

RELACIONES GENÉTICAS ENTRE EL BOVINO CRIOLLO DE GUADALUPE Y OTRAS RAZAS POR MARCADORES BIOQUÍMICOS

GENETIC RELATIONSHIPS BETWEEN CREOLE CATTLE OF GUADELOUPE AND OTHER BREEDS BY MEAN OF BIOCHEMICAL POLYMORPHISM

Naves, M.¹, D. Laloe², K. Goudarzi³ y A. Debus¹

Institut National de la Recherche Agronomique:

¹Unité de Recherches Zootechniques. Domaine Duclos. 97170 Petit-Bourg. Guadeloupe. France.

E-mail: naves@antilles.inra.fr

²Station de Génétique Quantitative et Appliquée. Domaine de Vilvert. 78350 Jouy en Josas. France.

³Laboratoire de Génétique Biochimique et Cytogénétique. Domaine de Vilvert. 78350 Jouy en Josas. France.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Biodiversidad. Cebú. Razas bovinas. Marcadores genéticos. Distancias.

ADDITIONAL KEYWORDS

Biodiversity. Zebu. Bovine breeds. Genetic markers. Distance.

RESUMEN

Esta comunicación se centra en los marcadores genéticos de varios tipos (polimorfismo bioquímico, cariotipos, marcadores moleculares) del ganado Criollo de Guadalupe. Las frecuencias alélicas de 3 sistemas proteicos y 9 sistemas de grupos sanguíneos, calculadas en una muestra representativa de la población, se compararon con los datos de la literatura sobre 36 razas de 7 grupos geográficos diferentes de Europa, África, India y América. Se realizaron análisis estadísticos multi tablas por método STATIS y análisis factorial múltiple, cálculo de distancias genéticas según la fórmula de Cavalli Sforza y Edwards, y construcción de árboles según el procedimiento *neighbor joining*. Un árbol de consenso fue construido a partir de 500 análisis por el método de *bootstrap*. Estos análisis permiten discutir las relaciones entre el bovino Criollo y otras razas, y la influencia de los distintos marcadores sobre esta clasificación. Los marcadores que contribuyen más a la diferenciación entre las razas son albúmina y transferrina

y menos, los grupos sanguíneos Z y L. Debido al escaso número de alelos disponibles en los sistemas bioquímicos, el primer componente forma la mayor fuente de diferenciación (36 p.100 de la inercia del análisis factorial múltiple); las razas de los distintos grupos se distribuyen gradualmente entre bovinos británicos y cebúes indios. El Criollo se localiza en el medio, más cerca de las razas gibosas de África del Oeste. Otras razas Criollas se localizan también en posición mediana, pero más próximas a razas bovinas europeas. Estos resultados señalan la importancia de los mestizajes en la constitución de las razas locales del Caribe y América Latina. Más resultados existen sobre otros marcadores en ganado Criollo, pero una dificultad de este trabajo fue la obtención de datos comparables de frecuencias en marcadores similares en las distintas razas. Es necesario un trabajo más amplio de muestreo en las diferentes razas de la región para estudiar las relaciones entre ellas, y sus posibles orígenes.

Arch. Zootec. 54: 385-394. 2005.

SUMMARY

This presentation is a part of the study of various genetic markers on the local population of Creole cattle of Guadeloupe. The allelic frequencies of 3 protein systems and 9 blood group systems calculated in a representative sample of the population were compared to data issued from the literature, on 36 breeds from 7 geographical groups from Europe, Africa, India and America. Different statistical analysis were conducted, including multitable analysis by STATIS method and multiple factorial analysis, distance computation according to Cavalli Sforza and Edwards (1967), and tree construction using neighbor joining method. A consensus tree, was build from 500 analysis in a bootstrap procedure. These different analysis allowed to discuss on the origins of the local Creole cattle and other breeds, and on the influence of the different markers on the classification. The markers contributing the most to the classification are primarily albumin and transferrin, followed by blood groups Z and L. Due to the few number of alleles in biochemical polymorphic systems, the first axis represents the principal source of variation (36 percent of the total inertia in the factorial analysis). The different breeds are distributed mainly around this axis, opposing British taurines and Indian zebu. The Creole is located in an intermediate position, but nearer from the humped cattle of West Africa. Other Criollo breeds are located near the middle of the factorial space, but nearer the European taurine cattle. These results give some information about the crossbreedings that have contributed to the constitution of local population in the Caribbean and Latin America. More results exist in the literature, but the problem is the expression of the results in a comparable form in the different breeds. More studies are needed to elucidate the relationship between the different local breeds, and their possible origins, on a more consequent sampling of populations.

INTRODUCCIÓN

Las cerca de 1500 poblaciones o razas bovinas existentes en el mundo se han tratado de inventariar y caracterizar con objeto de preservar su diversidad, y establecer su origen y evolución. Inicialmente, la caracterización de los recursos genéticos se llevó a cabo mediante marcadores polimórficos bioquímicos como las proteínas séricas, las lactoproteínas o los grupos sanguíneos (Manwell y Baker 1980). Estos trabajos se han basado generalmente, sobre grupos de razas en un conjunto geográfico preciso como las razas europeas (González *et al.*, 1987; Grosclaude *et al.*, 1990; Blott *et al.*, 1998); las razas africanas (Queval *et al.*, 1998) o los cebúes indios (Singh *et al.*, 1981c). Nuevos marcadores, procedentes de los progresos de la genética molecular, han dado un nuevo impulso a tales estudios. Cualquiera que sea la naturaleza de los marcadores, existen pocos estudios sobre las razas Criollas; y las publicaciones sobre las relaciones entre razas son raras y puntuales, tanto en número como en razas y marcadores (Kidd *et al.*, 1982; Kemenes *et al.*, 1999; Ceriotti *et al.*, 2003). El objetivo de este trabajo es estudiar las relaciones entre el ganado Criollo de Guadalupe y razas de orígenes geográficos diferentes, mediante la comparación de frecuencias alélicas de marcadores bioquímicos.

MATERIAL Y MÉTODOS

ELECCIÓN DE RAZAS

El primer paso en este estudio con-

RELACIONES GENÉTICAS ENTRE BOVINOS DE GUADALUPE Y OTRAS RAZAS

sistió en inventariar los datos publicados sobre razas de la región o de las introducciones comprobadas por citas históricas. Con relación a las Antillas Francesas, los orígenes fueron inicialmente ibéricos, ya sea del sur o noroeste de la península, o a través de las islas Canarias, Madeira y las Azores. Posteriormente fueron introducidos animales de origen ibérico, presentes en las regiones vecinas, (La Española, Cuba, Venezuela) o británico (Caribe inglés, USA, Canadá). También deben señalarse importaciones directas de Cabo Verde, Guinea y Senegal en el siglo XVI durante la época de la esclavitud. Algunas importaciones limitadas provinieron del comercio de los puertos del oeste de Francia durante los primeros periodos de la historia colonial, y más particularmente durante el siglo XX (Maillard y Maillard 1998). Las importaciones de cebúes indios a las Antillas Francesas durante el siglo XIX, fueron muy pocas al contrario de las del continente americano. También se incorporaron en la comparación, como testigos, razas más alejadas, pero bien conocidas por los marcadores. Algunas de estas razas, principalmente entre las especializadas en la producción de leche o de carne, han sido importadas recientemente a las zonas tropicales y pueden haber influido en las poblaciones actuales. Finalmente algunas razas criollas y sintéticas explotadas en zonas tropicales se pudieron incluir, a pesar de que sus datos son muy fragmentarios.

ELECCIÓN DE MARCADORES

La elección de los marcadores estuvo motivada por la existencia de una

literatura importante sobre polimorfismo y por otra parte por las posibilidades de análisis. La principal restricción fue la de disponer de referencias confiables y comparables. Una dificultad importante está relacionada con la coherencia entre los diferentes artículos respecto a los alelos considerados. Este fue principalmente el caso de la transferrina, en la cual los alelos D1 y D2 no fueron siempre separados; o también en los sistemas de grupos sanguíneos complejos B, C y S que frecuentemente los autores los agrupan de forma diferente. De esta forma se buscaron prioritariamente aquellas referencias en las que las comparaciones fueron realizadas en un mismo contexto, sobre las razas que presentan interés en nuestro estudio como las de origen europeo y africanas. Estos datos fueron completados con los resultados obtenidos más puntualmente sobre un marcador individual (razas africanas o indias); o sobre una raza determinada que presenta un interés particular para nuestro estudio (razas criollas o cebúes de América Latina). De un total de más de 150 referencias sobre 64 razas y 19 marcadores polimórficos, se guardaron 36 poblaciones de 7 grupos raciales diferentes caracterizado por 12 sistemas polimórficos que totalizaron 36 alelos (**tabla I**).

MÉTODO ESTADÍSTICO

Las frecuencias alélicas del Criollo de Guadalupe fueron calculadas directamente a partir de los resultados del laboratorio de 212 animales no emparentados de ambos sexos y varias edades que se asumen representativos de la población. Para las otras

Archivos de zootecnia vol. 54, núm. 206-207, p. 387.

razas, las frecuencias alélicas citadas en la literatura o brindadas por los autores fueron calculadas a partir de los datos fenotípicos. Para ciertas razas la ausencia de datos fue reemplazada por el valor medio de las otras razas para no sesgar la comparación. Como mínimo nueve sistemas fueron investigados.

Dos métodos de análisis factorial multi-tabla fueron aplicados a las frecuencias alélicas con el uso del progra-

ma ADE4 (Thioulouse *et al.*, 1997). El método STATIS fue aplicado con el objetivo de estimar el aporte de cada marcador a la estructura de las razas. Un análisis factorial múltiple (AFM) fue aplicado con el objetivo de estimar una representación de las razas considerando el conjunto de los marcadores estudiados. Esto es una prolongación del análisis factorial de cada marcador por uno de tabla completa. Una ponderación uniforme fue atribuida a cada

Tabla I. Razas y marcadores bioquímicos incluidos en el análisis de relación entre razas. (Breeds and genetic markers used in the genetic relationship study).

Razas bovinas	Razas (símbolos)
- británicas	Aberdeen Angus (GBANG), Hereford (GBHER), Shorthorn (GBSHO)
- francesas	Jersey (FRJER), Normanda (FRNOR), Bretona Pie Noire (FRBPN), Limousin (FRLIM), Blonde d'Aquitaine (FRBLA), Parthenaise (FRPAR), Maine Anjou (FRMAI)
- ibéricas	Retinta (SPRET), de Lidia (SPDLI), Mertolenga (POMER), Alentejana (POALE)
- africanas	N'dama (AFNDA), Baoulé (AFBAO), Lagunaire (AFLAG), Somba (AFSOM)
Cebúes	
- africanos	Cebú Peuhl de Burkina Faso (AFZBF), Borgou de Costa de Marfil (AFBOR), Gudali de Camerún (AFZCM), Azawak de Níger (AFZNG), Surqo de Etiopía (AFZET), Cebú Malgache (AFZMA)
- indios y razas derivadas	Sahiwal (INSAH), Tharparkar (INTHA), Cebú Cubano (INCCU), Gyr Brasileño (INGYB), Nelore (INNEL)
Razas criollas	Criollo de Guadalupe (CRGUA), Criollo de Cuba (CRCUB), Carora de Venezuela (CRVEZ), Longhorn de USA (CRLON), Florida Cracker de USA (CRFLO), Criollo colombiano (CRCOL), Caracú de Brasil (CRBRA)
Proteínas	Hemoglobina (HBB ; 3), Albúmina (ALB ; 3), Transferrina (TF ; 5)
Grupos sanguíneos	F (EAF ; 3), J (EAJ ; 2), L (EAL ; 2), Z (EAZ ; 2), R' (EAR' ; 2), A (EAA ; 3), B (EAB ; 3), C (EAC ; 3), S (EAS ; 5)

Archivos de zootecnia vol. 54, núm. 206-207, p. 388.

RELACIONES GENÉTICAS ENTRE BOVINOS DE GUADALUPE Y OTRAS RAZAS

marcador en el análisis global, con vistas a tomar en cuenta su contribución propia a la estructura racial. También se pudo tomar en cuenta la influencia de cada marcador sobre la representación de las razas en el plano factorial.

A partir de las frecuencias alélicas también se calcularon las distancias genéticas de acuerdo con Cavalli Sforza y Edwards (1967), mediante el programa PHYLIP (Felsenstein, 2002). Estas distancias sirvieron para construir los árboles según el método de *neighbor joining*. La robustez de los grupos obtenidos fueron comparadas por el método de *bootstrap* por 500 remuestros de las frecuencias alélicas. La representación del árbol de consenso fue realizada a partir del programa TREEVIEW (Page, 1996).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

ANÁLISIS FACTORIAL

El primer eje del AFM presenta el valor propio más elevado ($\lambda_1 = 1,50$; 36 p.100 de la inercia total (IT)), claramente superior a los otros ejes (eje 2: $\lambda_2 = 0,39$, 10 p.100 de la IT; eje 3: $\lambda_3 = 0,34$, 8 p.100 de la IT). Una dirección preponderante parece definir muy claramente la distinción entre las razas. Ella está influenciada en particular por TF y sobre todo ALB que contribuye fuertemente a la inercia del primer eje (**figura 1**), otros 6 marcadores contribuyen muy poco a este eje: EAL, EAZ, HBB, EAS, EAA et EAR'. Por otro lado encontramos tres marcadores principales sobre los ejes 2 y 3 (EAF, EAA et EAS). Los grupos sanguíneos EAJ, EAB et EAC no brindan ningún aporte

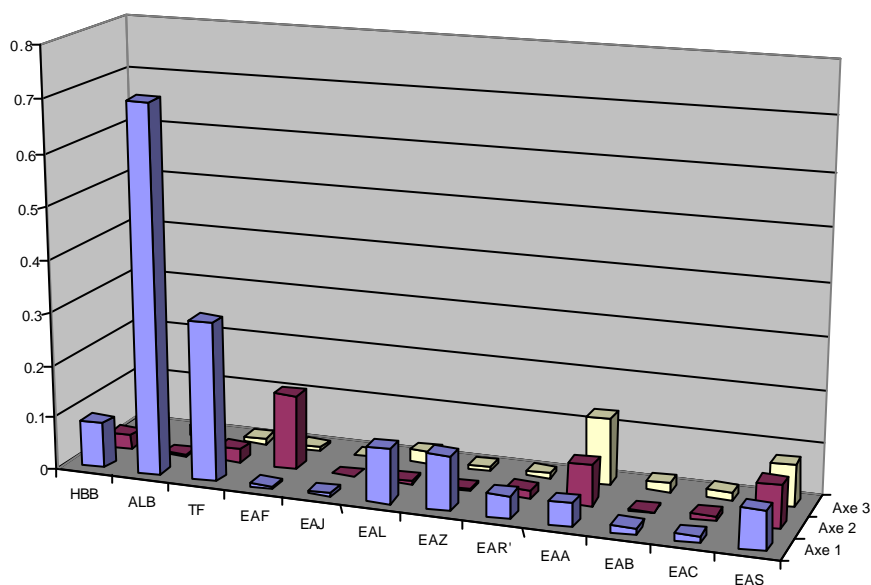


Figura 1. Contribución de marcadores a la inercia de los ejes del análisis factorial múltiple. (Contribution of the markers to the inertia of the axes in the multiple factorial analysis).

RELACIONES GENÉTICAS ENTRE BOVINOS DE GUADALUPE Y OTRAS RAZAS

Criollo de Cuba (CRCUB) la falta de datos corresponde a los marcadores menos informativos (EAB, EAC, EAR', EAS) y por lo tanto CRCUB aparenta parecerse más a las razas bovinas europeas. Para el bovino Criollo de Guadalupe (CRGUA), para el cual todos los marcadores están disponibles, esta posición indica su carácter mestizo análogo a la situación de Bourgou (AFBOR). El caso de Carora (CRCAR) es original, puesto que se vincula ciertamente a introgresiones recientes por la realización de cruzamientos de mejora genética. La Longhorn (CRLON) parece ser la raza criolla más próxima a las razas bovinas ibéricas entre todas

las estudiadas en nuestro análisis.

DISTANCIAS GENÉTICAS

Las distancias de Cavalli-Sforza y Edwards (1967) calculadas entre poblaciones a partir de las frecuencias alélicas han sido empleadas para agrupar las diferentes razas según el método de *neighbor joining* que permite librarlas de la variabilidad en el tamaño efectivo entre poblaciones. La robustez de los reagrupamientos efectuados fueron probadas por un remuestreo de *bootstrap*, y el diagrama consenso producto de 500 remuestreos se presenta en la **figura 3**. Los bajos valores de *bootstrap* obtenidos sugieren que

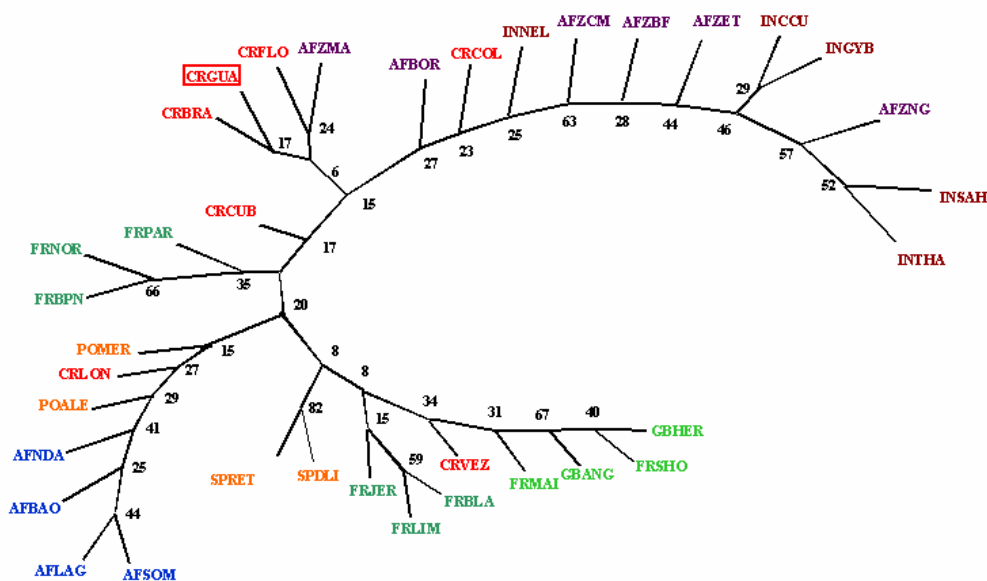


Figura 3. Árbol de consenso obtenido a partir del cálculo de la distancia de Cavalli-Sforza y Edwards (1967) sobre datos bioquímicos, y de su representación por el método neighbor joining sobre 500 remuestreos por bootstrap (los valores de bootstrap son ubicados al lado de los nudos). (Consensus tree obtained from the distance of Cavalli-Sforza and Edwards (1967) on biochemical data and representation by Neighbor Joining method over 500 resampling by bootstrap (bootstrap values are presented)).

la filogenia propuesta es poco robusta. No obstante se pueden identificar algunas aproximaciones estables, en particular con la separación una vez más entre cebú y bovino. Entre los bovinos aparecen diferentes ramas entre las cuales se nota la aproximación geográfica entre razas contrastadas 2 a 2, principalmente FRLIM y FRBLA; SPRET y SPDLI; FRNOR y FRBPN. Las razas criollas presentan las ramificaciones más inestables (valor de *bootstrap* inferior a 34 p.100), en particular para el Criollo de Guadalupe, de Cuba, de Florida, de Colombia y de Brasil. Sin embargo, como se señaló previamente, esto puede ser debido a la ponderación de los valores que faltan, así como a un mestizaje importante en el origen de las razas. En este sentido el análisis factorial múltiple aporta más información sobre la estructuración de las razas.

DISCUSIÓN

El estudio de las relaciones genéticas entre las razas bovinas Criollas y las razas clásicas, es un proceso delicado de llevar a cabo por razones de diferente naturaleza, vinculadas al mismo tiempo al origen y la estructura de la raza considerada, al modelo estadístico empleado para definir estas relaciones y finalmente a los datos disponibles según las razas y los marcadores (Naves, 2003).

De una parte el concepto de raza puede ser controvertido para estas poblaciones. La historia de las poblaciones vacunas en el Nuevo Mundo es reciente, ya que esta especie no existía en el momento del descubrimiento por

los primeros colonos españoles. Las poblaciones bovinas se constituyeron progresivamente a partir de importaciones diversas según la historia propia de cada región. El aislamiento dentro del cual fueron mantenidas, la mezcla continua dentro de la población, el medio ambiente aislado, la elección natural u orientada en función de usos locales son diferentes razones para darle el estatus de raza. Para las Antillas y América las primeras introducciones de bovinos se remontan al siglo XVI. En el origen del establecimiento del bovino no existía la noción de raza como actualmente se concibe (Rodero *et al.*, 1992), ya que las poblaciones tradicionales, criadas en la región de origen, estaban aun en desarrollo. La situación filogenética actual debería traducir también la evolución de las razas que originaron a las razas criollas según el efecto de su aislamiento y la deriva genética, con relación a las poblaciones ancestrales comunes existentes en el periodo histórico reciente.

La comparación de poblaciones criollas con la raza de origen deberían reflejar la unión de dos procesos genéticos: la deriva genética y la migración, que no pueden ser apreciados conjuntamente (Nei, 1987). Por supuesto, otra dificultad es de orden metodológica respecto al método estadístico a utilizar para describir las relaciones entre las razas criollas y sus razas de origen. En efecto, las distancias genéticas clásicamente utilizadas, principalmente la distancia de Reynolds y la distancia estándar de Nei, se basan respectivamente sobre una hipótesis de deriva genética sola, o de equilibrio entre mutación y deriva genética, excluyendo los procesos de migración

RELACIONES GENÉTICAS ENTRE BOVINOS DE GUADALUPE Y OTRAS RAZAS

(Weir, 2002; Sancristobal *et al.*, 2003). Por el contrario las distancias geométricas como aquella de Cavalli-Sforza y Edwards (1967) o la distancia de χ^2 estarán mejor adaptadas, al menos en una óptica de presentación topológica de las razas (Weir, 2002). Los métodos de análisis factorial aparecen igualmente una alternativa interesante en casos de mestizajes (Weir, 2002; Laloë *et al.*, 2002). Ellos permiten una representación de relaciones entre las razas, establecidas a partir de medidas separadas como la frecuencia alélica en *locus* diferentes. El interés de este tipo de análisis, es que permite al mismo tiempo una descripción de la estructura global de las poblaciones resumiendo las informaciones de numerosos marcadores en un número reducido de ejes, y el estudio separado de la influencia de los diferentes marcadores considerados. Por otra parte, estos no prejuzgan el proceso que ha permitido la constitución de las poblaciones, aunque utiliza las frecuencias alélicas como representación de su similitud y su diferenciación, mediante una media euclidiana. Esta representación ilustra muy bien la situación de razas que han

estado sometidas a la introgresión, principalmente razas mestizas entre bovinos y cebú (Astolfi *et al.*, 1983; Namikawa *et al.*, 1984; Moazami Goudarzi *et al.*, 2001).

Finalmente, la dificultad metodológica principal reside en la elección de los marcadores y de las razas, y también de la disponibilidad de datos homogéneos y comparables sobre las diferentes razas en el análisis. En efecto, los datos experimentales disponibles en la literatura son generalmente dispersos y basados en diferentes marcadores. Estos pueden ser obtenidos igualmente de dispositivos de muestreos diferentes y no comparables. Es por tanto primordial velar por la armonización de la expresión de las frecuencias alélicas según las razas y los marcadores. La utilización de marcadores microsatélites según lo propuesto por la FAO en el contexto de un estudio de diferentes razas Criollas, permitirá precisar estas relaciones sobre datos más confiables. Un primer trabajo sobre el bovino Criollo de Guadalupe ha sido realizado basado en 8 microsatélites, aunque faltan referencias sobre otras razas Criollas (Naves, 2003).

BIBLIOGRAFÍA

- Astolfi, P., G. Pagnacco and Guglielmino-Matessi. 1983. Phylogenetic analysis of native Italian cattle breeds. *Z. Tierzücht. Züchtgsbiol.*, 100: 87-100.
- Blott, S.C., J.L. Williams and C.S. Haley. 1998. Genetic relationships among European cattle breeds, *Anim. Genet.*, 29: 273-282.
- Cavalli-Sforza, L.L. and A.W.F. Edwards. 1967. Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. *Evolution*, 32: 550-570.
- Cerioti, G., A. Caroli, R. Rizzi and C. Crimella. 2003. Genetic relationships among taurine (*Bos taurus*) and zebu (*Bos indicus*) populations as revealed by blood groups and blood proteins. *J. Anim. Breed. Genet.*, 120: 57-67.
- Felsenstein, J. 2002. PHYLIP - Phylogeny Inference Package, Version 3.6 (alpha3), July 2002, Ed. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle, USA.

Archivos de zootecnia vol. 54, núm. 206-207, p. 393.

NAVES, LALOE, GOUDARZI Y DEBUS

- Gonzalez, P., M.J. Tunon and M. Vallejo. 1987. Genetic relationships between seven spanish breeds of cattle. *Anim. Genet.*, 18: 249-256.
- Grosclaude, F., R. Aupetit, J. Lefebvre et J.C. Mériaux. 1990. Essai d'analyse des relations génétiques entre les races bovines françaises à l'aide du polymorphisme biochimique. *Genet. Sel. Evol.*, 22: 317-338.
- Kemenes, P.A, L.C. Regitano, A.J. Rosa, I.U. Packer, A.G. Razook, L.A. Figueiredo, N.A. Silva, M.A. Etchegaray and L.L. Coutinho. 1999. K-Casein, β -Lactoglobulin and Growth hormone allele frequencies and genetic distances in Nelore, Gyr, Guzera, Caracu, Charolais, Canchim and Santa Gertrudis cattle. *Genet. Mol. Biol.*, 22: 539-541.
- Kidd, K., W. Stone, C. Crimella, C. Carenzi, M. Casati and G. Rognoni. 1980. Immunogenetics and population genetics analysis of Iberian cattle. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.*, 11: 21-38.
- Laloë, D., K. Moazami-Goudarzi and D. Chessel. 2002. Contribution of individual markers to the analysis of the relationships among breeds by correspondence analysis. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002, Montpellier, France. Session 26: Management of genetic diversity. Communication n° 26-06.
- Maillard, J.C. and N. Maillard. 1998. Historique du peuplement bovin et de l'introduction de la tique *Amblyomma variegatum* dans les îles françaises des Antilles: synthèse bibliographique. *Ethnozootecnie*, 61: 19-36.
- Manwell, C. and C.M.A. Baker. 1980. Chemical classification of cattle. II. Phylogenetic tree and specific status of the Zebu. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, 11: 151-162.
- Moazami-Goudarzi, K., D.M.A. Belemsaga, G. Ceriotti, D. Laloë, F. Fagbohoun, N'T Kouagou, I. Sidibé, V. Codjia, M.C. Crimella, F. Grosclaude et S.M. Touré. 2001. Caractérisation de la race bovine Somba à l'aide de marqueurs moléculaires. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays Trop.*, 54: 129-138.
- Namikawa, T., S. Ito and T. Amano. 1984. Genetic relationships and phylogeny of East and Southeast Asian cattle: genetic distance and principal component analyses. *Z. Tierzücht. Züchtgsbiol.*, 101: 17-32.
- Naves, M. 2003. Caractérisation et gestion d'une population bovine locale de la zone tropicale: Le bovin Créole de Guadeloupe. Thèse de doctorat de l'INA-Paris Grignon, 188 pp.
- Page, R.D.M. 1996. TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences*, 12: 357-358.
- Queval, R., K. Moazami-Goudarzi, D. Laloë, J.C. Mériaux et F. Grosclaude. 1998. Relations génétiques entre populations de taurins ou zébus d'Afrique de l'Ouest et taurins européens. *Genet. Sel. Evol.*, 30: 367-383.
- Rodero A., J.V. Delgado and E. Rodero. 1992. Primitive andalusian livestock and their implications in the discovery of America. *Arch. Zootec.*, 41 (extra): 383-400.
- Sancristobal, M., C. Chevalet, J.L. Foulley and L. Ollivier. 2003. Some methods for analysing genetic marker data in a biodiversity setting - Example of the PigBioDiv data. *Arch. Zootec.*, 52: 173-183.
- Singh, H. and P.N. Bhat. 1981c. Phylogenetic relationship between Indian cattle breeds. *Indian J. Anim. Sci.*, 51: 691-697.
- Thioulouse, J., D. Chessel, S. Dolédec and J.M. Olivier. 1997. ADE-4: a multivariate analysis and graphical display software. *Statistics and Computing*, 7: 75-83.

Archivos de zootecnia vol. 54, núm. 206-207, p. 394.

