

# RELACIONES FILOGENETICAS ENTRE RAZAS OVINAS ESPAÑOLAS OBTENIDAS A PARTIR DEL ESTUDIO DE CARACTERES MORFOLOGICOS

J. JORDANA

O. RIBO

Unitat de Millora Genètica Animal  
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 ovinas españolas, a partir del análisis cualitativo y cuantitativo de datos procedentes de 28 caracteres morfológicos.

La distancia promedio entre razas, obtenida mediante el índice de distancia morfológico, toma un valor de  $0,5481 \pm 0,1261$ , con unos valores extremos de 0,1071 entre Alcarreña y Castellana, y 0,8571 para el par Manchega-Canaria.

Los dendrogramas obtenidos, mediante la utilización de los métodos de la parsimonia de Wagner y de Fitch y Margoliash, indican la formación de tres grandes grupos. Uno formado por la raza Merina, único representante del tronco ancestral del *Ovis aries turdetanus*. Otro formado por las razas del tronco churro, descendientes del *Ovis aries célticus*. Y, por último, las razas integrantes del tronco ancestral del *Ovis aries celtibéricus*. Dentro de este último se observa como una agrupación o cluster bien definido, varias razas integradas por diferentes etnólogos, como descendientes del tronco del *Ovis aries ibéricus*.

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

**PALABRAS CLAVE:** Ovinos españoles  
Caracteres morfológicos  
Dendrograma razas

## INTRODUCCION

Las relaciones genéticas existentes entre algunas razas ovinas españolas han sido estudiadas utilizando el polimorfismo bioquímico, constancia de ello son los trabajos de Altarriba y Lamuela (1977), Vallejo *et al.* (1979, 1989), Rodero *et al.* (1982) y Ordás y San Primitivo (1986).

La información aportada por caracteres morfológicos puede ser de gran ayuda para complementar los estudios realizados sobre realizaciones filogenéticas de las razas ovinas españolas, gracias a los avances de las técnicas estadísticas de análisis multivariante que permiten un tratamiento diferente de la información generada, como lo demuestran los

---

Recibido: 18-2-91

Aceptado para su publicación: 4-9-91

trabajos realizados por Altarriba *et al.* (1979) y Agüera *et al.* (1989), así como la aplicación de los métodos de Taxonomía Numérica (Sneath, Sokal, 1973) a los datos procedentes de caracteres morfológicos.

En este trabajo se presenta un estudio de las relaciones entre ovinos españoles, analizando para ello el grado actual de semejanza existente entre dichas poblaciones, a partir del análisis cualitativo y cuantitativo de la información generada por caracteres morfológicos.

### MATERIAL Y METODOS

Se han sometido a estudio un total de 20 poblaciones ovinas españolas: Alcarreña (AL), Rasa Aragonesa (AR), Canaria (CAN), Castellana (CAS), Churra (CHU), Gallega (GA), Guirra (GUI), Lacha (LA), Mallorquina (MALL), Manchega (MAN), Merina (MER), Montesina (MON), Ojalada (OJ), Ripollesa (RI), Roja Mallorquina (RM), Segureña (SE), Talavera (TA), Vasca (VA), Roya Bilbilitana (RB) y Chisqueta (CH).

A efectos de realizar un análisis cualitativo y cuantitativo de los datos obtenidos a partir de caracteres morfológicos, establecidos sobre un individuo ideal, representativo de cada una de las 20 poblaciones ovinas en estudio, se han considerado un total de 28 caracteres, obtenidos a partir de los estándares oficiales del Catálogo de Razas Autóctonas Españolas (Esteban, Tejón, 1980), y de las descripciones dadas por Sotillo y Serrano (1985) y Sánchez Belda y Sánchez Trujillano (1986). Los caracteres utilizados y el estado de los mismos se muestran en la Tabla 1. Todos los análisis han sido efectuados utilizando diferentes programas del paquete informativo PHYLIP (Felsenstein, 1986).

**TABLA I**  
**CARACTERES Y ESTADOS DE LOS MISMOS, UTILIZADOS EN LA CONSTRUCCION DE LA MATRIZ DE SEMEJANZAS MORFOLOGICAS**

*Characters and theirs states, used for the construction of the morphological resemblances matrix*

(A) <b>Perfil cefálico</b> 0. Recto 1. Subconvexo 2. Convexo 3. Cóncavo	(B) <b>Tamaño corporal</b> 0. Eumétrico 1. Hiperométrico 2. Elipométrico
(C) <b>Proporciones long/anch</b> 0. Mesolíneo 1. Brevilíneo 2. Longilíneo	(D) <b>Tamaño de la cabeza</b> 0. Grande 1. Mediana 2. Pequeña
(E) <b>Lana en la cabeza</b> 0. Con lana 1. Sin lana	(F) <b>Cuernos</b> 0. Presencia en los dos sexos 1. Ausencia en los dos sexos 2. Presencia en machos y ausencia en hembras 3. Presencia o ausencia en los dos sexos
(G) <b>Tamaño de las orejas</b> 0. Grandes 1. Medianas 2. Pequeñas	(H) <b>Dirección de las orejas</b> 0. Horizontales 1. Ligeramente inclinadas 2. Caidas
(I) <b>Longitud del cuello</b> 0. Corto 1. Medio 2. Largo	(J) <b>Dirección de la línea dorso-lumbar</b> 0. Horizontal 1. Ascendente hacia delante 2. Ascendente hacia atrás

TABLA 1 (cont.)

**CARACTERES Y ESTADOS DE LOS MISMOS, UTILIZADOS EN LA CONSTRUCCION DE LA MATRIZ DE SEMEJANZAS MORFOLOGICAS**

*Characters and theirs states, used for the construction of the morphological resemblances matrix*

<b>(K) Pliegues en cuello</b> 0. Presencia 1. Ausencia	<b>(L) Longitud del tronco</b> 0. Corto 1. Medio 2. Largo 3. Muy largo
<b>(M) Inclinación de la grupa</b> 0. Horizontal 1. Ligeramente caída 2. Caída o inclinada	<b>(N) Uniformidad de la capa</b> 0. Uniforme (sin manchas) 1. Pigmentación centrifuga alrededor de los ojos, punta de las orejas, labios, morro y partes distales de las extremidades 2. Blanca uniforme y en la variedad negra con una mancha en la nuca y en el extremo de la cola 3. Otros patrones de pigmentación
<b>(Ñ) Color del vellón</b> 0. Blanco 1. Blanco o negro 2. Mezcla de rojo y blanco 3. Mezcla de rojo y negro	<b>(O) Longitud de las extremidades</b> 0. Largas 1. Medias 2. Cortas
<b>(P) Tipo de piel</b> 0. Delgada 1. Semigruesa 2. Gruesa	<b>(Q) Arrugas en la piel</b> 0. Con 1. Sin
<b>(R) Mucosas</b> 0. Pigmentadas 1. Despigmentadas	<b>(S) Pelo de cobertura</b> 0. «Pelifino» 1. «Barrosa» 2. Los dos, dependiendo del color de la capa
<b>(T) Color predominante de la capa</b> 0. Blanca 1. Roja-negra 2. Rubia 3. Blanca o negra	<b>(U) Tipo de vellón</b> 0. Abierto 1. Semiabierto 2. Cerrado
<b>(V) Finura de las fibras</b> 0. Finas o muy finas (13-23 $\mu$ ) 1. Grosor medio (24-29 $\mu$ ) 2. Gruesas (30-40 $\mu$ ) 3. Muy gruesas (> 40 $\mu$ )	<b>(W) Vellón en extremidades</b> 0. Hasta el 1/3 sup. del brazo y pierna 1. Hasta el 1/3 sup. del brazo y 2/3 sup. pierna 2. Hasta rodillas y corvejones 3. Hasta pezuñas
<b>(X) Tipos de mechas</b> 0. Piramidales 1. Rectangulares 2. Trapezoidales	<b>(Y) Longitud de las fibras</b> 0. Muy cortas, hasta 7 cm 1. Cortas, hasta 8 cm 2. Medias, hasta 12 cm 3. Largas, más de 15 cm
<b>(Z) Tipo de lana</b> 0. Fina 1. Fina-entrefina 2. Entrefina 3. Basta	<b>(A') Aptitud</b> 0. Carne 1. Carne-lana 2. Carne-leche 3. Leche

Para el *análisis cualitativo*, el programa utilizado requiere que los caracteres discretos sean codificados en series (0,1), es decir, con dos estados, denotando ausencia o presencia del carácter (Jordana *et al.*, 1991). La matriz de semejanzas morfológicas se muestra en la Tabla 2.

**TABLA 2**  
**MATRIZ DE SEMEJANZAS MORFOLOGICAS**  
*Morphological resemblance matrix*

CARACTERES	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	Ñ	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	A'	
RAZAS																													
ALCARREÑA	1	0	0	2	1	1	1	0	2	0	1	1	1	2	1	1	2	1	1	1	1	3	2	1	0	1	1	2	2
RASA ARAGONESA	2	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	2	1	2	1	0	2	1	
CANARIA	0	2	1	2	0	2	1	0	0	1	1	0	1	3	1	2	2	1	0	2	3	0	2	2	0	3	3	3	
CASTELLANA	1	0	0	0	1	1	1	0	2	0	1	1	1	2	1	1	2	1	1	0	3	2	1	2	1	1	2	2	
CHURRA	0	0	2	1	1	2	1	0	2	2	1	3	1	1	0	1	2	1	0	1	0	0	3	2	0	3	3	3	
GALLEGA	0	2	0	2	0	2	1	0	1	0	1	0	2	0	0	1	1	1	0	0	0	2	1	2	1	1	2	0	
GUIRRA	2	0	2	1	1	1	1	1	2	0	1	3	1	0	2	0	0	1	0	0	1	2	0	0	1	0	0	0	
LACHA	0	0	2	1	0	1	0	1	0	2	0	1	3	2	3	0	0	2	1	0	0	0	0	3	2	0	3	3	
MALLORQUINA	1	0	2	1	0	2	1	0	0	1	1	2	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	2	0	2	3	0	
MANCHEGA	2	1	2	0	1	1	0	1	2	0	1	2	0	2	1	0	0	1	1	0	3	2	1	1	1	2	2	2	
MERINA	3	0	0	1	0	3	2	0	0	0	0	0	2	0	0	2	0	0	1	0	0	2	0	3	1	2	0	1	
MONTESINA	1	0	0	1	1	1	0	0	2	0	1	2	1	1	0	1	2	1	0	1	0	1	1	2	1	1	2	0	
OJALADA	1	2	2	2	1	1	0	0	2	0	1	1	2	1	0	1	2	1	0	1	0	1	1	1	2	2	2	0	
RIPOLLESA	2	0	2	0	1	2	1	0	1	0	0	3	1	3	0	2	2	0	0	1	0	2	1	2	1	1	2	0	
ROJA MALLORQUINA	1	0	0	1	1	2	0	0	2	0	1	3	1	0	2	2	0	1	0	0	1	1	1	2	2	1	2	0	
SEGUREÑA	1	0	2	1	1	1	1	0	2	0	1	3	2	0	0	0	0	1	1	0	0	2	0	1	1	1	2	0	
TALAVERANA	0	0	0	2	0	1	1	0	0	0	1	2	1	0	0	2	1	1	1	0	0	2	1	2	1	1	1	1	
VASCA	2	1	2	0	1	0	0	2	2	0	1	3	1	0	0	0	2	1	1	0	2	0	2	2	0	3	3	3	
ROYA BILBILTANA	1	0	2	1	1	3	2	0	0	0	1	3	1	3	3	1	2	1	0	0	1	1	1	2	1	1	2	0	
CHISQUETA	2	0	1	2	1	1	1	0	0	0	1	0	1	1	0	2	2	1	0	0	0	1	1	1	2	1	2	0	

Se ha utilizado el programa MIX del paquete informático PHYLIP para construir el dendrograma de las razas ovinas 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 la parsimonia 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 Merina 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 de la Tabla 2, según la siguiente ecuación (Sneath, Sokal, 1973):

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

siendo,

$n$  = número total de caracteres (28 caracteres)

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

$z_k(i, j) = 0$  si  $z_k(i) = z_k(j)$

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

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

El programa utilizado para la construcción del dendrograma es el KITSCH, del paquete informativo PHYLIP (Felsenstein, 1986), habiéndose aplicado el método de Fitch y Margoliash (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 árbol, desde la población  $i$  a la  $j$  (distancia patrística).

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, permitiéndonos diferenciar tres grandes grupos. Por una parte, el formado por las razas Chisqueta, Ojalada, Montesina, Roya Bilbilitana, Roja Mallorquina, Rasa Aragonesa, Gallega, Ripollesa, Alcarreña, Castellana, Manchega, Segureña y Guirra (Grupo A), pudiéndose apreciar, asimismo, tres subgrupos más estrechamente relacionados: el primero, formado por las razas Chisqueta, Ojalada, Montesina, Roya Bilbilitana y Roja Mallorquina; el segundo, por las razas Ripollesa, Gallega y Rasa Aragonesa, y el tercero, por Castellana, Alcarreña y Manchega. Otro cluster sería el integrado por las razas Mallorquina, Vasca, Canaria, Churra y Lacha (Grupo B). Y, por último, la raza Talarana, que formaría un grupo diferenciado de los demás.

Para la construcción del dendrograma, el método de parsimonia de Wagner ha necesitado 187 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 ovinas españolas que se muestran en la Tabla 3. La distancia promedio entre razas toma un valor

**TABLA 3**  
**MATRIZ DE DISTANCIAS MORFOLOGICAS ENTRE LAS RAZAS OVINAS ESPAÑOLAS**  
*Morphologic distance matrix between Spanish sheep breeds*

RAZAS	AL	AR	CAN	CAS	CHU	GA	GUI	LA	MA	MAN	MER	MON	OJ	RI	RM	SE	TA	VA	RB	CH
AL	—																			
AR	0,3928	—																		
CAN	0,6786	0,7857	—																	
CAS	0,1071	0,3214	0,6786	—																
CHU	0,6071	0,5714	0,4643	0,6071	—															
GA	0,5357	0,3571	0,5714	0,5000	0,6071	—														
GUI	0,5714	0,4643	0,8214	0,5714	0,6071	0,6428	—													
LA	0,6428	0,6071	0,4643	0,6071	0,2500	0,5357	0,5714	—												
MA	0,6786	0,4643	0,5714	0,6071	0,5000	0,6071	0,5357	—												
MAN	0,4643	0,5714	0,8571	0,3928	0,8214	0,7143	0,5000	0,7143	—											
MER	0,7500	0,5357	0,8214	0,7143	0,8214	0,5714	0,6428	0,7500	0,6071	0,7143	—									
MON	0,3571	0,3928	0,7500	0,3571	0,4286	0,4643	0,5714	0,5714	0,5000	0,6071	0,7143	—								
OJ	0,4643	0,5714	0,7500	0,5357	0,5357	0,5000	0,6786	0,5357	0,6071	0,5714	0,7857	0,2857	—							
RI	0,5357	0,4643	0,6786	0,5000	0,5000	0,4643	0,5714	0,5357	0,6071	0,6786	0,6428	0,4286	0,5714	—						
RM	0,5357	0,5000	0,7143	0,4643	0,5714	0,5000	0,4286	0,6071	0,5000	0,6428	0,6786	0,3214	0,5000	0,5000	—					
SE	0,4643	0,3928	0,8571	0,4286	0,5714	0,4643	0,3214	0,4643	0,4643	0,5000	0,4286	0,4643	0,4643	0,5000	0,4286	—				
TA	0,4643	0,2857	0,6071	0,4286	0,6428	0,3214	0,6071	0,5714	0,3928	0,6428	0,4643	0,4643	0,6786	0,6786	0,6428	0,6071	—			
VA	0,7143	0,6071	0,6071	0,6071	0,4643	0,7500	0,5714	0,3571	0,5714	0,5357	0,8214	0,6428	0,6786	0,6428	0,6071	0,5714	0,6786	—		
RB	0,5000	0,5000	0,6786	0,4286	0,5357	0,5357	0,5000	0,5357	0,5000	0,6786	0,6786	0,3214	0,5000	0,4286	0,3214	0,4643	0,5714	0,6428	—	
CH	0,5000	0,4643	0,5714	0,5000	0,5714	0,4643	0,5714	0,5357	0,5357	0,6428	0,6786	0,3571	0,3571	0,4286	0,4286	0,4643	0,4286	0,6786	0,4286	—

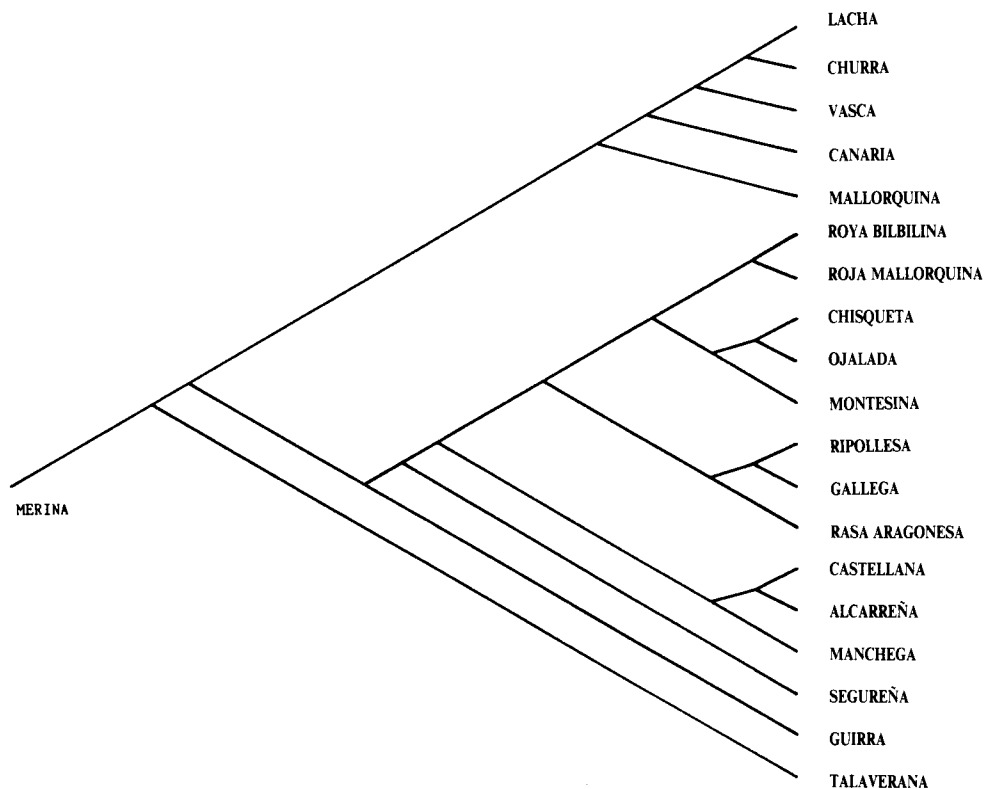


Fig. 1.—Dendrograma obtenido mediante la aplicación del método de parsimonia de Wagner, a partir del análisis cualitativo de los datos morfológicos.

*Qualitative analysis of morphological data. Dendrogram resulting from the application of Wagner parsimony.*

de  $0,5481 \pm 0,1261$ , con unos valores extremos de 0,1071 entre Alcarreña y Castellana, y 0,8571 entre Canaria y Manchega. Resultados similares se han obtenido entre razas de otras especies, como por ejemplo la canina y bovina, donde el promedio de distancia morfológica interracial toma unos valores de  $0,5729 \pm 0,1562$  (Jordana, 1989) y  $0,5728 \pm 0,1184$  (Jordana *et al.*, 1991), respectivamente.

El dendrograma generado mediante el programa KITSCH se muestra en la Figura 2. Se pueden observar tres grupos bien diferenciados, aunque se nos presenta una tricotomía, no resuelta, entre los tres grupos. Por una parte, la población Merina aparece claramente separada del resto de las razas. Otro cluster sería el formado por las razas Lacha, Churra, Vasca y Canaria, que se corresponde al grupo B anteriormente descrito, y el tercer cluster que comprende a todas las demás razas. Dentro de los grupos se pueden observar relaciones más estrechas entre las diferentes razas, como por ejemplo, los clusters formados por Segureña y Guirra, Ojalada, Montesina y Chisqueta, Castellana y Alcarreña o Lacha y Churra, por citar algunos.

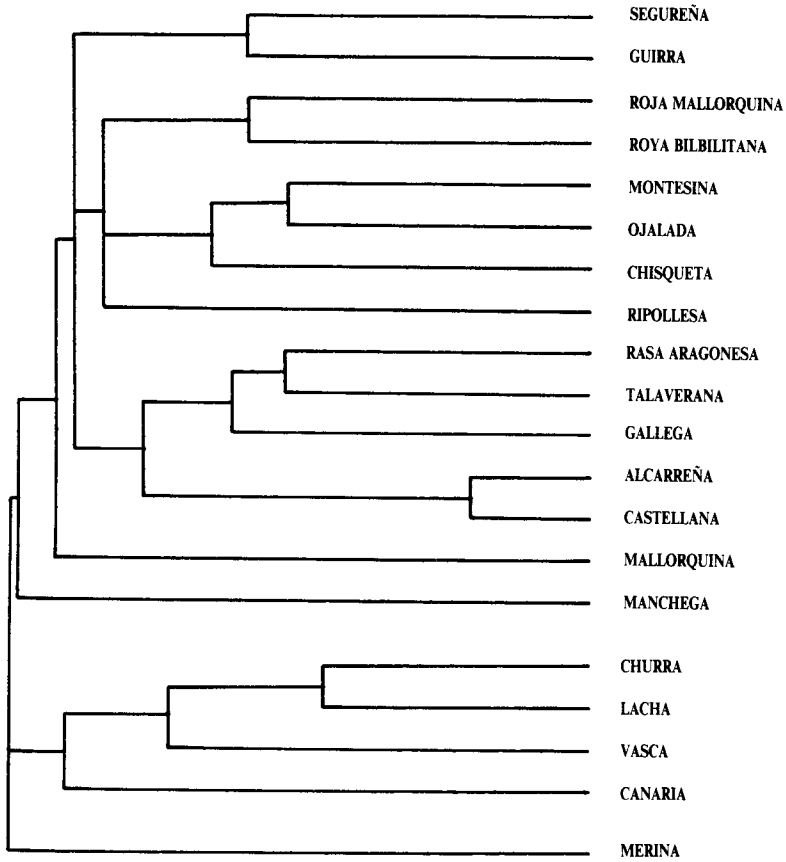


Fig. 2.—Dendrograma obtenido mediante el programa KITSCH, a partir del análisis cuantitativo de los datos morfológicos, aplicando el método de Fitch y Margoliash (1967), asumiendo contemporaneidad de los OTUs.

*Quantitative analysis of morphological data, by applying Fitch and Margoliash's method (1967), assuming contemporariness of the OTUs (KITSCH program in PHYLIP package).*

El programa ha examinado 3.350 posibles árboles, resultando el que muestra la Figura, el que mejor se ajusta a la matriz de datos introducidos, tomando un valor de 7,959 la suma de cuadrados y siendo del 14,51 p. 100 el porcentaje de desviación estándar.

## DISCUSION

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 y Sánchez Trujillano (1986, 1990) engloban a los óvidos españoles en cuatro troncos étnicos: *Ovis aries turdetanus*, *Ovis aries célticus*, *Ovis aries celtibéricus* y



*Ovis aries ibericus*. En términos generales, nuestros resultados concuerdan con dicha clasificación.

Si nos fijamos en el dendrograma de la Figura 2, podemos observar que la raza Merina aparece claramente diferenciada del resto de las razas, siendo el único representante del *O. a. turdetanus*. El cluster formado por las razas Lacha, Churra, Vasca y Canaria se corresponde al tronco ancestral del *O. a. célticus*, denominado por otros autores también con el nombre de *Ovis aries studeri* (Esteban, Tejón, 1980).

Según Sánchez Belda y Sánchez Trujillano (1986, 1990), los representantes del *O. a. ibericus* serían las razas Ojalada, Montesina y Chisqueta, lo cual concuerda con nuestros resultados, pero no observamos que formen un tronco claramente definido, tal como habíamos observado con los dos anteriores —*O. a. turdetanus* y *O. a. célticus*—, ya que parecen estar muy relacionadas con las razas que integran el tronco ancestral del *O. a. celtibéricus*, también denominado por otros autores como *Ovis aries ligeriensis* (Esteban, Tejón, 1980), el cual incluye a todas las demás razas en estudio. Hay que destacar la estrecha relación que se mantiene en los dos análisis realizados (cualitativo y cuantitativo), entre los integrantes del *O. a. ibericus* y las razas Roya Bilbilitana y Roja Mallorquina, sobre lo cual volveremos posteriormente.

Entre las relaciones estables que aparecen en el presente estudio podemos citar: el grupo formado por Lacha, Churra, Vasca y Canaria (*O. a. célticus*), lo cual concuerda con las clasificaciones y relaciones dadas por Esteban y Tejón (1980) y por Sánchez Belda y Sánchez Trujillano (1986). Rodero *et al.* (1982), mediante el estudio de cinco loci polimórficos, confirman la estrecha relación existente entre las razas Lacha y Churra. Sin embargo, Altarriba y Lamuela (1977), utilizando cuatro loci; Ordás y San Primitivo (1986), utilizando ocho, y Vallejo *et al.* (1989), utilizando cuatro, encuentran que existe una mayor similitud genética entre la raza Lacha y Manchega que entre Lacha y Churra. Altarriba *et al.* (1979), en un estudio sobre las relaciones filogenéticas existentes entre diez razas ovinas españolas, a partir de mediciones del esqueleto cefálico y del hueso caña, relacionan a la Lacha con la Ojalada y Merina y a la Churra con Manchega y Castellana, evidenciando la existencia de una distancia significativa entre las razas Lacha y Churra.

Otro conjunto de razas que muestra una fuerte relación en los dos análisis efectuados es el formado por Ojalada, Montesina, Chisqueta, Roya Bilbilitana y Roja Mallorquina. Dentro de este grupo podemos observar una mayor relación entre Ojalada, Montesina y Chisqueta, por una parte, y por otra, Roya Bilbilitana y Roja Mallorquina. La inclusión de estas dos últimas razas en un cluster común con las integrantes del tronco del *O. a. ibericus* es difícil de precisar.

Ningún autor hace referencia a la inclusión de la raza Roja Mallorquina en alguno de los troncos ancestrales anteriormente descritos, aunque Esteban y Tejón (1980) y Sánchez Belda y Sánchez Trujillano (1986) coinciden en considerarla como un producto derivado del acoplamiento entre ovejas de origen africano (Berberisca) y los tipos locales.

En cuanto a la Roya Bilbilitana, algunos autores la consideran una variedad de la Castellana (Espejo, 1970; Esteban, Tejón, 1980; Sotillo, Serrano, 1985), otros como un ecotipo de la Rasa Aragonesa (Aparicio, 1960; Rodero *et al.*, 1982) y otros como una entidad con estructura genética propia (Altarriba, Lamuela, 1977; Vallejo *et al.*, 1979; Sierra, 1982). En el estudio realizado por Vallejo *et al.* (1979) sobre la clasificación etnológica de siete ecotipos de la Rasa Aragonesa, utilizando marcadores sanguíneos, observan que la agrupación Roya Bilbilitana muestra un valor de distancia genética lo suficientemente alejado del resto de los ecotipos rasos como para que no sea integrada dentro de la raza Rasa Aragonesa,

concluyendo que se trata de una agrupación étnica nueva, formada en función de la acción de las agrupaciones raciales próximas (Castellana y Rasa Aragonesa, fundamentalmente). Altarriba y Lamuela (1987), utilizando asimismo marcadores genéticos, rechazan la hipótesis acerca de un posible origen castellano, indicando que más bien pueda tener relación con las razas Rojas del Norte de África y del Levante español.

En el caso de la Ojalada, Altarriba y Lamuela (1977), utilizando polimorfismos bioquímicos, encuentran una estrecha relación de esta raza con la Castellana. Por otra parte, Altarriba *et al.* (1979), basándose en mediciones del esqueleto cefálico y del hueso caña, relacionan más estrechamente a la Ojalada con razas tales como el Merino y la Lacha, hallando distancias significativas de dicha raza con la Castellana. Hay que hacer notar que en ambos estudios no se incluyeron las razas Montesina y Chisqueta, con lo cual los resultados podrían haber sido ligeramente diferentes.

Otro cluster estable que aparece en los diferentes análisis es el formado por las razas Rasa Aragonesa, Gallega, Castellana y Alcarreña. La relación entre estas razas concuerda con su común origen ancestral, descendientes del tronco del *O. a. celtibéricus* o Tronco Entrefino (Sánchez Belda, Sánchez Trujillano, 1986).

Sin embargo, en cuanto a la raza Gallega, Vallejo *et al.* (1989), a partir del estudio de cuatro loci marcadores, analizan las relaciones filogenéticas de 16 poblaciones ovinas, pertenecientes a diez razas y nueve ecotipos, encontrando valores de distancia entre esta raza y las demás muy superiores al promedio interracial, postulando que dicha raza proviene de un tronco originario único, diferenciado de los demás.

El dendrograma del análisis cualitativo (Fig. 1) nos indica una marcada asociación del cluster formado por Castellana y Alcarreña con la raza Manchega, de forma similar a lo obtenido por Altarriba *et al.* (1979) y por Rodero *et al.* (1982), aunque estos autores no incluían en su estudio a la raza Alcarreña. Sin embargo, esta estrecha relación de la Manchega con dichas razas se pierde al realizar el análisis cuantitativo de los datos. El dendrograma resultante (Fig. 2) indica que la Manchega sería la raza más ancestral de las que forman el tronco del *O. a. celtibéricus*. La estrecha asociación de esta raza con Castellana y Alcarreña en el dendrograma cualitativo (Fig. 1) podría indicar la posible importancia que ha tenido en la formación de dichas razas.

Segureña y Guirra forman otro cluster estable en los diferentes dendrogramas. La raza Segureña, según Esteban y Tejón (1980) y Sánchez Belda y Sánchez Trujillano (1986), podría ser una variante de la Manchega (variante de montaña). La Guirra había sido estimada, por los mismos autores, como variedad pigmentada de la raza Segureña o como rama afín al tronco Manchego; sin embargo, abogan en la actualidad por su independencia étnica y le atribuyen ascendencia africana. Mediante el estudio de polimorfismos bioquímicos, Altarriba y Lamuela (1977), Vallejo *et al.* (1989) y Rodero *et al.* (1982) hallan una estrecha relación entre Segureña y Manchega, este último autor también observa una marcada relación con la Castellana.

Las dos razas están englobadas dentro del tronco común del *O. a. celtibéricus* pero, sin embargo, aparecen en los dos dendrogramas como un cluster ligeramente diferenciado del resto de razas que integran dicho tronco ancestral. De la filogenia de la Figura 2 podemos interpretar su posible relación con la Manchega, habiendo podido influir ésta en su formación tal como indican los autores antes mencionados. Sin embargo, su diferenciación con el resto de razas que integran el tronco del *O. a. celtibéricus* nos hace pensar en la ausencia de migraciones entre estos grupos, habiendo permanecido el cluster Segureña-Guirra bastante uniforme a través de los tiempos con pocas aportaciones de razas foráneas.

Y ya por último nos quedan tres razas de difícil localización, como son la Talaverana, Mallorquina y la Ripollesa.

La raza Talaverana parece ser el resultado de cruzamientos entre ovejas Manchegas y Merinas (Esteban, Tejón, 1980; Sánchez Belda, Sánchez Trujillano, 1986; Vallejo *et al.*, 1989). El análisis cualitativo de los datos morfológicos (Fig. 1) nos indica una estrecha relación de esta raza con la Merina. Asimismo, el índice de distancia morfológico entre Talaverana y Merina ( $D = 0,4643$ ) es menor que el hallado entre Talaverana y Manchega ( $D = 0,6428$ ), lo que parece indicar un entronque más inmediato con el Merino que con el Manchego. Resultados similares son los hallados, a nivel morfológico, por Altarriba *et al.* (1979), y a nivel bioquímico, por Rodero *et al.* (1982) y por Vallejo *et al.* (1989).

Sin embargo, cuando realizamos el análisis cuantitativo de los datos (Fig. 2), esta estrecha relación de Talaverana con Merina se pierde. La raza Talaverana forma un cluster bien definido con Rasa Aragonesa y Gallega, siendo los valores de distancia con respecto a estas dos razas los más bajos encontrados, concretamente de  $D = 0,2857$  y  $D = 0,3214$ , respectivamente. La raza Talaverana queda englobada en el Tronco Entrefino (*O. a. celtibéricus*), lo cual concuerda con la asignación dada por Sánchez Belda y Sánchez Trujillano (1986), que la encuadran dentro de este grupo como claro ejemplo de raza fijada en el seno de una población mestiza.

La estrecha relación entre Rasa Aragonesa y Talaverana es descrita por Rodero *et al.* (1982) utilizando marcadores genéticos, así como por Altarriba *et al.* (1979) utilizando medias cefálicas y del hueso caña.

En cuanto a la Mallorquina, el dendrograma cualitativo (Fig. 1), nos incluye dicha raza dentro del tronco ancestral del *O. a. celticus* o Tronco Churro. Esta relación estaría de acuerdo con lo manifestado por Sánchez Belda y Sánchez Trujillano (1986), que la encuadran dentro de dicho tronco.

Por el contrario, el análisis cuantitativo (Fig. 2) nos integra dicha raza como descendiente del tronco del *O. a. celtibéricus*, no observándose ninguna estrecha relación con ninguna de las otras razas. La inclusión de la Mallorquina dentro de este tronco ancestral estaría de acuerdo con el origen que le asignan Esteban y Tejón (1980) y Sotillo y Serrano (1985) a partir del *O. a. ibéricus*, y sobre la que habrían incidido numerosos grupos étnicos, entre los que cabría destacar las razas Segureña y Manchega.

Aunque hemos incluido a la Ripollesa dentro del apartado de razas de difícil localización, sin embargo le asignamos su pertenencia al grupo de razas derivadas del *O. a. celtibéricus* o Tronco Entrefino, relación que concuerda con lo manifestado por Sánchez Belda y Sánchez Trujillano (1986) y Sánchez Belda (1989). La difícil localización haría referencia a sus relaciones más próximas con las razas que integran dicho tronco, ya que el dendrograma cualitativo nos muestra una relación más marcada con las razas Rasa Aragonesa y Gallega. Por el contrario, el dendrograma obtenido a partir del análisis cuantitativo (Fig. 2) nos indica una relación más próxima con el cluster que forman las razas Ojalada, Montesina, Chisqueta, Roja Bilbilitana y Roja Mallorquina.

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 ovinas españolas y analizando un número suficiente y representativo de loci polimórficos) y el análisis de la divergencia de los Ácidos Nucleicos, mediante las técnicas de los enzimas de restricción y el análisis del ADN mitocondrial (ADNmt), posiblemente ayudarían a resolver algunos dilemas sobre las relaciones filogenéticas de las razas ovinas españolas.

## CONCLUSIONES

A modo de conclusión, señalamos la existencia de tres grandes grupos ovinos bien diferenciados, que se corresponden con los troncos étnicos ancestrales *O. a. turdetanus*, *O. a. célticus* y *O. a. celtibéricus*. En este último grupo debemos constatar la presencia de un cluster bien diferenciado, integrado por las razas Ojalada, Montesina, Chisqueta, Roya Bilbilitana y Roja Mallorquina, que se correspondería con las razas derivadas del primitivo *O. a. ibéricus*, del que nos hablan Sánchez Belda y Sánchez Trujillano (1986) y Sánchez Belda (1989), con las excepciones de las razas Roya Bilbilitana y Roja Mallorquina, razas que aún hoy día son objeto de discusión por parte de los taxónomos.

## SUMMARY

### Genetic relationships between Spanish sheep breeds. The analysis of morphological characters.

Relationships among 20 Spanish sheep breeds have been studied through qualitative and quantitative analyses of data from 28 morphological characters.

The average distance among breeds, obtained through the morphological index of distance, takes a value of  $0.5481 \pm 0.1261$ , with extremes values of 0.1071 between «Alcarreña» and «Castellana», and 0.8571 for «Manchega»-«Canaria» pair.

The dendrograms obtained, by using Wagner parsimony and Fitch and Margoliash's methods, show the formation of three large clusters. One formed by the «Merino» breed, the only representative of the *Ovis aries turdetanus* ancestral trunk. Another one formed by the breeds of the «Churro» trunk, descendants of *Ovis aries célticus*. And finally, the breeds that form the *Ovis aries celtibéricus* trunk. Inside this last trunk, it is observed a well defined cluster, formed by several breeds that different ethnologists have integrated as descendants of the *Ovis aries ibéricus* trunk.

Inter-racial relationships that have been obtained are similar, in general terms, those presented by ethnologists.

**KEY WORDS:** Spanish sheep breeds  
Morphological characters  
Dendrogram breeds

## REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- AGÜERA S., VIVO J., CASTEJON F., AGÜERA E., MORALES J. L., 1989. Diferencias craneofaciales entre la oveja Manchega y Segureña. ITEA, 82, 37-46.
- ALTARRIBA J., LAMUELA M., 1977. Perspectivas filogenéticas de la «Rasa Aragonesa». Su relación con otras razas ovinas españolas. Fundación «Enrique Coris Gruart». Tema Zootecnia. Zaragoza, 129 pp.
- ALTARRIBA J., ZARAZAGA I., CALAVIA J., 1979. Primeros resultados obtenidos en la estimación de las relaciones filogenéticas existentes entre diez razas ovinas españolas, a partir de mediciones del esqueleto cefálico y del hueso caña. En: IV Jornadas Científicas de la Sociedad Española de Ovino-tecnia. ed. SEO, Zaragoza, pp. 79-83.
- APARICIO G., 1960. Etnología compendiada. Imprenta Moderna, Córdoba.
- ESPEJO M., 1970. Comparación de caracteres zootécnicos en dos ecotipos de raza Rasa Aragonesa. En: Simposium sobre los problemas de la producción ovina bajo condiciones de medio difíciles. Ed. Garsi, Madrid, pp. 471-478.
- ESTEBAN C., TEJON D., 1980. Catálogo de razas autóctonas españolas. I: Especies ovina y caprina. Publicaciones de Extensión Agraria, Ministerio de Agricultura, Madrid, 234 pp.
- FARRIS J. S., 1970. Methods for computing Wagner trees. Syst. Zool., 26, 83-92.
- FELSENSTEIN J., 1984. Distance methods for inferring phylogenies: a justification. Evolution, 38 (1), 16-24.

- FELSENSTEIN J., 1986. PHYLIP: Phylogeny Inference Package/version 2.9. University of Washington.
- FITCH W. M., MARGOLIASH E., 1967. Construction of phylogenetic trees. *Science*, 155, 279-284.
- JORDANA J., 1989. Relaciones Genéticas en Cánidos Españoles. Tesis Doctoral. Facultad de Veterinaria. Universidad Autónoma de Barcelona. Barcelona, 348 pp.
- JORDANA J., PELEGRIN, M., PIEDRAFITA, J., 1991. Relaciones genéticas en bovinos españoles obtenidas a partir del estudio de caracteres morfológicos. *ITEA*, 87, 1, 50-64.
- ORDAS J. G., SAN PRIMITIVO F., 1986. Genetic variations in blood proteins within and between Spanish dairy sheep breeds. *Anim. Genet.*, 17 (3), 255-266.
- RODERO A., GARZÓN R., LLANES D., ZARAZAGA I., VALLEJO M., MONGE E., 1982. Genetic distances between Spanish sheep breeds. *Archivos de Zootecnia*, 31 (119), 97-108.
- SANCHEZ BELDA A., SANCHEZ TRUJILLANO M. C., 1986. Razas Ovinas Españolas. Publicaciones de Extensión Agraria, Ministerio de Agricultura, Madrid, 887 pp.
- SANCHEZ BELDA, 1989. Razas ovinas. Orígenes y aptitudes. *Ovis*, 5, 9-19.
- SANCHEZ BELDA A., SANCHEZ TRUJILLANO M. C., 1990. Historia de la ganadería ovina española. *ONE*, 87, 26-40.
- SIERRA I., 1982. Voz: Roya Bilbilitana. En: *Enciclopedia Aragonesa*, XI, pp. 2933-2934.
- SNEATH P. H. A., SOKAL R. R., 1973. *Numerical Taxonomy*. W. H. Freeman, San Francisco, 573 pp.
- SOTILLO J. L., SERRANO V., 1985. *Producción Animal. I: Etnología Zootécnica*. Tebas-Flores, Madrid, 296 pp.
- VALLEJO M., ZARAZAGA I., SIERRA I., 1979. Clasificación etnológica de ovinos españoles. II. Elaboración genético-taxonomía en siete ecotipos de la Rasa Aragonesa. En: *IV Jornadas Científicas de la Sociedad Española de Ovinotecnia*. Ed. SEO, Zaragoza, pp. 63-76.
- VALLEJO M., SANCHEZ GARCIA L., IGLESIAS A., 1989. Anotaciones filogenéticas de las razas ovinas autóctonas españolas. *AYMA*, 29 (4), 151-157.