

Situación genética de las principales líneas puras del merino español

Gabriel Anaya¹, Antonio Granero² y María Jesús Alcalde^{3,*}

¹ Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, CN IV, KM 396, 17071 Córdoba, España.

² Asociación Nacional de Criadores de Ganado Merino (ACME), 28028 Madrid, España.

³ Departamento de Agronomía, Universidad de Sevilla, 41013 Sevilla, España.

Resumen

El Merino español es la raza más importante a nivel mundial por ser el origen de todas las razas de merino o derivadas del merino. Se seleccionó en la península ibérica desde la época romana con el objetivo de mejorar la finura de la lana. Sin embargo, desde hace más de 6 décadas se ha producido un claro cambio de criterio de selección hacia la producción cárnica, siendo además práctica habitual en España el cruce de esta raza con otras razas con mayor aptitud cárnica, determinando la existencia de una población ovina "tipo merino" que queda fuera del libro genealógico oficial. No obstante, aún quedan rebaños considerados como estirpes históricas que mantienen la genética ancestral y por tanto están registrados como puros. En el presente trabajo se genotiparon mediante 19 marcadores de tipo microsatélite 13.484 animales pertenecientes a las líneas genéticas históricas Donoso, Granda e Hidalgo, además de animales registrados en el libro como Merinos puros indiferenciados y animales de la línea Merino Negro para su caracterización genética. El Análisis Factorial de Correspondencias (AFC) junto con el análisis de inferencia de la estructura poblacional mostraron una clara diferenciación genética entre cada una de las estirpes de tal manera que salvo en la línea Granda, la mayor parte de animales se adscribieron correctamente a su grupo. Por otro lado, los valores de variabilidad mostraron que las poblaciones no corren riesgo de deriva genética pese a llevar muchos siglos en rebaños prácticamente estancos. Los resultados obtenidos mostraron como las estirpes históricas de merino, debido a su pureza y "salud" genética son una base óptima para la "remerinización" de la cabaña ovina nacional que durante décadas ha ido perdiendo la identidad que hizo del Merino Español la raza ganadera más valiosa del mundo.

Palabras clave: Raza Merino, estirpes históricas, diferenciación genética, microsatelites.

Genetic situation of the main pure lines of the Spanish merino

Abstract

The Spanish Merino is the most important worldwide breed due to be the origin of all the Merino and Merino-derived breeds. Its genetic improvement began with the Roman people in the Iberian Peninsula with a clear selection objective: the fineness of the wool. However, in the last six decades, it has been common practice in Spain to cross animals from this breed with other breeds with greater meat aptitude in a clear change of the selection criteria resulting in the existence of a large ovine popula-

* Autor para correspondencia: aldea@us.es

Cita del artículo: Anaya G., Granero A., Alcalde M.J. (2024). Situación genética de las principales líneas puras del merino español. ITEA-Información Técnica Económica Agraria 120(2): 133-143. <https://doi.org/10.12706/itea.2023.020>



tion (Merine-type) which remains out of the official flock-book. Nevertheless, there are still herds considered as historical strains that maintain the ancestral genetics and are therefore registered as pure. In the present work, 13,484 animals belonging to the Donoso, Granda and Hidalgo historical genetic lines, together with animals registered as pure in the flock-book and animals from the Merino Negro lineage were genotyped with 19 microsatellite markers for their genetic characterization. The Correspondence Factor Analysis (CFA) and the analysis of inferring the population structure showed a clear genetic differentiation between each of the strains that, except for the Granda line, most of the animals were correctly classified to their group. On the other hand, the variability values showed that the populations do not present risk of genetic drift despite many centuries of closed-mated flocks. The results obtained showed that the historical Merino strains, due to their purity and genetic "healthy", are the optimal basis for the "remerinization" of the national sheep population, which for decades has been losing the identity that made the Spanish Merino the most valuable livestock breed in the world.

Keywords: Merino breed, historical strains, genetic differentiation, microsatellites.

Introducción

El Merino español es la raza ovina con mayor influencia, no solo en nuestro país, sino a nivel global debido al gran impacto que ha tenido en la generación de nuevas razas a través de su cruce con razas locales siendo el origen del resto de merinos y razas derivadas del merino de todo el mundo (Ciani *et al.*, 2015).

Históricamente la raza fue seleccionada por los romanos en la península ibérica con un objetivo claro de mejorar la calidad de la lana a través de la reducción del diámetro de la fibra y del incremento del peso del vellón (Zorita, 1990). Estos animales estaban tan valorados que se prohibió su exportación desde España hasta inicios del siglo XVIII, siglo a partir de la cual se empezó a importar desde otros países (Garzón *et al.*, 1977).

Durante la década de 1960, la industria de la lana sufrió una grave crisis, provocando un cambio en el criterio de selección hacia una mayor aptitud cárnica de los animales (Esteban Muñoz, 1994). Para lograrlo, muchos ganaderos cruzaron sus rebaños con otras razas de aptitudes cárnicas como el Merino Precoz, el Merino de Landschaf, el Merino de Fleischschaf o el Ille de France. La pureza de la raza se fue perdiendo en la gran parte de la cabaña ibérica (Esteban Muñoz, 1994). Este

hecho ha provocado que en España exista una gran cabaña ovina de "tipo merino" que no está registrada en el Libro genealógico oficial debido al elevado nivel de cruce y por tanto a la pérdida de gran parte de la esencia de la raza original. Sin embargo, dentro de los ganaderos que siguieron realizando cría en pureza, algunos criadores tradicionales mantuvieron durante 200 años más o menos estancos sus rebaños, lo que determinó la creación de líneas genéticas (Granero *et al.*, 2022).

Las principales líneas genéticas (no reconocidas aún como estirpes) son Donoso, Hidalgo y Granda, debido a su censo y características fenotípicas. Anteriores trabajos han mostrado que existen claras diferencias genéticas y morfológicas entre las estirpes estudiadas, sentando las bases para su reconocimiento como subpoblaciones genéticas diferenciadas dentro del Merino Español (Granero *et al.*, 2021a, 2021b, 2022 y 2023).

Uno de los caracteres que han conservado estas líneas es la enorme calidad de su lana (en especial, diámetro de fibra y longitud del mechón). Actualmente el mercado mundial de lana está en alza, debido a una tendencia generalizada al uso de fibras naturales como un elemento más de sostenibilidad en contraposición a las fibras sintéticas, que siguen

dominando el mercado. Esto ha hecho que los beneficios asociados a la producción lanera de calidad se hayan incrementado de forma clara, estimulando a muchos ganaderos a replantearse su objetivo de selección principal. De hecho, la Asociación Nacional de Criadores de Merino Español (ACME) considera hoy día la producción lanera como el principal objetivo de selección de su Programa de Cría, habiendo presentado ya su primer catálogo de sementales basado en las valoraciones genéticas de calidad de la lana.

La protección de estas líneas y su uso como base genética para “remerinizar” a los rebaños que quedan fuera del libro genealógico puede permitir que una raza con una elevada base genética para producción lanera de calidad recupere los niveles excepcionales que la convirtió en la raza más preciada del mundo. El objetivo del presente estudio es analizar el nivel de variabilidad genético de las estirpes ancestrales Donoso, Hidalgo y Egea, para conocer la situación de unas poblaciones que nosotros recomendamos como fuente de “remerinización” del ganado tipo merino y que podrían llegar a ser reconocidas como estirpes dentro del Merino Español.

Material y métodos

Selección de animales

En el presente trabajo se analizaron 13.484 animales de 10 ganaderías pertenecientes a las estirpes ancestrales Donoso, Hidalgo y Granda, así como animales inscritos en el libro genealógico (Merino General de libro) y Merinos de la línea Negra (Tabla 1). Para ello, todos los animales se genotiparon mediante 19 marcadores moleculares de tipo microsatélite (Tabla 2).

Tabla 1. Animales empleados en el presente estudio.
Table 1. Animals used in the present study.

Estirpe	Ganadería	N
Donoso	1	612
	2	3052
Merino General del libro	3	2033
	4	379
Hidalgo	5	4751
	7	198
Granda	6	377
	8	1778
Merino Negro	9	182
	10	122

Tabla 2. Marcadores microsatélites empleados en el presente trabajo.

Table 2. STR molecular markers employed in the present work.

STR	Posición	N Alelos
AE129	OAR 5	8
CP49	OAR 1	22
CSR247	OAR 1	17
FCB20	OAR 2	16
HSC	OAR 6	18
ILSTS005	OAR 7	9
ILSTS008	OAR 2	2
ILSTS011	OAR 9	9
INRA006	OAR 2	13
INRA023	OAR 3	15
INRA049	OAR 1	9
INRA063	OAR 14	19
INRA132	OAR 2	14
INRA172	OAR 6	13
MAF214	OAR 1	18
MAF65	OAR 15	10
McM042	OAR 1	11
SPS113	OAR 6	13
SPS115	OAR 2	14

Caracterización de la población

Para la caracterización genética de la población, se realizó una aproximación a dos niveles (ganaderías y estirpes). Se realizó un Análisis Factorial de correspondencias con el objetivo de analizar la distribución de los individuos dentro de cada grupo (únicamente para este análisis el número de individuos se equilibró a 100 por cada ganadería). Posteriormente se calcularon la distancia genética de Nei (Nei, 1972), los niveles de heterocigosidad observada (H (o)), heterocigosidad esperada (H (e)) y el número medio de alelos (Nm) con el software Genetix 4.05 (Belkhir et al., 1996-2004).

Estructura de la población

Se hizo un análisis para determinar la estructura y subestructura de la población. Para ello, se empleó el modelo Bayesiano "admixture" que supone que cada individuo puede tener una ascendencia híbrida (Pritchard et al., 2000; Hubisz et al., 2009) con el software Structure 2.3 (Pritchard et al., 2000).

Análisis de la varianza molecular (AMOVA)

Se realizó un análisis de la varianza molecular (AMOVA) con el objetivo de ver qué porcentaje de la varianza quedaba explicado por los datos genéticos (Excoffier et al., 1992). Para ello se buscó diferencias entre las líneas, dentro de cada una de las líneas y entre los individuos usando el software Arlequín 3.5 (Excoffier y Lischer, 2010).

Resultados y discusión

Caracterización de la población a nivel ganadería

Los resultados de los niveles de variabilidad mostraron como, los valores de heterocigosidad esperada se mantuvieron entre 0,671 y

0,727 mientras que la heterocigosidad observada presentó unos valores entre 0,698 y 0,756 (Tabla 3). Por otro lado, el número medio de alelos se mantuvo en un rango de 6,79 a 10,42. La heterocigosidad en la raza se encuentra en niveles altos lo que es indicativo de que se está manteniendo la variabilidad. En las 10 ganaderías analizadas, el nivel de heterocigosidad observada fue mayor que el de la esperada, por lo que, según esta representación muestral, la raza no está en peligro de deriva genética. Los animales de cada una de las estirpes tienen unas características morfológicas muy definidas (Granero et al., 2023). El hecho de que se sigan seleccionando sin que haya indicios de peligro genético es indicativo de que se está llevando a cabo una buena gestión de manejo mediante prácticas como el control de niveles de endogamia o práctica de apareamientos al azar sin perder de vista el mantenimiento del fenotipo de interés dentro de cada rebaño.

Tabla 3. Niveles de variabilidad genética de las ganaderías estudiadas.

Table 3. Levels of genetic variability of the studied herds.

Ganadería	H (e)	H (o)	Nm
1	0,717	0,748	8,95
2	0,719	0,747	9,16
3	0,727	0,742	10,42
4	0,726	0,756	10,37
5	0,671	0,698	7,31
6	0,721	0,753	8,90
7	0,686	0,709	8,63
8	0,678	0,716	7,26
9	0,675	0,711	7,10
10	0,679	0,726	6,79

H (e): Heterocigosidad esperada. H (o): Heterocigosidad observada. Nm: Número medio de alelos.

Los resultados del Análisis Factorial de Correspondencias (AFC) se muestran en la Figura 1. Los Ejes 1 y 2 explicaron el 25,82 % y 22,8 %, respectivamente, de la variabilidad para estos marcadores genéticos en la población permitiendo observar tres grandes agrupaciones de datos. Por un lado, se observó como las ganaderías 1 y 2 son las que presentan mayor dispersión, aunque se encuen-

tran solapadas entre ellas. Por otro lado, se aprecia otro grupo formado por las ganaderías 9 y 10 (pertenecientes a la línea Merino Negro) que se encuentra separadas del resto de ganaderías. Por último, se aprecia como las ganaderías 3, 4, 5, 6, 7 y 8 presentan un agregado, quedando, levemente separadas las ganaderías 3 y 4 que se situaron en la zona central.

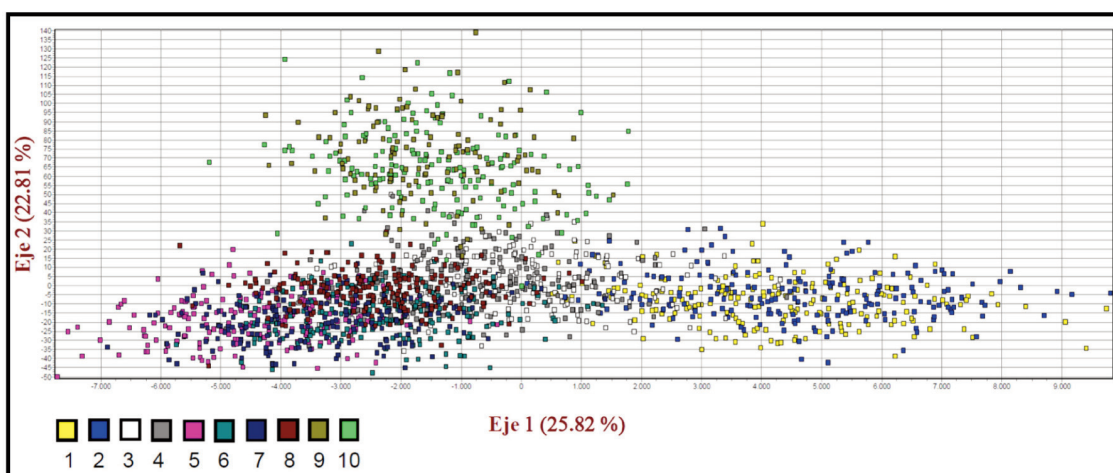


Figura 1. Análisis Factorial de Correspondencias (AFC) de las ganaderías empleadas en el presente estudio.
Figure 1. Correspondence Factor Analysis of the farms used in this study.

Los resultados muestran como los animales pertenecientes a las mismas estirpes se agrupan en las mismas regiones independientemente de su ganadería de origen. Esto viene a reforzar la idea de que dentro del merino español hay diferencias genéticas entre las líneas históricas (Granero *et al.*, 2022). Según las distancias calculadas de Nei, la menor distancia genética encontrada entre ganaderías fue de 0,019 y se dio entre 1 y 2. Por otro lado, la mayor diferencia genética se encontró entre las ganaderías 5 y 10 situándose en el 0,206. De esta manera se pudo comprobar como los valores más bajos, indicativos de elevado parecido genético, se observaron entre ganaderías de las mismas estirpes (Tabla 4).

Caracterización de la población a nivel estirpe

En cuanto a la caracterización por estirpes, la tabla 5 muestra los niveles de variabilidad presentes en cada estirpe. Los valores de $H(e)$ se mantuvieron entre 0,6858 en el caso de la estirpe Hidalgo y 0,7318 en el caso del Merino General de libro. En cuanto a la $H(o)$ más alta se dio en el Merino General de libro mientras que la más baja apareció en la línea Hidalgo. En todos los casos, la $H(o)$ fue levemente superior a la esperada mostrando una población libre de consanguinidad. Esta situación, ha revertido la existente hace 15 años donde en las líneas Granda, Hidalgo y Donoso, la $H(o)$ se mostró más baja que la $H(e)$ (Azor, 2008).

Tabla 4. Distancias genéticas de Nei (1972) entre las diferentes ganaderías empleadas en el estudio.
 Table 4. Genetic distances of Nei (1972) between the different herds used in the study.

	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	0,019	0,100	0,104	0,217	0,147	0,177	0,178	0,177	0,204
2		0,104	0,110	0,239	0,164	0,190	0,189	0,173	0,191
3			0,041	0,125	0,099	0,098	0,123	0,122	0,151
4				0,074	0,066	0,066	0,091	0,107	0,127
5					0,081	0,045	0,158	0,193	0,206
6						0,035	0,099	0,184	0,180
7							0,139	0,183	0,200
8								0,178	0,178
9									0,077

Tabla 5. Niveles de variabilidad genética de las estirpes estudiadas.

Table 5. Levels of genetic variability of the strains studied.

Estirpe	H (e)	H (o)	Nm
Donoso	0,7209	0,7474	9,736
Merino General de libro	0,7318	0,7492	11,578
Hidalgo	0,6858	0,7034	9,157
Granda	0,7146	0,7342	9,368
Merino Negro	0,6882	0,7172	8,000

H (e): Heterocigosidad esperada. H (o): Heterocigosidad observada. Nm: Número medio de alelos.

En el AFC (Figura 2), se aprecian dos nubes de puntos claramente diferenciadas y separadas del resto correspondientes a la estirpe histórica Donoso y a la línea genética reconocida del Merino Negro. Por otro lado, aunque los animales pertenecientes a los restantes grupos genéticos se agregaron de manera homogénea, a su vez quedan parcialmente solapados. En este caso, entre la estirpe Hi-

dalgo y los animales del Merino General de libro apenas hay solapamiento, pero entre ellos se sitúa la nube de animales de Granda. Esto sugiere que entre los animales de Hidalgo y Granda hay cierto grado de influencia, y que el Merino General de libro se encontraría en la zona central sobre las que orbitan el resto de los grupos genéticos. Esto podría tener sentido porque este grupo de animales aun presenta algo de la genética original. Los ejes 1 y 2 explicaron el 35,21 % y 32,48 % de la variabilidad genética de los marcadores respectivamente. De igual manera que en análisis previo por ganaderías, se aprecia claramente cómo los individuos que pertenecen a los mismos grupos genéticos tienden a agregarse. La mayor dispersión de individuos observada en la línea de Merino Negro, está indicando que, dentro de ese patrón morfológico y genético, existe un alto grado de variabilidad individual. En este sentido parece que los animales más homogéneos los presenta la estirpe Granda.

Las distancias de Nei vinieron a reforzar el análisis del AFC puesto que la menor distancia genética se encontró entre la estirpe

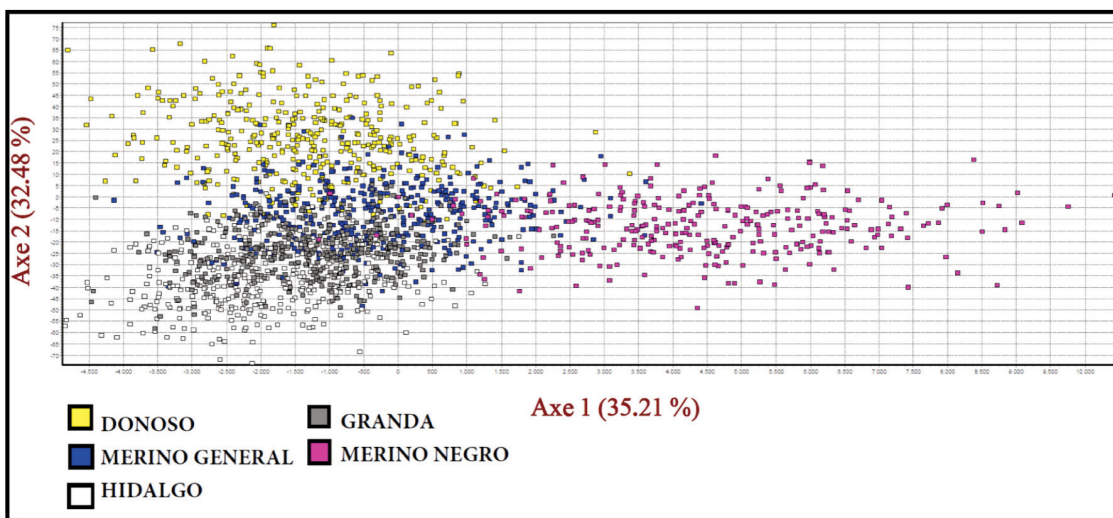


Figura 2. Análisis Factorial de Correspondencias (AFC) de las estirpes empleadas en el presente estudio.
 Figure 2. Correspondence Factor Analysis of the strains used in the present study.

Granda y el Merino General de libro mientras que la mayor distancia se encontró entre los animales de las líneas Donoso e Hidalgo. El merino negro presentó menos diferencias con respecto al Merino General de libro que con respecto al resto de líneas históricas (Tabla 6). Este hecho podría deberse a que, la selección ha sido más fuerte en las distintas líneas genéticas al haberse mantenido rebaños casi estancos con el objetivo de fijar unos caracteres fenotípicos muy reconocibles, a diferencia de lo que ha ocurrido con el merino

indiferenciado. El hecho de que el Merino Negro tenga menor distancia genética de la esperada con respecto al Merino blanco indiferenciado (debido al carácter patognómico del color de la capa), podría deberse a que los marcadores empleados se encuentran en regiones no codificantes a diferencia de los genes responsables del color de la capa que se encuentran en regiones codificantes. Al comparar las distancias genéticas entre las distintas líneas históricas, con las que se han detectado en trabajos previos entre el

Tabla 6. Distancias genéticas de Nei (1972) entre los animales de las distintas estirpes presentes en el estudio.

Table 6. Genetic distances of Nei (1972) between the animals of the different strains present in the study.

	Merino General de libro	Hidalgo	Granda	Merino Negro
Donoso	0,090	0,190	0,140	0,161
Merino General de libro		0,069	0,060	0,096
Hidalgo			0,068	0,165
Granda				0,137

Merino español y otras razas, se aprecian niveles de diferenciación parecidos. De hecho, las distancias encontradas entre las líneas de Merino español se han mostrado superiores a las encontradas entre las diferentes líneas genéticas de la raza Merino Portuguesa (Merino portugués negro y Merino portugués blanco) (Diez-Tascón *et al.*, 2000). En este sentido destacan las distancias encontradas entre las líneas Donoso frente a Hidalgo y Granda, que se han mostrado mayores que las encontradas entre distintas razas (Diez-Tascón *et al.*, 2000; Ceccobelli *et al.*, 2023). Por otro lado, las diferencias observadas entre las líneas de Merino se han mantenido en niveles similares a los que se pueden observar en las líneas genéticas reconocidas en otras razas como el Merino Australiano (líneas Merino industrial y Merino de lana) (Ceccobelli *et al.*, 2023).

Estructura de la población

La figura 3 muestra la representación de la estructura de la población en base al porcentaje de adscripción de cada uno de los individuos a cada una de las 5 poblaciones (K óptima). Se aprecia como los animales de las estirpes Donoso, Hidalgo y la línea de Merino Negro se adscriben de una manera bastante homogénea a su población de origen. Por otro lado, la línea Granda muestra como hay un grupo de individuos que se adscriben a su población de origen mientras que otro grupo de individuos se adscriben bastante mejor a la población representada por la línea Hidalgo. Por último, se observa como los animales pertenecientes al Merino General de libro se adscriben a su propio grupo genético, aunque presenta individuos que podrían tener mayor pertenencia a alguna de las estirpes históricas.

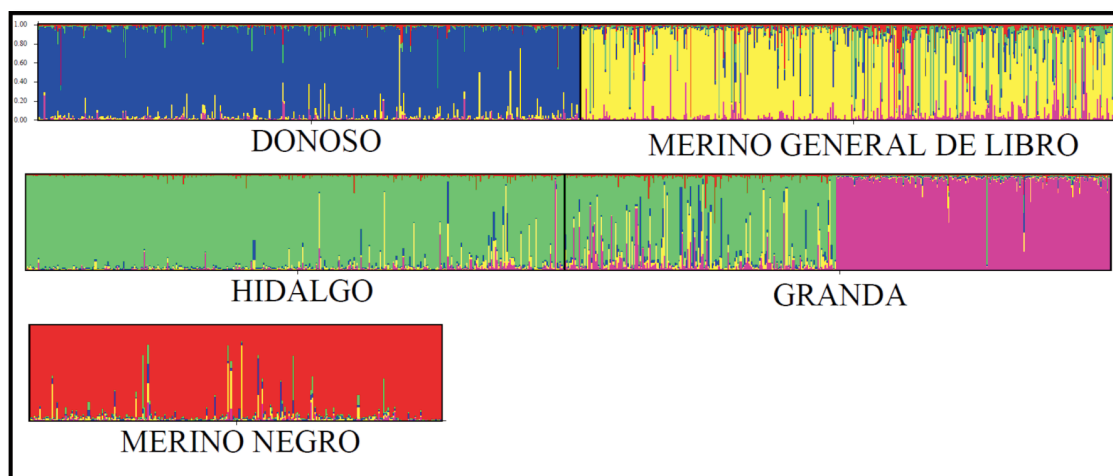


Figura 3. Representación gráfica de asignación a poblaciones de cada uno de los grupos analizados con una K óptima de 5.

Figure 3. Graphic representation of the allocation to populations of each of the groups analyzed with an optimal K of 5.

En cuanto al porcentaje de adscripción a los distintos grupos genéticos del global de la población analizada, se observó cómo casi el total de individuos podían clasificarse a uno

de los grupos mientras que únicamente un 3,94 % quedaban sin identificar debido a que en ningún caso presentaron un porcentaje de pertenencia de al menos un 50 % a

alguna de las estirpes y líneas analizadas (Tabla 7). De esta manera, la mayor parte de los individuos (30,93 %) se adscribieron a la estirpe Hidalgo seguidas de la Donoso (21,11 %) y Merino General de Libro (16,49 %). Esto podría estar indicando una clara tendencia hacia la búsqueda de un patrón Hidalgo dentro de las líneas puras, seguramente persiguiendo las características morfoestructurales únicas de esta línea, que destaca por el gran tamaño de los animales con respecto al resto de la raza (Granero et al., 2023). Por otro lado, la gran presencia de Donoso puede deberse a que esta línea, dentro del patrón de merino, presenta una buena aptitud cárnica-lanera por lo que ha podido adaptarse a las demandas del mercado cambiante. Por otro lado, cabe destacar que el más bajo porcentaje de adscripción se da en la estirpe Granda (11,29 %) lo que podría estar indicando que hay que hacer esfuerzos por controlar su censo en caso de que esté disminuyendo en el tiempo y/o el posible flujo genético con otras líneas.

Tabla 7. Porcentaje de animales adscritos a cada una de las líneas dentro del global de la población analizada.

Table 7. Percentage of animals of population analyzed assigned to each of the lines studied.

	Porcentaje Adscritos
Donoso	21,11
Merino General de libro	16,49
Hidalgo	30,93
Granda	11,29
Merino Negro	16,23
Total adscritos	96,06
Total sin adscribir	3,94

Por último, se calculó el porcentaje de adscripción a estirpe de cada una de las muestras tomando en cuenta su población de origen

(Tabla 8). Tanto los animales pertenecientes al Merino Negro como los de la estirpe Donoso fueron los que mejor y con mayor porcentaje se adscribieron a sus grupos genéticos (97,70 % y 97,25 %, respectivamente) lo que indica que tienen una elevada consistencia genética. En contraposición se encuentra el Merino General de libro (73,50 %) en el que, como es de esperar, se pueden observar porcentajes del resto de subpoblaciones, destacando animales de la línea hidalgo (10,50 %). En contraposición, en la línea Granda solo un 50 % de los animales se adscriben a la misma, mientras que un 46,50 % se adscribe a la línea Hidalgo. Esto podría deberse a que ha existido un flujo genético entre ambas líneas a través de cruzamientos dentro de ganaderías en las que han coexistido animales de ambas subpoblaciones.

Análisis de la varianza molecular

Los resultados obtenidos en el análisis AMOVA, mostraron un porcentaje de variación entre líneas de 5,18 %. Estudios previos hechos sobre líneas históricas del merino español han mostrado valores levemente menores cercanos al 4 % (Granero et al., 2022). Por otro lado, la variación explicada por los individuos dentro de cada una de las líneas se mostró muy baja situándose en un 0,65 % aunque se ha mostrado superior a la obtenida por otros autores (Granero et al., 2022). Por último, las diferencias explicadas por los individuos en el conjunto de la población analizada fueron de un 94,17 %, levemente inferior al 95,89 % descrito por Granero et al. (2022). Los resultados muestran como las diferencias entre las líneas históricas de merino se han mantenido al mismo nivel e incluso levemente superiores a las diferencias encontradas entre distintas razas de Merino o derivadas del Merino situadas en torno al 5,01 % (Granero et al., 2022).

Tabla 8. Porcentaje de adscripción a cada uno de los grupos genéticos en función de la estirpe de la que proceden.

Table 8. Percentage of affiliation to each of the genetic groups based on the lineage from which they come.

	Donoso	Merino General	Hidalgo	Granda	Merino Negro	Sin Adscripción
Donoso	97,25	0,50	0,25	0,00	0,25	1,75
Merino General de libro	1,50	73,50	10,50	2,75	2,50	9,25
Hidalgo	1,75	3,00	89,75	1,00	0,25	4,25
Granda	0,00	1,25	46,50	50,00	0,00	2,25
Merino Negro	0,00	0,33	0,33	0,00	97,70	1,64

Conclusiones

Los resultados muestran cómo, las líneas históricas tienen una clara diferenciación genética entre ellas y con el resto del merino español. En el presente trabajo se ha mostrado como el nivel de variabilidad permite afianzar la idea de mantener estas líneas como reservorio genético seguro para la "remerinización" del ovino español tipo merino, así como base genética para la búsqueda de distintos patrones morfológicos dentro de la raza pura. No obstante, hay que hacer hincapié en la necesidad de controlar el flujo genético dentro de ganaderías de la línea Granda puesto que los análisis muestran una cierta introgresión de la línea Hidalgo. El mantenimiento de estas líneas históricas no solo es una base que permite recuperar las grandes aptitudes laneras del merino ibérico ancestral, sino que, debido al tipo de cría en extensivo, provocaría de manera directa la protección de los distintos hábitats de dehesa y monte sobre el que pastorean estos animales, con el consiguiente efecto beneficioso sobre el medio ambiente.

Referencias bibliográficas

- Azor P.J., Cervantes I., Valera M., Arranz J.J., Medina C., Gutiérrez J.P., Goyache F., Muñoz A., Molina A. (2008). Análisis preliminar de la estructura genética del Merino: situación de las estirpes tradicionales mediante análisis genealógico y molecular. ITEA-Información Técnica Económica Agraria 104: 295-302.
- Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N., Bonhomme F. (1996-2004). GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5171. Université de Montpellier II, Montpellier, France.
- Ceccobelli S., Landi V., Senczuk G., Mastrangelo S., Sardina M.T., Ben-Jemaa S., Persichilli C., Karsli T., Bâlteanu V.A., Raschia M.A., Poli M.A., Ciapesoni G., Muchadeyi F.C., Dzomba E.F., Kunene N.W., Lühken G., Deniskova T.E., Dotsev A.V., Zinovieva N.A., Zsolnai A., Anton I., Kusza S., Carolino N., Santos-Silva F., Kawęcka A., Wittek M., Ni nikowski R., Špehar M., Anaya G., Granero A., Perloiro T., Cardoso P., Grande S., de los Santos B.L., Danchin-Burge C., Pasquini M., Martínez Martínez A., Delgado Bermejo J.V., Lasagna E., Ciani E., Sarti F.M., Pilla F. (2023)

- A comprehensive analysis of the genetic diversity and environmental adaptability in worldwide Merino and Merino-derived sheep breeds. *Genetics Selection Evolution* 55: 24. <https://doi.org/10.1186/s12711-023-00797-z>.
- Ciani E., Lasagna E., D'Andrea M., Alloggio I., Marroni F., Ceccobelli S., Delgado Bermejo J.V., Sarti F.M., Kijas J., Lenstra J.A., Pilla F. (2015). Merino and Merino-derived sheep breeds: a genome-wide intercontinental study. *Genetics Selection Evolution* 47: 64. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0139-z>.
- Diez-Tascón C., Littlejohn R.P., Almeida P.A.R., Crawford A.M. (2000). Genetic variation within the Merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. *Animal Genetics* 31: 243-51. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.2000.00636.x>.
- Esteban Muñoz C. (1994). La raza Merina y sus cruces en la producción de carne. Ministerio de Agricultura Pesca y Alimentación del Gobierno de España, Madrid, España. 175 pp.
- Excoffier L., Smouse P.E., Quattro J.M. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131: 479-491. <https://doi.org/10.1093/genetics/131.2.479>.
- Excoffier L., Lischer H.E. (2010) Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 10: 564-567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>.
- Garzón R., Luque J., Llanes D., Povedano C., Rodero A., Rodero J., Vallejo M., Zarazaga I. (1977). Fundamentos históricos y genéticos del Merino español. Publicaciones del Monte de Piedad y Caja de Ahorros de Córdoba, Córdoba, España. 200 pp.
- Granero A., Anaya-Calvo G., Demyda Peyrás S., Laseca N., Alcalde M.J., Molina Alcalá A. (2021a). Genomic characterization of the Spanish Merino Sheep and situation of the main historical genetics lines. En: ASPA 24th Congress Book of Abstract, Italian Journal of Animal Science 20(Sup 1): 107.
- Granero A., Molina A., Anaya G., Ziadib C., Alcalde M.J. (2021b). Morphometric differences based on quantitative traits between different genetic lines in the Merino Español sheep breed. En: ASPA 24th Congress Book of Abstract, Italian Journal of Animal Science 20(Sup 1): 115.
- Granero A., Anaya G., Demyda-Peyrás S., Alcalde M.J., Arrebola F., Molina A. (2022). Genomic population structure of the main historical genetic lines of Spanish Merino sheep. *Animals* 12, 1327. <https://doi.org/10.3390/ani12101327>.
- Granero A., Anaya G., Alcalde M.J. (2023). Morphostructural differences between the historical genetic lines of the Spanish Merino sheep. *Animals* 13: 313. <https://doi.org/10.3390/ani13020313>.
- Hubisz M.J., Falush D., Stephens M., Pritchard J.K. (2009). Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Molecular Ecology Resources* 9: 1322-1332. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02591.x>.
- Nei M. (1972). Genetic Distance between Populations. *The American Naturalist* 106: 283-292.
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>.
- Zorita E. (1990). Hacia una nueva estructura de la ganadería ovina en España, armonizando recursos alimenticios y objetivos medioambientales. *Ovis* 11: 9-42.
- (Aceptado para publicación el 23 de octubre de 2023)