

CARACTERIZACION GENETICA DEL CONEJO SILVESTRE:  
SITUACION E IMPORTANCIA ECONOMICA

---

A. Arana y P. Zaragoza

---

Departamento de Genética y Mejora. Facultad de Veterinaria. Miguel Servet 177. 50.013. Zaragoza.

---

Origen y Distribución

El conejo silvestre español es la representación salvaje más cercana de la especie Oryctolagus cuniculus. Aunque si bien todos los autores están de acuerdo en indicar que esta especie surgió en la zona mediterránea, existen discrepancias sobre su verdadero punto de origen.

Así Cabrera(1914) indicó que la especie Oryctolagus cuniculus es originaria de España y Joleaud(1920) que provenía del Norte de Africa.

A partir del punto de origen, se expandió por España, Francia, y zona mediterranea. Concretamente con los romanos se introdujo en la Europa Meridional y despues en la Galia. En la Edad Media la especie alcanzó Alemania y Austria y al final del siglo XI o principios del XII fué introducido en Gran Bretaña por los normandos. En el siglo XVIII la especie alcanzó Hungría, en el XIX Suiza y Luxemburgo y en el XX Polonia (Nowack,1971).

La introducción de conejos en otros continentes (Australia,Nueva Zelanda, diversas islas oceánicas, subantárticas y America del Sur, datan de los siglos XIX y XX, aunque en Australia fué introducido por primera vez en 1787 pero no dió lugar más que a pequeñas poblaciones.

La domesticación del conejo parece provenir de los romanos y fué continuada a lo largo de la Edad Media has-

ta nuestros días.

Actualmente se encuentra en Europa, esencialmente en España, Francia, Gran Bretaña, Bélgica, Portugal, Holanda, Dinamarca, Alemania, Polonia y en Hungría, Austria y Suiza en lugares favorables. También puede hallarse en Australia y Nueva Zelanda en su forma salvaje y en Chile, Argentina, EEUU, y en numerosas islas del Atlántico y del Pacífico en su forma doméstica.

#### Características morfológicas y Sistema digestivo.

El pelaje del conejo silvestre difiere según las regiones. Generalmente es de color gris mezclado con ocre y rojo. La partera trasera del craneo es roja, los costados y las orejas gris-marrón uniforme y la cola gris-marrón obscuro, negra en la parte de la punta y blanca por debajo. Las patas son gris obscuro y el vientre y la zona de alrededor de los ojos blanca. La borra, cuando existe, es gris, y es más importante en invierno que en verano. La piel de los machos es más espesa que la de las hembras.

Los valores medios de peso, logitud total y longitud del tarso y oreja son de: 1.375 gr., 420mm., 86mm., y 70 mm. respectivamente. Sin embargo, los conejos del área mediterránea española son los más pequeños conocidos: peso (1.092gr.), longitud total (411mm.) y longitud del tarso (72,5mm.) (Soriguer, 1979).

La digestión se caracteriza por el fenómeno de la co profagia que suprime una segunda vuelta de los alimentos por el tubo digestivo (Morot, 1882).

Existe una influencia estacional sobre el ritmo diario de la reingestión. En verano, los animales emplean menor tiempo en reingerir las cecotrofas que en alimentarse de vegetales frescos. Por el contrario, en invierno los conejos aumentan este proceso ya que están obligados a extraer el máximo de elementos nutritivos de una alimentación más pobre.

## Características eco-etológicas

El conejo silvestre se caracteriza por su vida subterránea y crepuscular.

Raramente se instala a más de 800 m. de altitud, aunque en zonas de clima mediterráneo puede encontrarse hasta 1.200m., sobretodo en colinas soleadas y cultivadas.

Prefiere los biotopos descubiertos, de suelos arenosos y bien drenados de zonas templadas. Es más abundante en zonas descubiertas y en bosques de vegetación débil y baja.

Es un animal sedentario que vive en colonias y no se suele alejar más de 300m. de su madriguera. Sin embargo al inicio y al final del periodo de reproducción se produce una dispersión. Los desplazamientos suelen ser de 500m. a 600m., siendo los más largos registrados de 2 a 3 Km..

A diferencia de la liebre es un animal amante de la vida colectiva, que se desenvuelve en complejas galerías (madrigueras).

Las madrigueras se construyen en suelos secos y suelen tener entre 0.5 y 1.5m de profundidad con numerosas entradas o salidas. El caso donde nacen los gazapos, en general es simple y aislado, a más o menos distancia de la entrada de la conejera, termina en un fondo de saco ciego. La hembra cierra cuidadosamente la entrada con tierra y hierba. Este habitat subterráneo, forma un lugar caliente que le sirve de protección contra las condiciones desfavorables del medio (grandes predadores) y la temperatura y humedad extremas.

Respecto a la alimentación, un animal consume de 200 a 500gr. de hierba verde al día, cantidad que se ve reducida si los vegetales son leñosos. Normalmente, el conejo no bebe agua, ya que le es suficiente la contenida en los tejidos vegetales. Se alimenta de gramíneas compuestas, leguminosas, arbustos, raíces, tallos subterráneos y granos. Es una especie muy adaptable y sigue una dieta alimenticia equilibrada en nutrientes.

El conejo tiene constumbres nocturnas o crepuscula-

res: se alimenta principalmente durante el crepúsculo y el alba y el resto del tiempo esta desarrollando actividades sociales, de reproducción, de aseo y descanso (Thompson, 1953). Sus excrementos los deposita fuera de la madriguera, siempre en el mismo sitio.

Algunas veces se han observado conejos fuera de la madriguera toda la noche y en zonas tranquilas pueden verse conejos todo el día. La mínima actividad se registra entre las 10h y 14h (Mykytowicz, 1958; Riwley, 1956)

La estructura social de base es el grupo familiar que comprende de 2 a 7 individuos, raramente por encima de 10. Esta estructura se pone en marcha al inicio de la reproducción, instalándose una jerarquía entre machos y hembras. Los machos se disputan la paternidad (el macho dominante asegura la casi totalidad de los acoplamientos) las hembras se disputan los lugares de partos (cacho) en las madrigueras.

La colonia esta formada por muchos grupos de familias situados los unos al lado de los otros. Entre los conejos de la colonia son frecuentes los intercambios de individuos.

Distintas colonias forman una unidad de población. Entre ellos el intercambio de individuos suele ser del 20 al 30% según los años y los sexos y esencialmente en otoño e invierno.

Al final de la época de reproducción, la estructura social se relaja y los jóvenes del año, así como los animales dominados se desplazan.

El dominio vital comprende un territorio (madriguera) una zona de actividad primaria alrededor del territorio y a veces una zona de actividad secundaria más o menos alejada. El espacio cubierto por un individuo es como máximo de 1 a 2ha., por un grupo familiar de 2 a 3ha., por una colonia de 10 a 20ha. y por una unidad de población una centena de hectareas.

El territorio y sus alrededores es defendido principalmente por el macho dominante (que asume el 80% de las actividades de defensa y vigilancia). Marca el territorio con la ayuda de las secreciones de sus glándulas anal, inguinal y submandibular. También marca a todos los miem-

bros del grupo.

El periodo principal de actividad reproductora empieza generalmente en la 2<sup>a</sup> quincena de Febrero para terminar en la 2<sup>a</sup> quincena de Agosto. Los machos están en actividad sexual desde Enero y las hembras a partir de Febrero a intervalos de 7 días. La ovulación se produce entre 12 y 24 horas despues del coito. La gestación dura una media de 30 días.

El comportamiento pre-natal de las hembras es diferente según el rango social. Las hembras dominantes escogen un lugar de reproducción poco profundo, en forma de fondo de saco, situado a poca distancia de la entrada de la madriguera. Allí coloca los materiales necesarios para el momento del parto y el pelo procedente de la depilación del pecho y del vientre. Tapa la entrada depositando orina y excrementos que repelerán a otras conejos.

Por otra parte, las hembras dominadas se colocan en lugares de reproducción aislados, que cavan a una distancia más grande de la entrada principal.

Los nacimientos se producen desde la mitad de Marzo hasta la mitad de Septiembre. El número medio de gazapos por parto varía entre 4.5 y 5. Este número evoluciona a lo largo de la estación reproductora, pasando de 3 en Febrero-Marzo a 5.5 en Mayo-Junio y después a 4.5 en Septiembre (Arthur, 1977). Sin embargo, en las zonas mediterraneas el tamaño medio de la camada es inferior (3.21 según Soriguer, 1979; y 3.88 según Delibes y col., 1979).

El número de partos por año oscila entre 3 y 5, según la duración de la estación reproductora, influida por las condiciones climáticas (pluviometría y temperatura) y por la densidad.

Los gazapos nacen sin pelo, ciegos, sordos e incapaces de andar. Durante el día la hembra abandona a sus pequeños volviendo a amantarlos en el crepúsculo o por la mañana. Los gazapos permanecen tres semanas en el cado.

Las hembras pueden ser fecundadas a partir de los 4-6 meses de edad, los machos son maduros a los 5 meses pero no participan efectivamente en la reproducción hasta los 9-12 meses.

Respecto de la mortalidad, la reabsorción intra-ute

rina produce, según los años, una desaparición del 10 al 30% de los embriones formados. En las madrigueras del 30 al 60% de los gazapos nacidos viables pueden morir por el ahogo (dependiendo de la permeabilidad del terreno y de la pluviometría), abandono de la conejera por parte de la hembra, pérdida de leche, predadores, etc. La mortalidad de los gazapos destetados varía entre el 50 y 80% (antes de que empiece la caza) y es debida, al igual que sucede en los adultos, a la escasez alimentaria, combates, parasitos, agentes patógenos y predadores.

La población en conjunto está caracterizada por un mínimo de Marzo a Abril y un máximo entre Julio y Septiembre.

Entre los factores de tipo abiótico que influyen sobre la dinámica y densidad poblacionales se encuentran principalmente la naturaleza del suelo (arenosos o calcáreos) y los factores climáticos (la excasa humedad puede provocar el hundimiento de las conejeras así como aumentar la reabsorción embrionaria, producir mala calidad de leche, aumentar las infecciones, etc.). También ejercen su influencia otros factores de tipo biótico como son la alimentación (que interviene en la densidad de población y en la duración e intensidad de la reproducción), la competencia intraespecífica (que determina que los animales dominados estén más expuestos que los otros), competencia interespecífica (influida por la transmisión de parásitos entre la liebre y el conejo), las enfermedades (principalmente la coccidiosis y mixomatosis) y la depredación por parte de los animales carnívoros.

### Características genéticas

La estructura genética de una población biológica, se puede describir, actualmente, con gran precisión, mediante los modernos estudios electroforéticos e inmunológicos. Igualmente este tipo de análisis ayuda a encontrar las posibles relaciones entre algunas características ecológicas y la distribución geográfica. A la vez, permiten ampliar conocimientos sobre las relaciones genéticas entre distintas poblaciones.

Con objeto de conocer la estructura genética de poblaciones de conejos silvestres españoles, así como de las relaciones genéticas entre ellas y con otras poblaciones explotadas en cautividad en España. se ha realizado, por primera vez en esta raza, un análisis de características genéticas que no tengan influencia externa (ambiental), como son los polimorfismos bioquímicos, mediante análisis electroforético de 18 proteínas sanguíneas, 13 eritrocitarias (Adelinato Kinasa, Ak, Tetrazolium oxidada, To, Catalasa, Ca, 6 Fosfogluconico deshidrogenasa, Pgd, Hemoglobina, Hb, Esterasas eritrocitarias 1, 2 y 3, Es-1, Es-2 y Es-3, Anhidrasa carbónica 1 y 2, Ca-1 y Ca-2, Diaforasa 1 y 2, Dia-1, Dia-2, Hemopepsina, Hp, y Adenosín desaminasa, Ada) y 4 séricas (Ceruloplasmina, Cp, Esterasa 7, Es-7, Transferrina, Tf, y Hemopexina, Hx).

De los 18 marcadores genéticos, 6 son monomórficos (no presentan variación genética entre las distintas poblaciones; Ak, To, Cat, Ca-1, Dia-1 y Cp), los restantes 12 son polimórficos (aparecen distintas variantes electroforéticas en las distintas poblaciones) (Arana y Zaragoza, 1986).

Merece la pena destacar, que en la raza de conejos silvestres españoles, se han detectado, por primera vez, alelos nuevos, exclusivos de raza, ( $Tf_2^2$ ,  $Ada_4$ ,  $Ca-2^S$ ,  $Hb^b$ ) que la diferencian genéticamente muy bien de otras poblaciones silvestres como las australianas, tasmanas, británicas y francesas (Richardson y col., 1980) o explotadas en cautividad como el Común español, Gigante de España, Neozelandes blanco, California, Mariposa, y Leonado de Borgoña (Zaragoza y col., 1986).

Estos resultados indican que en la población silvestre española, existe una gran riqueza genética, que sino se tiene en cuenta en las modernas técnicas de cría y reproducción podría llevar a graves consecuencias.

Es importante indicar, que este tipo de información no permite clasificar a un individuo en una raza determinada, sino que nos da a conocer las características genéticas de la población que representa a la raza silvestre y por tanto la define genéticamente.

No todas las variantes genéticas indicadas anteriormente, se han observado en todas las poblaciones analizadas. Así por ejemplo únicamente en las poblaciones del Centro de España, se ha detectado la variante Ada 4 (Zaragoza y Arana, 1985) y en las del Norte del país la variante Hb 1 (Arana y col., 1987). Esto sería indicativo de que en ciertas regiones aparecen por mutaciones recientes o se mantienen alelos que se extinguen o no persisten en otras. Esto constituye una base para confirmar el escaso intercambio genético (reproductivo) que existe entre poblaciones de conejos silvestres españoles, por tanto, la migración es limitada por una parte y la selección actúa de forma distinta en lugares diferentes, por otra.

Mediante el análisis electroforético se ha valorado también las frecuencias génicas de las proteínas polimórficas (mediante contaje directo de genes), la adecuación al equilibrio genético (Hardy-Weimberg), el coeficiente de consanguinidad, la variabilidad genética (coeficiente de heterocigosidad), el porcentaje de loci polimórficos y el número medio de alelos por locus.

Como puede observarse en la Tabla 1 las frecuencias génicas estimadas para los loci Pgd, Ca-2, Tf, Es-1, Es-2, Est-7 y Hx, son semejantes en todas las poblaciones silvestres, encontrándose diferencias dentro de la raza para los loci Hp, Es-3, Dia-2, Ada y Hb, lo que de nuevo evidencia la existencia de heterogeneidad genética entre distintas agrupaciones silvestres.

La estimación de la heterocigosidad por locus y población ( $>0.012$  y  $<0.72$ ), heterocigosidad media por locus ( $>0.03$  y  $<0.57$ ), heterocigosidad media por población ( $>0.21$  y  $<0.26$ ), porcentaje de loci polimórficos (al nivel del 99%,  $>55.55$  y  $<66.66$ ; y al 95%,  $>44.44$ ,  $<61.11$ ) y finalmente el número medio de alelos por locus ( $>1.72$  y  $<1.94$ ) indican que la variabilidad y el polimorfismo genético del conejo silvestre español es elevado.

Todas las agrupaciones se encuentran en equilibrio genético, con respecto a todos los loci a excepción de Es-3, para el que en 4 agrupaciones, debido a exceso de homocigotos, se observó desequilibrio.

El coeficiente de consanguinidad promedio (Kidd 9. y col., 1980) fué 15.76%, observándose que la consanguinidad debida a la homocigosis dentro de cada agrupación es superior a la producida por deriva genética.

Igualmente se ha estudiado si las distintas agrupaciones (6), que representan al conejo silvestre español son homogéneas con respecto a las distribuciones genotípicas. Los loci Es-2, Ca-2, Est-7 y Tf, aparecen homogéneos en todas ellas, mientras que los loci Pgd, Es-1, Es3, Dia-2, Ada, y Hx, se muestran heterogéneos. Ello evidencia la existencia de algunas características comunes a las distintas agrupaciones, así como la existencia de características diferenciadoras (la mayoría) entre las mismas. Este hecho puede ser atribuible a deriva genética, efecto fundador, migración, etc, contribuyendo el aislamiento geográfico a la diferenciación dentro de la raza y al establecimiento de fuertes diferencias genéticas en la estructura de estas poblaciones que representan al conejo silvestre español.

### Diferenciación genética

Conocida la estructura genética de la raza silvestre española e incluso de las distintas poblaciones que la representan, con una adecuada metodología biométrico-genética, es posible establecer las diferencias existentes dentro de la raza y entre razas silvestres (australianas, tasmanas, inglesas y francesas) ó explotadas en cautividad en España.

La metodología utilizada son las distancias genéticas (Cavalli-Sforza y Edwards, 1967; Nei, 1972; y Prevosti, 1974) que indican el grado de aproximación o alejamiento entre las poblaciones comparadas. La expresión gráfica de estas diferencias se hace mediante árboles evolutivos o dendogramas (Sokal y Sneath, 1963; Cavalli-Sforza y Edwards, 1967; Nei, 1972).

La comparación de las agrupaciones españolas de origen silvestre, mediante el cálculo de distancias, revela, la existencia de diferencias genéticas entre las mismas y además, indica que la distancia geográfica no es la causa

de la diferenciación genética, ya que agrupaciones cercanas físicamente son diferentes genéticamente (vease Fig. 1 y Fig. 2). Esto indicaría que los conejos de áreas diferentes, aunque relativamente cercanas, pueden en ocasiones mantenerse aislados, siendo la migración cunícola muy limitada, por lo que el flujo génico estaría restringido. Conviene recordar que el flujo génico marcado por el transporte de conejos realizado por el hombre, es nulo, pues las poblaciones elegidas no habían sido repobladas.

Las causas de la diferenciación observada entre agrupaciones podrían ser:

a) Deriva genética, teniendo en cuenta el pequeño tamaño de la población, que podría verse reducido a intervalos irregulares a causa de la caza excesiva, mixomatosis, etc. afectando a las frecuencias génicas.

b) Efecto fundador relacionado con migraciones de algunos individuos.

c) La selección natural que podría afectar a la eliminación o prevalencia de ciertos alelos, bien por azar ó bien por su posible ventaja selectiva frente a factores fisiológicos ó ecológicos a los que están sometidas las poblaciones cunícolas.

Con el fin de conocer las posibles relaciones genéticas existentes entre agrupaciones de conejos silvestres estudiados hasta la fecha, se analizaron las distancias genéticas entre silvestres españoles y extranjeros (Richardson y col., 1980). Tal como muestra la Fig. 3, las agrupaciones españolas y las australianas, están estrechamente relacionadas. lo que podría coincidir con teoría de que los conejos australianos se originaron a partir de conejos españoles, cuando se colonizó este continente. Sin embargo, las poblaciones inglesas, tasmanas y sobre todo francesas, se encuentran más alejadas.

Cuando se comparan las agrupaciones silvestres con poblaciones que representan a las razas explotadas en cautividad (Fig. 4), se observa como pertenecen a troncos diferenciados. No obstante merece destacarse que para algunas poblaciones silvestres y explotadas en cautividad, los troncos respectivos convergen en un tronco original

común, lo que confirmaría el origen de las razas explotadas en cautividad a partir de las silvestres.

Sin embargo no podemos olvidar que sobre las poblaciones explotadas en cautividad se ejerce una selección artificial sobre caracteres productivos, y a la vez, sobre ciertos alelos, que alteran las frecuencias génicas, lo que origina una mayor diferenciación entre estas y las silvestres, que si sólo actuase la selección natural.

### Importancia económica y futuro

Hay que tener en cuenta que la mayoría de las razas que actualmente se explotan en cautividad, se han originado del conejo silvestre, bien por mutaciones fortuitas, por ejemplo Angora, Rex, por fijación de determinados genes, por ejemplo Neozelandes blanco y rojo ó por combinación de razas por ejemplo el Gigante de España a partir del País y Gigante de Flandes. Pues bien, según estos datos, la extinción de determinadas razas que actualmente no participan en los esquemas de selección, lleva consigo, la desaparición de las mismas, lo que origina una serie de consecuencias, entre las que podemos mencionar:

- Pérdida de material genético de forma irreparable, lo que supone que al variar los objetivos de selección, no podremos recurrir a este material base.

- Con la mejora de las razas actuales hay una progresiva degradación de la calidad. Las razas tradicionales tenían unas características de adaptación a medios hostiles, que hace indispensable su recuperación, estudio y mantenimiento, para cambios imprevisibles.

- Una raza es una creación del hombre, como una obra de arte, y por tanto, debe ser conservada como patrimonio cultural de recursos genéticos.

Recordemos que ya en otros países se están desarrollando "bancos" de razas y especies en peligro de extinción, siendo este un ejemplo que debería tenerse en cuenta en la cría de conejos, para tener garantías de futuro.

## Resumen

En el presente trabajo se pretende dar a conocer mejor la raza de conejos silvestre español, analizando su origen y distribución, sus características morfológicas y eco-etológicas, sobretodo y por primera vez sus características genéticas, a la vez que su diferenciación genética, a partir de una serie (18) de polimorfismos bioquímicos presentes en la sangre de los animales, y que se utilizan como marcadores genéticos.

Los resultados indican que la población silvestre española analizada presenta una gran riqueza genética (alelos nuevos:  $Ada$ ,  $Tf^2$ ,  $Hb^D$ ,  $Ca-2^S$ ) no descrita en ninguna otra raza de las hasta ahora estudiadas.

A partir del análisis de las frecuencias génicas, se ha observado una fuerte diferenciación entre las distintas agrupaciones que representan a esta raza, lo que indica la falta de migración entre poblaciones silvestres y la existencia de un fuerte aislamiento geográfico.

El análisis de distancias genéticas confirma los resultados anteriores, comprobándose además: que la diferenciación genética dentro de silvestres no es debida a la distancia geográfica. Este mismo análisis ha servido para encontrar que hay mayor proximidad genética entre silvestres españoles y australianos que con ingleses, tasmanos y franceses.

Igualmente se ha encontrado un tronco común entre algunas razas autóctonas españolas como el Común español y el conejo silvestre del país, lo que confirma su origen.

Este estudio quiere resaltar la necesidad de estudiar y recuperar razas autóctonas españolas, para evitar en lo posible la pérdida irrecuperable de dicho material genético.

## Bibliografía

- ARANA, A. y ZARAGOZA, P. (1986). Estudios electroforéticos y genéticos de proteínas sanguíneas de la especie Oryctolagus cuniculus (L.) (razas silvestre y común español) II. Genética Ibérica, 41, 173-191.
- ARANA, A., ZARAGOZA, P., RODELLAR, C., y AMORENA, B. (1987). Contribution of the Spanish wild rabbit biochemical polymorphisms to the gene pool: A new haemoglobin variant. Rabbit Research (en prensa).
- ARTHUR, C. (1977). Contribution à l'étude du lapin de garenne Oryctolagus cuniculus, et sa dynamique de population D.E.A. Iniv. de Paris VI. Paris.
- CAVALLI-SFORZA, L.L. y EDWARDS, A.W.F. (1967). Phylogenetic analysis: Models and estimations procedures. Amer. J. Hum. Genet. 19, 233-241.
- CABRERA, A.A. (1914). Fauna Ibérica, Mamíferos. Museo Nacional de Ciencias Naturales. Madrid.
- DELIVES, M. y CALDERON, J. (1979). Datos sobre la reproducción del conejo, Oryctolagus cuniculus (L.), en Doñana, S.O. de España, durante un año seco. Doñana Acta Vertebrata, 6, 91-99.
- JOLEAUD, L. (1920). Etudes de géographie zoologique sur la Berberie II. Les leporides. A. Le Lapin. Bull. Soc. Zool. France, 45, 106-112.
- KIDD, K.K., STONE, W.H., CRIMELLA, C., CARENZI, M., CASATI, M., and ROGNONI, G. (1980). Immunogenetic and population genetic analysis of Iberian cattle. Anim. Blood Grps biochem. Genet. 11, 21-38.

- MOROT, M. (1882). En ARTHUR, C. (1977). Contribution à l'étude du lapin de garenne Oryctolagus cuniculus, et sa dynamique de population. D.E.A. Univ. de Paris Paris.
- MYKYTOWICZ, A. (1958). Social behaviour of an experimental colony of wild rabbits. I. Establishment of the colony. CSIRO Wild Res 3 (1), 7-25.
- NEI, M. (1972). Genetic distance between populations. Am. Nat. 106, 282-288.
- NOWACK, E. (1971). The range expansion of animals and its causes (As demonstrated by 28 presently spreading species from Europe). Zeszyty Naukowe, 3, 1-255.
- PREVOSTI, A. (1974). La distancia genética entre poblaciones. Miscellana Alcobé (Ed). Barcelona.
- RICHARDSON, B.J., ROGERS, P.M., HENITT, G.M. (1980). Ecological genetics of the wild rabbit in Australia. II. Protein variation in British, French and Australian rabbits and the geographical distribution of the variation in Australia. Aust. J. Biol. Sci. 33, 371-87
- ROWLEY, I. (1956). field enclosures for the study of the wild rabbit. CSIRO Wild Res, 1 (2), 101-105.
- SOKAL, R.R. y SNEATH, P.H.A. (1963). Principles of numerical taxonomy. W.H. Freeman (Ed). San Francisco.
- SORIGUER, C. (1979). Biología y dinámica de una población de conejos Oryctolagus cuniculus en Andalucía. Univ. de Sevilla.
- THOMPSON, H.V. (1953). The grazing behaviour of the wild rabbit. The british journal of animal behaviour. 1. (1).

ZARAGOZA,P. y ARANA,A. (1985). Nuevos fenotipos electroforéticos del Ada eritrocitario en conejos silvestres españoles. Archivos de Zootecnia. 35.(132). 183-194.

ZARAGOZA,P., ARANA,A., ZARAZAGA,I. and AMORENA,B.(1986). Blood biochemical polymorphisms in rabbits presently bred in Spain: Genetic variation and distances amongst populations. Aust. J. Bio. Sci. 40. (3). 31-43.

TABLE 1.- Frecuencias alélicas<sup>1</sup>, heterocigosidad, porcentaje de loci polimórficos y número medio de alelos por locus en 6 agrupaciones de conejos silvestres españoles.

| Locus        | Alelos             | Agrupaciones |          |          |        |       |      | H.M. | s.e.m. | (s <sub>i</sub> ) |
|--------------|--------------------|--------------|----------|----------|--------|-------|------|------|--------|-------------------|
|              |                    | Toledo 1     | Toledo 2 | Toledo 3 | Tudela | Horta | Plan |      |        |                   |
| <u>Ecd</u>   | Ecd <sup>1</sup>   | 0,95         | 0,80     | 0,86     | 0,85   | 0,92  | 0,96 |      |        |                   |
|              | Ecd <sup>2</sup>   | 0,05         | 0,20     | 0,14     | 0,15   | 0,08  | 0,04 |      |        |                   |
|              | Net. Obs.          | 0,06         | 0,14     | 0,22     | 0,15   | 0,11  | 0,01 | 0,11 | ± 0,01 | (0,07)            |
| <u>Hb</u>    | Net. Esp.          | 0,09         | 0,22     | 0,24     | 0,25   | 0,15  | 0,08 | 0,14 | ± 0,03 | (0,08)            |
|              | Hb <sup>1</sup>    | -            | -        | -        | 0,11   | -     | -    |      |        |                   |
|              | Hb <sup>2</sup>    | 1,00         | 1,00     | 1,00     | 0,89   | 1,00  | 1,00 |      |        |                   |
|              | Net. Obs.          | -            | -        | -        | 0,18   | -     | -    | 0,03 | ± 0,02 | (0,07)            |
|              | Net. Esp.          | -            | -        | -        | 0,19   | -     | -    | 0,03 | ± 0,02 | (0,08)            |
| <u>Es-1</u>  | Es-1 <sup>A</sup>  | 0,41         | 0,49     | 0,44     | 0,48   | 0,51  | 0,37 |      |        |                   |
|              | Es-1 <sup>B</sup>  | 0,59         | 0,51     | 0,56     | 0,52   | 0,47  | 0,63 |      |        |                   |
|              | Net. Obs.          | 0,38         | 0,35     | 0,46     | 0,39   | 0,37  | 0,48 | 0,40 | ± 0,02 | (0,05)            |
|              | Net. Esp.          | 0,48         | 0,50     | 0,46     | 0,46   | 0,50  | 0,47 | 0,48 | ± 0,02 | (0,02)            |
| <u>Es-2</u>  | Es-2 <sup>F</sup>  | 0,31         | 0,36     | 0,49     | 0,38   | 0,41  | 0,41 |      |        |                   |
|              | Es-2 <sup>G</sup>  | 0,69         | 0,64     | 0,51     | 0,62   | 0,59  | 0,59 |      |        |                   |
|              | Net. Obs.          | 0,38         | 0,35     | 0,40     | 0,37   | 0,39  | 0,41 | 0,38 | ± 0,02 | (0,02)            |
|              | Net. Esp.          | 0,42         | 0,46     | 0,50     | 0,47   | 0,48  | 0,48 | 0,47 | ± 0,02 | (0,02)            |
| <u>Ca-2</u>  | Ca-2 <sup>F</sup>  | 0,92         | 0,97     | 0,97     | 0,98   | 1,00  | 1,00 |      |        |                   |
|              | Ca-2 <sup>G</sup>  | 0,08         | 0,03     | 0,03     | 0,02   | -     | -    |      |        |                   |
|              | Net. Obs.          | 0,12         | 0,06     | 0,05     | 0,03   | -     | -    | 0,04 | ± 0,01 | (0,04)            |
|              | Net. Esp.          | 0,15         | 0,06     | 0,06     | 0,04   | -     | -    | 0,05 | ± 0,01 | (0,05)            |
| <u>Est-4</u> | Est-4 <sup>A</sup> | 0,40         | 0,49     | 0,32     | 0,47   | 0,55  | 0,39 |      |        |                   |
|              | Est-4 <sup>B</sup> | 0,60         | 0,51     | 0,68     | 0,53   | 0,45  | 0,61 |      |        |                   |
|              | Net. Obs.          | 0,40         | 0,37     | 0,37     | 0,41   | 0,41  | 0,40 | 0,40 | ± 0,02 | (0,02)            |
|              | Net. Esp.          | 0,48         | 0,50     | 0,43     | 0,50   | 0,50  | 0,47 | 0,48 | ± 0,02 | (0,02)            |

TABLE 1.- Frecuencias alélicas<sup>1</sup>, heterocigosidad, porcentaje de loci polimórficos y número medio de alelos por locus en 6 agrupaciones de conejos silvestres españoles. (Continuación)

| Locus        | Alelos             | Agrupaciones |          |          |         |       |      | H.M. ± e.e. | (s <sub>1</sub> ) |
|--------------|--------------------|--------------|----------|----------|---------|-------|------|-------------|-------------------|
|              |                    | Toledo 1     | Toledo 2 | Toledo 3 | Turiala | Biota | Pina |             |                   |
| <u>Tf</u>    | Tf <sup>1</sup>    | 0,82         | 0,95     | 0,86     | 0,92    | 0,92  | 0,80 |             |                   |
|              | Tf <sup>2</sup>    | 0,18         | 0,05     | 0,14     | 0,08    | 0,08  | 0,12 |             |                   |
| Het. Obs.    |                    | 0,28         | 0,10     | 0,24     | 0,15    | 0,13  | 0,21 | 0,18 ± 0,02 | (0,07)            |
|              | Het. Esp.          | 0,29         | 0,09     | 0,24     | 0,15    | 0,15  | 0,21 | 0,19 ± 0,02 | (0,07)            |
| <u>Hp</u>    | Hp <sup>1</sup>    | 0,23         | 0,18     | 0,09     | 0,08    | 0,06  | 0,01 |             |                   |
|              | Hp <sup>2</sup>    | 0,77         | 0,82     | 0,91     | 0,92    | 0,94  | 0,99 |             |                   |
| Het. Obs.    |                    | -            | -        | -        | -       | -     | -    |             |                   |
|              | Het. Esp.          | 0,35         | 0,29     | 0,16     | 0,15    | 0,11  | 0,02 | 0,18 ± 0,02 | (0,12)            |
| <u>Es-3</u>  | Es-3 <sup>A</sup>  | 0,27         | 0,32     | 0,50     | 0,29    | 0,40  | 0,40 |             |                   |
|              | Es-3 <sup>B</sup>  | 0,46         | 0,48     | 0,32     | 0,37    | 0,38  | 0,33 |             |                   |
| Het. Obs.    |                    | 0,27         | 0,28     | 0,18     | 0,44    | 0,22  | 0,27 |             |                   |
|              | Het. Esp.          | 0,52         | 0,31     | 0,45     | 0,30    | 0,62  | 0,48 | 0,45 ± 0,02 | (0,12)            |
| <u>Dia-2</u> | Dia-2 <sup>A</sup> | 0,64         | 0,66     | 0,61     | 0,65    | 0,65  | 0,61 | 0,64 ± 0,05 | (0,02)            |
|              | Dia-2 <sup>B</sup> | 0,68         | 0,80     | 0,93     | 0,89    | 0,44  | 0,46 |             |                   |
| Het. Obs.    |                    | 0,28         | 0,05     | 0,03     | 0,05    | 0,54  | 0,52 |             |                   |
|              | Het. Esp.          | 0,04         | 0,15     | 0,04     | 0,06    | 0,02  | 0,02 |             |                   |
| Het. Obs.    |                    | 0,38         | 0,18     | 0,14     | 0,13    | 0,30  | 0,62 | 0,29 ± 0,02 | (0,19)            |
|              | Het. Esp.          | 0,46         | 0,33     | 0,13     | 0,20    | 0,51  | 0,52 | 0,36 ± 0,02 | (0,16)            |
| <u>Ada</u>   | Ada <sup>1</sup>   | 0,27         | 0,63     | 0,65     | 0,52    | 0,51  | 0,49 |             |                   |
|              | Ada <sup>2</sup>   | 0,55         | 0,35     | 0,29     | 0,41    | 0,44  | 0,43 |             |                   |
| Het. Obs.    |                    | 0,13         | 0,10     | 0,03     | 0,07    | 0,05  | 0,08 |             |                   |
|              | Het. Esp.          | 0,05         | 0,02     | 0,03     | -       | -     | -    |             |                   |
| Het. Obs.    |                    | 0,50         | 0,54     | 0,11     | 0,52    | 0,54  | 0,58 | 0,50 ± 0,02 | (0,10)            |
|              | Het. Esp.          | 0,60         | 0,68     | 0,49     | 0,51    | 0,54  | 0,57 | 0,57 ± 0,02 | (0,07)            |

TABLE 1.- Frecuencias alélicas\*, heterocigosidad, porcentaje de loci polimórficos y número medio de alelos por locus en 6 agrupaciones de conejos silvestres españoles. (Continuación)

| Locus                       | Agrupaciones |           |           |           |           |           | H.M. $\pm$ S.E. | $\sigma_1$ |
|-----------------------------|--------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------------|------------|
|                             | Toledo 1     | Toledo 2  | Toledo 3  | Tudela    | Biota     | Pina      |                 |            |
| $\text{Hx}^1$               | -            | 0,19      | 0,11      | 0,13      | -         | 0,04      |                 |            |
| $\text{Hx}^2$               | -            | 0,18      | 0,14      | 0,13      | -         | 0,10      |                 |            |
| $\text{Hx}^3$               | 0,57         | 0,49      | 0,49      | 0,56      | 0,83      | 0,55      |                 |            |
| $\text{Hx}^4$               | 0,43         | 0,14      | 0,26      | 0,18      | 0,17      | 0,31      |                 |            |
| Het. Obs.                   | 0,50         | 0,45      | 0,56      | 0,47      | 0,22      | 0,66      | 0,48 $\pm$ 0,02 | (0,15)     |
| Het. Esp.                   | 0,49         | 0,72      | 0,66      | 0,62      | 0,28      | 0,59      | 0,56 $\pm$ 0,02 | (0,16)     |
| Nº total de loci            | 18           | 18        | 18        | 18        | 18        | 18        |                 |            |
| G.M.H. observado $\pm$ e.s. | 0,21±0,06    | 0,17±0,05 | 0,19±0,04 | 0,18±0,05 | 0,18±0,05 | 0,23±0,04 |                 |            |
| $\sigma_2$                  | 0,21         | 0,19      | 0,20      | 0,18      | 0,21      | 0,26      |                 |            |
| G.M.H. esperado $\pm$ e.s.  | 0,25±0,06    | 0,24±0,06 | 0,22±0,04 | 0,23±0,06 | 0,21±0,06 | 0,22±0,04 |                 |            |
| $\sigma_2$                  | 0,24         | 0,27      | 0,24      | 0,24      | 0,24      | 0,26      |                 |            |
| $\bar{x}$ loci polim. (99)  | 61,11        | 61,11     | 61,11     | 66,66     | 55,55     | 55,55     |                 |            |
| $\bar{x}$ loci polim. (95)  | 61,11        | 55,55     | 55,55     | 61,11     | 55,55     | 44,44     |                 |            |
| Nº medio alelos/locus       | 1,94         | 1,94      | 1,94      | 1,94      | 1,72      | 1,83      |                 |            |
| Desviación típica           | 0,85         | 0,99      | 0,99      | 0,87      | 0,75      | 0,92      |                 |            |

\* No se han incluido los errores standard de las frecuencias génicas pues todos ellos eran  $< 0,03$ .

\* Dado que no pueden distinguirse electroforéticamente los fenotipos Hp-1 y Hp-2, las frecuencias génicas de Hp se han determinado asumiendo la existencia de equilibrio génico para dicho polimorfismo. Por la misma razón, la heterocigosidad observada es desconocida (véase texto y Apartado Material y Métodos).

† La heterocigosidad media observada se ha calculado sin tener en cuenta el locus Hp, por las razones indicadas.

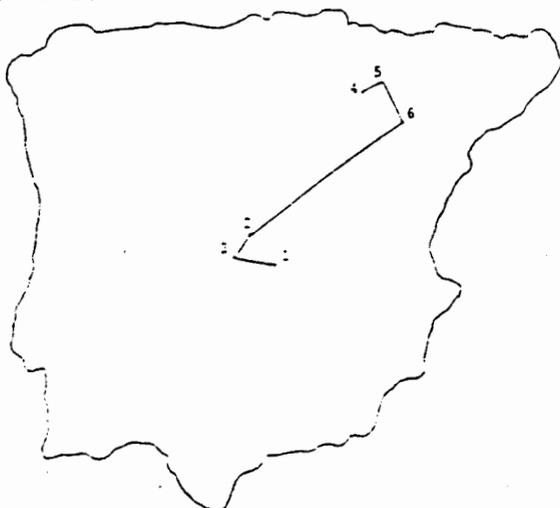
H.M. = Heterocigosidad media por locus.

$\sigma_1$  = Índice de la variabilidad de los valores de H.M.

G.M.H. = Grado medio de heterocigosis por agrupación.

$\sigma_2$  = Índice de la variabilidad de los valores de G.M.H.

Figura 1.



Localización de las agrupaciones de Conejo silvestre.

|                   |                        |          |
|-------------------|------------------------|----------|
| 1 = Toledo 1.     | Distancias: De 1 a 3 = | 150 kms. |
| 2 = Toledo 2.     | " " 3 a 2 =            | 50 "     |
| 3 = Toledo 3.     | " " 2 a 6 =            | 450 "    |
| 4 = Tudela.       | " " 6 a 5 =            | 120 "    |
| 5 = Biota.        | " " 5 a 4 =            | 50 "     |
| 6 = Pina de Ebro. |                        |          |

Figura 2.

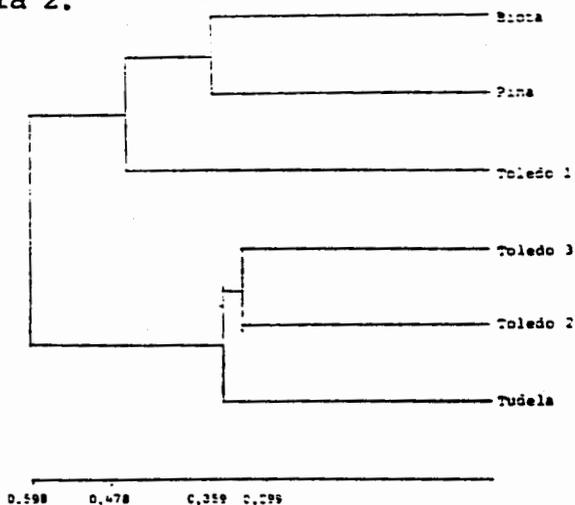


Figura. 3

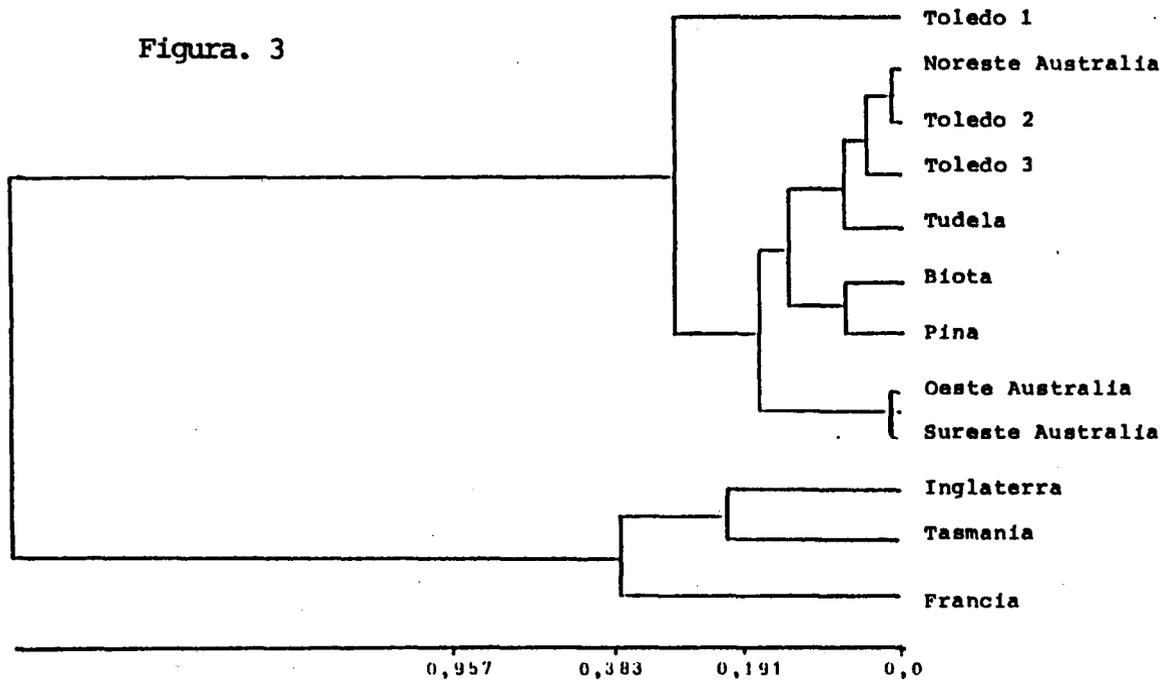


Figura 4.

