

VARIABILIDAD GENÉTICA EN RAZAS BOVINAS ESPAÑOLAS MEDIANTE EL ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS BIOQUÍMICOS Y DE ADN

GENETIC VARIABILITY IN SPANISH CATTLE USING BIOCHEMICAL AND DNA POLYMORPHISMS

Arranz, J.J., Y. Bayón y F. San Primitivo

Departamento de Producción Animal. Universidad de León. 24071 León. España.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Razas bovinas autóctonas. Morucha. Sayaguesa. Avileña-Negra Ibérica.

ADDITIONAL KEYWORDS

Spanish bovine breeds. Morucha breed. Sayaguesa breed. Avileña-Negra Ibérica breed.

RESUMEN

Se analizó la variabilidad genética de 13 sistemas bioquímicos y cuatro polimorfismos de ADN en cinco poblaciones bovinas, correspondientes a tres razas autóctonas españolas y la raza Parda.

Las razas españolas consideradas fueron las siguientes: Morucha, Sayaguesa y Avileña-Negra Ibérica, estando esta última representada por dos poblaciones.

Los marcadores analizados fueron los siguientes: hemoglobina beta, enzima málico soluble, catalasa, anhidrasa carbónica, purina nucleósido fosforilasa, NADH diaforasa 1, malato deshidrogenasa, ceruloplasmina, amilasa 1, albúmina, proteína GC, transferrina, post-transferrina 2, caseína alfa S1, lactoglobulina beta, caseína kappa y hormona del crecimiento.

Se realizó una comparación de las frecuencias génicas obtenidas para cada población, siendo de destacar la detección en el sistema GC de la forma alélica GC^c únicamente en una de las dos poblaciones de Avileña-Negra Ibérica.

La tasa de heterocigosis media por locus no presentó grandes variaciones entre poblaciones, co-

respondiendo el valor más elevado a la raza Morucha y el más pequeño a la Sayaguesa.

SUMMARY

Genetic variability was analysed at 13 biochemical systems and four DNA polymorphisms in five cattle populations: three Spanish indigenous breeds and Brown Swiss.

Spanish breeds studied were: Morucha, Sayaguesa and Avileña-Negra Ibérica, the latter being represented by two populations.

Markers analysed were as follows: haemoglobin beta, malic enzyme soluble, catalase, carbonic anhydrase, purine nucleoside phosphorilase, NADH diaphorase 1, malate dehydrogenase, ceruloplasmin, amylase 1, albumin, GC protein, transferrin, post-transferrin 2, casein alpha S1, lactoglobulin beta, casein kappa and growth hormone.

A comparison of gene frequencies among populations was performed. It is to be noted that GC^c allele was detected only in one of the two populations

ARRANZ, BAYÓN Y SAN PRIMITIVO

of Avileña-Negra Ibérica. Mean heterozygosity per locus did not show large variability among populations, the largest value being found in Morucha and the lowest in Sayaguesa.

INTRODUCCIÓN

Los polimorfismos proteicos han sido ampliamente utilizados para caracterizar poblaciones y razas. Clásicamente la diferenciación se ha establecido en base al polimorfismo bioquímico. En los últimos años, las técnicas de análisis a nivel genómico han permitido el diagnóstico directo de variaciones proteicas, independientemente del tipo de animal, edad o sexo. Además la técnica de PCR supone un sistema rápido y preciso para la determinación del genotipo de un individuo.

El objetivo de este estudio se centra en el análisis de la variación genética, en cinco poblaciones bovinas, de 17 marcadores genéticos, 13 de los cuales son sistemas bioquímicos y cuatro de ellos polimorfismos de ADN. El ganado procede de la región centro-norte de España, incluyendo dos poblaciones pertenecientes a la misma raza (Avileña-Negra Ibérica) con claras características diferenciales, otras dos razas autóctonas españolas (Sayaguesa y Morucha) y la raza Parda como ejemplo de ganado procedente del exterior pero claramente adaptado a la zona.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han analizado un total de cinco poblaciones correspondientes a tres razas autóctonas españolas y la raza Parda. La raza Avileña-Negra Ibérica estu-

vo representada por dos poblaciones geográfica y reproductivamente aisladas entre sí, con características morfológicas diferenciales, a las que nos referiremos como A-NI 1 y A-NI 2. El número de animales estudiados de cada una de estos grupos fue el siguiente (entre paréntesis se indican las muestras analizadas para polimorfismos bioquímicos y de ADN): A-NI 1 (149, 130), A-NI 2 (154, 104), Morucha (108, 104), Sayaguesa (166, 60) y Parda (175, 90).

Se utilizaron geles de almidón para la separación electroforética de los sistemas eritrocitarios siguientes: hemoglobina beta (*HBB*), enzima málico soluble (*ME1*) y catalasa (*CAT*) (Baker y Manwell, 1977), anhidrasa carbónica (*CA*) y purina nucleósido fosforilasa (*NP*) (Tucker *et al.*, 1967), NADH diaforasa 1 (*DIA1*) y malato deshidrogenasa (*MDHI*) (Valenta *et al.*, 1967).

Se analizaron, mediante electroforesis en gel de almidón, las variantes genéticas de los polimorfismos plasmáticos siguientes: ceruloplasmina (*CP*) (Gebicke-Harter y Geldermann, 1977), amilasa 1 (*AMY1*) (Trowbridge y Hines, 1979) y albúmina (*ALB*) (Kristjansson, 1963). Utilizando geles de poliacrilamida se realizó la identificación para los sistemas: proteína GC (*GC*) (vitamin D binding), transferrina (*TF*) y post-transferrina 2 (*PTF2*) (Gahne *et al.*, 1977).

La tipificación de las variantes de las proteínas lácteas se realizó mediante reacciones de PCR efectuadas sobre ADN genómico, seguidas de digestión y electroforesis en geles de agarosa. Las técnicas específicas para cada sistema fueron las siguientes: caseína kappa (*CASK*) (Denicourt *et al.*, 1990), lactoglobulina beta (*LGB*) (Medrano y Aguilar-Cordova, 1990) y caseína alfa

POLIMORFISMOS BIOQUÍMICOS Y DE ADN EN BOVINO ESPAÑOL

Tabla I. Frecuencias génicas en los sistemas polimórficos. (Gene frequencies at the polymorphic systems).

	A-NI1	A-NI2	M ¹	S ²	p ³
HBB ^A	0,970	0,942	0,839	0,922	0,904
HBB ^B	0,030	0,058	0,161	0,078	0,096
CA ^F	0,329	0,383	0,151	0,160	0,191
CA ^S	0,671	0,617	0,849	0,840	0,809
NP ^{H^F}	0,023	0,040	0,074	0	0,122
NP ^{H^S}	0,242	0,166	0,119	0,034	0,165
NP ^F	0,735	0,794	0,807	0,966	0,713
AMY1 ^B	0,614	0,633	0,555	0,675	0,811
AMY1 ^C	0,386	0,367	0,445	0,325	0,189
CP ^A	0,648	0,834	0,812	0,714	0,891
CP ^B	0,037	0,020	0,046	0,057	0,003
CP ^C	0,315	0,146	0,142	0,229	0,106
ALB ^A	0,762	0,994	0,904	0,967	0,991
ALB ^B	0,238	0,006	0,096	0,033	0,009
GC ^A	0,359	0,192	0,384	0,313	0,031
GC ^B	0,584	0,808	0,616	0,687	0,969
GC ^C	0,057	0	0	0	0
TF ^A	0,568	0,510	0,454	0,758	0,454
TF ^{D1}	0,120	0,202	0,120	0,027	0,131
TF ^{D2}	0,255	0,285	0,398	0,209	0,403
TF ^E	0,057	0,003	0,028	0,006	0,011
PTF2 ^F	0,886	0,818	0,856	0,919	0,691
PTF2 ^G	0,114	0,182	0,144	0,081	0,309
CASK ^A	0,563	0,678	0,495	0,762	0,439
CASK ^B	0,437	0,322	0,505	0,238	0,561
LGB ^A	0,322	0,361	0,430	0,484	0,644
LGB ^B	0,678	0,639	0,570	0,516	0,356
GH ^A	0,948	0,894	0,864	0,852	0,939
GH ^B	0,052	0,106	0,136	0,148	0,061
CASA1 ^B	0,873	0,880	0,832	0,787	0,939
CASA1 ^C	0,127	0,120	0,168	0,213	0,061

¹Morucha; ²Sayaguesa; ³Parda

S1 (CASA1) (David y Deutch, 1992). Se ha realizado únicamente la identificación de los alelos más comunes, y los únicos descritos en la mayoría de las razas. Además de las secuencias de ADN de las

proteínas lácteas citadas, se han estudiado las correspondientes a las dos formas moleculares de la hormona del crecimiento (GH) (Chikuni *et al.*, 1991).

Las frecuencias génicas se obtuvieron por recuento directo, para los sistemas que presentaban una herencia de tipo codominante y suponiendo equilibrio Hardy-Weinberg para el locus NP. Para comprobar si cada población podía considerarse en las condiciones de equilibrio Hardy-Weinberg se realizaron pruebas χ^2 de contraste entre los valores observados y esperados para las diferentes clases fenotípicas. También se llevaron a cabo pruebas de independencia entre poblaciones, para cada marcador genético, mediante análisis χ^2 de contingencia. La variación genética dentro de cada grupo de animales se estimó mediante el cálculo de la heterocigosis en cada locus (h) y la heterocigosis media (H).

RESULTADOS

Los sistemas NADH diaforasa (DIA1), enzima málico soluble (ME1), catalasa (CAT) y malato deshidrogenasa (MDH1) resultaron monomórficos en las cuatro razas estudiadas, siendo la imagen electroforética idéntica en todos los animales analizados. En la **tabla I** se presentan las frecuencias génicas correspondientes a los marcadores polimórficos. El número de alelos identificados para cada locus fue el siguiente: HBB (2), CA (2), NP (3), AMY1 (2), CP (3), ALB (2), GC (2), TF (4), PTF2 (2), CASK (2), LGB (2), GH (3) y CASA1 (2). No obstante, es de señalar el caso de la raza Sayaguesa, en la cual sólo se detectaron dos alelos en el sistema NP y, por otro

ARRANZ, BAYÓN Y SAN PRIMITIVO

Tabla II. Valores χ^2 para el equilibrio Hardy-Weinberg. (χ^2 values for the Hardy-Weinberg equilibrium).

	A-NI1	A-NI2	Morucha	Sayaguesa	Parda
HBB	0,000	0,012	0,296	0,364	0,001
CA	1,025	2,925	2,370	0,217	20,036***
AMY1	0,246	0,220	0,166	0,524	0,159
CP	0,780	3,975	0,024	0,530	1,476
ALB	0,264	0,000	0,000	0,676	0,000
GC	5,283	0,236	2,105	0,702	0,745
TF	7,134	1,690	4,621	2,024	4,220
PTF2	1,465	0,650	1,102	0,444	0,011
CASK	0,003	0,035	0,117	0,018	0,171
LGB	5,584*	3,034	5,321*	10,632**	2,220
GH	0,004	0,000	1,588	0,069	0,147
CASA1	0,271	0,011	3,228	3,239	0,003

* $p < 0,05$; ** $p < 0,01$; *** $p < 0,001$

lado, el sistema *GC*, en el que el alelo *GC^c* apareció exclusivamente en la población A-NI 1.

Los resultados de los test de equilibrio Hardy-Weinberg se presentan en la **tabla II**. Hay que destacar que la raza Parda no se ajustó a las condiciones de equilibrio Hardy-Weinberg para el *locus CA*, detectándose una marcada deficiencia en el número de individuos heterocigóticos observados con respecto a los esperados. Aparte de este caso, solamente se detectaron desviaciones del equilibrio en el sistema lactoglobulina beta para las poblaciones A-NI1, Morucha y Sayaguesa.

En la **tabla III** se incluyen los valores de la heterocigosis obtenidos para cada uno de los marcadores, así como la tasa de heterocigosis media por *locus*. Los sistemas que presentaron una menor tasa de heterocigosis fueron: *HBB*, *GH* y *ALB*. En el caso del *HBB* su valor fluctuó desde 5,9 p.100 en A-NI 1 hasta 27 p.100 en

Morucha. En el sistema *GH* osciló entre 9,9 p.100 en A-NI 1 y 25 p.100 en Sayaguesa. Finalmente, en el *locus ALB* la heterocigosis fue baja en todas las poblaciones (1,3-17 p.100) excepto en A-NI 1, donde alcanzó un valor relativamente elevado (36,3 p.100).

La mayor variabilidad se detectó en los marcadores siguientes: *TF* (osciló entre un 38 p.100 en Sayaguesa y un 62 p.100 en Morucha), *LGB* (en todos los casos alcanzó valores superiores al 40 p.100) y *CASK* (fluctuó entre 36,3 p.100 y 50 p.100). Hay que destacar la baja tasa de heterocigosis del *locus NP*, evidenciada en la raza Sayaguesa (6,4 p.100) y del *locus GC* en la raza Parda (6,1 p.100), que contrasta con el valor elevado obtenido para el resto de los grupos (32,9 p.100-44,7 p.100 en *NP*) (31,2 p.100-52,7 p.100 en *GC*).

Las cinco poblaciones exhibieron valores muy similares para la tasa de heterocigosis media por *locus*, corres-

POLIMORFISMOS BIOQUÍMICOS Y DE ADN EN BOVINO ESPAÑOL

pondiendo los extremos a la raza Sayaguesa ($22,5 \text{ p.100} \pm 0,044$) y a la Morucha ($27,6 \text{ p.100} \pm 0,048$). El porcentaje de *loci* polimórficos resultó ser igual en todos los grupos de animales ($76,5 \text{ p.100}$).

En la **tabla IV** se presenta el resumen de los resultados obtenidos en los 130 análisis de contingencia, incluyendo el número de polimorfismos que han mostrado diferencias significativas, así como su identificación, en la parte superior e inferior de la diagonal, respectivamente. De los 13 *loci* incluidos en el estudio, han mostrado diferencias un mínimo de siete y un máximo de 12.

Desde el punto de vista de la distinción entre razas, de las 97 comparaciones realizadas, los pares que se diferenciaron en mayor medida fueron A-NI 1/Sayaguesa y A-NI 1/Parda en los que el test resultó significativo para 12 de los

13 marcadores polimórficos.

A nivel global, se puede apreciar que la raza Parda se distinguió de las demás en 10 (A-NI 2, Morucha y Sayaguesa) o en 12 *loci* (A-NI 1). Las poblaciones que se presentaron más homogéneas fueron el par A-NI 2/Morucha (siete diferencias) y los pares A-NI 1/A-NI 2 y Morucha/Sayaguesa (ocho diferencias). El resto de los contrastes han originado 10 ó más diferencias significativas.

En la **tabla V** se incluye el número de diferencias detectadas por cada polimorfismo. Todos los marcadores han sido útiles para poner de manifiesto variaciones, tanto entre razas, como entre las dos poblaciones de Avileña-Negra Ibérica. De las 97 comparaciones totales, el número de diferencias detectadas por cada *locus* osciló desde cinco en el caso del *locus GH* hasta nueve en los *loci NP, CP, AMY1, GC* y *TF*.

Tabla III. Valores de la heterocigosis en los *loci* polimórficos. (Heterozygosity values at the polymorphic *loci*).

	A-NI 1	A-NI 2	Morucha	Sayaguesa	Parda
HBB	0,059	0,109	0,270	0,144	0,175
CA	0,441	0,473	0,257	0,268	0,310
NP	0,406	0,342	0,329	0,064	0,447
CP	0,480	0,281	0,318	0,435	0,342
AMY1	0,474	0,463	0,494	0,439	0,306
ALB	0,363	0,013	0,174	0,064	0,034
GC	0,527	0,312	0,474	0,432	0,061
TF	0,595	0,618	0,620	0,380	0,614
PTF2	0,202	0,296	0,244	0,149	0,427
CASK	0,492	0,437	0,500	0,363	0,493
LGB	0,437	0,461	0,491	0,500	0,458
GH	0,099	0,189	0,237	0,250	0,115
CASA1	0,222	0,211	0,282	0,328	0,115
Heterocigosis					
media por <i>locus</i>	0,282±0,053	0,247±0,049	0,276±0,048	0,225±0,044	0,229±0,050

ARRANZ, BAYÓN Y SAN PRIMITIVO

Tabla IV. Análisis de contingencia: El número de loci que mostraron diferencias significativas y su relación se presentan en la parte superior e inferior de la diagonal, respectivamente. (Contingency analysis: the number of loci showing significant differences are indicated and listed above and below diagonal, respectively).

	A-NI 1	A-NI 2	Morucha	Sayaguesa	Parda
A-NI 1		8	10	12	12
A-NI 2	NP, CP, ALB, GC, TF, PTF2, CASK, GH		7	10	10
Morucha	HBB, CA, NP, CP, AMY1, ALB, GC, TF, LGB, GH	HBB, CA, AMY1 ALB, GC, TF, CASK		8	10
Sayaguesa	HBB, CA, NP, CP, AMY1, ALB, GC, TF, CASK, LGB, GH, CASA1	CA, NP, CP, AMY1, ALB, GC, TF, PTF2, LGB, CASA1	HBB, NP, CP AMY1, ALB, TF, PTF2, CASK		10
Parda	HBB, CA, NP, CP, AMY1, ALB, GC, TF, PTF2, CASK, LGB, CASA1	CA, NP, CP, AMY1, GC, TF, PTF2, CASK, LGB, CASA1	HBB, NP, CP, AMY1, ALB, GC, PTF2, LGB, GH, CASA1	NP, CP, AMY1, GC, TF, PTF2, CASK, LGB, GH, CASA1	

DISCUSION

Las frecuencias obtenidas para el sistema *HBB* pueden encuadrarse en el amplio rango descrito para el ganado vacuno de la península Ibérica (Vallejo, 1978; Baker y Manwell, 1980; Kidd *et al.* 1980). De la misma forma las frecuencias estimadas en el *locus* de la anhidrasa carbónica, presentan una tendencia semejante a la encontrada en otras razas españolas y del resto de Europa (Kraay, 1972; Stormont *et al.*, 1972; Vallejo *et al.*, 1990), es decir, un predominio del alelo *CA^S*, aunque en todos los casos la presencia del alelo *CA^F* no fue

despreciable. Por lo que se refiere a la marcada desviación del equilibrio Hardy-Weinberg detectada en la raza Parda para el sistema *CA*, y entre las posibles causas sugeridas por Cavalli-Sforza y Bodmer (1971) de una deficiencia en heterocigotos, podemos indicar como causa más probable la subdivisión del grupo de animales en subpoblaciones, que podrían coincidir con las explotaciones analizadas.

La información bibliográfica disponible en el caso de la purina nucleósido fosforilasa es bastante escasa. Clásicamente, y siguiendo el modelo del ganado ovino se identificaban, en este *locus*, dos

POLIMORFISMOS BIOQUÍMICOS Y DE ADN EN BOVINO ESPAÑOL

Tabla V. Número de diferencias significativas detectadas por cada locus. (Number of significant differences detected by each locus).

Locus	Número de discriminaciones entre poblaciones	Locus	Número de discriminaciones entre poblaciones
HBB	6	TF	9
CA	6	PTF2	7
NP	9	CASK	7
AMY1	9	LGB	7
CP	9	GH	5
ALB	8	CASA1	6
GC	9		

fenotipos, uno de alta y otro de baja actividad, determinados por dos alelos, uno de ellos dominante respecto al otro. Ansay (1975) realizó por primera vez una identificación trialélica, distinguiendo tres fenotipos de alta actividad y uno de baja. En nuestro caso se ha logrado la identificación de los tres alelos del locus NP.

Al igual que en otras razas españolas (González *et al.*, 1987) y del resto de Europa Ansay (1973), el alelo más frecuente es el de baja actividad (NP^a). Curiosamente, entre el ganado bovino español se ha obtenido un rango de valores muy superior al descrito para otras razas europeas.

La variabilidad del marcador amilasa I entre las diferentes razas es muy elevada, habiéndose encontrado frecuencias intermedias o extremas para los dos alelos, en razas con un mismo origen filogenético (Baker y Manwell, 1980). En las poblaciones analizadas por nosotros, la situación fue similar, de forma que se pueden hacer dos grandes grupos; uno con baja frecuencia para el alelo AMY1^c, integrado por la población de

raza Parda, y otro con un valor intermedio, constituido por las cuatro poblaciones autóctonas. En las razas bovinas españolas investigadas por otros autores, la variabilidad en este locus ha sido muy alta y las frecuencias alélicas, en la mayoría de ellas, intermedias (Kidd *et al.*, 1980; Piedrafita *et al.*, 1984a; González *et al.*, 1987; Vallejo *et al.*, 1990).

En el sistema ceruloplasmina las frecuencias obtenidas en las cinco poblaciones analizadas, confirman el predominio del alelo CP^a y una presencia testimonial del alelo CP^b. Esta misma situación se había comprobado anteriormente, tanto en poblaciones bovinas españolas (González *et al.*, 1987; Vallejo *et al.*, 1990), como del resto de Europa (Schröffel *et al.*, 1970; Gebicke-Härter y Geldermann, 1975).

En el locus ALB, al igual que ocurre con el resto de las razas bovinas derivadas de *Bos taurus*, la forma más común es ALB^a. Baker y Manwell (1980) han indicado la existencia de un gradiente de frecuencias para el alelo ALB^a. En las razas del norte de Europa la variante ALB^a puede considerarse fijada. El alelo ALB^b aparece, con frecuencias muy bajas, en el ganado bovino del centro de Europa y más elevadas en las razas del sur de Europa. Finalmente, las razas de África y Asia, derivadas de *Bos indicus*, presentan frecuencias próximas a 0,9 para ALB^b (Mitat *et al.*, 1978; Singh, 1981).

En las razas españolas estudiadas hasta el momento, la frecuencia del alelo ALB^b es pequeña, salvo en la Blanca Cacerense (Kidd *et al.*, 1980; Piedrafita *et al.*, 1984a; González *et al.*, 1987; Vallejo *et al.*, 1990). En nuestro caso, todos los grupos de animales presentan

ARRANZ, BAYÓN Y SAN PRIMITIVO

una frecuencia muy baja, salvo en el caso de la población A-NI 1. Es preciso resaltar las grandes diferencias encontradas para el locus *ALB*, entre las dos poblaciones de raza Avileña-Negra Ibérica. En la población A-NI 2, *ALB^A* presenta una clara tendencia a la fijación con una frecuencia de 0,99, mientras que en la otra población de la misma raza, la frecuencia de *ALB^B* alcanza un valor de 0,238, que puede ser considerado como uno de los más elevados de las razas europeas.

En la proteína *GC*, el alelo *GC^B* fue el de mayor frecuencia en las cinco poblaciones. Estos resultados coinciden con los obtenidos en otras razas españolas analizadas como Retinta (Piedrafita *et al.*, 1984a), Toro de Lidia (Piedrafita *et al.*, 1984b), así como con la mayoría de las europeas (Gahne *et al.*, 1977; Van de Weghe *et al.*, 1982).

Es preciso resaltar, que en la población A-NI 1 se ha encontrado la variante *GC^C*, con una frecuencia de 0,057, tanto en homocigosis como en heterocigosis con las otras dos. Este alelo únicamente había sido descrito, con anterioridad, por Masina *et al.* (1980) en la raza Apulian italiana y por Van de Weghe *et al.* (1982) en la raza White and Red East Flemish.

Por lo que se refiere a la transferrina, la población de raza Sayaguesa muestra para el alelo *TF^A* una de las frecuencias más altas de Europa. Entre las razas bovinas españolas sólo es superada por la Blanca Cacerense (González *et al.*, 1987). La frecuencia del alelo *TF^E* ha sido muy baja en las cinco poblaciones, como ocurre en el resto de razas bovinas españolas, salvo en la Retinta y en el Toro de Lidia que muestran elevadas proporciones de esta variante (Kidd *et al.*, 1980; Piedrafita *et al.*, 1984a).

En el locus post-transferrina 2, la frecuencia génica de *PTF2^F* ha resultado superior a la que presenta *PTF2^S*, en las cuatro razas, al igual que ocurre en Retinta y Toro de Lidia, razas españolas de las que existe información sobre este polimorfismo (Piedrafita *et al.*, 1984a, 1984b). La raza Parda es la que presenta una frecuencia más elevada del alelo *PTF2^S*, como ocurre en otras razas de origen centro europeo como Charolesa y Simmental (Gahne *et al.*, 1977).

Las frecuencias obtenidas para los alelos de la caseína kappa, son variables para las cinco poblaciones analizadas. La frecuencia más alta del alelo *CASK^A*, la presenta la raza Sayaguesa (0,762) y la menor la Parda (0,439). Baker y Manwel (1980) citan frecuencias para *CASK* que oscilan desde valores muy bajos (0,15) hasta la fijación, en su estudio con gran número de poblaciones diferentes.

En cuanto a la caseína alfa S1, las frecuencias génicas son muy similares en las cinco poblaciones, siendo más común el alelo *CASA1^B*, como sucede en la mayoría de las razas. La lactoglobulina beta tampoco muestra excesivas diferencias entre las poblaciones. Sin embargo, el alelo más frecuente es el *LGB^A* en la raza Parda y el *LGB^B* en el resto.

Por lo que se refiere al polimorfismo en la hormona del crecimiento, las frecuencias del alelo *GH^B* fueron las más bajas, coincidiendo con lo resaltado por otros autores, tanto en razas de aptitud cárnica (Chikuni *et al.*, 1991; Zhang *et al.*, 1992), como en razas especializadas en la producción lechera (Lucy *et al.*, 1991; Zhang *et al.*, 1992). Aunque no existen datos claros en la bibliografía sobre la relación entre los diferentes tipos moleculares de la hormona del cre-

POLIMORFISMOS BIOQUÍMICOS Y DE ADN EN BOVINO ESPAÑOL

cimiento bovina y caracteres productivos, si se puede destacar que las razas de aptitud cárnica presentan, en general, una mayor frecuencia del alelo GH^R que las de aptitud lechera.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo se ha realizado con financiación del proyecto CICYT nº AGF93-0273.

BIBLIOGRAFÍA

- Ansary, M. 1973. Variabilité génétique et tissulaire de la malate déshydrogénase mitochondriale (MOR), de la transaminase glutamique oxalacétique cytoplasmique (GOT), de la phosphoglucosmutase (PGM), de l'adénosine désaminase (ADA), de la purine nucleoside phosphorilase (NP), dans l'espece bovine. Thèse. Univ. Liège. Belgique.
- Ansary, M. 1975. Note on a third allele in the erythrocyte NP system of cattle. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, 6: 121-124.
- Baker, C.M.A. and C. Manwell. 1980. Chemical classification of cattle. 1. Breed groups. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, 11: 127-150.
- Baker, C.M.A. and C. Manwell. 1983. Electrophoretic variation of erythrocyte enzymes of domesticated mammals. En: *Red blood cells of domestic mammals*, p.p. 368-412. Ed. N.S. Agar and P.G. Board. Elsevier. Holanda.
- Cavalli-Sforza, L.L. and W. Bodmer. 1971. *The genetics of human population*. W.H. Freeman and Co. Eds. San Francisco. USA.
- Chikuni, K., F. Terada, S. Kageyama, T. Koishikawa, S. Kato and K. Ozutsumi. 1991. Identification of DNA sequence variants for amino acid residue 127 of bovine growth hormone using the polymerase chain reaction method. *Anim. Sci. and Tech.*, 62: 660-666.
- David, V.A. and A.H. Deutch. 1992. Detection of bovine α_{s1} -casein genomic variants using the allele-specific polymerase chain reaction. *Anim. Genet.*, 23: 425-429.
- Denicourt, D., M.P. Sabour and J. Mcallister. 1990. Detection of bovine k-casein genomic variants by the polymerase chain reaction method. *Anim. Genet.*, 21: 215-216.
- Gähne, B., R.K. Juneja and L. Grolmus. 1977. Horizontal polyacrylamide gradient gel electrophoresis for the simultaneous phenotyping of transferrin, post-transferrin, albumin and post-albumin in the blood plasma of cattle. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, 8: 127-137.
- Gebicke-Härter, P.J. and H. Geldermann. 1975. Investigations on ceruloplasmin polymorphism in cattle. *Züchtungskunde*, 47: 413-416.
- Gebicke-Härter, P.J. and H. Geldermann. 1977. Inheritance of amylases in blood serum of cattle. *Biochem. Genet.*, 15: 59-73.
- González, P., M.J. Tuñón and M. Vallejo. 1987. Genetic relationships between seven Spanish breed of cattle. *Anim. Genet.*, 18: 249-256.
- Kidd, K.K., W.H. Stone, C. Crimella, C. Carezzi, C. Casati and G. Rognoni. 1980. Immunogenetic and population genetic analysis of Iberian cattle. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, 11: 21-38.
- Kraay, G.J. 1972. A study of protein and enzyme polymorphism in blood of Canadian cattle. *XIIIth Europ. Conf. Anim. Blood Grps. Biochem Polymorph.*, 155-158. Vienna.

ARRANZ, BAYÓN Y SAN PRIMITIVO

- Kristjansson, F.K. and C.G. Hickman. 1965. Subdivision of the allele T^F for transferrin in Holstein and Ayrshire cattle. *Genetics*, 52: 627-630.
- Lucy, M.C., S.D. Hauser, P.J. Eppard, G.G. Krivi and R.J. Collier. 1991. Genetic polymorphism within the bovine somatotropin bST gene detected by polymerase chain reaction and endonuclease digestion. *J. Dairy Sci.*, 74 (Suppl 1): 275.
- Masina, P., L. Ramunno and D. Iannelli. 1980. A new electrophoretic variant of vitamin D binding protein (post-albumin) in cattle serum. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, 11: 271-273.
- Medrano, J.F. and E. Aguilar-Cordova. 1990. Polymerase chain reaction amplification of bovine β -lactoglobulin genomic sequences and identification of genetic variants by RFLP analysis. *Anim. Biotech.*, 1: 773-77.
- Mitat, J., L. Ezcurra and A. Rodríguez. 1978. Genetic variation in serum albumin in Cuban cattle. *Folia Vet.*, 19: 137-142.
- Piedrafita, J., J. Altarriba, M.T. Tejedor and I. Zarazaga. 1984a. Estudios poblacionales en la raza Retinta. *XX Jornadas de Genética Luso-Españolas.*, 161 Salamanca.
- Piedrafita, J., M.T. Tejedor and I. Zarazaga. 1984b. Post-albúminas y post-transferrinas en poblaciones bovinas españolas: Frisona y de Lidia. *Zootecnia*, 20: 114-121.
- Schröffel, J., A. Kúbek and V. Glasnák. 1970. Serum ceruloplasmin polymorphism in cattle. *XIth Europ. Conf. Anim. Blood Grps. Biochem. Polymorph.*, 207-210. Budapest.
- Singh, H. 1981. Status of albumin and amylase polymorphism in Kumaini hill cattle. *Indian Vet. J.*, 58: 104-106.
- Stormont, C.J., B.G. Morris and Y. Suzuki. 1972. A new phenotype in the carbonic anhydrase of cattle. *XIIIth Europ. Conf. Anim. Blood Grps. Biochem. Polymorph.*, 63-64. Vienna.
- Trowbridge, C.L. and H.C. Hines. 1979. Amylase genetic variation of serum in Holstein cattle. *J. Dairy Sci.*, 62: 982-984.
- Tucker, E.M., Y. Suzuki and C. Stormont. 1967. Three new phenotypic systems in the blood of sheep. *Vox Sang.*, 13: 246-262.
- Valenta, M.J., J. Hylgaard-Jensen and J. Moustgaard. 1967. Three lactic dehydrogenase isoenzyme systems in pig spermatozoa and the polymorphisms of sub-units controlled by third locus C. *Nature*, 216: 506-507.
- Vallejo, M. 1978. Razas vacunas autóctonas en vías de extinción (Aportaciones al estudio genético). Fundación Juan March. Serie Universitaria (Nº 69). Barcelona. España.
- Vallejo, M., A. Iglesias, L. Sánchez García, P. González and M.J. Tuñón. 1990. Variabilidad genética y relaciones filogenéticas de trece razas bovinas autóctonas españolas. *Arch. Zootec.*, 39: 197-210.
- Van de Weghe, A., A. Van Zeveren, Y. Bouquet and H. Varewyck. 1982. Phenotype frequencies of vitamin D binding protein (Gc) and of post-transferrin-2 (Ptf-2) in Belgian cattle breeds. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, 13: 25-31.
- Zhang, H.M., D.R. Brown, S.K. Denise and R.L. Ax. 1992. Nucleotide sequence determination of a bovine somatotropin allele. *Anim. Genet.*, 23: 578.

Recibido: 26-12-96. Aceptado: 28-4-97.

Archivos de zootecnia vol. 46, núm. 175, p. 258.