

- 3) LÓPEZ DE TORRE, J., y BENITO, J. (1979). Correlaciones entre calificación morfológica, medidas corporales y performances en cebadero de toros jóvenes de varias razas de aptitud cárnica. *An. INIA/Ser. Prod. Ani.*, **10**: 175-181.
- 4) MARTIN, J.; TORRELE, G., y DOORME, H. (1964). *Etude des qualites boucheres des races bovines belges*. Com. 4. Centre d'Etudes Bovines. Co pure. Belgique. 26 pp.
- 5) McCURLEY, J. R., y McLAREN, J. B. (1981). Relationships of body measurements, weight, age and fatness to size and performance in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, **52**: 3. 493-499.
- 6) MINISTERIO DE AGRICULTURA, PESCA Y ALIMENTACIÓN (1981). Valoración genético-funcional de toros de razas de aptitud para la producción de carne. *Publicaciones M.A.P.A.*, **9-10**.
- 7) SÁNCHEZ, L. (1977). Raza vacuna Rubia gallega. Evolución, situación actual y perspectivas zootécnicas. Tesis doctoral. Facultad de Veterinaria de Zaragoza.
- 8) SIMM, G.; ALLISTON, J. C., y SUTHERLAND, R. A. (1983). A comparison of live animal measurements for selecting lean beef sires. *Anim. Prod.*, **37**: 211-219.
- 9) VALLEJO, M. (1971). Estudio de la conformación, rendimientos y cualidades carniceras de siete razas bovinas españolas. *Anal. Fac. Vet. Zaragoza*, **6**: 263-329.
- 10) VALLEJO, M. (1978). Razas vacunas autóctonas en vías de extinción. (Aportaciones al estudio genético). *Fund. Juan March. Ser. Universitaria*, **69**, 51 pp.

CATEDRA DE GENETICA

(Prof. Dr. M. VALLEJO)

RELACIONES GENETICAS ENTRE DISTINTOS TIPOS DE GANADO VACUNO FRISON EN ESPAÑA*

Por M. Vallejo

INTRODUCCION

En España, la población bovina frisona se encuentra constituida por vacunos pertenecientes a las estirpes extranjeras más variadas (frisón: americano, canadiense, inglés, francés, alemán, sueco, danés y holandés), además de la denominada genéricamente holandesa-santanderina, amiotrófica, obtenida por cruces absorbentes continuados sobre la población vacuna autóctona tudanca, lebaniega y pasiega. En el presente trabajo se analiza la particular estructura genética que esta situación (inmigración, absorción) ha debido originar en la raza vacuna frisona, en base a su tipificación sanguínea mediante los marcadores genéticos de antígenos eritrocitarios, a fin de conocer la influencia que las estirpes americana y europea, fundamentalmente, han podido ejercer en el ganado vacuno frisón holandés-santanderino.

MATERIAL Y METODOS

El material animal investigado ha estado constituido por 205 vacas adultas, distribuidas en las siguientes poblaciones: una explotación de 68 vacas importadas, de estirpe Holstein-Friesian (HF); una explotación de 97 vacas, de estirpe Frisona-europea (FE), y 40 vacas, de diferentes explotaciones, pertenecientes a la llamada Holandesa-santanderina (HS).

Los reactivos (sueros inmunes monoespecíficos) utilizados ascienden a 51, de los cuales 33 fueron de elaboración propia (Facultad de Veterinaria, Zaragoza, 1974-78) y el resto cedidos por los Laboratorios de Inmunogenética de Madison (Wisconsin, U.S.A.), Milán (Italia) y La Habana (Cuba), pertenecientes a once sistemas genéticos de grupos sanguíneos (antígenos eritrocitarios): A, B, C, FV, J, L, M, SU, Z, R'S' y T'. Su identificación se ha realizado mediante el «micro test hemolítico standard», sobre placas de polivinilo desechables¹⁹.

*El desarrollo experimental del trabajo se realizó en el Departamento de Genética y Mejora de la Facultad de Veterinaria de la Universidad de Zaragoza.
An. Fac. Vet. León., 1983, 29, 199-208.

Para los sistemas bialélicos J, L, M, Z y T', donde uno de los alelos es dominante y la relación serológica no evidencia más que la presencia o ausencia del factor antigénico, las frecuencias génicas se han calculado por el método de la «raíz cuadrada»; en los codominantes FV y R'S', donde dicha reacción evidencia directamente los genotipos, el cálculo de las frecuencias génicas se ha realizado a partir de aquéllos; en los restantes (A, B, C y SU) sólo se han estimado las frecuencias fenotípicas de los diferentes antígenos eritrocitarios, ante la imposibilidad de estimar sus frecuencias alélicas al no disponer de una suficiente progenie para estimarlas.

El grado de asociación entre las poblaciones y para los sistemas en los que han podido estimarse las frecuencias génicas se ha calculado mediante el coeficiente de contingencia de Pearson (Cs) a partir de los correspondientes valores de chi-cuadrado: $C_s = \sqrt{\chi^2 / \chi^2 + T}$, en donde χ^2 representa la χ^2 estimada en un test de contingencia $n \times m$, y T, el número total de fenotipos observados (animales en comparación)¹². Del mismo modo, el grado relativo de aproximación genética entre las poblaciones estudiadas se ha estimado a partir del coeficiente de similitud de MAYALA y LINDSTROM⁷ ($C_{sm} = \sum x_i y_i / \sqrt{\sum x_i^2 \sum y_i^2}$, donde x_i e y_i son las frecuencias del alelo i en las dos poblaciones que se comparan) y de la distancia genética de NEI⁹ ($D = -\log_e C_{sm}$).

RESULTADOS

Como el método de la «raíz cuadrada» utilizado para el cálculo de las frecuencias génicas en los sistemas J, L, M, Z y T' exige que la población se encuentre en equilibrio genético, la verificación de dicha situación se ha realizado a partir de los dos sistemas en los que pueden identificarse los genotipos (FV y R'S'), extrapoliándose las conclusiones a los restantes sistemas.

En la tabla I se contrasta la hipótesis de adecuación de las poblaciones al equilibrio genético de Hardy-Weinberg, para los dos loci comentados, comprobándose por los valores de chi-cuadrados obtenidos que las poblaciones animales estudiados se encuentran en equilibrio genético para dichos loci. Consecuentemente puede admitirse la existencia de equilibrio genético para los otros sistemas y, por ello, en la tabla II se resumen las frecuencias estimadas en todos ellos; las frecuencias fenotípicas antigénicas de los sistemas A, B, C y SU se especifican en la tabla III.

DISCUSION

Aunque la información dimanada de las frecuencias fenotípicas antigénicas es mucho más incompleta que la derivada de las frecuencias génicas, al ser aquéllas sólo una parte de la expresión fenotípica de los alelos (fenogrupos) de los

TABLA I
Estimación del equilibrio genético en los loci FV y R'S'

Tipos Frisones	Locus FV			Locus R'S'		
	Holstein Friesian (n = 68)	Frisón Europeo (n = 97)	Holandesa Santander (n = 40)	Holstein Friesian (n = 68)	Frisón Europeo (n = 97)	Holandesa Santander (n = 40)
Genotipos						
FF	49 (50.29)	56 (57.51)	23 (24.34)	2 (3.92)	2 (1.17)	2 (2.71)
FV	19 (16.37)	37 (34.36)	16 (13.73)	29 (24.80)	17 (18.99)	17 (15.39)
VV	0 (1.34)	4 (5.13)	1 (1.93)	37 (39.28)	78 (76.84)	21 (21.90)
χ^2	1.80	0.49	0.91	1.78	0.82	0.70

(—): número de animales esperados.

complejos sistemas eritrocitarios A, B, C y SU, no por ello debe desestimarse¹⁵.

En principio se debe resaltar la ausencia del factor Z' (tabla III) en los tres tipos de ganado frisón investigados. Este hecho, contrastado ya por VALLEJO¹⁸ en una población frisón de neta influencia europea, vuelve a comprobarse en las otras dos poblaciones frisonas de orígenes distintos, difiriendo de lo anotado por SOTILLO *et al.*¹⁶ en este sentido, al asignar a esta raza una frecuencia antigénica, para este factor, de un 6,40 %. Estos diferentes resultados pueden explicarse, sin embargo, al no haberse estandarizado el título de los reactivos frente a un panel de células conocido, tal como parece derivarse de la metodología utilizada por dichos autores^{16, 19}. La ausencia de este factor, confirmada por numerosos investigadores^{1, 8, 10, 11, 14, 17}, en razas bovinas de origen holandés, inglés y escandinavo refuerza la teoría de su origen zebuino^{8, 11}.

Más interés ofrece el detenido análisis conjunto de las tablas II y III al observarse sensibles diferencias, tanto a nivel de frecuencias génicas (sistemas FV, J, L, M, Z, R'S' y T') como de antigénicas (sistemas A, B, C y SU), entre las distintas poblaciones frisonas investigadas. En este sentido, deben destacarse las diferencias antigénicas tan evidentes que han mostrado los antígenos H (sistema A), G₁, G₂, E'₁ (sistema B), C₁, W (sistema C) y U (sistema SU), hechos demostrativos de que las diferencias plásticas y de producción son paralelas, en cierta medida, a la variabilidad detectable mediante los marcadores moleculares de grupos sanguíneos.

A fin de cuantificar desde una óptica genético-estadística la variabilidad observada y determinar si las diferencias anotadas pueden tener un origen genético, las poblaciones estudiadas se han analizado mediante los correspondientes tests de contingencia, estimativos del coeficiente de contingencia de Pearson (Cs) que, como se ha comentado, mide el grado de asociación entre dos variables¹². La hipótesis que se sustenta en estos tratamientos estadísticos es que dos poblaciones son homogéneas si no presentan diferencias significativas para los sistemas genéticos estudiados.

En la tabla IV se resumen los valores de chi-cuadrados con su significación y los de Cs estimados en las comparaciones interpopulacionales respectivas, especificándose que en los siete sistemas genéticos anotados se han introducido en los cálculos los fenotipos observados¹⁵. Del examen de dicha tabla se deduce que, aunque las tres poblaciones analizadas pertenecen a la raza Frisona, difieren significativamente unas de otras, para los sistemas J, M, Z y R'S', no habiéndose apreciado ninguna diferencia en los FV, L y T', derivándose de los resultados obtenidos unas interesantes consideraciones.

Puede comprobarse que, así como entre las poblaciones HF y FE, por un lado, y entre las FE y HS, por otro, se han evidenciado diferencias significativas ($P < 0.05$ y $P < 0.005$) para cuatro (J, M, Z y R'S') y tres (M, Z y R'S') sistemas sanguíneos, respectivamente, las poblaciones HF y HS aparecen homogéneas entre sí, toda vez que ninguna chi-cuadrado estimada ha revelado diferencias significativas en relación con los siete sistemas investigados.

TABLA II
Frecuencias génicas en siete loci de grupos sanguíneos de la agrupación vacuna Frisona, en España

Sistema sanguíneo	Alelos	Holstein Friesian (n = 68)	Frisón Europeo (n = 97)	Holandesa Santanderina (n = 40)
FV	F ^F F ^V	0.86 0.14	0.77 0.23	0.78 0.22
J	J ^J —	0.20 0.80	0.08 0.92	0.12 0.88
L	L ^L —	0.19 0.81	0.27 0.73	0.18 0.82
M	M ^M —	0.03 0.97	0.14 0.86	0.04 0.96
Z	Z ^Z —	0.13 0.87	0.24 0.76	0.12 0.88
R'S'	R ^R R ^S	0.24 0.76	0.11 0.89	0.26 0.74
T'	T ^T —	0.05 0.95	0.08 0.92	0.05 0.95

Similares conclusiones se alcanzan de la observación de los coeficientes de contingencia de Pearson (Cs). Teniendo en cuenta que cuanto menor es el valor de Cs, mayor es el grado de asociación entre las variables introducidas en las comparaciones, puede apreciarse, asimismo, que las poblaciones que han mostrado un mayor grado de aproximación genética entre ellas, han sido las de Holstein-Friesian americana (HF) y Holandesa-santanderina (HS), al ser cinco los sistemas en los que los correspondientes valores de Cs han presentado los valores más bajos (entre 0.01 y 0.05) de entre todas las comparaciones realizadas (tabla IV). Por el contrario, aparecen relativamente diferenciadas entre sí las poblaciones HF y FE, al mostrar unos valores de Cs, para los siete sistemas investigados, superiores a 0.10, y lo mismo se aprecia entre las poblaciones FE y HS, al ser los valores de Cs superiores a 0.13 en cuatro de aquéllos.

Para que puedan comprenderse y valorarse comparativamente los estimadores comentados anteriormente (chi-cuadrado y Cs), en la tabla VI se transcriben los coeficientes de similitud de MAYALA y LINDSTROM (C_{sm})⁷ y las distancias genéticas de NEI (D)⁹, calculadas no sólo entre las tres agrupaciones frisonas estudiadas hasta ahora, sino entre la Holstein-Friesian (HF) y las razas bovinas Rubia gallega (RG), Pirenaica (PIR), Tudanca (TC), Morenas del Noroeste (MNO) y Lidia (L), a partir de las frecuencias génicas estimadas por VALLEJO¹⁸ y VALLEJO *et al.*¹⁹, en trabajos anteriores y que se resumen en la tabla V. Del examen de ellas puede deducirse que, así como entre las estirpes frisonas HF y HS la aproximación genética es máxima al apreciarse un coeficiente de similitud próximo a la unidad ($C_{sm} = 0.9975$) y una distancia genética del NEI mínima ($D = 0.0025$),

TABLA VI
Coefficiente de similaridad (C_{sm}) y distancias genéticas de NEI (D)
entre ocho razas bovinas

Razas	C_{sm}	D
Holstein-Friesian/Frisón europeo	0,9868	0,0133
Holstein Friesian/Holandesa santanderina	0,9975	0,0025
Frisón europeo/Holandesa santanderina	0,9893	0,0108
Holstein-Friesian/Pirenaica	0,9679	0,0326
Holstein-Friesian/Rubia gallega	0,9254	0,0775
Holstein-Friesian/Tudanca	0,8151	0,2044
Holstein-Friesian/Morenas del Noroeste	0,9318	0,0706
Holstein-Friesian/Lidia	0,8749	0,1336

entre las razas HF y MNO la aproximación genética se reduce ostensiblemente ($C_{sm} = 0.9318$ y $D = 0.00706$), contrastándose, en definitiva, al analizar las restantes comparaciones entre razas, mediante estos parámetros que resumen toda la información genética presente, la evidente proximidad, semejanza u homogeneidad que parece existir entre las estirpes HF y HS desde la óptica de los grupos sanguíneos.

Independientemente de su significado genético, estas observaciones son, asimismo, indicativas del proceso de Holsteinización que se está produciendo en el ganado vacuno de ordeño, no sólo de España, sino de los distintos países de la comunidad europea^{2, 3, 4, 5, 6, 13}. No se duda de que las significativas diferencias que han presentado entre sí las estirpes frisonas americana y europea (tabla IV), por otro lado, y, como es lógico, muy próximas genéticamente (tabla VI), son una consecuencia de las orientaciones selectivas realizadas sobre estas dos estirpes de vacunos lecheros. Igualmente son demostrativas de que así como la selección artificial ha originado dos tipos distintos de ganado vacuno, desde el punto de vista de su producción (leche o leche-carne, respectivamente), dicha selección ha debido influir paralelamente en su estructura genética, en relación con los antígenos eritrocitarios, tal como se ha podido demostrar con el sistema transferrina²⁰ o con el FV, en el que alelo F^V se incrementó de una frecuencia de 0.14 a una de 0.35, después de cinco años de selección de la raza Swedish Red and White¹⁵.

Por los datos aportados en el presente trabajo, puede comprobarse que la población vacuna lechera española cada vez se está aproximando más al tipo Holstein-Friesian americano y, en el mismo orden, se está alejando o diferenciando del Frisón europeo, con las consecuencias productivas que se están derivando de esta situación².

En otro orden de cosas, estos resultados justifican, en definitiva, los intentos que se están realizando a nivel mundial a fin de encontrar posibles correlaciones entre determinados tipos genéticos estructurales (marcadores genéticos) y caracteres productivos, ya que, si la selección ha modificado para algunos sistemas

genéticos la estructura de las poblaciones vacunas lecheras, como ha podido comprobarse, es posible que interese se estimen las correlaciones sugeridas.

RESUMEN

Como dentro de la agrupación Frisona española se incluyen aquellos vacunos originados a partir de las estirpes importadas Holstein-Friesian americana y Frisón europeo, por cruces absorbentes sobre determinadas razas vacunas autóctonas españolas, se intenta evaluar la influencia que han podido ejercer dichos tipos genéticos sobre la población vacuna lechera española, mediante un análisis de los sistemas de grupos sanguíneos. 68 Holstein-Friesian, 97 Frisonas europeas y 40 Holandesas-santanderinas se analizan mediante 51 reactivos para detectar antígenos eritrocitarios de once sistemas genéticos, comprobándose una gran similitud genética entre las poblaciones de Holstein-Friesian y Holandesa-santanderina y deduciéndose que la holsteinización de la población vacuna lechera española corre paralela al cambio de la estructura genética para los sistemas genéticos investigados.

GENETIC RELATIONSHIPS BETWEEN DIFFERENT DAIRY CATTLES OF FRIESIAN BREED IN SPAIN

SUMMARY

In Spain, the dairy cattles of Friesian breeds, includes cattles from American Holstein-Friesian, European-Friesian and the crossbreed Holandesa-santanderina, obtained by crossbreeding between the autochthonous tudanca, lebaniega and pasiega spanish cattle breeds with the imported Friesian cattles. We study blood groups in these three types of Friesian, to analyze the genetics relationships between them. 68 Holstein-Friesian, 97 European-Friesian and 40 Holandesa-santanderina cattles were tested with 51 reagents, for 11 blood groups cattle systems (A, B, C, FV, J, L, M, SU, Z, R'S', T'). It could check that the genetic similarity between Holstein-Friesian and Spanish-Friesian populations are closer than the appearing between this one and European-Friesian cattles. For that, it can say that the holsteinisation of the spanish diary breeds is parallel to the changes in genetic structure for the blood groups studied.

BIBLIOGRAFIA

- 1) BOW, J. (1958).—*Blood groups studies in Dutch cattle breeds*. Veenman. Wageningen, 84.
- 2) CALCEDO, V. (1980).—Sobre las estirpes de ganado Frisón. Aproximación a una síntesis crítica de situación. *Comunicaciones I.N.I.A., Producción Animal*, 6.

- 3) COLLEAU, J. J. (1978).—Holsteinisation de la population Pie Noire Française. Prevision de la Frequence de genes Holstein dans les 20 années a venir. *Bull. Tech. C.R.Z.V., Theix, INRA*, **34**: 45-50.
- 4) CUNNINGHAM, E. P. (1974).—Comparison of Holstein and Friesian cattle for dairy and beef production. *Farm and Food Research*, **5**: 66-68.
- 5) DUPLAN, J. M. (1975).—La vache laitière européenne de la fin du siècle. Opinions et tendance. *Elevage-Insemination*, **150**: 15-18.
- 6) LANGHOLZ, H. J., & JONGELING, C. (1977).—Stand und Entwicklungstendenzen der Rinderzucht Norddeutschlands. *Zuchtungskunde*, **49** (1): 3-20.
- 7) MAYALA, K. & LINDSTROM, G. (1966).—Frequencies of blood group genes and factors in the Finnish cattle breeds with special regard to breed comparisons. *Ann. Agric. Fenn.*, **5**: 76-93.
- 8) MITAT, J. (1975).—Los marcadores genéticos en el ganado bovino cubano. *Ciencias Agropecuarias, Serie 2*, **10**: 1-108.
- 9) NEL, M. (1972).—Genetic distance between populations. *The Amer. Naturalist*, **106**: 283-292.
- 10) NEIMANN-SORENSEN, A. (1958).—*Blood groups of cattle*. Carl Fr. Mortensen. Copenhagen: 177
- 11) OSTERHOFF, D. R. (1966).—Blood group gene frequencies in Suth African Cattle breeds. *Polymorphismes biochimiques des animaux*. INRA. Paris: 107-114.
- 12) OSTLE, B. (1972).—*Statistics in Research*. Iowa State University. USA.
- 13) POLITIEK, R. D.; VOS, H. de, BRANDSMA, H. A.; LEEDE, C. A. & WOLFS-WINKEL, M. VAN (1977).—Cattle breeding trial on the A. P. Minnderhound farm. Veal calves sired by Ducht, American and British-Friesian bulls. *Bedrijfsontwikkeling*, **8** (10): 914-918.
- 14) RENDEL, J. (1958).—Studies of cattle blood groups. IV. The frequency of blood group genes in Swedish cattle breeds, with special reference to breed structure. *Acta Agric. Scand.*, **8**: 191-215.
- 15) RENDEL, J. (1967).—Studies of blood groups and proteins variants as a mean of revealing similarities and differences between animal populations. *A.B.A.*, **35** (3): 371-383.
- 16) SOTILLO, J. L.; SARAZA, R.; RICO, A. & HERNÁNDEZ, P. (1968).—Frecuencias génicas de grupos sanguíneos en el ganado vacuno de dos razas españolas. *Rev. Patr. Biol. Anim.*, **XII**, **1**: 5-10.
- 17) TOLLE, A. (1960).—*Die blutgruppen des Rindes*. M. H. Schapper. Hannover: 195.
- 18) VALLEJO, M. (1981).—Grupos sanguíneos en razas vacunas españolas. II.-Tudanca, Morenas del N.O., Frisona y de Lidia. *Anal. Fac. Vet. León*, **27**: 65-74.
- 19) VALLEJO, M.; ZARAZAGA, I.; LASIERRA, J. M.; MONGE, E. & LAMUELA, J. M. (1978).—Grupos sanguíneos en razas vacunas españolas. I.-Rubia gallega y Pirenaica. *Anal. Est. Exp. Aula Dei*, **14** (1/2): 141-162.
- 20) ZURKOWSKI, M.; SKLADANOWSKA, E.; SZENIANSKA, D. & GRZYBOWSKI, G. (1965).—Changes in frequencies of transferrin genes in cattle. *Blood groups of animals*, Dr. W. Junk. Publishers, The Hague: 235-240.

**ESTRUCTURA GENETICA DE UNA POBLACION CAPRINA
DEL ALTO BIERZO LEONES**

Por M. J. Tuñón*
M. Vallejo**

INTRODUCCION

Actualmente la clasificación etnológica de las razas caprinas españolas es muy confusa, en función de dos circunstancias: el elevado mestizaje existente en aquéllas y el poco interés que, por razones muy variadas, ha ofrecido esta especie ganadera, si se exceptúan las razas malagueña y murciano-granadina, de reconocida elevada producción lechera.

Esta situación ha motivado que se esté intentando clarificar dicho confusio-nismo, mediante la utilización de sistemas genéticos que, dando una precisa información de la variabilidad genética, permiten establecer relaciones genéticas y filogenéticas mucho más aproximadas que las derivadas de los caracteres zoológicos y productivos clásicos.

En este contexto se sitúa el presente trabajo, orientado al estudio de la estructura genética de una población caprina, que tradicionalmente se ha incluido en la agrupación de las mesetas.

MATERIAL Y METODOS

Los 48 animales analizados, cabras adultas de varias edades, constituyeron una muestra significativa para estimar la variabilidad genética de esa población¹⁴ extraída de una vecera caprina de 180 cabezas, ubicada en la zona de los Ancares leoneses, a la que CELADA et al.⁶ le asignan características étnicas propias y diferenciales de la agrupación de las mesetas.

La estructura genética de dicha población se ha estimado para los sistemas genéticos ceruloplasmina (Cp), transferrina (Tf), hemoglobina (Hb), amilasa (Am), anhidrasa carbónica (Ca), catalasa (Ct), NADH diaforasa (Dia) y potasio eritrocí-

* Cátedra de Biología.

** Cátedra de Genética.

An. Fac. Vet. León, 1983, 29, 209-214.