

MATRILÍNEAS EN LA FORMACIÓN DEL GANADO BOVINO DE LIDIA

FEMALE ORIGINS IN THE FIGHTING-BULL BREED

Cortés, O., S. Dunner, M.A. García-Atance, D. García y J. Cañón*

Laboratorio de Genética. Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM. 28040 Madrid. España. *Autor correspondencia: canon@vet.ucm.es

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

ADN mitocondrial. Uro. Raza de Lidia.

ADDITIONAL KEYWORDS

Mitochondrial DNA. Uro. Fighting-bull breed.

RESUMEN

Con el fin de analizar posibles orígenes en la formación de la raza de Lidia, se ha secuenciado un fragmento del ADN mitocondrial de 527 animales de la raza bovina de Lidia pertenecientes a 79 ganaderías y calculadas las frecuencias de los principales haplotipos descritos. Los resultados muestran una mayor influencia del ganado africano en la formación de esta raza que en la mayoría de las europeas en las que, con la excepción de algunas peninsulares e italianas, prácticamente es nula. La frecuencia del haplotipo africano varía entre encastes, desde la ausencia del mismo hasta valores superiores al 50%. Los haplotipos encontrados en la raza de Lidia se distribuyen de una forma similar a los que se han encontrado en restos peninsulares fechados en la Edad del Bronce y en restos de ancestros salvajes encontrados en Italia (*Bos primigenius*), mientras que muestran una nítida separación con los restos de *Bos primigenius* hallados en el Reino Unido.

Este trabajo ha sido financiado por la CICYT y fondos FEDER nº 2FD97-1191, así como por el INIA y fondos FEDER nºs RZ01-002-C2-1, RZ01-002-C2-2 y RZ2004-00009.

SUMMARY

In order to study the genetic origin of the Fighting-bull breed, a partial D-loop sequence from 527 samples corresponding to 79 herds was analysed and the frequencies of the main haplotypes calculated. Results show a higher frequency of the African haplotype in the fighting-bull than in other European breeds, for which it is practically null, except for some Mediterranean ones. The frequency of the African haplotype in the Fighting-bull ranges from 0 to more than 50% among the herd lines. The haplotype distribution is similar to that found in samples dating from the Bronze age found in the Iberian Peninsula, and to that from samples of the wild aurochsen (*Bos primigenius*) found in Italy, but is clearly different from the distribution in wild aurochsen (*Bos primigenius*) from the UK.

INTRODUCCIÓN

El uro (*Bos primigenius*), ancestro salvaje de los bovinos domésticos, sufrió varios procesos de domesticación que se iniciaron hace 10000 años, expandiéndose hacia Asia los cebuinos,

Arch. Zootec. 56 (Sup. 1): 397-402. 2007.

hacia Europa los taurinos y ambos en diferentes momentos hacia Africa (Loftus *et al.*, 1994) donde podría haberse producido un proceso de domesticación independiente (Bradley *et al.*, 1996). La llegada al continente europeo de los taurinos a partir de los centros de domesticación se produce por las planicies de Tesalia, diferenciándose dos grandes rutas, por un lado la del Danubio que se dirigió al centro y norte de Europa, y la segunda ruta, la del Mediterráneo, que siguió la costa mediterránea, atravesando el mar hacia las islas y extendiéndose por el sur del continente (Gkliasta *et al.*, 2003). El ganado que se extendió por el continente africano llegó a Europa a través del estrecho de Gibraltar y costa del Mediterráneo, influyendo en la formación de algunas de las razas localizadas en las zonas limítrofes con el continente africano (Península Ibérica, Italia o Grecia) (Beja-Pereira *et al.*, 2006). Todo este proceso de expansión, junto con probables interacciones con el uro local ha dejado un rastro en el ADN que está siendo investigado. El análisis del ADN mitocondrial, concretamente de su origen de replicación

o D-loop, ha permitido identificar un reducido número de haplotipos que esclarecen las influencias maternas que han tenido en su formación las actuales razas bovinas (Troy *et al.*, 2001). En las razas europeas se han descrito tres haplotipos cuyo patrón de distribución es muy parecido (**tabla I**), donde el T3 es el mayoritario respecto al T y T2. Un cuarto haplotipo, el T1, es característico de las razas africanas, con una baja frecuencia en las razas europeas exceptuando aquellas en las que la influencia de las poblaciones africanas ha resultado importante, como ocurre en algunas de la Península Ibérica (Cymbron *et al.*, 1999). Se ha descrito un haplotipo en razas criollas, que básicamente es el T1 con cuatro mutaciones adicionales y que en el continente europeo tan solo se ha encontrado en razas de la Península Ibérica (Miretti *et al.*, 2004).

El origen del toro de Lidia más cercano corresponde a las castas o vacadas fundacionales asociadas a las grandes cuencas fluviales (siglos XVII-XVIII), que han dado lugar a los actuales encastes: en la cuenca del Ebro surge la Casta Navarra, en la del Due-

Tabla I. Descripción de los principales haplotipos identificados en las razas bovinas domésticas. (Description of the main haplotypes described in domestic bovine).

Haplotipos	Posición nucleotídica											
	16042	16050	16053	16057	16093	16113	16122	16139	16185	16196	16255	16302
T3	T	C	T	G	G	T	T	C	G	G	T	G
T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	-
T1	-	T	-	-	-	C	-	-	-	-	C	-
T2	-	-	-	C	-	-	-	-	A	-	C	-
T4	C	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	A
Razas												
Criollas	-	T	C	-	-	C	C	T	-	A	C	-

MATRILÍNEAS EN LA RAZA DE LIDIA

ro, la Morucha-Castellana, en la del Tajo y Gadiana, Toros de la Tierra y Jijona y por último en el tramo final de la cuenca del Guadalquivir, las castas de Cabrera, Vistahermosa, Gallardo y Vázquez.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha secuenciado un fragmento del D-loop del ADN mitocondrial bovino de 521 nucleótidos que comprende del nucleótido 16019 al 201 (secuencia de referencia NC_006853). El número total de muestras analizadas ha sido de 527 correspondientes a 79 ganaderías agrupadas en 29 encastes. El análisis de las secuencias se realizó con los programas MEGA 2.0 (Kumar *et al.*, 2001) y ARLEQUIN 2.00 (Schneider *et al.*, 1997). El análisis network se realizó con el programa NETWORK 4.1.1.2 (Bandelt *et al.*, 1999; Forster *et al.*, 2001).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el conjunto de las secuencias

analizadas se han identificado un total de 73 polimorfismos en 70 posiciones variables, 65 corresponden a transiciones y 8 a transversiones.

El número total de haplotipos identificados ha sido de 121, con frecuencias que varían desde un 0,2% en aquellos que resultaron únicos, hasta un 12% del haplotipo más frecuente. Se han encontrado todos los haplotipos antes comentados, excepto el T4 identificado en las razas asiáticas (**figura 1**).

El mayoritario, con una frecuencia superior al 80%, es el T3, mientras que el T y T2 aparecen con frecuencias menores, 1,2% y 0,6% respectivamente. Destaca la elevada frecuencia del haplotipo africano o T1 (17%), cuya presencia en los diferentes encastes varía desde algo más del 50% en Miura, a la ausencia total en Pedrajas, Antonio Pérez, Urcola, Pablo Romero y María Montalvo (**figura 1**).

Otro hecho bastante notorio es la identificación en el encaste Concha y Sierra del haplotipo descrito en razas criollas, sólo identificado en el caso del continente europeo en razas de la Península Ibérica. Se han identificado

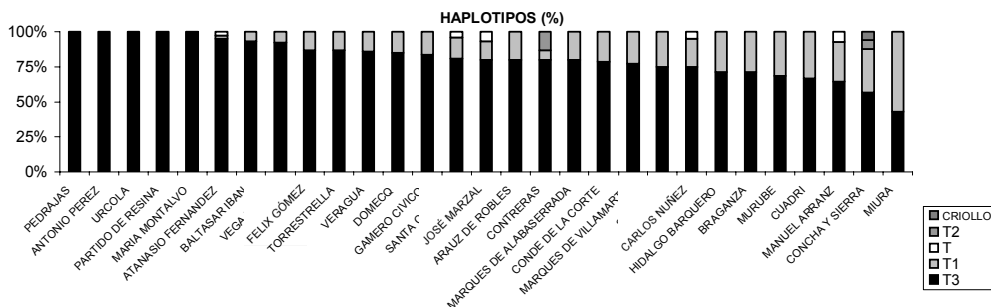


Figura 1. Frecuencias, en %, de los haplotipos identificados en los encastes de la raza de Lidia. (Haplotype percentages by line-breeding in the Fighting-bull breed).

seis nuevos haplotipos en la raza de Lidia con frecuencias bajas que varían del 0,2 al 1,3%.

Al hacer una gráfica tipo network con los haplotipos de la raza de Lidia (**figura 2**) se observa una nítida separación entre los mayoritarios en las razas europeas (T, T2 y T3) y los africanos (T1 y criollo).

Este análisis se ha completado con la inclusión de secuencias de restos arqueológicos del primitivo uro localizadas en el Reino Unido (12300 a 11000 a.c.) y en Italia (17100 a 11420 a.c.), además de restos más recientes

de la Península Ibérica fechados en diferentes épocas, del 2670 a.c. a 1500 d.c. (**figura 3**) (Bajo-Pereira *et al.*, 2006; Anderung *et al.*, 2005; Troy *et al.*, 2001). En la **figura 3** se observa cómo los haplotipos del uro británico se separan claramente del resto, mientras que los del uro italiano presentan una distribución similar a los de la raza de Lidia, lo que podría ser un indicio de cruzamiento entre animales domésticos y animales de la población salvaje. No obstante serán necesarios posteriores análisis ya que todos estos haplotipos existían en la población ori-

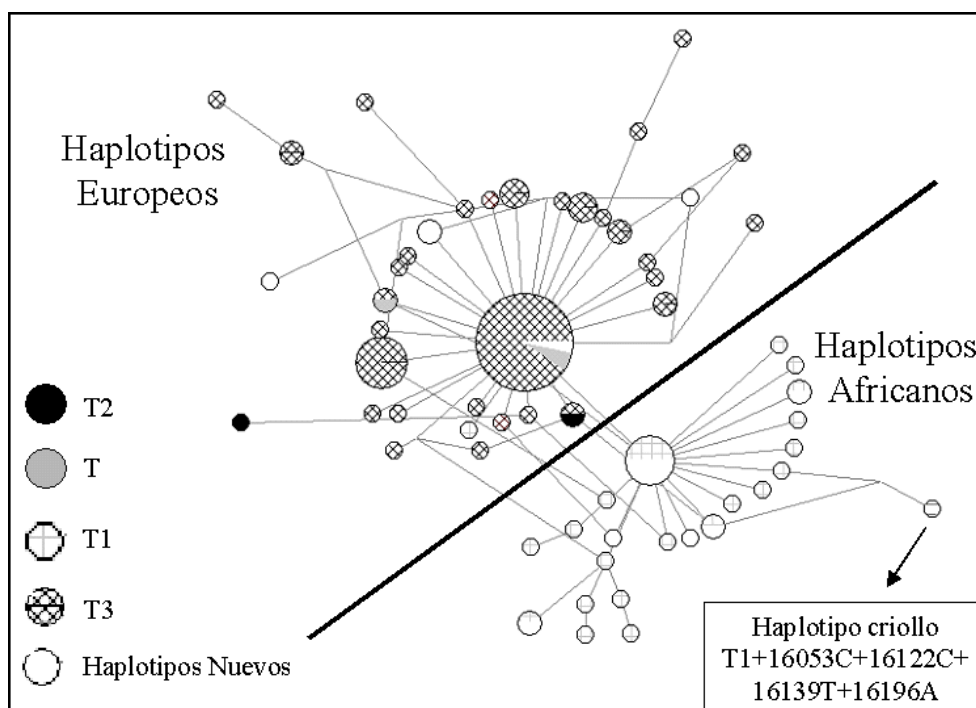


Figura 2. Representación network de los haplotipos identificados en el toro de Lidia. El tamaño de los círculos es proporcional a la frecuencia de los haplotipos. (Network graphic representation of the haplotypes identified in the Fighting-bull breed. The size of the circles is proportional to their frequencies).

MATRILÍNEAS EN LA RAZA DE LIDIA

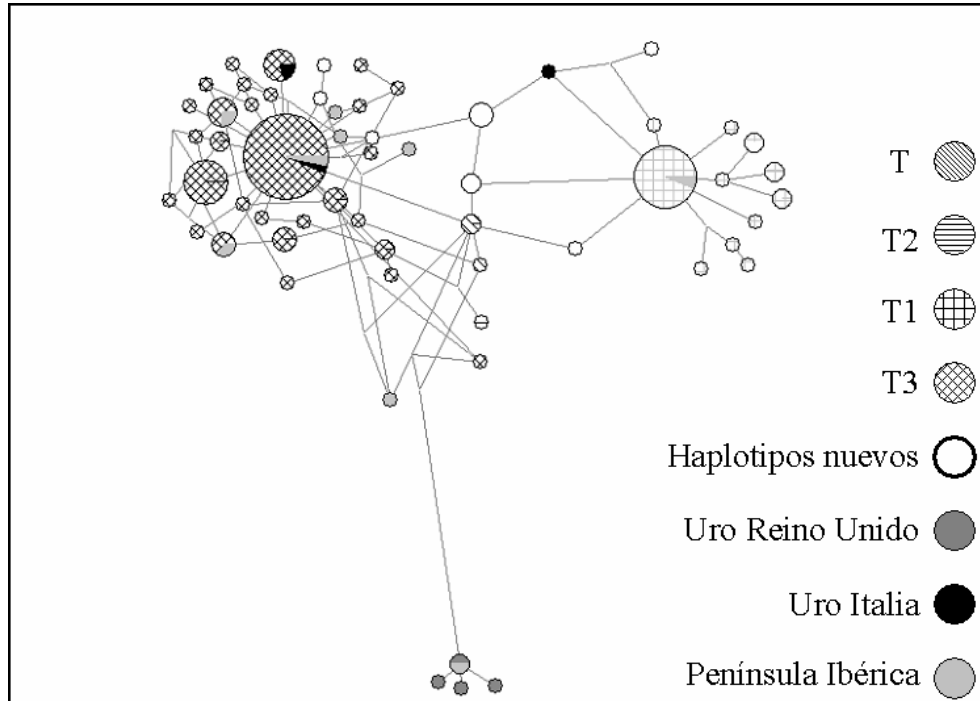


Figura 3. Representación network de los haplotipos de Lidia y de las muestras arqueológicas localizadas en el Reino Unido, Italia y territorio peninsular. El tamaño de los círculos es proporcional a la frecuencia de los haplotipos. (Network graphic representation of the haplotypes identified in the Fighting-bull breed and in the archaeological samples from United Kingdom, Italy and Iberian Peninsula. The sizes of the circles are proportional to their frequencies).

ginal que se domesticó en Oriente Próximo, por lo que no es necesario invocar la hipótesis del cruzamiento con el uro para justificar la presencia de esos haplotipos. Conviene, señalar que el ADN mitocondrial se hereda exclusivamente a través de la madre y que el primitivo uro podría haber tenido una mayor contribución genética a la población doméstica a través de los reproductores machos, cuyos productos, al cruzarse con hembras domésticas, permanecerían en el rebaño, contribuyendo al acervo genético de la

población doméstica. En el caso de los restos peninsulares de la Edad del Bronce, se observa una distribución de los haplotipos similar al encontrado en nuestro trabajo con las muestras de Lidia, además una de las muestras de la Edad del Bronce presenta un haplotipo africano, lo que confirmaría que la influencia del ganado africano en el peninsular es anterior a la llegada de los bereberes. Cabe destacar que uno de los haplotipos peninsulares se sitúa junto con los del uro británico, lo que no tiene fácil interpretación.

BIBLIOGRAFÍA

- Anderung, C., A. Bouwman, P. Persson, J.M. Carretero, A.I. Ortega, R. Elburg, C. Smith, J.L. Arsuaga, H. Ellegren and A. Götherström. 2005. Prehistoric contacts over the straits of Gibraltar indicated by genetic analysis of Iberian Bronze Age cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 24: 8431-8435.
- Bandelt, H.J., P. Forster and A. Röhl. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol. Biol. Evol.*, 16: 37-48.
- Beja-Pereira, A., D. Caramelli, C. Lalueza-Fox, C. Vernesi, N. Ferrand, A. Casoli, F. Goyache, L.J. Royo, S. Conti, M. Lari, A. Martini, L. Ouragh, A. Magid, A. Atash, A. Zsolnai, P. Boscato, C. Triantaphylidis, K. Ploumi K, L. Sineo, F. Mallegni, P. Taberlet, G. Erhardt, L. Sampietro, J. Bertranpetit, G. Barbujani, G. Luikart and G. Bertorelle. 2006. The origin of European cattle: Evidence from modern and ancient DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 103: 8113-8118.
- Bradley, D.G., D.E. MacHugh, P. Cunningham and R.T. Loftus. 1996. Mitochondrial diversity and the origins of African and European cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 93: 5131-5135.
- Cymbron, T., R.T. Loftus, M.L. Malheiro and D.G. Bradley. 1999. Mitochondrial sequence variation suggests an African influence in Portuguese cattle. *Proc. Biol. Sci.*, 266: 597-603.
- Forster P., A. Torroni, C. Renfrew and A. Röhl. 2001. Phylogenetic star contraction applied to Asian and Papuan mtDNA evolution. *Mol. Biol. Evol.*, 18: 1864-1881.
- Gkliasta, M., T. Russel, S. Shennan and J. Steele. 2003. Neolithic transition in Europe: the radiocarbon record revisited. *Antiquity*, 77: 45-62.
- Kumar S., K. Tamura, I.B. Jakobsen and M. Nei. 2001. MEGA2: molecular evolutionary genetics analysis software. *Bioinformatics*, 17: 1244-1245.
- Loftus, R.T., D.E. MacHugh, D.G. Bradely, P.M. Sharp and P. Cunningham. 1994. Evidence for two independent domestications of cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 91: 2757-2761.
- Miretti, M.M., S. Dunner, M. Naves, E.P. Contel and J.A. Ferro. 2004. Predominant African-derives mtDna in Caribbean and Brazilian Creole cattle is also found in Spanish cattle. *J. Hered.*, 95: 450-453.
- Schneider S., D. Roessli and L. Excoffier. 2000. Arlequin: A software for population genetics data analysis. Ver 2.0. Genetics and Biometry Lab. Departamento de Antropologia, Universidad de Ginebra, Suiza.
- Troy, C.S., D.E. MacHugh, J.F. Bailey, D.A. Magee, R.T. Loftus, P. Cunningham, A.T. Chamberlain, B.C. Sykes and D.G. Bradley. 2001. Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature*, 410: 1088-1091.