

## **ANÁLISIS GENÓMICO COMPARATIVO DE RESTOS ARQUEOLÓGICOS DE BOVINO: EVOLUCIÓN PRELIMINAR DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA EN BOVINOS DEL SUR PENINSULAR EN LOS ÚLTIMOS SIETE MILENIOS**

Anaya<sup>1\*</sup>, G., Garrido<sup>2</sup>, J., Martín de la Cruz<sup>2</sup>, J. y Molina<sup>1</sup>, A.

<sup>1</sup>MERAGEM (AGR-158), Departamento de Genética, Universidad de Córdoba. <sup>2</sup>INREPA (HUM-262), Departamento de Historia, Universidad de Córdoba; \*b22ancag@uco.es

### **INTRODUCCIÓN**

Se piensa que el bovino ya estaba domesticado en el VI milenio A.C. en la región de la cuenca del río Éufrates. Algunos estudios sitúan este evento en una época aún más temprana, proponiendo que la domesticación del *Bos taurus* comenzó durante el Neolítico Precerámico. Los restos de bovinos procedentes de yacimientos documentados más antiguos en el sur de la península ibérica datan del IV milenio a.C. El estudio de ADN antiguo (aDNA) obtenido de restos óseos se ha convertido en una herramienta fundamental para comprender los movimientos migratorios del ser humano, así como su relación con los procesos de domesticación y diferenciación de poblaciones. El objetivo del presente estudio es determinar las diferencias genómicas entre bovinos de distintos periodos y yacimientos en el contexto del sur de la Península Ibérica, comparándolas con razas actuales.

### **MATERIAL Y MÉTODOS**

En este estudio se analizaron 23 muestras obtenidas de restos óseos de 11 yacimientos del sur de la península ibérica (Ronda del cenicero, Matarredonda, Trabajadores, Mariana de Pineda, La Minilla, Marinaleda, Llanete de los Moros, Cerro de la Cruz, Puerta de Jerez, Villa Julia y Priego de Córdoba), datados entre el III milenio a.C. y los siglos XII-XIII d.C. El preprocesado, la extracción de aDNA y la generación de librerías genómicas a partir de los restos óseos se realizaron en el Laboratorio de ADN Antigo y Paleo ADN del grupo de investigación MERAGEM (PAI-158), en colaboración con el grupo INREPA (HUM-262). El control de calidad final permitió el genotipado de 6 muestras con el BovineSNP50v3 DNA BeadChip, que permitió la detección de aproximadamente 53.000 SNPs. Las muestras de aDNA se compararon con 79 muestras de razas actuales (11 peninsulares y 2 africanas). Para la evaluación de los niveles de heterocigosidad, el análisis de componentes principales (PCA), las distancias genéticas (Nei, 1978) y los valores FST, se empleó el software PLINK.

### **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

Los resultados evidenciaron que los valores de variabilidad genética, medidos mediante el porcentaje de heterocigotos, fueron mayores en las muestras de ADN antiguo (aDNA, media: 0,791) que en las muestras modernas (media: 0,275). Se observó una disminución progresiva de la heterocigosidad desde las épocas más antiguas hasta la actual, con la excepción del espécimen del yacimiento de La Minilla (III milenio a.C.), identificado como un Uro (*Bos taurus primigenius*). Esta elevada variabilidad en el aDNA sugiere un alto grado de cruzamiento entre poblaciones no sometidas a selección artificial. En contraste, las poblaciones actuales, procedentes de razas explotadas en pureza, mostraron niveles medios-bajos de heterocigosidad, resultado de la selección dirigida. El análisis de componentes principales (PCA) reveló que los restos óseos formaron un grupo homogéneo, independientemente de su cronología, distanciándose de las razas modernas. Sin embargo, las distancias genéticas evidenciaron una notable similitud entre el grupo de restos y las razas actuales, sugiriendo que la pérdida de rasgos genéticos ancestrales ocurrió tempranamente en la escala temporal, antes del registro del resto óseo más antiguo (III milenio a.C.). Asimismo, el bloque formado por el aDNA presentó mayor similitud con las razas Retinto y Toro de Lidia, distanciándose de las razas Betizu y Lamding, probablemente debido a la pertenencia a troncos genéticos ancestrales distintos.

### **CONCLUSIÓN**

Los resultados obtenidos parecen evidenciar, aunque de forma totalmente preliminar, dado el número de muestras óseas analizadas, una marcada disminución de la variabilidad genética desde las poblaciones ancestrales hasta las actuales. El alto nivel de heterocigosidad en el aDNA sugiere que las poblaciones antiguas mantenían una mayor diversidad genética debido al cruzamiento natural. Además, el análisis de componentes principales y las distancias genéticas destacan la separación entre los restos antiguos y las razas modernas, a pesar de su similitud genética, lo que sugiere una pérdida temprana de la diversidad ancestral. La mayor proximidad genética de las muestras antiguas andaluzas con las razas Retinto y Toro de Lidia resalta la continuidad parcial de linajes ancestrales en algunas razas de la ganadería actual explotada en esta Comunidad Autónoma.