

studied breeds; finally it is suggest several phenogroups at the B and C blood group systems.

#### BIBLIOGRAFIA

- 1) ANÓNIMO (1972).—Cattle blood and milk polymorphisms. *Mimography of Stone, W. H. and Hines, H. C.*
- 2) HESSELHOLST, M.; LARSEN, B.; NIELSEN, P. B. and PALLUDAN, B. (1965).—Studies on blood groups in cattle, horses and pigs. *Blood groups of animals*. Dr. W. Junk Publishers, The Hague, 49-61.
- 3) LAZAR, P.; BOHM, O. and GLIHA, A. (1966).—Blood group gene frequencies in three slovene cattle breeds. *X th Europ. Conf. Anim. Blood Groups and Biochem. Polym.* I.N.R.A., París, 115-119.
- 4) LAZAR, P.; BOHM, O.; SENEGACNIK, J. y GLIHA, A. (1972).—Blood group of podolian cattle in Istris and Bohijn strain of Cika (Pinzgau) cattle. *XII th Europ. Conf. Anim. Blood Groups and Biochem. Polym.* Dr. W. Junk Publishers, The Hague, 125-129
- 5) MITAT, J. (1975).—Los marcadores genéticos en el ganado bovino cubano. *Ciencias Agropecuarias, Serie 2*, 10, 1-108.
- 6) OSTERHOFF, D. R. (1966). Blood group gene frequencies in South African cattle breeds. *X th Europ. Conf. Anim. Blood Groups and Biochem. Polym.* I.N.R.A., París, 107-114.
- 7) REUSE, J. (1969).—Les groupes sanguins dans la race bovine d'Herens. *These inaugurale. Fac. Vet. Univ. Berne*, 381-398.
- 8) SOTILLO, J. L.; RICO, A.; SARAZA, R. and HERNÁNDEZ, P. (1968).—Blood group gene frequencies in two Spanish cattle breeds. *XI th Europ. Conf. Anim. Blood Groups and Biochem. Polym.* Dr. W. Junk Publishers, The Hague, 147-149.
- 9) VALLEJO, M.; ZARAZAGA, I.; LASIERRA, J. M.; MONGE, E. y LAMUELA, J. M. (1978).—Grupos sanguíneos en razas vacunas españolas. I.—Rubia gallega y Pirenaica. *An. Aula Dei*, 14 (1/2), 141-162.

#### CATEDRA DE GENETICA

(Prof. Dr. M. VALLEJO)

### POLIMORFISMOS BIOQUIMICOS EN RAZAS VACUNAS ESPAÑOLAS. II.—DE LIDIA (Ganadería brava)\*

Por M. Vallejo  
E. Monge

#### INTRODUCCION

Como continuación de la línea de investigación abordada por Vallejo et al.<sup>15</sup>, el presente trabajo se orienta a complementar parte de los estudios genéticos que sobre la estructura genética de distintas razas vacunas, se iniciaron hace algunos años en el Departamento de Genética y Mejora de la Facultad de Veterinaria de Zaragoza. En esta ocasión, se ha incidido en una de las razas bovinas españolas, de singular atractivo para los estudios biológicos, la raza de Lidia, habiéndose comenzado a estructurarla genéticamente, desde la óptica de los polimorfismos bioquímicos, hemoglobina, albúmina, transferrina, anhidrasa carbónica y amilasa, que permiten un encuadre genético realmente interesante.

#### MATERIAL

La estimación de la estructura genética de la población vacuna de lidia, se ha realizado a partir de 335 toros lidiados durante las temporadas taurinas 1976-1977 y 1977-1978 y procedentes de 54 ganaderías de primera categoría. Los toros se han clasificado en función de las líneas originarias o castas sobre las que se ha constituido toda la ganadería brava nacional. Con esta base, y de conformidad con los expertos, se han distribuido entre los ecotipo, líneas o castas siguientes: Gallarda (33), Jijona (24), Vazqueña (6), Vistahermosa (77) y varias (195), incluyéndose en esta última, aquellas ganaderías que no han podido ser integradas en algunas de las castas mencionadas.

\* El presente trabajo, realizado en el Departamento de Genética y Mejora de la Facultad de Veterinaria de la Universidad de Zaragoza, ha sido financiado por la Fundación Juan March, mediante una beca de equipo, del que formaron parte como colaboradores los autores, concedida al prof. Dr. don Isafas Zarazaga Burillo, en el año 1976, dentro de la Convocatoria de Especies y Medios Biológicos Españoles, para estudiar la "Situación genética y conservación del toro de lidia español". Los datos proceden de la memoria justificativa correspondiente.

Sin embargo no todas las muestras, extraídas en los mataderos de las plazas de toros donde se lidiaron, se han analizado frente a todos los polimorfismos comentados, ya que las manipulaciones laboratoriales intermedias han determinado que, en ocasiones, se inutilizaran algunas muestras. Por ello en la tabla I, en donde se expresan los resultados obtenidos, se indican entre paréntesis, los números mínimos y máximos de muestras analizadas, en cada una de las castas investigadas.

## METODOLOGIA

La identificación fenotípica de los polimorfismos Hb, Al, Tf, Ca y Am se ha realizado sometiendo las muestras (hemolizado y suero sanguíneos) a una electroforesis horizontal sobre gel de almidón, usando los diferentes sistemas de buffer y corridos sugeridos por Braend et al.<sup>2</sup>, Kristjansson<sup>5</sup>, Poulink<sup>10</sup>, Sartore et al.<sup>11</sup> y Gasparski y Stevens<sup>3</sup>, respectivamente, aunque modificados por Monge et al.<sup>9</sup>, para adaptarlos a las condiciones ambientales (cámara frigorífica a 5° C) en que se realizaron los corridos electroforéticos.

## RESULTADOS

En la tabla I se expresan las frecuencias génicas estimadas para cada uno de los sistemas investigados, así como la situación de equilibrio genético de las poblaciones analizadas en función del test de  $\chi^2$  correspondiente. Al poseer los marcadores genéticos estudiados peculiaridades propias, se ha preferido comentar las derivadas de cada uno de ellos, de una forma independiente, antes de discutir los resultados obtenidos.

**Hemoglobina (Hb).**—Mientras en las castas Gallarda, Jijona y Varias se han detectado los 3 fenotipos normalmente presentes en los bovinos, en la Vazqueña y Vistahermosa sólo se han identificado 2 fenotipos (Hb A y Hb AB), circunstancia indicativa de una reducida variabilidad genética para este polimorfismo.

Independientemente del equilibrio genético que han evidenciado las poblaciones para este polimorfismo, debe destacarse lo que es norma común a todos los sistemas, las diferencias existentes entre las frecuencias génicas estimadas, sobre todo las aparecidas en las castas Gallarda y Jijona, que se separan ostensiblemente de las demás castas, entre las que las diferencias génicas observadas son de menor orden.

Las frecuencias tan bajas del alelo Hb<sup>A</sup> en las dos castas mencionadas (0,46 y 0,64 respectivamente) adquieren particular interés cuando se comparan con las presentadas por otras razas vacunas autóctonas españolas<sup>14, 15</sup>, toda vez que son estas dos agrupaciones las que exhiben las frecuencias más bajas, frecuencias propias ya, de los bovinos asiáticos y africanos.

**Albúmina (Al).**—A excepción de la casta Jijona en donde se han identificado los tres fenotipos posibles a partir de los dos alelos presentes en esta raza (Al<sup>S</sup> y Al<sup>F</sup>), en

TABLA I  
Frecuencias génicas estimadas para los polimorfismos bioquímicos, Hemoglobina (Hb), Albúmina (Al), Transferrina (Tf), Anhidrasa carbónica (Ca) y Amilasa (Am), en cinco castas de la raza de Lidia, con expresión del equilibrio genético de las poblaciones

Sistemas	Parámetros Genéticos	Gallarda n = 26-33	Jijona n = 16-24	Vazqueña n = 6	Vistahermosa n = 70-77	Varias n = 176-195	Total n = 294-335
	$\chi^2$ equilib.	2,93	1,89	0,24	0,01	0,19	9,10***
Hb	Hb <sup>A</sup>	0,46	0,64	0,83	0,99	0,84	0,83
	Hb <sup>B</sup>	0,54	0,36	0,17	0,01	0,16	0,17
	$\chi^2$ equilib.	0,00	1,02	0,24	0,00	0,06	57,01***
Al	Al <sup>S</sup>	0,02	0,54	0,17	0,01	0,02	0,05
	Al <sup>F</sup>	0,98	0,46	0,83	0,99	0,98	0,95
	$\chi^2$ equilib.	5,30	0,75	0,00	25,20***	39,31***	63,85***
Tf	Tf <sup>A</sup>	0,59	0,73	0,42	0,34	0,46	0,46
	Tf <sup>D</sup> <sub>1</sub>	0,15	0,02	—	0,06	0,03	0,05
	Tf <sup>D</sup> <sub>2</sub>	0,21	0,25	0,58	0,46	0,40	0,39
	Tf <sup>E</sup>	0,05	—	—	0,14	0,11	0,10
	$\chi^2$ equilib.	0,63	1,46	0,24	3,30	6,09*	7,44**
Ca	Ca <sup>S</sup>	0,71	0,78	0,83	0,79	0,82	0,80
	Ca <sup>F</sup>	0,29	0,22	0,17	0,21	0,18	0,20
	$\chi^2$ equilib.	0,00	0,01	—	33,23***	63,80***	117,99***
Am	Am <sup>B</sup>	0,98	0,34	1,—	0,64	0,49	0,57
	Am <sup>C</sup>	0,02	0,66	—	0,36	0,51	0,43

- \* P < 0,05
- \*\* P < 0,01
- \*\*\* P < 0,005

las restantes sólo se han detectado dos fenotipos, los Al<sup>F</sup> y Al<sup>SF</sup>. Esta circunstancia, no obstante es lógica, desde el punto de vista genético, teniendo en cuenta la frecuencia tan alta estimada para el alelo Al<sup>F</sup> en todas las castas, a excepción naturalmente de la Jijona, y que es paralela, por otro lado, a la tendencia que existe en las razas vacunas españolas<sup>14, 15</sup> hacia la fijación de este alelo.

El interés que ofrece este marcador desde el punto de vista evolutivo y que ha sido señalado por Bouquet et al.<sup>1</sup>, debemos resaltarlo en este contexto. Veíamos más atrás que las castas Gallarda y Jijona eran las que ofrecían una mayor variabilidad genética, en relación con el polimorfismo Hb, cercana a la exhibida por los bovinos asiáticos. Nuevamente es la casta Jijona la única que muestra una marcada variabilidad en relación con el marcador Al, y al mismo tiempo tiene una frecuencia de Al<sup>S</sup> lo suficientemente levada (0,54) como para alejarse de los bovinos europeos y acercarse a la presentada por los bovinos asiáticos y más concretamente a los búfalos, como puede observarse por las frecuencias de Al<sup>S</sup> que distintos autores<sup>1, 6, 7</sup> señalan

para algunos búfalos asiáticos y europeos: Indian Buffalo = 0,88; Bulgarian Buffalo = 0,54; Italian Water Buffalo = 0,67.

Hacer conjeturas relacionadas con el origen asiático de la raza de Lidia, o con la antigüedad o evolución de las distintas castas es ciertamente prematuro, pero no es menos cierto que en este tema tan sugestivo, la interpretación correcta de las causas de esta variabilidad génica, serán en su día fundamentales, cuando no definitivas para los estudios filogenéticos y evolutivos relacionados con la especie bovina.

*Transferrina (Tf).*—Si para los sistemas anteriores (Hb y Al) todas las poblaciones analizadas a nivel de castas, se habían encontrado en equilibrio genético, en el sentido de Hardy-Weinberg, puede observarse (tabla I) que en las castas Vista-hermosa y Varias no existe adecuación al equilibrio genético mencionado, ya que se han apreciado unas diferencias altamente significativas ( $P < 0,001$ ).

Intentar profundizar en estas desviaciones, observadas igualmente en otras razas por otros autores<sup>4,13</sup> y nosotros mismos<sup>14,15</sup>, no es fácil, debido a que pueden deberse a circunstancias muy variadas. En este contexto, no obstante, deben estar relacionadas por un lado, con el proceso selectivo celosamente guardado por los criadores y con el indebido encuadre o integración de las ganaderías analizadas, dentro de las castas mencionadas, por otro, habida cuenta de la reserva observada en relación con la información de genealogías y sus orígenes, por los ganaderos de reses bravas, en cuyo caso sería el proceso migratorio, el causante modificador de la estructura genética estimada para una determinada casta.

En otro orden de cosas, se comprueba una vez más las diferencias observadas entre las distintas castas, en relación con los 4 alelos que se han identificado ( $Tf^A$ ,  $Tf^{D_1}$ ,  $Tf^{D_2}$  y  $Tf^E$ ), y que son los más comunes que aparecen en las razas europeas y españolas.

Un aspecto debe destacarse de la observación de la tabla I, las frecuencias tan elevadas del alelo  $Tf^E$  que han evidenciado las castas Vistahermosa (0,14) y Varias (0,11), muy similares a la encontrada en la raza Retinta (0,15)<sup>15</sup> y la ausencia o mínima significación del mismo en las castas Gallarda, Jijona y Vazqueña. No sería aventurado afirmar que el proceso selectivo, probablemente seguido en las castas Gallarda, Jijona y Vazqueña, ha sido el determinante de la desaparición de este alelo, si se resalta que todos los toros pertenecientes a estas tres últimas castas, pertenecen asimismo a tres distintas ganaderías, derivadas de las originarias de dichas castas.

*Anhidrasa carbónica (Ca).*—Una vez más, y a partir de los dos alelos identificados ( $Ca^S$  y  $Ca^F$ ), sólo en tres de las castas estudiadas (Gallarda, Vistahermosa y Varias) se han podido observar los tres fenotipos resultantes de las combinaciones génicas posibles, ya que en las Jijona y Vazqueña los fenotipos  $Ca^S$  y  $Ca^SF$  han sido los únicos observados, detalle confirmativo de lo comentado para los otros sistemas, en relación con la disminución de la variabilidad genética observada en algunos sistemas y castas.

Al margen de la elevada frecuencia presentada por el alelo  $Ca^S$  en las castas

investigadas, del mismo orden de las estimadas en otras razas vacunas autóctonas de España<sup>14,15</sup>, debe resaltarse la similitud presentada por las castas, en relación con las frecuencias génicas de este marcador, presentándose por ello una situación opuesta a la que se ha observado hasta ahora en los otros sistemas, derivándose de ello la escasa información que debe aportar en el estudio de las divergencias genéticas existentes entre las castas estudiadas.

*Amilasa (Am).*—Un comportamiento similar al comentado para la transferrina, aparece en este sistema polimórfico, al presentarse una desviación muy significativa ( $P < 0,001$ ) del equilibrio de Hardy-Weinberg en las agrupaciones Vistahermosa y Varias, desviación que también ha sido observada por otros autores en otras razas<sup>8,12,14,16</sup>.

**TABLA II**  
Número de fenotipos y frecuencias génicas estimadas para el polimorfismo Amilasa (Am) en diversas castas de la raza vacuna de Lidia

Parámetros		Castas						Total n = 295
		Gallarda n = 27	Jijona n = 16	Vazqueña n = 6	Vista-herm. n = 70	Varias n = 176		
Fenotipos	Am B	obs.	26	2	6	40	69	143
		esp.	26,01	1,89	6	28,93	42,52	97,40
	Am BC	obs.	1	7	—	10	35	53
		esp.	0,98	7,22	—	32,14	87,97	144,22
	Am C	obs.	—	7	—	20	72	99
		esp.	0,01	6,89	—	8,93	45,51	53,38
$\chi^2$ (equilibrio)		0,00	0,01	—	33,23***	63,80***	117,99***	
Frec. génicas	AmB	0,98	0,34	1,—	0,64	0,49	0,57	
	AmC	0,02	0,66	—	0,36	0,51	0,43	

\*\*\* $P < 0,001$

Es obvio comentar que la fundamentación exacta de esta situación no puede establecerse, por las razones aludidas anteriormente. Sin embargo analizando la tabla II, en donde se expresan los fenotipos observados y esperados en las distintas poblaciones, puede observarse, comparando el número de fenotipos observados Am BC con los esperados Am BC, en las poblaciones exentas de equilibrio genético, que el número de heterocigotos observados se encuentra ciertamente disminuido en relación con la distribución teórica del equilibrio. Este hecho observado igualmente por Schleger<sup>12</sup> y Vallejo et al.<sup>16</sup> y que podría sugerir la existencia de un proceso selectivo desfavorable para los heterocigotos, con un valor selectivo (fitness) no estimado pero que podría diferir según las castas, no sería totalmente desacertado, si bien es evidente que estudios posteriores podrán aclarar esta particular situación.

Manifestando que en este sistema se ha preferido la lectura dialélica a la trialélica, puede establecerse, tras la observación de las tablas I y II que han podido

identificarse los dos alelos Am<sup>B</sup> y Am<sup>C</sup> que parecen ser, por otro lado, los más frecuentes de las razas vacunas europeas.

Asimismo puede comprobarse, en primer lugar que sólo en tres de las castas estudiadas aparecen los tres fenotipos posibles a partir de los dos alelos identificados, ya que en la casta Gallarda sólo se han identificado dos fenotipos, el Am B y Am BC si bien este último con un único representante y en la Vazqueña únicamente el fenotipo Am B. En segundo lugar puede observarse asimismo la gran variabilidad que presenta este sistema genético en relación con sus frecuencias alélicas, toda vez que el alelo Am<sup>B</sup> oscila desde una frecuencia relativamente baja en la casta Jijona (0,34) hasta frecuencias muy altas en las castas Gallarda (0,98) y Jijona (1,—), ofreciendo por ello una variabilidad superior a la observada en las demás razas vacunas autóctonas españolas investigadas hasta ahora<sup>14, 15</sup> que oscilan para el mismo alelo Am<sup>B</sup> entre 0,62 y 0,82.

### DISCUSION

Inicialmente e intentando concretar en algunas ideas lo que parece deducirse de los resultados obtenidos, pueden constatarse dos hechos. Por un lado, la pérdida de variabilidad genética que han sufrido las castas Gallarda, Jijona y Vazqueña en comparación con las Vistahermosa y Varias, en las que las estructuras estimadas en función de los cinco sistemas estudiados, se aproximan a la estimada para el total general. Por otro lado, las desviaciones que se observan en relación con el mantenimiento del equilibrio genético de las poblaciones investigadas.

En este sentido, así como las poblaciones analizadas dentro de las castas Gallarda, Jijona y Vazqueña se encuentran en equilibrio genético para los cinco sistemas genéticos estudiados, en la casta Vistahermosa aparece una muy significativa desviación en relación con dos de los sistemas (Tf y Am), situación genética que se repite en las ganaderías que hemos incluido dentro de Varias y para tres sistemas (Tf, Am y Ca). Cuando esta característica se analiza a nivel del total general de los toros analizados, es decir a nivel racial, sin considerar las castas en las que hemos distribuido esta agrupación, se asiste a una constante desviación del equilibrio genético de las poblaciones, en todos los sistemas y para distintos niveles de significación ( $P < 0,05$ ,  $P < 0,001$ ).

El equilibrio genético, en el sentido de Hardy-Weinberg, es posible cuando todos los genes poseen iguales valores adaptativos para sobrevivir y reproducirse, y solamente en una población muy grande los cambios aleatorios que pudieran producirse en las frecuencias génicas podrían considerarse como insignificantes.

Al no ser esas las condiciones inherentes a las poblaciones animales investigadas, es evidente que las causas motivadoras de las desviaciones observadas, como se comentaba anteriormente, son difíciles de matizar, ya que probablemente no sea una, sino varias las que determinen aquellas desviaciones, algunas de las cuales se han sugerido ya.

**TABLA III**  
Relación de las castas de Lidia investigadas con expresión del número de ganaderías y toros a los que se ha accedido

Castas	N.º de ganaderías	N.º de toros
Gallarda	1	33
Jijona	1	24
Vazqueña	1	6
Vistahermosa	10	77
Varias	41	195
Totales	54	335

En este contexto, es evidente que el proceso migratorio representado por una inadecuada o incorrecta integración de las ganaderías en una casta determinada es la causa fundamental de esta situación, como puede comprobarse al estudiar el origen de los toros lidiados, tal como puede observarse en la tabla III. Mientras que los toros lidiados y que han sido integrados en las castas Gallarda, Jijona y Vazqueña, proceden de las mismas ganaderías, respectivamente, siendo precisamente en estas castas donde el equilibrio genético se ha mantenido, por el contrario en la casta Vistahermosa en la que se han integrado toros procedentes de 10 ganaderías, se han presentado desviaciones al equilibrio en dos de los sistemas, elevándose esta situación a tres sistemas cuando se analiza la casta Varias, en la que se han integrado toros procedentes de 41 ganaderías. Se asiste a una relación entre ganadería y equilibrio genético: cuanto menor es el número de ganaderías que se estudian conjuntamente, bajo la denominación de una misma casta, menos es el número de situaciones de desviaciones del equilibrio genético que puede observarse.

Esta situación hace que prescindiendo del origen y formación de las diferentes castas de la ganadería brava, toda vez que dicha temática deben abordarla los expertos, pero asignándole a las mismas la categoría de unidad zootécnica, cuestión por otro lado polemizable o discutible, vamos a intentar matizar las desviaciones genéticas analizadas, desde el punto de vista de la situación etnológica de la raza de Lidia.

Debe hacerse constar que cuando se habla de castas, no debe concebirse como una casta «pura» ya que esa concepción a nivel «ganadería» no puede sustentarse, a poco que se haya profundizado en la historia de las ganaderías bravas. Por ello, el concepto de casta debe entenderse, dentro de las limitaciones genéticas derivadas de una falta de información en el tiempo y consecuentemente dentro del relativo grado de pureza que pueden poseer.

Como la estructura establecida a nivel de castas, se ha realizado a partir de una serie de animales pertenecientes a distintas ganaderías y a veces con un número de aquéllos realmente escaso (una corrida: 6 toros), en primer lugar se ha determinado si la estructura genética derivada de los datos obtenidos con una corrida son extrapolables a los que podrían haberse obtenido a partir de la ganadería completa de

donde proceden, a fin de admitir finalmente una equivalencia de frecuencias génicas.

Para ello, en una determinada ganadería se calcularon los parámetros genéticos correspondientes a los sistemas Hb, Al, Tf y Am, a partir de 41 becerros de alrededor de siete meses de edad y se compararon con los estimados a partir de 6 toros lidiados en una corrida de esa misma ganadería, mediante los correspondientes test de homogeneidad, y cuyos resultados se resumen en la tabla IV.

**TABLA IV**

**Comparación de las estructuras genéticas estimadas en una ganadería brava, para cuatro sistemas polimórficos, a nivel de explotación y corrida (toro lidiado), mediante un test de homogeneidad**

Sistema Genético	Alelos	Frecuencias génicas		$\chi^2$ de Homogeneidad	G.L.	P
		Explotación n = 41	Corrida n = 6			
Hemoglobina	Hb <sup>A</sup>	0,96	1,—	0,40	1	N.S.
	Hb <sup>B</sup>	0,04	—			
Albúmina	Al <sup>S</sup>	0,01	—	0,13	1	N.S.
	Al <sup>F</sup>	0,99	1,—			
Transferrina	Tf <sup>A</sup>	0,50	0,40	1,08	3	N.S.
	Tf <sup>D<sub>2</sub></sup>	0,49	0,60			
	Tf <sup>E</sup>	0,01	—			
Amilasa	Am <sup>B</sup>	0,66	0,30	4,05	2	N.S.
	Am <sup>C</sup>	0,34	0,70			

N.S.: Diferencia No Significativa.

G.L.: Grados de Libertad.

El hecho de que en ninguno de los sistemas investigados se hayan apreciado diferencias significativas permite afirmar, a partir de los resultados obtenidos, que la estructura genética establecida a nivel de los toros lidiados en una corrida, es paralela o similar a la de la ganadería de donde proceden, por lo que las conclusiones que pueden derivarse de aquel nivel, son válidas y extrapolables a nivel de explotación. Esta afirmación es particularmente importante porque la estructura establecida para las distintas castas estudiadas, en función de una serie de corridas, debe ser válida y representativa de las ganaderías que se han integrado en las mismas.

Con esta base y a nivel de las investigaciones actuales puede afirmarse entonces que junto a las variaciones aloídicas, heterométricas y plásticas observadas en la raza de Lidia, ésta se caracteriza igualmente por su variabilidad en relación con la serie de sistemas genéticos investigados, siendo esta variabilidad genética la que ha permitido la diferenciación racial existente.

Si en una raza, desde un punto de vista genético, debe existir una «fuente común» de genes, hay razones biométricas para suponer que entre las distintas

agrupaciones pertenecientes a una misma raza, no deben existir diferencias entre aquéllas en relación con determinados caracteres o rasgos que puedan numerarse o cuantificarse. Como mediante un «test de homogeneidad», por otro lado, se puede establecer la concordancia entre dos series de frecuencias, a partir de la  $\chi^2$  calculada en el mismo y su adecuación o no a la distribución estadística de  $\chi^2$  de Pearson, se dispone entonces del método estadístico-genético para probar o rechazar la hipótesis de homogeneidad de diferentes agrupaciones. En este sentido aquellos ecotipos, variedades o castas pertenecientes a una misma raza, que no muestren diferencias significativas deben considerarse como homogéneos en relación con los marcadores genéticos que se estudien y del mismo modo no debe existir una base genética para tal denominación o diferenciación, si bien la pudiera tener desde cualquier otro punto de vista (tradicional, de producción, geográfico).

**TABLA V**

**$\chi^2$  calculadas, mediante los test de homogeneidad, entre cinco castas de la raza de Lidia, para cinco loci genéticos**

Polimorfismos bioquímicos	$\chi^2$	G.L.	P
Hb	100,33	8	***
Al	175,24	8	***
Tf	59,58	32	***
Ca	7,45	8	N.S.
Am	50,36	8	***

G.L.: Grados de Libertad.

N.S.: Diferencia No Significativa.

\*\*\*: P 0,001

En base a estos considerandos, en la tabla V se especifican los valores de  $\chi^2$  calculados en los test de homogeneidad realizados para cada uno de los loci estudiados, en relación con las castas investigadas. Como en cuatro de los cinco sistemas analizados la ausencia de homogeneidad es muy significativa ( $P < 0,001$ ), puede sustentarse la hipótesis de que hay razones biométricas para afirmar que las castas investigadas no se pueden considerar como similares, desde el punto de vista genético y a partir de los loci estudiados, sino ciertamente distintas y con una particular estructura genética.

## RESUMEN

Una población de 335 toros lidiados, que se han distribuido entre cinco ecotipos o castas, Gallarda (33), Jijona (24), Vazqueña (6), Vistahermosa (77) y Varias (195), es estudiada desde la óptica de los polimorfismos bioquímicos. Después de estructurarlas genéticamente sobre la base de los sistemas hemoglobina, albúmina, trans-

ferrina, anhidrasa carbónica y amilasa, se discuten algunas de las relaciones genéticas aparecidas entre ellas y las restantes razas vacunas españolas investigadas hasta el momento actual. Finalmente se establece la conveniencia de considerar a las «castas estudiadas» como agrupaciones propias, portadoras de una particular y diferente estructura genética, desde el punto de vista genético y para los loci investigados.

## BIOCHEMICAL POLYMORPHISMS IN SPANISH CATTLE BREEDS. II.—DE LIDIA (BULL-FIGHTING BREED)

### SUMMARY

A population of 335 bulls-fighting, belonging at «De lidia» spanish breed is divided in five ecotypes or «castas»: Gallarda (33), Jijona (24), Vazqueña (6), Vistahermosa (77) and Varias (195); after genetical studies carried out on five genetic cattle systems, Hemoglobin (Hb), Albumin (Al), Transferrin (Tf), Carbonic anhidrase (Ca) and Amylase (Am), we discuss the genetic relationship between these five «castas» on the basis of the estimations, and we establish a discussion about the advantage to consider «the castas» as propes groups from a point of view ethnological.

### BIBLIOGRAFIA

- 1) BOUQUET, Y. and VAN DE WEGHE, A. (1972).—Albumin polymorphism in Belgian cattle breeds. *XI th Europ. Conf. Anim. Blood Groups Biochem. Polym.* Dr. W. Junk Publishers, The Hague, 197-200.
- 2) BRAEND, M.; RENDEL, J.; GAHNE, B. and ADALSTEINSSON, S. (1962).—Genetic studies on blood group transferrins and haemoglobins in Icelandic cattle. *Hereditas*, (48), 264-283.
- 3) GASPARI, J. and STEVENS, R. W. C. (1968).—Bovine serum amylase isozymes in several breeds of domestic cattle. *Can. J. Genet. Cytol.*, (10), 148.
- 4) GELDERMANN, H. (1972).—Polymorphisms of transferrins in German cattle. *XI th Europ. Conf. Anim. Blood Groups Biochem. Polym.* Dr. W. Junk Publishers, The Hague, 163-171.
- 5) KRISTJANSSON, F. K. (1963).—Genetic control of two prealbumins in pigs. *Genetics*, (48), 1059.
- 6) MAKAVEYEV, Ts. (1970).—Albumins, transferrins, serum amylase and blood groups in Bulgarian Water Buffalo. *XI th Europ. Conf. Anim. Blood Groups Biochem. Polym.* Dr. W. Junk Publishers, The Hague, 235-238.
- 7) MASINA, P.; JANELLI, D. and BETTINI, T. M. (1971).—Serum albumin and transferrin variants in Italian water buffalo. *Experientia*, (27), 587-589.
- 8) MAZUMDER, N. K. and SPOONER, R. L. (1970).—Studies on bovine serum amylase; evidence for two loci. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, (1), 145-156.
- 9) MONGE, E.; ZARAZAGA, I.; LASIERRA, J. M.; LAMUELA, J. M. y VALLEJO, M. (1976).—Metodología laboratorial en polimorfismos bioquímicos de ganado vacuno. *Anal. Fac. Vet. Zaragoza*, **10**, (10), 263-280.
- 10) POULINK, M. D. (1957).—Starch gel electrophoresis in a discontinuous system of buffers. *Nature*, (180), 1477.
- 11) SARTORE, G.; STORMONT, C.; MORRIS, B. G. and GRUNDER, A. A. (1969).—Multiple electrophoretic forms of carbonic anhydrase in red cells of domestic cattle (*Bos taurus*) and American buffalo (*Bison*). *Genetics*, (61), 823-831.
- 12) SCHLEGER, W. (1971).—Serum amylase isozyme in three Austrian cattle breeds. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, (2), 45-50.

- 13) SOOS, P.; GIPPERT, E. and CSONTOS, G. (1974).—Population genetics studies of serum transferrin variants in some populations of Hungarian spotted cattle. *Acta Vet. Acad. Sci. Hung.* **24** (1-2), 55-61.
- 14) VALLEJO VICENTE, Miguel (1978).—Razas vacunas autóctonas en vías de extinción (Aportaciones al estudio genético). *Fundación Juan March. Serie Universitaria*, (69), 1-51.
- 15) VALLEJO, M.; MONGE, E.; RODERO, A.; ZARAZAGA, I.; GARZÓN, R. y LAMUELA, J. M. (1977).—Polimorfismos bioquímicos en razas vacunas españolas. I.—Rubia gallega, Pirenaica, Retinta y Morenas del N.O. *Trab. Cient. Univ. Cordoba*, (23), 1-34.
- 16) VALLEJO, M.; MONGE, E.; ZARAZAGA, I.; LASIERRA, J. M. y LAMUELA, J. M. (1978).—Segregación de los polimorfismos bioquímicos Tf y Am en ganado vacuno. *Zootecnia*, **XXVII** (1-3), 15-30.