073	0.010
MCW114-E	-0.019	-0.084	0.153	-0.011	-0.010	0.177	-0.010
MCW114-F	0.144	-0.067	0.111	-0.008	0.004	0.024	0.066
MCW114-G	-0.002	0.024	-0.059	0.186	0.047	0.112	-0.115
MCW114-H	0.030	0.137	0.025	0.055	-0.048	-0.165	-0.075
MCW114-J	-0.054	0.048	-0.050	0.183	0.014	0.004	-0.141
MCW134-A	-0.087	0.031	0.194	-0.032	-0.058	0.047	0.017
MCW134-B	-0.029	0.018	-0.085	0.027	0.059	0.105	0.198
MCW134-H	0.060	0.097	-0.062	-0.087	0.007	-0.179	0.098
MCW134-I	0.030	0.133	-0.016	-0.076	-0.087	0.160	-0.101
MCW134-L	0.096	-0.146	0.054	-0.007	-0.055	-0.056	0.083
MCW134-M	-0.055	0.036	0.010	0.184	-0.078	0.165	-0.018
MCW186-A	-0.010	-0.052	-0.028	0.016	-0.182	-0.170	-0.011
MCW186-B	-0.057	-0.046	0.069	0.026	-0.212	-0.062	0.042
MCW186-C	-0.007	0.079	-0.072	-0.100	-0.028	0.081	0.178
MCW186-D	0.103	-0.148	0.044	-0.025	0.032	0.031	-0.045
MCW186-E	0.154	-0.062	-0.056	-0.067	0.071	0.139	0.018
MCW186-F	-0.047	0.039	-0.059	0.189	0.026	-0.009	-0.053
MCW186-G	-0.126	-0.010	0.106	-0.069	0.135	-0.077	-0.062
MCW186-I	0.041	-0.078	-0.153	0.073	0.050	0.081	-0.134
MCW186-J	0.025	0.141	0.110	-0.088	0.080	-0.089	-0.058
MCW186-K	-0.023	-0.003	0.031	-0.002	-0.052	0.176	-0.128
MCW186-L	0.048	0.161	0.047	-0.001	0.049	-0.164	0.085
MCW186-M	-0.164	-0.052	0.115	0.037	0.078	0.020	-0.002
MCW186-O	0.143	0.083	-0.006	-0.010	0.055	-0.115	-0.128
MCW186-P	-0.012	0.027	-0.055	0.190	0.056	-0.018	-0.145
MCW186-Q	-0.010	-0.052	-0.028	0.016	-0.182	-0.170	-0.011
MCW145-A	0.160	-0.012	0.131	-0.027	0.031	-0.001	-0.045
MCW145-B	-0.107	0.002	0.184	-0.023	-0.056	0.054	0.020
MCW145-C	-0.126	-0.010	0.106	-0.069	0.135	-0.077	-0.062
MCW145-E	-0.138	0.005	-0.161	0.027	-0.023	-0.024	0.035

MCW145-F	-0.050	0.007	0.143	0.011	-0.130	0.098	0.053
MCW68-B	0.172	0.056	-0.021	-0.089	0.052	-0.037	-0.004
MCW68-D	0.053	-0.049	0.077	-0.007	0.199	0.010	0.056
MCW68-E	0.013	-0.149	-0.031	-0.126	-0.114	0.037	-0.029
MCW68-F	-0.131	0.046	0.156	0.046	0.061	-0.026	-0.057
MCW68-H	-0.126	-0.010	0.106	-0.069	0.135	-0.077	-0.062
MCW68-I	0.012	0.003	-0.020	0.039	0.001	0.189	0.010
MCW68-J	-0.010	-0.052	-0.028	0.016	-0.182	-0.170	-0.011
MCW95-A	-0.022	0.004	0.010	0.022	0.220	-0.032	-0.015
MCW95-B	0.036	0.069	0.016	-0.075	-0.217	-0.114	-0.038
MCW95-C	-0.065	-0.085	0.175	-0.053	0.025	0.116	-0.004
MCW95-D	0.156	-0.074	0.106	-0.032	0.013	0.027	-0.044
MCW95-E	-0.038	0.002	-0.087	0.191	0.057	0.007	-0.046
MCW95-G	0.101	-0.146	0.030	-0.007	0.043	0.016	0.038
MCW95-H	-0.060	0.111	-0.166	0.036	-0.046	-0.013	0.089
