

## PROGRAMA DE RECUPERACIÓN DE LA RAZA BOVINA PALLARESA

AYELLANET, R., ARANGUREN-MÉNDEZ, J. & JORDANA J.

*Unitat de Genètica i Millora Animal, Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Barcelona.*

La raza bovina Pallaresa es autóctona de las regiones pirenaicas orientales de Catalunya y se cree que originariamente poblaba esta región. Estas poblaciones locales del pirineo leridano se cruzaron a principios del s. XX con bovino de leche importado de Suiza (Parda Alpina), dando lugar a través de cruzamientos repetidos y selección hacia caracteres de tipo cárnico a la actual población que conocemos con el nombre de vaca Bruno dels Pirineus, ampliamente extendida en la zona. La Pallaresa es de aptitud cárnica y se caracteriza por su gran rusticidad. Actualmente quedan tan sólo unos 15 a 20 ejemplares adultos, pudiendo catalogarse por tanto en el estatus de raza reliquia. Morfológicamente es muy parecida a la actual Bruna. La principal característica diferencial con respecto a ésta es la coloración blanca uniforme de su capa. Con el objetivo último de iniciar y gestionar un Programa de Recuperación de la raza, se han emprendido estudios a nivel morfológico, genético molecular y poblacional. Para llevar a cabo su caracterización morfológica cuantitativa se tomaron 26 medidas zoométricas, las cuales se agruparon en tres regiones corporales que fueron analizadas mediante estadística descriptiva. La caracterización genética se realizó mediante 15 marcadores moleculares de tipo microsatélite (INRA35, HELA63, INRA5, INRA23, CSSM66, ETH225, ETH3, INRA37, HEL1, TGLA44, ILST5, ETH10, HEL9, INRA63 y ETH152), previamente analizados también en otras razas bovinas españolas (Avileña, Bruna del Pirineus, Mallorquina, Morucha, Pirenaica y Retinta). Se obtuvieron los valores de diversidad genética y se analizó la estructura poblacional de la raza mediante los F-estadísticos. Finalmente, se comparan y discuten los resultados y se establecen las relaciones genéticas existentes entre dichas razas a través de un dendrograma, utilizando para ello la distancia DA de Nei y el algoritmo N-J.