

# Identificación de variables morfoestructurales y de polimorfismos sanguíneos para la caracterización de cabras criollas en el NO de Córdoba, Argentina

Deza, C.; I. Bascur, G. Pérez, M.P. Díaz y C.F. Barioglio.

## RESUMEN

Con el objeto de determinar las características morfoestructurales y de polimorfismos sanguíneos para la caracterización de los caprinos criollos del NO de la provincia de Córdoba (Argentina), se estudiaron 103 cabras adultas provenientes de 4 poblaciones representativas, mediante el análisis de 14 marcadores sanguíneos y 15 variables morfométricas. Se encontraron 7 loci polimórficos a partir de los análisis sanguíneos, mostrando los loci Cat, Tf y Hb frecuencias significativamente diferentes según la población de origen. Los datos fueron analizados mediante el uso del programa BIOSYS-1. El fenograma de distancias genéticas de Nei mostro 2 grandes grupos: uno constituido por los animales de Deán Funes y el otro con las 3 poblaciones restantes. Para caracteres morfológicos cuantitativos se utilizaron análisis multivariados con tres técnicas secuenciadas para construir reglas de asignación de cada individuo dentro de su respectiva población. Las asignaciones poblacionales, logradas mediante análisis multivariado y polimorfismos sanguíneos fueron similares.

**Palabras clave:** cabras criollas, marcadores sanguíneos, caracteres morfométricos, análisis multivariado.

Deza, C.; I. Bascur; G. Pérez; M.P. Díaz and C.F. Barioglio, 2003. Identification of morphostructural and blood polymorphism variables for the characterization of Creole goats in the NW of Córdoba. Agriscientia XX: 69 - 77

## SUMMARY

In order to determine the morphostructural and blood polymorphism characteristics for the characterization traits of Creole goats from the NW of Córdoba (Argentina), 103 adult female goats from 4 representative groups were studied through

---

Fecha de recepción: 02/08/02; fecha de aceptación: 01/12/03

the analysis of 14 blood markers and 15 morphometric variables. Seven polymorphic loci were found through blood analysis, the Cat, Tf and bHb loci exhibiting significantly different frequencies according to the population of origin. Data were analyzed by means of the BIOSYS-1 program. Nei's phenogram of genetic distances showed two large groups: one formed by the Deán Funes animals and the other by the 3 remaining populations. Multivariate statistical analyses with three sequenced techniques were used for quantitative morphological characters, so as to determine the rules for assigning each individual to its corresponding population.

Population assignment achieved through multivariate analysis and through blood polymorphism analysis were found to be similar.

**Keywords:** Creole goats, blood markers, morphometric characters, multivariate analysis.

*C. Deza, I. Bascur, G. Pérez, M.P. Díaz, C.F. Barioglio. Facultad de Ciencias Agropecuarias Universidad Nacional de Córdoba. CC 509. CP 5000 Córdoba. Argentina. E-mail: cdeza@agro.uncor.edu*

## INTRODUCCIÓN

Según el Censo Nacional Agropecuario 2002, en la Argentina existen 3.404.190 cabezas de ganado caprino, de ellas aproximadamente el 6% se ubican en Córdoba (Torres Mignaqui, 2003) distribuidas mayoritariamente en zonas áridas y semiáridas, donde constituyen la principal fuente de ingreso para miles de personas.

Las cabras fueron introducidas en América alrededor del siglo XVI por los españoles y portugueses (Arbiza Aguirre, 1986; Schapiro y Barahona, 1997). Cientos de años de crianza no controlada y de selección natural han dado origen a un tipo no bien caracterizado de cabra que se reconoce como "regional", "criolla" o "nativa". En términos generales el grupo criollo es policrómico y polimórfico, variando según las regiones. Es un animal rústico que se adapta a una amplia gama de ambientes con condiciones climáticas extremas, escasez de pasturas y bajo recambio hídrico. Su productividad puede estar limitada por razones nutricionales y de manejo (Barioglio *et al.*, 1997) y en algunas zonas y hatos también por razones genéticas (FAO, 1987). Dado que se asume una relación entre la capacidad de adaptación a ambientes difíciles y resistencia a enfermedades con los genes que portan los animales locales, la sustitución indiscriminada de estos genes por otros de razas "exóticas" o "puras" no adaptadas podría resultar en una pérdida irremediable de esta información.

En relación a los criterios a evaluar, Rae (1982) sugirió que al seleccionar un grupo genético es necesario considerar el potencial productivo, la capa-

cidad reproductiva y la adaptabilidad al ambiente. Meza (1990) por su parte indica que al valorar la adaptabilidad como criterio de eficiencia se revaloriza al animal nativo como recurso genético para desarrollarse en contextos ecológicos y económicos deprimidos, tal el caso de los sistemas del NO de Córdoba. El mismo autor sugiere que es necesario describir estos recursos en todos sus aspectos.

El conocimiento de caracteres morfológicos provee información útil para conocer relaciones entre razas y su potencial productivo: carne, leche y doble propósito (Jordana *et al.*, 1991). Herrera *et al.* (1996) aplicando el análisis discriminario multifactorial analizaron 10 variables morfométricas a fin de diferenciar 5 razas caprinas de Andalucía. Capote *et al.* (1998) estudiaron la variabilidad poblacional en cabras de Canarias analizando 12 variables cuantitativas y dos cualitativas, donde mediante el análisis de varianza, el test de independencia de Chi cuadrado y el análisis canónico discriminante revelaron la existencia de 3 tipos y 2 subtipos.

Por su parte los polimorfismos proteicos son variables usadas tanto como criterios de selección para obtener mejoras en la producción (Kmiec, 1991; 1992; 1999), como así también para el estudio filogenético del parentesco (Pepin *et al.*, 1994). Existen estudios en los que se utilizan isoenzimas (Nozawa *et al.*, 1978, Tuñón *et al.*, 1989; Menrad *et al.*, 1994; Menrad *et al.*, 2002) con el objeto de caracterizar o discriminar razas y/o poblaciones de caprinos en distintas partes del mundo. En cabras nativas de Sud América, Deza *et al.* (2000) estudiaron 3 poblaciones caprinas del N de la provincia de Córdoba (Argentina) analizando 14 loci, de los cuales 8 resul-

varon polimórficos. Las frecuencias alélicas de los loci Cat, Me y Es-2 permitieron diferenciar significativamente las distintas poblaciones, resultando por ello una herramienta válida para caracterizar caprinos regionales.

El objetivo de este estudio fue establecer las variables morfoestructurales y de polimorfismos sanguíneos que permitan la caracterización del ganado caprino criollo del NO de la provincia de Córdoba.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Se evaluaron 103 cabras adultas del NO de la provincia de Córdoba, Argentina, donde se tomaron 4 localidades dentro de la cuales se trabajó con una población seleccionada como representativa en cuanto a zona y a animales característicos. Los criterios utilizados en la selección de los hatos fueron: que el productor declarara no haber introducido animales de razas puras en los últimos 15 años y la similitud fenotípica de esos animales con los observados en la zona.

**Población 1:** Unidad Experimental de la Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, constituida inicialmente con animales seleccionados en la zona de estudio y con iguales criterios a los ya enunciados. Ubicada en el

departamento Santa María, con 21 animales muestreados sobre una población de 48.

**Población 2:** Deán Funes, Departamento Ischilín, 36 animales muestreados sobre una población de 365.

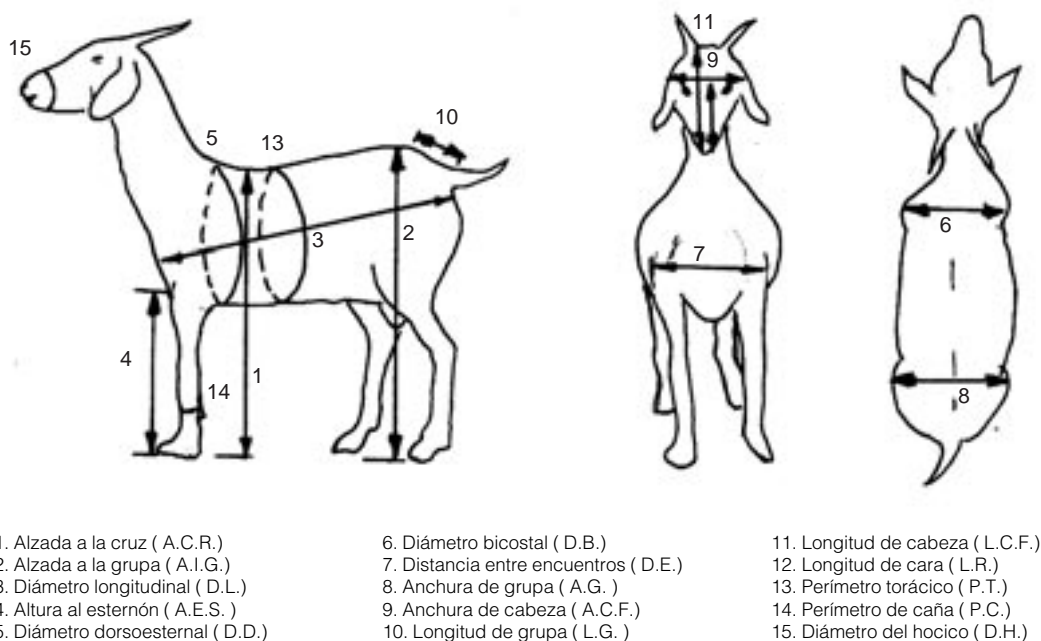
**Población 3:** Quilino, Departamento Ischilín, 18 animales muestreados sobre una población de 66.

**Población 4:** Villa de Soto, Departamento Cruz del Eje, 28 animales muestreados sobre una población de 120.

En cada establecimiento se tomaron aleatoriamente cabras adultas de más de 3 años (6 dientes permanentes), por considerar que a esa edad ya ha concluido su desarrollo, las que mostraban una condición corporal y sanitaria buena.

A cada animal se le tomaron muestras de sangre y se le evaluaron parámetros morfológicos cuantitativos simultáneamente.

La sangre se extrajo por punción con jeringa heparinizada de la vena yugular de cada individuo; las muestras se mantuvieron a 4°C hasta su tratamiento en el laboratorio. Los eritrocitos fueron separados del plasma y lisados con agua destilada (dilución 1:2) para luego ser conservados a -20°C hasta su utilización. Las muestras de plasma se congelaron sin diluir; antes de la electroforesis se realizó una dilución 1:5 con buffer tris-HCl 0,05 M, pH 6,8.



**Figura 1:** Variables morfológicas cuantitativas medidas en las diferentes poblaciones.

Las técnicas de electroforesis vertical en gel de almidón para glóbulos rojos y en geles de poliacrilamida para plasma, así como los métodos de tinción específica para revelar actividad enzimática se realizaron según lo descrito por Deza *et al.* (2000).

Para la evaluación de los parámetros morfológicos cuantitativos se consideraron 15 variables morfométricas (Figura 1). Las mediciones se efectuaron con cinta métrica, escuadra ajustable o pie de rey y calibre chico.

### Análisis de los datos

#### Polimorfismos sanguíneos

El análisis de los patrones de bandas obtenidas permitió asignar los genotipos correspondientes a cada fenotipo electroforético. Las frecuencias génicas se obtuvieron por recuento directo. Se realizaron pruebas de Chi-cuadrado para verificar el equilibrio de Hardy-Weinberg. Para cada marcador genético se llevaron a cabo pruebas de independencia entre poblaciones mediante análisis de Chi-cuadrado. El nivel de polimorfismo dentro de cada grupo de animales se estimó mediante cálculo de frecuencias alélicas, heterocigosis media (H), número medio de alelos por locus (A) y porcentaje de loci polimórficos (P).

Posteriormente se calculó el índice de distancia genética ( $D_N$ ) según Nei (1972). Se construyeron fenogramas con las distancias anteriormente mencionadas según el procedimiento UPGMA (Sneath & Sokal, 1976). Todos los cálculos se realizaron utilizando la corrección de Levene, para muestras pequeñas, en el programa BIOSYS-1 (Swofford & Selander, 1989).

#### Caracteres Morfológicos.

Los caracteres morfológicos cuantitativos fueron sometidos a análisis multivariado siguiendo, en secuencia, las tres técnicas que se detallan a continuación:

1-Factor Principal: Esta técnica tiene por objeto la reducción de un número grande de variables a un número pequeño de componentes principales. Estos componentes reproducen la variabilidad total del sistema, siendo el primero el que contiene la mayor variabilidad, y así sucesivamente. En este trabajo se adoptó como valor mínimo de varianza explicativa al 75% (Johnson & Wichern, 1989).

2- Análisis de agrupamientos: Se utilizó el método jerárquico de Ward, para calcular las distancias

**Tabla 1:** Frecuencias alélicas en loci polimórficos de cabras criollas provenientes de 4 poblaciones del NO de la provincia de Córdoba.

Locus	Alelo	Poblaciones			
		1-Unidad Exp.	2-Deán Funes	3-Quilino	4- Villa De Soto
βHb Hemoglobina	A	0,016	0,000	0,000	0,000
	B	0,984	0,828	1,000	0,911
	C	0,000	0,031	0,000	0,000
	D	0,000	0,141	0,000	0,089
Cat Catalaza	A	0,941	0,297	0,694	0,893
	B	0,059	0,703	0,306	0,107
Me E.Málica	A	0,029	0,078	0,000	0,018
	B	0,956	0,875	0,944	0,929
	C	0,015	0,047	0,056	0,054
Ldh Lactatodehi drogenaza	A	0,000	0,016	0,000	0,000
	B	0,029	0,031	0,000	0,054
	C	0,971	0,953	1,000	0,946
G6pdh Glucosa 6 fosfato dh	A	0,067	0,050	0,083	0,125
	B	0,933	0,950	0,917	0,875
Tf Transferrina	A	0,632	0,603	0,861	0,741
	B	0,368	0,397	0,139	0,259
Es-1 Esterasa	A	0,000	0,045	0,000	0,000
	B	1,000	0,955	1,000	1,000

que separan a los individuos entre sí, elaborando un dendograma para el agrupamiento de éstos (Manly, 1986; Johnson & Dean, 1988).

3- Análisis discriminante: Se utilizó el método paramétrico de Fisher para la obtención de las funciones discriminantes lineales, previamente seleccionadas las variables mediante el Stepwise (Johnson & Wichern, 1989).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Polimorfismos proteicos

Aunque el modo de herencia de las variantes electroforéticas observadas no fue determinado por segregación familiar, los patrones obtenidos fueron similares a los descriptos para otras especies de mamíferos en las cuales el control genético está ya

establecido.

Las proteínas y enzimas analizadas brindan información sobre el fenotipo en un total de 14 loci, de los cuales 7 resultan polimórficos. Los loci albúmina (Al), glucosa fosfoisomerasa (Gpi), isocitratodehidrogenasa (Idh), malatodehidrogenasa (Mdh), esterasa -2 (Es-2), fosfoglucomutasa 1 y 2 (Pgm- 1 y 2) fueron monomórficos en todas las poblaciones estudiadas.

La Tabla 1 muestra las frecuencias alélicas de los loci polimórficos para cada población estudiada.

Los loci catalasa (Cat), βhemoglobina (βHb) y transferrina (Tf) mostraron frecuencias alélicas significativamente diferentes de acuerdo al origen poblacional de la muestra ( $\chi^2$ : 72,73; gl= 3; p < 0,05;  $\chi^2$ : 21,34; gl= 9;  $\chi^2$ : 8,66; gl= 3; p < 0,05; respectivamente). Deza *et al.* (2000), trabajando con otras poblaciones de cabras criollas de la región, encontraron que a diferencia de este trabajo la Es-1 se comportó como monomórfica, mientras la Es-2 presentó dos alelos diferentes. En ambos casos el carácter polimórfico de estos loci se observó sólo en una población de cada estudio.

En el locus Cat el alelo A fue el de mayor frecuencia en las poblaciones 1, 3 y 4, mientras que en la población 2 el más común fue el alelo B. Si bien para βHb el alelo B fue el más frecuente en todas las poblaciones, el alelo D estuvo sólo presente en las poblaciones 2 y 4, mientras que el A únicamente se lo encontró en la población 1, con una frecuencia < 0.05. A pesar del alto número de alelos la población

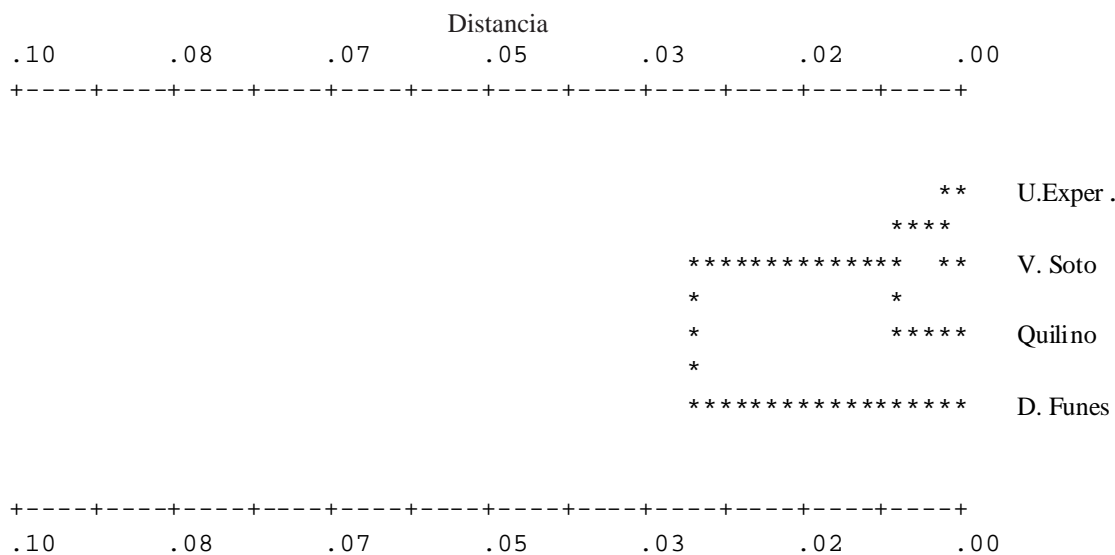
**Tabla 2:** Variabilidad genética en cuatro poblaciones de cabras Criollas del NO de la Pcia. de Córdoba. Criterio seguido para la cuantificación de la frecuencia del alelo común con p < 0,01. Entre paréntesis se indica el Error estandar.

Población	A	P	H	
			(H <sub>o</sub> )	(H <sub>e</sub> )
1- Unidad Experimental	1,5 (0,2)	2,4	0,058 (0,028)	0,063 (0,034)
2- D. Funes	1,7 (0,2)	35,7	0,110 (0,038)	0,123 (0,045)
3- Quilino	1,3 (0,1)	28,6	0,060 (0,031)	0,068 (0,035)
4- V. de Soto	1,5 (0,2)	42,9	0,090 (0,035)	0,087 (0,032)

Quilino se mostró monomórfica para el carácter. En el locus Tf el alelo A fue el más frecuente en todas las poblaciones (Tabla1).

En la población de Deán Funes los loci Hb, Ldh y Es-1 mostraron alelos que no estuvieron presentes en las otras poblaciones, con una frecuencia mayor al 1%.

Las frecuencias genotípicas observadas fueron similares a las esperadas según el equilibrio de Hardy-Weinberg, lo que hace presumir que los apareamientos ocurrieron al azar dentro de los plantales y que los alelos considerados no están afectados por la selección artificial ejercida por el



**Figura 2:** Fenograma construido según el procedimiento UPGMA en base a los valores de distancia genética de Nei.

**Tabla 3:** Distancia genética según Nei (1972) entre las 4 poblaciones caprinas estudiadas

POBLACION	1	2	3	4
1- U. Exp.	*****			
2-Deán Funes	0,035	*****		
3-Quilino	0,009	0,020	*****	
4-V. de Soto	0,002	0,031	0,005	*****

productor.

La Tabla 2 muestra el número medio de alelos por locus, porcentaje de loci polimórficos y heterocigosis media observada y esperada según la ley de Hardy-Weinberg; estas medidas son utilizadas para estimar los niveles de polimorfismo en las poblaciones. Las muestras de Deán Funes y Villa de Soto presentaron los niveles más altos de polimorfismo. La población de Deán Funes fue la de mayor heterocigosis ( $H=0,123$ ) debido posiblemente al mayor número de animales que componen el rebaño total. Villa de Soto mostró un porcentaje de loci polimórficos superior a las demás poblaciones; esto último probablemente se deba a la variada procedencia de origen de los animales que las conforman, según lo expresado por el productor de dicho hato caprino. Los valores de polimorfismo y de heterocigosis encontrados en las poblaciones de Villa de Soto y Deán Funes fueron similares a los obtenidos por Deza *et al.* (2000) en los departamentos Colón ( $P=42,9$ ;  $H=0,117$ ) e Ischilín ( $P=35,7$ ;  $H=0,108$ ).

Por los resultados obtenidos los loci Cat, Hb, Tf, Me, Es-1 parecen ser las variables que no deberían faltar en cualquier análisis discriminante que involucre polimorfismo sanguíneo en cabras criollas de la provincia de Córdoba.

La Tabla 3 muestra los valores de distancia de Nei ( $D_N$ ) entre las 4 poblaciones estudiadas; las mayores distancias se encuentran entre Deán Funes con Unidad Experimental y con Villa de Soto (0,035 y 0,031 respectivamente). Rodero Serrano *et al.* (1992) observaron valores de distancia menores (entre 0,0093 y 0,0062) en tres poblaciones caprinas Negra Serrana de España con un alto coeficiente de endogamia dentro de cada hato. Menrad *et al.* (2002), por su parte, mostraron amplia variación de la distancia de Nei (entre 0,002 y 0,080) al caracterizar cabras Pashmina y Barkerwali y sus subpoblaciones. Estos autores encontraron distancias pequeñas entre subpoblaciones dentro de una misma raza y distancias mayores entre subpoblaciones de

ambas razas, estando éstas además estrechamente correlacionadas con las distancias geográficas. Cuando se compararon distintas razas caprinas españolas (Tuñón *et al.*, 1989) las distancias genéticas fueron mayores (0,097).

El fenograma construido basado en datos de distancias genéticas de Nei se muestra en la Figura 2. Se observan 2 grandes grupos, uno constituido por los animales pertenecientes a la población de Deán Funes y el otro que muestra las 3 poblaciones restantes, Unidad Experimental y Villa de Soto por un lado y Quilino por el otro. La mayor diferenciación de la población de Deán Funes se explica por la presencia de alelos no encontrados en las otras poblaciones, la alta frecuencia del alelo B en el locus Cat, y por la mayor heterocigosis promedio observada. La ubicación de Quilino en el segundo grupo, distanciada de Unidad Experimental y Villa de Soto, se debe a la característica monomórfica de los loci Hb y Ldh, así como a un mayor valor en el alelo A de Tf en la primera población (Tabla 1).

Por lo expuesto y sobre la base de las distancias obtenidas, decimos que las poblaciones estudiadas, a pesar de sus diferencias, constituyen subpo-

**Tabla 4:** Factores obtenidos con el método de Factor Análisis del componente principal con un grado de aceptación del 75,72%

VARIABLES	FACTOR 1	FACTOR 2	FACTOR 3	FACTOR 4
ACR	0,2738	0,0552	<b>0,9098</b>	0,0414
AIG	0,4104	-0,1091	<b>0,7514</b>	-0,0066
DL	0,5577	-0,0906	0,4946	-0,1158
AES	-0,0968	-0,2037	<b>0,8438</b>	0,0177
DD	0,6412	0,0287	0,3578	0,5077
DB	0,1122	<b>0,8979</b>	-0,1747	0,0132
DE	0,0713	<b>0,9209</b>	0,0636	-0,0421
AG	0,1952	<b>0,7921</b>	-0,2080	-0,0469
ACF	-0,2407	<b>0,8561</b>	0,0142	-0,0703
LG	<b>0,7275</b>	-0,2354	0,1962	-0,0978
LCF	<b>0,7968</b>	0,1675	0,0504	-0,1036
LR	<b>0,7579</b>	0,0013	0,1405	-0,0099
PT	<b>0,8025</b>	0,1353	0,2864	0,2398
PC	<b>0,8282</b>	0,1654	-0,1012	0,2208
DH	0,0115	-0,1250	-0,0424	<b>0,9263</b>
% Acum.	33,605	56,541	66,083	75,728

Referencias

Factor 1: Tamaño corporal

Factor 2: Ancho del animal

Factor 3: Altura del animal

Factor 4: Diámetro del hocico

Los valores que se muestran en negrita corresponden a las variables discriminantes que representan a cada factor. Los valores expresados en la última línea son acumulativos.

blaciones de una población mayor que denominamos criollas del noroeste de Córdoba.

**Parámetros morfológicos cuantitativos**

Al someter los caracteres morfológicos cuantitativos a las técnicas de análisis multivariado, siguiendo las tres técnicas secuenciadas, se obtuvieron los siguientes resultados:

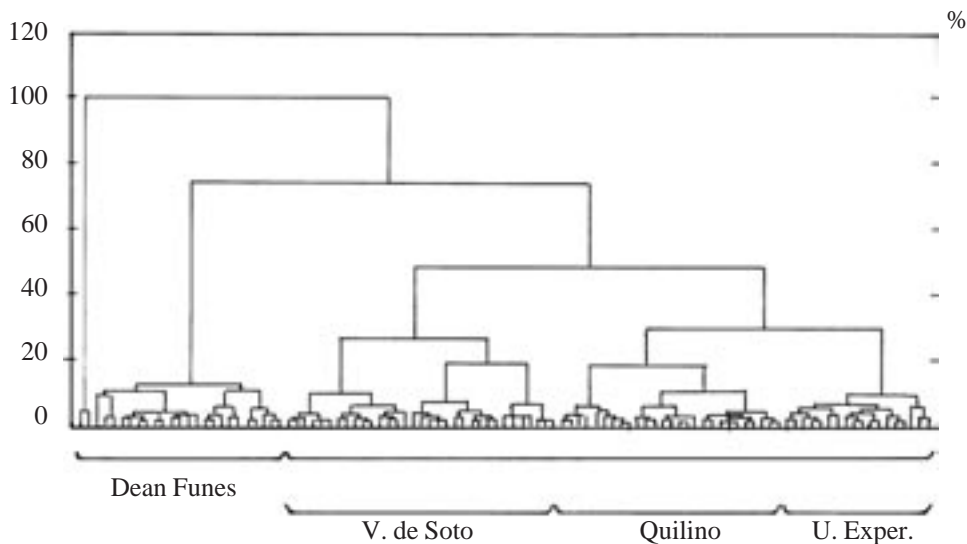
**a-** con el método de Factor Principal se obtuvieron cuatro factores, que asociados lograban un grado de explicación del 75,72% de la variabilidad total. Sólo 3 caracteres (AIG, DL y DD), de los 15 estudiados, no parecen contribuir a explicar la variabilidad (Tabla 4). El factor 1 (33,6%) se denominó tamaño corporal en función de las cinco variables que lo representan; el factor 2 considera cuatro variables más (22,94%) que se corresponden con el ancho del animal; el factor 3 aporta tres variables (11,54%) relacionadas con altura del animal y el factor 4 sólo introduce una variable (7,64%) que es diámetro del hocico. Coincidentemente, Herrera *et al.* (1996) encontraron que las variables que mejor discriminan las razas españolas Blanca Serrana, Negra Serrana, Florida, Malagueña y Granadina son: longitud de cabeza, altura a la grupa y altura de la cruz; las dos primeras corresponden al factor 1 que posee la mayor capacidad de discriminación.

**b-** El análisis de conglomerados permitió agrupar a los individuos y la posterior construcción de un dendograma. La Figura 3 muestra el árbol construido por el método anteriormente citado, el cual señala el gra-

**Tabla 5:** Análisis discriminante que determina la precisión con que cada individuo se asigna dentro de su población. Método paramétrico de Fisher.

POBLACIÓN	PORCENTAJE	U.E.	D.F.	Q.	V.S.
		1:1	2:2	3:3	4:4
Unidad Exp.	90,4762	19	2	0	0
1:1					
Deán Funes	83,3333	1	30	1	4
2:2					
Quilino	66,6666	3	3	12	0
3:3					
V. de Soto	100,000	0	0	0	28
4:4					
TOTAL	86,4078	23	35	13	32

do de vinculación de los individuos. Se pueden distinguir 2 grandes grupos: en un brazo se asignan 3 subgrupos (U. Experimental, Quilino y Villa de Soto) mientras que los individuos de Deán Funes se asignan en el brazo independiente. En el brazo grande se logra discriminar con mayor precisión las poblaciones de Unidad Experimental y Villa de Soto, mientras Quilino aparece como una población intermedia. Esto parece indicar una vinculación a nivel morfométrico de las poblaciones estudiadas con un grupo mayor que denominamos Criollas del NO de Córdoba, pero en las que a su vez se observa cierta individualidad por zona de procedencia o ható.



**Figura 3:** Dendograma construido según el método jerárquico que muestra el grado de agrupamiento de los individuos en función de las distancias, en base a caracteres morfológicos cuantitativos.

Los grandes grupos observados en este dendrograma coinciden con las ramas obtenidas a partir del polimorfismo proteico. El brazo independiente en el que se ubica la población de Deán Funes (365 animales) parece explicarse tanto por el mayor tamaño corporal como por la alta heterocigosis media de los individuos de esta población. El mayor tamaño de los animales se explica por causas genéticas, tales como mayor heterocigosis, debido a que los cruzamientos se realizan al azar en una población numerosa (365) (servicios no dirigidos por el productor) y por el efecto aditivo de los caracteres involucrados, característica que deberá observarse al momento de seleccionar los individuos. Se descartan las causas ambientales por considerarse similares al resto (Liu, 1997; Lynch *et al.*, 1998).

c- En la tabla 5 se observan los porcentajes de asignación correcta con que las funciones discriminantes estimadas clasifican a un individuo dentro de su respectiva población; esto significa que tomando al azar un individuo de la población 1 (Unidad Experimental), tiene una probabilidad del 90,5% de ser asignado correctamente en su grupo y así para las poblaciones restantes. La población de Quilino presenta la menor precisión coincidiendo con la mayor variabilidad morfométrica observada en esta muestra. Esto coincide con lo presentado a través del análisis de agrupamientos.

Por lo expuesto podemos decir que las variables morfométricas que caracterizan de manera confiable a las poblaciones en estudio son 13 de las 15 establecidas para el análisis. Además estas variables conforman grupos de animales semejantes a los obtenidos mediante el estudio de polimorfismos sanguíneos, donde se identificaron como polimórficos 7 de los 14 caracteres estudiados.

Si bien este eje debería ser analizado con poblaciones de mayor tamaño, se puede señalar que tanto los polimorfismos sanguíneos como las variables morfométricas son herramientas válidas para caracterizar poblaciones caprinas, siendo las variables morfométricas, tomadas por sí solas, parámetros suficientes para tal fin, lo que toma importancia práctica en estudios extensivos sobre la especie caprina.

Las cabras estudiadas han mostrado pertenecer a un tronco común que denominamos Criollo de Córdoba. Para su confirmación se aconseja compararlo con razas puras.

## AGRADECIMIENTOS

Se agradece a los técnicos que colaboraron en

la selección de los rebaños de caprinos criollos representativos de las distintas regiones del NO de Córdoba y a los productores que desinteresadamente nos permitieron el acceso a sus establecimientos. Este trabajo se realizó con el aporte de la Secretaría de Ciencia y Técnica de la Universidad Nacional de Córdoba (SECyT) y con el equipamiento de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la UNC.

## BIBLIOGRAFÍA

- Arbiza Aguirre, S. I., 1986. Producción de caprinos. AGT. EDITOR S. A. México, 695 pp.
- Barioglio, C.; C. Deza; M. Arias; L. Varela; C. Bonardi y M. Villar, 1997. Evaluación de algunos parámetros reproductivos en cabras regionales. Agriscientia. Vol. XIV: 37-42.
- Capote, J.; J. V. Delgado; M. Fresno; M. E. Camacho y A. Molina, 1998. Morphological variability in the Canary goat population. Small Ruminant Research 27: 167-172.
- Deza, C.; G. T. Pérez; C.N. Gardenal; L. Varela; M. Villar; S. Rubiales y C.F. Barioglio, 2000. Protein polymorphism in native goats from central Argentina. Small Ruminant Research 35, 195-201.
- FAO 1987. Oficina Regional para América Latina y el Caribe. Tecnología de la Producción Caprina. Santiago, Chile. Series técnicas. 240 pp.
- Herrera, M.; E. Rodero; M. Gutiérrez; F. Pena y J. Rodero, 1996. Application of multifactorial discriminant analysis in the morphostructural differentiation of Andalusian caprine breeds. Small Ruminant Research 22 : 39-47.
- Johnson, R.A and D.W. Wichern, 1989. Applied Multivariate Statistical Analysis (2ª Ed.) Prentice Hall International, N.Y., U.S.A. 260 pp.
- Jordana, J y O. Ribo, 1991. Relaciones filogenéticas entre razas ovina española obtenidas a partir del estudio de caracteres morfológicos. Invest. Agr.: Prot. Sanid. Anim. 6 : 225-237.
- Kmiec, M., 1991. Reproduction and sex distribution in sheep depending on haemoglobin phenotype. Genetica Polonica Vol.32 No 4 : 245-249
- Kmiec, M., 1992. Association between transferrin polymorphism and some biochemical characters of blood in lambs of Polish long-wool sheep. Genetica Polonica, Vol 33 N°2: 147-152.
- Kmiec, M., 1999. Transferrin polymorphism versus growth rate in lambs, Polish long-wool sheep. II Analysis of relation between transferrin polymorphism of lamb blood serum versus growth rate of lambs up to age of 5 months. Arch.Tierz., Dummerstorf Vol. 42 N° 5: 469-479.
- Liu, Ben-Hui., 1997. Statistical genomics: linkage, mapping and QTL analysis. CRC Press LLC. 611 pp.
- Lynch, M. and Walsh, B., 1998. Genetics and Analysis of Quantitative Traits. Sinacer Associates, Inc. Publishers S.A. Sunderland, Massachusetts. USA. 630 pp.
- Manly B. F. J., 1986. Multivariate Statistical Methods. A Primer. 159 pp.
- Mason, I.L., 1981. Breeds; In: Gall, C., (Ed) Goat Production. Chapter 3. Academic Press. 603 pp.
- Meza, H.C., 1990. Retrospectiva y perspectivas del mejo-



- ramiento genético caprino en Mexico. Memoria VI Reunión Nacional Sobre Caprinocultura. San Luis de Potosí . pp. 201- 209.
- Menrad, M.; E. Müller; C.H. Stier; H. Geldermann y C. Gall, 1994. Protein polymorphisms in the blood of German Improved Fawn and Boer goats. *Small Ruminant Research* 14: 49-54.
- Menrad, M.; C.H. Stier; H. Geldermann and C.F. Gall., 2002. A study on the Changthangi pashmina and the Bakerwali goat breeds in Kashmir. I. Analysis of blood protein polymorphisms and genetic variability within and between the populations. *Small Ruminant Research* Vol 43, 1 :3-14
- Nei, M., 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist* 106: 283-292.
- Nozawa, K.; A. Shinjo y T. Shotake, 1978. Populations genetics of farm animals. III. Blood proteins variation in the meet goats in Okinawa Islands Japan. *Z. Tierzücht. Züchtgsbiol.* 95: 60-77.
- Pepin, L and T.C. Nguyen, 1994. Blood groups and protein polymorphisms in five goats breed (*Capra hircus*). *Animal Genetics* 25: 333-336.
- Rae, A.L., 1982. Breeding in sheep and goat production. Ed by Coop. I.E. Elsevier Scientific. pp. 15-53
- Rodero, E.; M.R. de la Haba; M.J. Zamorano; A. Rodero y A. Gonzalez, 1992. Study of genetic variability of the Negra Serrana goat breed. *Arch. Zootec.* 41: 537-542.
- Schapiro, A. y M. Barahona, 1997. Lechería caprina nacional. Información Básica. Secretaría de Agricultura, Ganadería y Pesca de la Nación Argentina.
- Sneath, P. H. A and R.R. Sokal, 1973. *Numerical Taxonomy*. San Francisco: W. H. Freedman and Co.
- Swofford, D. and K. Selander, 1989. Biosys 1. A computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematic. Release 1-7 Illinois Natural History Survey, Campaigns III. 43.
- Torres Mignaqui, E., 2003. Censo Caprino de la SAGPYA. Página web: [www.sagpya.mecon.gov.ar/0-0/index/ganaderia/index\\_ganaderia.htm](http://www.sagpya.mecon.gov.ar/0-0/index/ganaderia/index_ganaderia.htm)
- Tuñón, M. J.; P. Gonzales and M. Vallejo, 1989. Genetic relationships between 14 native Spanish breeds of goat. *Animal Genetics* 20: 205-212.