

J. Jordana, M. Pelegrín, J. Piedrafita

**RELACIONES GENÉTICAS EN BOVINOS ESPAÑOLES OBTENIDAS A
PARTIR DEL ESTUDIO DE CARACTERES MORFOLÓGICOS**

Separata ITEA

INFORMACION TÉCNICA ECONÓMICA AGRARIA, VOL. 87A N.º 1 (50-64), 1991

RELACIONES GENÉTICAS EN BOVINOS ESPAÑOLES OBTENIDAS A PARTIR DEL ESTUDIO DE CARACTERES MORFOLÓGICOS

J. Jordana
M. Pelegrín
J. Piedrafit

Unitat de Millora Genètica.
Departament de Patologia i
Producció Animals.
Facultat de Veterinària.
Universitat Autònoma de Barcelona.
08193-Bellaterra. Barcelona

RESUMEN

En el presente trabajo se estudian las relaciones existentes entre 20 razas bovinas españolas, a partir del análisis cualitativo y cuantitativo de datos procedentes de 29 caracteres morfológicos.

La distancia promedio entre razas (índice de distancia morfológico), toma un valor de 0,5728 ($\pm 0,1184$), con unos valores extremos de 0,2414 entre Berrenda en Negro y Berrenda en Colorado, y 0,9655 para el par Retinta –Mantequera Leonesa.

Los resultados obtenidos indican la formación de dos grandes grupos. Uno formado por los integrantes del Tronco Cantábrico, y otro por los componentes de los Troncos Turdetano e Ibérico, lo que podría indicar la existencia de un hipotético antecesor común.

Las relaciones genéticas obtenidas son similares, en términos generales, a las presentadas por los etnólogos.

Palabras clave: Razas bovinas españolas, Distancias morfológicas, Dendrograma, Relaciones genéticas.

SUMMARY

SHORT RUNNING TITLE: MORPHOLOGICAL RELATIONSHIPS IN SPANISH CATTLE

Relationships among 20 Spanish cattle breeds have been studied through qualitative and quantitative analyses of data from 29 morphological characters.

The average distance among breeds (morphological index of distance), takes a value of 0,5728 ($\pm 0,1184$), with extremes values of 0,2414 between “Berrenda en Negro” and “Berrenda en Colorado”, and 0,9655 for “Retinta” – “Mantequera Leonesa” pair.

The results show the formation of two big clusters. One formed by breeds of “Cantabrian” trunk, and the other that includes members of “Turdetanus” and “Iberian” trunks, which suggests the existence of an hypothetical common ancestor.

Genetic relationships obtained were similar in general, to those reported by ethnologists.

Key words: Spanish cattle breeds, Morphological distances, Dendrogram, Genetic relationships.

Introducción

Desde siempre, ha sido una labor continuada los intentos de clasificación sistemática de las diferentes razas de animales domésticos en grupos lo más afines posible y la investigación de las relaciones filogenéticas existentes entre ellas. Dichas ordenaciones etnológicas se han venido realizando, principalmente, en base a semejanzas morfológicas complementadas con referencias históricas y hallazgos arqueológicos (KIDD y PIRCHNER, 1971; EPSTEIN, 1972; OLSEN y OLSEN, 1977; ALTARRIBA, *et al.*, 1979; SÁNCHEZ BELDA, 1984; AUPETIT, 1985; JORDANA *et al.*, 1990).

A partir de la década de los sesenta, los avances en biología molecular permitieron mediante la utilización de técnicas electroforéticas la medida de la variación genética de las poblaciones, pues permite comparar productos directos de la acción génica (proteínas) o el propio material genético (ácidos nucleicos) y además permite cuantificar la divergencia entre las poblaciones en términos de sustitución de aminoácidos o nucleótidos, respectivamente.

Las relaciones genéticas entre las razas bovinas han sido analizadas utilizando polimorfismos bioquímicos, siendo numerosos los trabajos existentes sobre el tema (KIDD y PIRCHNER, 1971; KIDD y SGARAMELLA-ZONTA, 1972; BAKER y MANWELL, 1980; MANWELL y BAKER, 1980; AUPETIT, 1985; GRAML *et al.*, 1986; GROSCLAUDE *et al.*, 1990). En cuanto a los estudios referentes a poblaciones bovinas españolas podemos destacar los siguientes: KIDD (1974); VALLEJO *et al.* (1977); ALTARRIBA *et al.* (1977); KIDD *et al.* (1980); GONZÁLEZ y VALLEJO (1983); GONZÁLEZ *et al.* (1987); ARRUGA y ZARAZAGA (1986 y 1987); ARRUGA *et al.* (1983).

La información aportada por caracteres morfológicos puede ser de gran ayuda para complementar los estudios realizados sobre relaciones filogenéticas de las razas bovinas españolas, gracias a los avances de las técnicas estadísticas de análisis multivariante así como la aplicación de los métodos de Taxonomía Numérica (SNEATH y SOKAL, 1973) a los datos procedentes de caracteres morfológicos, pues permiten un tratamiento diferente de la información generada.

En este trabajo se presenta un estudio de las relaciones existentes entre bovinos españoles, realizado a partir del análisis cualitativo y cuantitativo de la información generada por caracteres morfológicos.

Material y métodos

Se han sometido a estudio un total de 20 razas bovinas españolas: Albera (AL), Alis­tana – Sanabresa (AS), Asturiana de la Montaña (AM), Asturiana de los Valles (AV), Avileña – Negra Ibérica (AVL), Berrenda en Colorado (BC), Berrenda en Negro (BN), Blanca Cacereña (BLC), Bruna dels Pirineus (BP), Cachena (CA), Limiana (LI), Mantequera Leonesa (ML), Morucha (MO), Negra Andaluza (NA), Pirenaica (PI), Retinta (RE), Rubia Gallega (RG), Sayaguesa (SA), Tudanca (TU) y Palmera (PA).

A efectos de realizar un análisis cualitativo y cuantitativo de los datos obtenidos a partir de caracteres morfológicos, de las 20 razas bovinas en estudio, se han considerado un total de 29 caracteres, establecidos a partir de las descripciones dadas por SÁNCHEZ BELDA (1984, 1986) y SOTILLO y SERRANO (1985). Los caracteres utilizados y el estado de los mismos se muestran en el Cuadro 1.

El análisis cualitativo de caracteres discretos, requiere que éstos sean codificados en series (0,1) es decir, con dos estados, denotando ausencia o presencia del carácter. Como no conocemos su ancestralidad, en los caracteres multiestado se ha hecho la siguiente transformación:

Carácter con tres estados (0,1 y 2)

estado del carácter	estado en el programa
0	00
1	10
2	01

Carácter con cuatro estados (0,1,2 y 3)

estado del carácter	estado en el programa
0	000
1	100
2	010
3	001

y así sucesivamente.

La matriz de semejanzas morfológicas se muestra en el Cuadro 2.

Se ha utilizado el programa MIX del paquete informático PHYLIP (FELSENSTEIN, 1986) para construir el dendrograma de las razas bovinas españolas a partir de datos cualitativos de los caracteres morfológicos. El principio en el que se basa dicho análisis es el de la "parsimonia"; es decir, el árbol generado sería aquel que requiriera el menor número posible de pasos o transiciones del estado del carácter, sumados a través de todas las ramas. El método utilizado es el de Wagner (FARRIS, 1970) que genera un dendrograma "no rotado", es decir, cualquier nodo del árbol puede ser el punto inicial del evento cladogenético. Para facilitar la comprensión y poder realizar comparaciones con otros dendrogramas se ha tomado, arbitrariamente, a la población

Blanca Cacereña como punto de referencia ("outgroup") para todas las demás razas.

Para realizar el análisis cuantitativo, los datos son transformados e introducidos en forma de una matriz de distancias, por lo cual se han calculado las distancias entre las poblaciones a partir de los datos morfológicos del Cuadro 2, según la siguiente ecuación (SNEATH y SOKAL, 1973):

$$d_{i,j} = \sum z_k (i,j)/n \quad (1)$$

siendo,

n = número total de caracteres (29 caracteres)

$z_k (i,j)$ = valor del carácter morfológico k , entre el UTO (Unidad Taxonómica Operativa = raza) i y el UTO j .

$$z_k (i,j) = 0 \text{ si } z_k (i) = z_k (j)$$

$$z_k (i,j) = 1 \text{ si } z_k (i) \neq z_k (j)$$

$d_{(i,j)}$ = valor de distancia entre el UTO i y el UTO j .

El programa utilizado para la construcción del dendrograma es el KITSCH, del paquete informático PHYLIP (FELSENSTEIN, 1986), habiéndose aplicado el método de FITCH y MARGOLASH (1967) cuyo objetivo es encontrar el árbol que mejor se adapte a la matriz de distancias dada. Para ello se busca el árbol que minimice el sumatorio de cuadrados mediante la siguiente expresión:

$$SC = \sum_i \sum_j \frac{(D_{ij} - d_{ij})^2}{D_{ij}^2}$$

donde:

D_{ij} = distancia observada entre las poblaciones i y j .

d_{ij} = distancia esperada entre las poblaciones i y j , computada como la suma de las longitudes de los segmentos del ár-

CUADRO 1
 CARACTERES Y ESTADOS DE LOS MISMOS, UTILIZADOS EN LA CONS-
 TRUCCIÓN DE LA MATRIZ DE SEMEJANZAS MORFOLÓGICAS

<p>(A) <i>Tamaño corporal</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Elipométrico 1. Subeumétrico 2. Eumétrico 3. Subhipermétrico 4. Hipermétrico 	<p>(B) <i>Perfil cefálico</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Cóncavo 1. Subcóncavo 2. Recto 3. Subconvexo
<p>(C) <i>Proporciones long/anch</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Brevilíneo 1. Mesolíneo 2. Longilíneo 	<p>(D) <i>Color de la punta de cuernos</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Negros 1. Oscuros 2. Ambarinos
<p>(E) <i>Longitud del cuello</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Corto 1. Normal 2. Largo 3. Machos corto/Hembras largo 	<p>(F) <i>Papada</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Abundante 1. Discreta-media 2. Reducida 3. Machos abundante/Hembras discreta
<p>(G) <i>Papada discontinua</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. No 1. Si 	<p>(H) <i>Morrillo</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Muy marcado 1. Marcado 2. Poco marcado
<p>(I) <i>Línea dorso lumbar</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Horizontal 1. Ligeramente ensillada 2. Ensillada 	<p>(J) <i>Sistema mamario</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Bien desarrollado 1. Desarrollo medio 2. Poco desarrollado
<p>(K) <i>Color de las pezuñas</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Oscuras 1. Claras 2. Variables 	<p>(L) <i>Mucosas</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Negras/pigmentadas 1. Rosadas/claras 2. Variables
<p>(M) <i>Tipo de piel</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Gruesa 1. Fina 	<p>(N) <i>Ojo de perdiz</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. No 1. Si
<p>(O) <i>Tamaño de las orejas</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Grandes 1. Medianas 2. Pequeñas 	<p>(P) <i>Color de la capa</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Blanca 1. Rubia 2. Castaña 3. Retinta 4. Negra 5. Variable 6. Berrenda
<p>(Q) <i>Aptitud</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. Carne 1. Leche 2. Mixta 	<p>(R) <i>Peso vivo (hembras adultas)</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 0. < 400 kg. 1. 400 - 500 kg. 2. 550 - 650 kg. 3. > 700 kg.

- (S) *Testuz o topete*
 0. Poco marcado
 1. Marcado
 2. Prominente
- (U) *Pelo en orejas*
 0. Escaso
 1. Abundante
- (W) *Morro*
 0. Estrecho (acuminado)
 1. Ancho
- (Y) *Tamaño de la cornamenta*
 0. Pequeña
 1. Mediana
 2. Grande
 3. Muy grande
- (A') *Alzada a la cruz*
 0. < 125 cm.
 1. 126 - 135 cm.
 2. 136 - 145 cm.
 3. > 145 cm.
- (C') *Longitud escápulo-isquial*
 0. < 143 cm.
 1. 150 - 165 cm.
 2. 166 - 180 cm.
 3. > 180 cm.
- (T) *Proporción de la cabeza en relación al cuerpo*
 0. Pequeña
 1. Proporcionada
 2. Grande
- (V) *Halo blanquecino alrededor del morro (leonado)*
 0. No
 1. Si
 2. Variable
- (X) *Nacimiento de los cuernos*
 0. Detrás de la línea del testuz
 1. Prolongación de la línea del testuz
 2. Delante de la línea del testuz.
- (Z) *Sección del cuerno*
 0. Circular
 1. Elíptica
- (B') *Perímetro torácico*
 0. < 155 cm.
 1. 170 - 185 cm.
 2. 190 - 200 cm.
 3. 205 - 215 cm.
 4. > 215 cm.

bol, desde la población *i* a la *j* (distancia patristica).

El programa asume que las tasas de cambio esperadas son constantes en todas las líneas y que todas las poblaciones son contemporáneas. El árbol resultante, a diferencia del anterior, es "rotado". El método puede ser considerado como una estimación de la filogenia, asumiendo que el fenotipo se comporta como un reloj evolutivo (FELSENSTEIN, 1984, 1986).

Resultados

Análisis Cualitativo

La Figura 1 nos muestra las relaciones de semejanza existentes entre las razas, obtenidas a partir del análisis cualitativo de los datos. En una primera instancia no se aprecian relaciones demasiado estrechas entre ellas, lo que hace que no se nos formen unos grupos claramente diferenciados.

De la observación del dendrograma podemos apreciar una estrecha relación entre las poblaciones Palmera y Rubia Gallega.

CUADRO 2
MATRIZ DE SEMEJANZAS MORFOLÓGICAS

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	A'	B'	C'		
Albera	0	2	2	0	2	0	1	1	2	2	0	0	0	0	2	0	0	1	2	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0		
Alistana-Sanabresa	2	0	1	0	3	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	2	2	1	2	0	1	1	1	1	1	0	2	4	2		
Asturiana de la Montaña	1	2	1	0	3	3	1	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0		
Asturiana de los Valles	3	2	1	0	3	3	0	0	1	0	0	0	1	1	2	2	2	3	1	1	1	1	1	1	1	0	2	3	1		
Avileña - Negra Ibérica	2	1	1	0	3	0	1	0	0	2	0	0	0	0	1	4	0	2	2	1	0	2	1	2	2	0	2	3	2		
Berrenda en colorado	3	2	1	1	2	0	1	2	0	1	0	1	0	1	2	6	0	2	1	0	0	0	1	1	2	0	2	2	3		
Berrenda en negro	3	2	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	2	6	0	2	0	2	0	0	1	0	2	0	2	2	3		
Blanca Cacereña	2	2	1	2	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	2	0	1	2	1		
Bruna dels Pirineus	2	2	2	0	1	1	0	2	0	1	2	1	0	1	0	2	0	2	1	1	1	1	1	1	1	0	1	2	2		
Cachena	0	0	0	0	0	0	0	2	1	2	0	0	0	1	2	2	0	0	0	0	1	1	1	1	3	0	1	2	1		
Limiana	4	1	1	0	0	1	0	0	0	2	0	0	1	0	0	2	0	3	1	1	1	1	1	1	2	0	2	3	1		
Mantequera Leonesa	2	2	1	0	3	1	0	2	1	2	0	0	0	0	2	2	1	2	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1		
Morucha	2	2	1	0	0	1	1	0	0	2	0	0	1	0	0	5	0	1	0	1	1	0	0	1	2	0	2	2	2		
Negra Andaluza	2	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	2	4	0	2	1	1	0	0	0	1	2	0	2	2	2		
Pirenaica	2	2	1	2	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	2	1	0	1	0	1	1	1	0	1	2	1		
Retinta	3	3	2	1	0	2	1	0	0	0	1	1	1	1	1	3	0	2	0	1	0	0	0	0	2	0	2	3	3		
Rubia Gallega	2	3	1	2	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	3	0	1	1	0	1	0	1	0	1	2	3	2	
Sayagüesa	3	1	1	0	0	0	1	2	2	0	0	0	0	0	2	4	0	2	2	1	1	1	1	2	1	1	3	4	3		
Tudanca	2	1	1	0	0	3	1	2	1	2	0	0	0	0	2	5	0	0	0	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1		
Palmera	2	2	1	2	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	1	0	2	0	0

Otras tres razas. Alistana-Sanabresa, Asturiana de los Valles y Asturiana de la Montaña, formarían un grupo bien definido, así como el formado por Cachena, Tudanca, Mantequera Leonesa y Albera.

Sin embargo, podemos dividir el árbol resultante en tres partes; inferior, central y superior, estando las razas que pertenecen a cada uno de esos niveles más relacionadas entre si, y definiendo de esta manera tres grandes grupos. El primero (A) lo formarían Blanca Cacereña, Pirenaica, Palmera, Rubia Gallega y Brunas dels Pirineus. El segundo grupo (B) estaría integrado por Alistana-Sanabresa, Asturiana de los Valles, Asturiana de la Montaña, Cachena, Tudanca, Mantequera Leonesa, Albera y Limiana. Y el tercer grupo (C) lo completarían el resto de razas. Las poblaciones de Brunas dels Pirineus y Limiana estarían ocu-

pando posiciones intermedias entre los tres grandes grupos.

Para la construcción del dendrograma, el método de Wagner ha necesitado 206 pasos o transiciones para reordenar los caracteres y lograr el árbol de máxima parsimonia.

Análisis cuantitativo

Tomando como base la matriz de semejanzas morfológicas y aplicando la ecuación (1) se han obtenido los resultados de los índices de distancia morfológica entre las razas bovinas españolas que se muestran en el Cuadro 3. La distancia promedio entre razas toma un valor de 0,5728 (± 0,1184), con unos valores extremos de

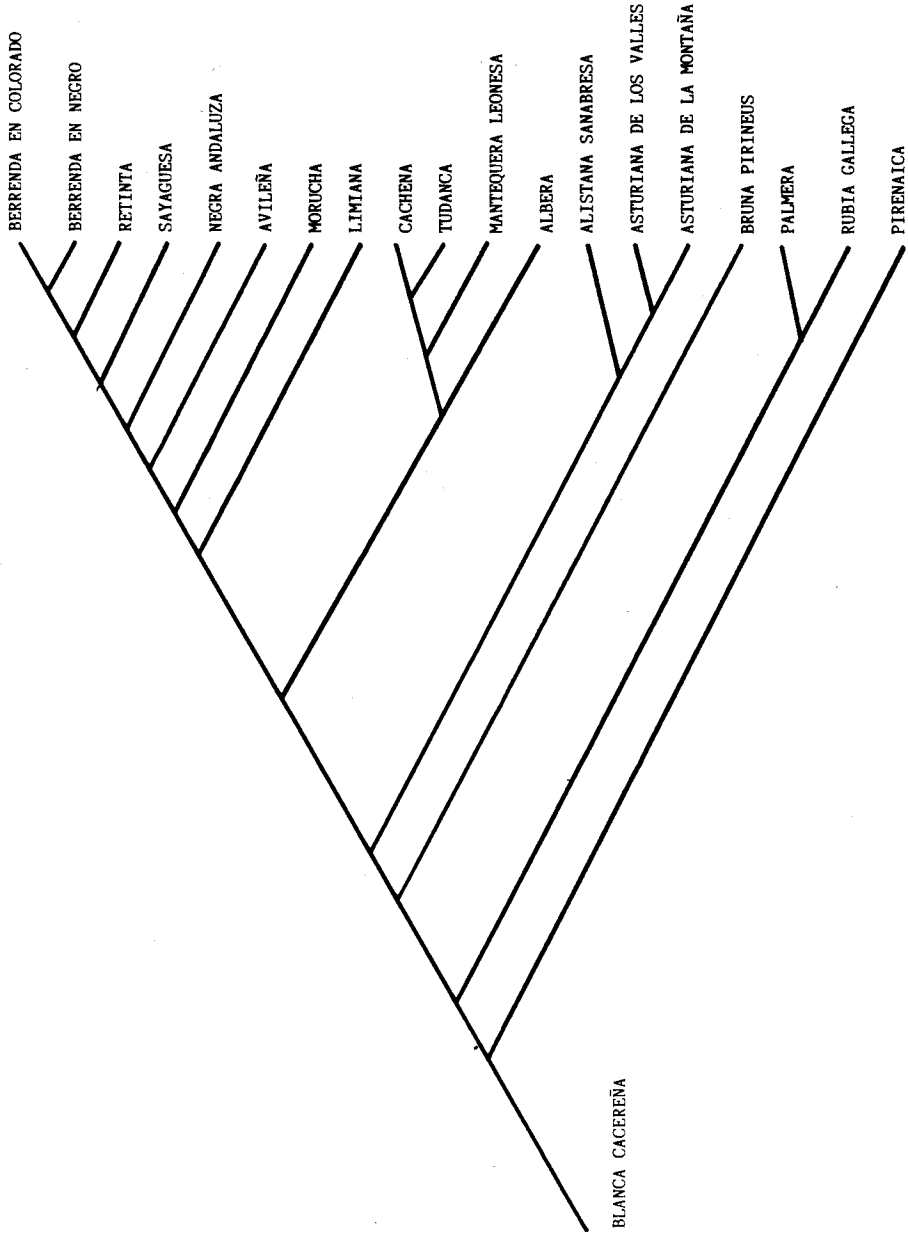


Figura 1. Dendrograma de las razas bovinas españolas, obtenido mediante la aplicación del método de WAGNER, a partir del análisis cualitativo de los datos morfológicos.

CUADRO 3
MATRIZ DE DISTANCIAS GENÉTICAS ENTRE LAS RAZAS BOVINAS ESPAÑOLAS, OBTENIDA A PARTIR DE DATOS PROCEDENTES DE CARACTERES MORFOLÓGICOS

Razas	AL	AS	AM	AV	AVL	BC	BN	BLC	BP	CA	LI	ML	MD	NA	PI	RE	RG	SA	TU	PA
AL	-																			
AS	0,6552	-																		
AM	0,4138	0,4483	-																	
AV	0,6207	0,4138	0,3449	-																
AVL	0,6207	0,6207	0,5862	0,6207	-															
BC	0,6207	0,6552	0,6207	0,6207	0,5517	-														
BN	0,5862	0,7586	0,5862	0,6897	0,4828	0,2414	-													
BLC	0,6897	0,6896	0,6207	0,6552	0,6207	0,5517	0,5862	-												
BP	0,5517	0,4483	0,5517	0,5517	0,6552	0,5172	0,6896	0,5517	-											
CA	0,4827	0,5862	0,6207	0,5172	0,6897	0,5862	0,6207	0,6552	0,5172	-										
LI	0,5172	0,4828	0,5172	0,3448	0,4483	0,6552	0,6207	0,6552	0,5172	0,5172	-									
ML	0,4828	0,4483	0,3103	0,3448	0,6207	0,6552	0,6552	0,5517	0,4483	0,4138	0,4482	-								
MO	0,5862	0,5172	0,5517	0,5862	0,4483	0,5862	0,4828	0,5517	0,5517	0,6207	0,3448	0,5517	-							
NA	0,7241	0,6897	0,6207	0,6207	0,3448	0,3793	0,3448	0,5172	0,6207	0,6897	0,4483	0,6897	0,3103	-						
PI	0,6897	0,5517	0,6897	0,5517	0,7241	0,4828	0,6207	0,4138	0,3448	0,5172	0,5517	0,4828	0,5517	0,5862	-					
RE	0,8621	0,7586	0,8276	0,6897	0,5862	0,5172	0,4828	0,6207	0,7241	0,8276	0,6552	0,9655	0,5517	0,4827	0,6897	-				
RG	0,7931	0,4828	0,6897	0,5517	0,5862	0,6552	0,6207	0,5862	0,4828	0,6897	0,4827	0,6897	0,4828	0,6207	0,3448	0,4483	-			
SA	0,5862	0,6552	0,5173	0,5862	0,4483	0,5862	0,5172	0,7586	0,6551	0,5862	0,5862	0,5862	0,5862	0,5517	0,7241	0,7241	0,6896	-		
TU	0,5517	0,7241	0,4828	0,5517	0,5172	0,6552	0,5862	0,6207	0,6207	0,3793	0,4483	0,3793	0,4483	0,5517	0,6207	0,7931	0,6897	0,4138	-	
PA	0,7241	0,5517	0,5862	0,5862	0,5862	0,6207	0,6207	0,3793	0,5517	0,8621	0,5517	0,6207	0,5172	0,5518	0,4483	0,5172	0,3448	0,7586	0,7931	-

0,2414 entre Berrenda en Negro y Berrenda en Colorado, y 0,9655 entre Retinta y Mantequera Leonesa.

El dendrograma generado mediante el programa KITSCH se muestra en la Figura 2. Se pueden observar dos grupos bien diferenciados. Por una parte el "cluster" formado por las razas Tudanca, Cachena, Mantequera Leonesa, Asturiana de la Montaña, Asturiana de los Valles, Limiana, Alistana Sanabresa, Albera y Sayagüesa, que se corresponde al grupo B anteriormente descrito, con la salvedad de la raza Sayagüesa, y por otra parte todas las demás razas. Dentro de este último grupo observamos a su

vez tres subgrupos bien diferenciados, aunque se nos presenta una tricotomía, no resuelta, entre los tres subgrupos. La población Retinta aparece claramente separada del resto de las razas. Otro "cluster" sería el formado por las razas Palmera, Rubia Gallega, Pirenaica, Bruna dels Pirineus y Blanca Cacereña, que se corresponde con las poblaciones integrantes del grupo A, y el tercer "cluster" que comprende a las restantes razas; Negra Andaluza, Morucha, Avileña, Berrenda en Negro y Berrenda en Colorado.

Dentro de los grupos se pueden observar relaciones más estrechas entre las diferen-

tes razas, como por ejemplo, los "clusters" formados por Tudanca y Cachena, Mantenera Leonesa y Asturiana de la Montaña, Palmera y Rubia Gallega, Pirenaica y Bruna dels Pirineus, Negra Andaluza y Morucha o Berrenda en Negro y Berrenda en Colorado, por citar algunos.

El programa ha examinado 3508 posibles árboles, resultando el que muestra la figura, el que mejor se adapta a la matriz de datos introducidos, tomando un valor de 9,272 la suma de cuadrados y siendo del 15,66% el porcentaje de desviación estándar.

Discusión

El valor promedio de distancia entre las poblaciones bovinas españolas ($0,5728 \pm 0,1184$), es de una magnitud muy similar al obtenido entre razas de otras especies, como por ejemplo la canina y ovina, donde el promedio de distancia morfológica interracial toma unos valores de $0,5729 (\pm 0,1562)$ (JORDANA, 1989) y $0,5481 (\pm 0,5481 (\pm 0,1261))$ (JORDANA y RIBO, datos no publicados), respectivamente.

Se observa un claro paralelismo entre los dendrogramas obtenidos del análisis cualitativo y cuantitativo, pudiéndose apreciar, con algunas excepciones, varios grupos bien definidos y anteriormente descritos.

SÁNCHEZ BELDA (1984) engloba a los bovinos españoles en tres troncos étnicos: Tronco Turdetano (Bóvido rojo convexo), Tronco Ibérico (Bóvido negro ortoide) y Tronco Cantábrico (Bóvido castaño cóncavo). El mismo autor señala la posibilidad de distinguir un cuarto Tronco étnico ancestral al que denomina "Africano", aunque la escasísima representatividad de estos bovinos, según dicho autor, no justifica ser tenido en cuenta. En términos generales

nuestros resultados concuerdan con dicha clasificación.

De forma general, los dos grandes grupos generados (Figura 2) se corresponden, el superior al Tronco Cantábrico y el inferior con los integrantes de los Troncos Turdetano e Ibérico. El dendrograma generado puede ser considerado como una estimación de la filogenia (FELSENSTEIN, 1984, 1986), por lo que se puede aventurar que los Troncos Turdetano e Ibérico están relacionados y descienden de un hipotético antecesor común. SÁNCHEZ BELDA (1984) señala que numerosos autores engloban al Tronco Rojo y al Tronco Negro bajo el común calificativo de Tronco Ibérico.

Los orígenes de los bovinos domésticos (EPSTEIN, 1972; AUPETIT, 1985; GROSCLAUDE *et al.*, 1990) y en particular de los españoles (SÁNCHEZ BELDA, 1984; GONZÁLEZ *et al.*, 1987) no están del todo claros. Sin embargo, nuestros resultados apoyan la hipótesis, mantenida también por GONZÁLEZ *et al.*, (1987), sobre el origen difilético de las razas españolas, procedentes de los troncos ancestrales del *Bos primigenius* y *Bos brachyceros*.

Los primeros bovinos domesticados datan del año 6.000 antes de J.C. (EPSTEIN, 1972; GROSCLAUDE *et al.*, 1990), localizados en las zonas de Mesopotamia, India y Asia Menor (*Bos primigenius*), animales de cuernos largos que cruzando el Bósforo se introducen en Europa Central diseminándose por diferentes regiones, entre ellas la Península Ibérica y dando lugar a las razas que hoy día integramos en el Tronco Cantábrico. Un buen representante, de grandes cuernos, sería la raza Cachena o Pisca. Más tarde, aproximadamente hacia el año 4.000 antes de J.C. aparecen los bovinos de cuernos cortos (*Bos brachyceros*), seleccionados, sin duda a partir de los precedentes, en la misma región (GROSCLAUDE *et al.*,

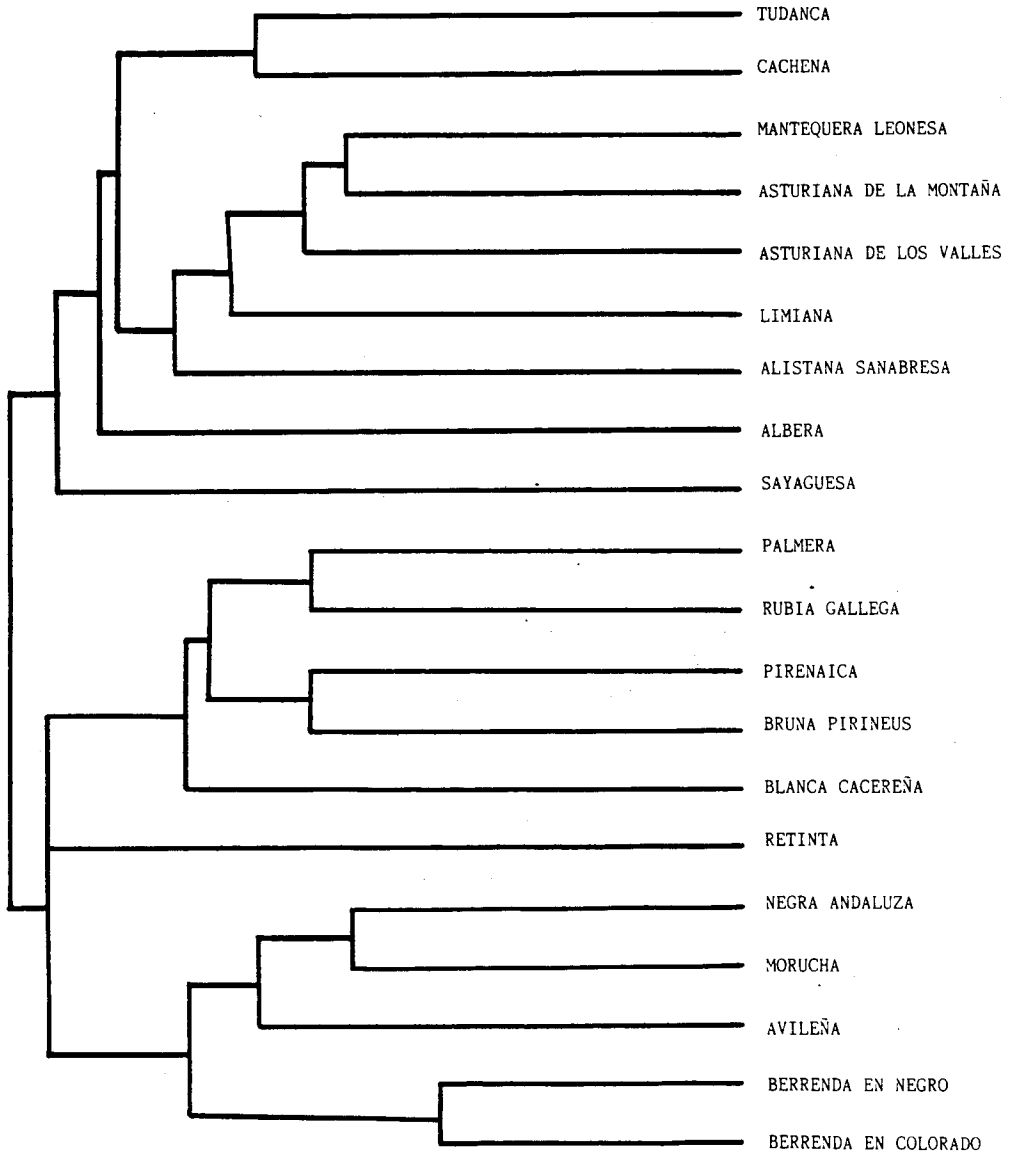


Figura 2. Dendrograma de las razas bovinas españolas, obtenido mediante el programa KITSCH, a partir del análisis cuantitativo de los datos morfológicos, aplicando el método de FITCH y MARGOLIASH (1967), asumiendo contemporaneidad de los UTOs.

1990). Estos bovinos, vía Egipto, bordean la costa mediterránea, entrando por el Estrecho de Gibraltar en la Península Ibérica (SÁNCHEZ BELDA, 1984) y dando lugar a las razas de los Troncos Ibérico y Turdetano.

Tronco Cantábrico

Entre las relaciones estables que aparecen en el presente estudio (correspondencia entre dendrogramas cualitativos y cuantitativos) podemos citar: el grupo formado por Tudanca, Cachena, Mantequera Leonesa, Asturiana de la Montaña, Asturiana de los Valles, Limiana, Alistana –Sanabresa y Albera, descendientes del Tronco Cantábrico, estando de acuerdo nuestra clasificación con la propuesta por SÁNCHEZ BELDA (1984, 1986).

En cuanto a la raza Albera (autóctona del Empordà, comarca del norte de Girona), tanto el análisis cualitativo como el cuantitativo le asignan su pertenencia al Tronco Cantábrico. No obstante, SÁNCHEZ BELDA (1984) nos dice que es muy arriesgado aventurar un juicio sobre el origen de dicha raza, aunque por su aspecto difiere poco de los bovinos del Tronco Ibérico, por lo que cabría suponerla (según dicho autor) como un enclave residual de dicho Tronco.

Sin embargo, debido al lugar que ocupa, tanto en el dendrograma cualitativo como cuantitativo, y fijándonos preferentemente en el árbol de la Figura 2, podemos observar que aparece perfectamente diferenciada del resto de razas que integran dicho tronco ancestral, indicándonos que debió separarse relativamente pronto del tronco común, habiendo permanecido bastante uniforme a través de los tiempos con pocas aportaciones de razas foráneas, o por los menos de las que integran este estudio.

La raza Sayagüesa, la consideramos de difícil ubicación, pues el análisis cualitativo de los caracteres morfológicos (Figura 1) la incluye dentro del Tronco Ibérico, mientras que el análisis cuantitativo (Figura 2) nos la integra en el Tronco Cantábrico. SÁNCHEZ BELDA (1984, 1986) la encuadra como descendiente directo del *Bos taurus ibericus*, indicando que ofrece una clara gemelaridad con la raza Avileña-Negra Ibérica y parentesco próximo a la raza Morucha. Sin embargo GONZÁLEZ y VALLEJO (1983) la integran en la agrupación bovina Morenas del Noroeste, conjuntamente con las razas Limiana, Alistana –Sanabresa y Cachena, entre otras, de claro encuadre en el Tronco Cantábrico.

El estudio del polimorfismo bioquímico de diez marcadores genéticos, realizado por GONZÁLEZ *et al.* (1987) en siete razas bovinas españolas y la posterior interpretación de las relaciones genéticas existentes entre ellas, no ayudan a resolver el problema del entronque racial de dicha población, ya que, aunque la menor distancia de NEI (1972) corresponde al par Sayagüesa – Morucha (0,007), el mismo valor aproximado le corresponde al par Sayagüesa –Asturiana de los Valles (0,009), formando a su vez un grupo bien definido las siguientes poblaciones: Sayagüesa, Asturiana de la Montaña, Asturiana de los Valles y Morucha, las dos Asturianas pertenecientes al Tronco Cantábrico y la Morucha al Tronco Ibérico.

Tronco Turdetano

Otro conjunto de razas que muestra una fuerte relación en los análisis efectuados, es el formado por Palmera, Rubia Gallega, Pirenaica, Bruna dels Pirineus y Blanca Cacerenseña, pudiendo ser los descendientes del llamado *Bos taurus turdetanus*. La clasificación se corresponde con la propuesta por

SÁNCHEZ BELDA (1984, 1986), con dos salvedades; la primera la raza Blanca Cacerña, y la segunda la raza Retinta.

El análisis de los caracteres morfológicos engloba a la Blanca Cacerña en el grupo del Tronco Turdetano (Figuras 1 y 2), aunque cabe decir que bastante separada del "cluster" común que forman Palmera, Rubia Gallega, Bruna dels Pirineus y Pirenaica, de forma similar a lo que sucedía con la raza Albera.

Según SÁNCHEZ BELDA (1984, 1986) el origen de la Blanca Cacerña es desconocido, y se basa en testimonios murales de distintas cuevas prehistóricas (Tassili, Hermon) para asignarle un origen africano. Por su parte AMBRONA (1985), basándose en la información aportada por cuatro loci genéticos sugiere un origen asiático, indicado una posible influencia en la formación de esta raza del *Bos indicus*. Sin embargo, SOTILLO y SERRANO (1985) afirman que desciende del *Bos desertorum*, aunque sin conservar sus más plenas características. Este *Bos desertorum* sería una variante del *Bos brachyceros*, anteriormente comentado, y del que descenderían el Tronco Turdetano y el Tronco Ibérico, según la teoría difilética. SÁNCHEZ BELDA (1984) está totalmente en desacuerdo con la atribuida ascendencia del *Bos desertorum*, cuyos derivados muestran mucosas pigmentadas, cuernos en lira alta y morfología propia del Tronco Podólico a que pertenecen, bien distinta, continúa dicho autor, a la raza Blanca Cacerña.

GONZÁLEZ *et al.* (1987) en el estudio bioquímico sobre las relaciones genéticas entre siete razas bovinas españolas, encuentran que Blanca Cacerña dista mucho genéticamente de las seis restantes razas, oscilando la distancia de NEI (1972) entre unos valores extremos de 0,149 con respecto a Cárdena Andaluza, y 0,180 con respecto a Alistana - Sanabresa. Los valores

de distancia entre las otras seis razas oscilaban en un rango comprendido entre 0,007 y 0,057. No obstante, cabe decir, que en el estudio realizado no se incluía ninguna raza del Tronco Turdetano.

En cuanto a la Retinta, incluida por SÁNCHEZ BELDA (1984, 1986) como raza más representativa del Tronco Rojo Convexo o Turdetano, señalar que el análisis cualitativo (Figura 1) la incluye dentro del Tronco Ibérico, así como a la raza Berrenda en Colorado que según dicho autor, podría derivar del mismo tronco étnico que la Retinta. El dendrograma cuantitativo (Figura 2), que como hemos dicho puede ser considerado como una estimación de la filogenia (FELSENSTEIN, 1986), sitúa la Retinta en una posición intermedia entre los dos grupos (Turdetano e Ibérico), indicándonos que sería la raza más ancestral, o la primera que se separó del hipotético Tronco Común Ibérico, entendiéndolo por tronco común el conjunto de las razas que pertenecen al Tronco Rojo y al Tronco Negro, al que hace referencia SÁNCHEZ BELDA (1984).

Sin embargo, el menor valor de distancia hallado (Cuadro 3) le corresponde a la Rubia Gallega (0,4483), indicándonos que existe una importante relación morfológica entre ambas razas. ALTARRIBA *et al.* (1977) a partir del estudio de ocho loci génicos, correspondientes a cuatro sistemas de grupos sanguíneos y cuatro polimorfismos bioquímicos, también encuentran valores de distancia pequeños entre estas dos razas, lo que indica, asimismo, la existencia de una cierta relación filogenética entre ambas poblaciones.

Dentro del grupo que forma el Tronco Turdetano, podemos apreciar unas estrechas relaciones entre las poblaciones de Palmera y Rubia Gallega, mostrándose dicho "cluster" estable en ambos dendrogramas. El índice de distancia morfológico (0,3448)

es de los valores más bajos encontrados. Estos resultados están en consonancia con lo propuesto por SÁNCHEZ BELDA (1984) que considera a la Palmera descendiente directa de la Rubia Gallega. Cabe señalar asimismo la estrecha relación que le asigna ARDOY (citado por SÁNCHEZ BELDA, 1984) a la raza Palmera con respecto a la Blanca Cacerreña.

Y ya por último, dentro de este grupo, mencionar el que forman las poblaciones de Pirenaica y Bruna dels Pirineus. La relación filogenética existente entre ambas razas está de acuerdo con la propia historia y formación de la Bruna dels Pirineus, ya que dicha población sería el resultado de una lejana fusión de la antigua vaca autóctona, que podría ser, según manifestaciones de antepasados, un ecotipo de la Pirenaica, con la Parda Alpina (BENERIA, 1988; MARTELL, 1989).

Tronco Ibérico

Dos grupos bien definidos se nos forman dentro del Tronco Ibérico. Por una parte el integrado por Negra Andaluza, Morucha y Avileña, y por otra las dos razas Berrendas (Negra y Colorada). Esta relación se mantiene en los dos tipos de análisis efectuados. Los resultados están de acuerdo, en términos generales, con la clasificación propuesta por SÁNCHEZ BELDA (1984, 1986).

Existen discrepancias en cuanto a la ubicación dentro de este grupo de la raza Berrenda en Colorado, pues aunque en nuestro estudio se localice perfectamente, en ambos dendrogramas (Figura 1 y 2), dentro del mismo, SÁNCHEZ BELDA (1984, 1986) basándose en el parecido de la arquitectura craneana y del pigmentado de las mucosas que mantiene con la raza Retinta, aventura la hipótesis de que podría descender del

mismo tronco étnico que ésta. Esta hipótesis no se contradice con nuestros resultados, si tenemos en cuenta la estructura de los árboles generados y la filogenia propuesta y anteriormente comentada para la raza Retinta, y para el Tronco Común Ibérico en general.

Sin embargo, el mismo autor reconoce que el origen de la raza es desconocido, proponiendo además otra posible hipótesis que le asignaría ascendencia africana, la cual tampoco es contradictoria si nos remontamos en el tiempo y recordamos la ascendencia del Tronco Turdetano e Ibérico a partir de *Bos brachyceros*. No obstante, creemos poco acertada esta segunda hipótesis ya que si Berrenda en Colorado descende directamente de algún Tronco Africano que llegó a la Península con posterioridad al asentamiento del Turdetano e Ibérico, las ramas del "cluster" que forma con los otros integrantes (ver Figura 2), serían diferentes, existiendo una mayor separación con respecto a las otras, de una forma más o menos similar a lo que puede suceder con Blanca Cacerreña o incluso con la raza Albera.

Con respecto a la raza Sayaguesa, que SÁNCHEZ BELDA (1984, 1986) incluye como descendiente directo del *Bos taurus ibericus*, ya hemos comentado que la consideramos de difícil ubicación.

Como comentario final, señalar que este trabajo sólo intenta aportar nuevos puntos de vista a las relaciones existentes entre las razas bovinas españolas, obtenidos a partir de fuentes de información morfológicas, analizadas mediante la utilización de los métodos de taxonomía numérica. Otros estudios que aportaran información de nuevas fuentes, además de las históricas y morfológicas, tales como los loci marcadores sanguíneos (incluyendo a poder ser todas las poblaciones bovinas españolas y anali-

