



# Rastreado los orígenes de la domesticación del caballo en Iberia: ADN antiguo y la evidencia de Atapuerca

*Tracing the origins of horse domestication in Iberia: Ancient DNA and Atapuerca evidence*

■ Jaime Lira Garrido\*

**Resumen:** El estudio del origen geográfico de las distintas razas de caballos, en comparación con otros animales domésticos, entraña gran dificultad. Ninguno de los marcadores de uso habitual empleados en la investigación sobre los orígenes de la domesticación de otros animales, puede aplicarse al caballo. Este artículo empieza situando a lo largo de la Historia el proceso de selección artificial de los animales domésticos más comunes, para luego exponer qué sabemos actualmente sobre la domesticación del caballo en Iberia.

**Palabras clave:** Domesticación del caballo en Iberia. Caballos de Pura Raza Española. Caballos de Sorraia. ADN antiguo.

**Abstract:** The study of the geographical origin and the wild ancestors of the different horses breeds, in comparison to other domestic animals, entails great difficulty. None of the markers commonly used for studying the origin of other domesticates can be applied to horses. This article begins by placing the process of artificial selection of the common domestic animals throughout History, and exposes what we know now about the domestication of Iberian horses.

**Key words:** Horse Domestication in Iberia. Spanish Purebred Horses. Sorraia breed. Ancient DNA

---

\* El autor es investigador del Centro Mixto UCM-ISCIH de Evolución y Comportamiento Humanos. Avenida Monforte de Lemos 5, 28029 – Madrid; e-mail: jlira@iscii.es.

## 1. Introducción

Según la *Food and Agriculture Organization of the United Nations* (FAO), en la actualidad existen unas 50.000 especies conocidas de aves y mamíferos, y solamente se han domesticado 50 de ellas. Más concretamente, de las 148 especies de herbívoros y omnívoros con un peso igual o superior a 45 kg, susceptibles de serlo, únicamente 14 han pasado con éxito el filtro de la selección artificial. Aun con este número tan reducido de animales domésticos, el desarrollo de las sociedades humanas se ha sustentado en seis especies principales: perros, vacas, cabras, ovejas, cerdos y caballos. Si miramos alrededor cuando salimos a la calle y nos fijamos en la ropa que llevamos puesta o abrimos nuestra nevera, nos daremos cuenta de la importancia que tienen para nosotros las cinco primeras especies. Dejando el caso del perro a un lado, el ganado vacuno, el ovino, el caprino y el porcino son las especies de mamíferos que presentan una distribución más amplia y un mayor número de individuos a escala global, seguidas del caballo, cuya distribución es más pequeña que la del ganado vacuno y ovino.

El caballo fue el último animal de este conjunto en pasar por el cedazo de la selección artificial y está considerado como uno de los principales catalizadores del progreso económico y social. A lo largo de la historia reciente de la Humanidad, el caballo ha servido para multitud de tareas. Se usó —y todavía hoy se sigue aprovechando— como fuente de alimento y, además, influyó de manera decisiva en el desarrollo de las comunicaciones. Algunas sociedades lo han utilizado como símbolo religioso, ha estado estrechamente vinculado a rituales funerarios, ha sido y es considerado animal de prestigio y, hasta el siglo xx, jugó un papel crucial en el desarrollo de los conflictos bélicos.

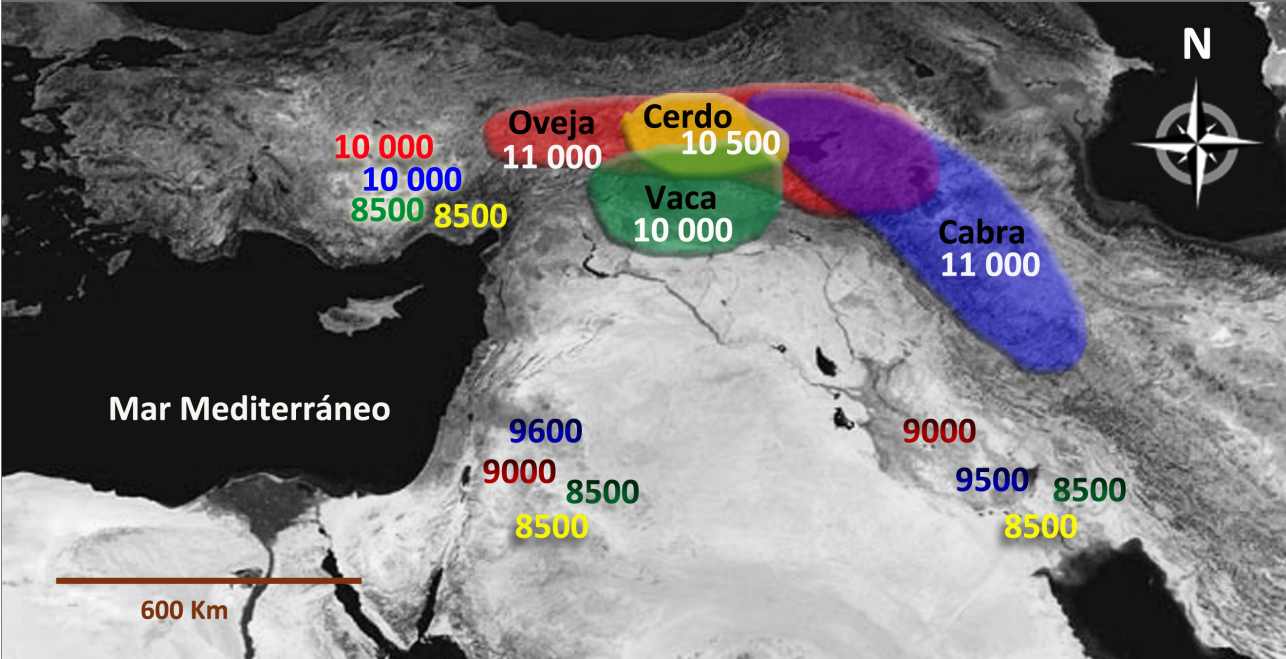
Actualmente hay 55 millones de cabezas de caballo repartidas por todo el mundo. El país con mayor número es China, seguido de México, Brasil y EEUU. Otros países donde se registran más de un millón de cabezas son Argentina, Colombia, Mongolia, La Federación Rusa, Etiopía y Kazajistán. Según la FAO, se han contabilizado 633 razas para esta especie, lo que supone el 14% de todas las razas de mamíferos del mundo, una cifra abrumadora.

## 2. Los orígenes de la domesticación animal

La domesticación de animales y la aclimatación de cultivos constituyen uno de los grandes hitos en la historia de la humanidad. Las sociedades humanas que basaron su economía en los animales domésticos y en el desarrollo agrícola han experimentado un cambio radical que ha ido acompañado de alteraciones en la biodiversidad a escala global. El *origen de la domesticación* es un área de investigación que ha recibido durante los últimos años especial atención e impulsa una creciente actividad científica desde varias disciplinas: paleontología, arqueología, antropología, ciencias ambientales, botánica, zoología y genética.

Es posible encontrar en la literatura muchas definiciones de domesticación y animales domésticos. No obstante, algunos autores consideran una tarea difícil la formulación de una definición que contemple todos los aspectos de este proceso porque, en la actualidad, aunque haya muchas definiciones, no existe un consenso sobre cómo definir la *domesticación*.

Una de las últimas definiciones ha sido la propuesta recientemente por Melinda A. Zeder, una de las mayores especialistas en el estudio del origen de la domesticación de animales. Según esta investigadora:



**Figura 1.** Distribución de los primeros animales domésticos en la zona del Creciente Fértil. Se presentan las fechas aproximadas de aparición, calibradas antes del presente (cal. Before Present-BP). Figura modificada de M. Zeder (2008)

«La *domesticación* consiste en el mantenimiento de una relación mutualista desarrollada a lo largo de generaciones, donde un organismo asume un grado de influencia notable sobre las labores de cuidado y reproducción de otro organismo. En esta relación, el organismo influyente se encarga de proveer de manera eficiente al otro organismo de una serie de recursos. Así, el organismo que recibe los recursos presenta una ventaja respecto a otros organismos de la misma especie que se encuentran fuera del rango de relación con el organismo influyente. De este modo, el organismo domesticador y el domesticado se benefician mutuamente y ambos ven aumentada su eficacia biológica».

La visión general de la domesticación, de manera prácticamente universal, asumía que la adopción de la agricultura y los animales domésticos eran resultado de la difusión geográfica llevada a cabo por unos grupos humanos procedentes de unas pocas zonas de origen. Sin embargo, esta percepción ha cambiado significativamente en los últimos años, ya que se han identificado hasta 20 regiones geográficas diferentes donde se aclimataron plantas autóctonas.

A estas evidencias hay que añadir los resultados de diversas investigaciones zoo-

arqueológicas que han documentado los inicios de la domesticación independiente de animales en, al menos, tres áreas geográficas distintas (Oriente Próximo, el centro de China y los Andes). Una de las más importantes fue el Oriente Próximo que alberga el *Creciente Fértil*, un territorio con forma de media luna que se extendía por las tierras de los actuales Egipto, Palestina, Israel, Jordania, Líbano, Siria, Irak, Kuwait, el área sureste de Turquía y el extremo occidental de Irán (figura 1). En esta zona se han documentado algunas de las evidencias arqueológicas más antiguas del cultivo de cereales como el trigo, la cebada y el centeno, y leguminosas como las lentejas, así como del control humano sobre diversas especies de animales. El origen del Neolítico está ineludiblemente asociado al Creciente Fértil.

Las cabras y las ovejas salvajes se empezaron a domesticar en la región comprendida entre el norte de los Montes Zagros y el sureste de Anatolia hace unos 11 000 años. Con morfología de animales salvajes pero ya controladas en el seno de rebaños conducidos por grupos humanos, las cabras se movieron rápidamente por la región, al-

canzando los extremos del Creciente Fértil hace, aproximadamente, 9500 años. Las ovejas, en cambio, tardaron unos 500 años más en llegar a esos límites con los grupos humanos que las guiaban (figura 1).

Las evidencias zooarqueológicas han puesto de manifiesto que los primeros cerdos domésticos de la zona del Creciente Fértil aparecieron en el sureste de Anatolia, hace unos 10 500 años. Los grupos humanos los expandieron de manera similar a como sus antepasados habían hecho con las ovejas. Los cerdos, ya morfológicamente diferentes a los jabalíes, alcanzaron las lindes del Creciente Fértil hace unos 8500 años (figura 1).

Por su parte, el ganado bovino taurino se domesticó por primera vez en la zona alta del valle del río Éufrates hace unos 10 000 años y, como las ovejas y los cerdos, llegó a las partes más distantes del Creciente Fértil relativamente más tarde (Figura 1).

De este modo, hace entre 11 000 y 10 000 años que se consiguieron controlar las cuatro especies que marcarían el devenir de la historia y el progreso de la Humanidad. Pero el caballo todavía no estaba entre ellas. Sería necesario esperar varios milenios más para que aparecieran los primeros caballos domésticos.

### 3. Los primeros caballos domésticos

No han faltado propuestas que han sugerido el origen de la domesticación del caballo a finales del Pleistoceno superior (hace unos 13 000 años). Sin embargo, hoy en día esta hipótesis carece de fuerza. Las investigaciones actuales sobre el origen de los primeros caballos domésticos proponen que este suceso ocurrió en un momento muy posterior.

La búsqueda de los primeros caballos domésticos ha tropezado con varias difi-

cultades referentes al *tempo* y el *modo* en el que dicha domesticación tuvo lugar. Los estudios en relación al origen geográfico de los primeros caballos domésticos han señalado las estepas euroasiáticas como la zona más plausible para este fenómeno. Concretamente, los restos de caballos recuperados en los yacimientos de Dereivka (Ucrania) y Botai (Kazajistán) han sido objeto de diversos análisis que han mostrado resultados contradictorios, ya que bien reafirmaban o bien rechazaban el estado doméstico de los mismos. Investigaciones más recientes sobre la aparición de los primeros caballos domésticos han propuesto que esto aconteció hace unos 5000 años y han corroborado la idea de que en el yacimiento de Botai (Kazajistán) ya había caballos domésticos por lo menos hacia el 3500 antes de Cristo (calibrado- cal.- aC.) (figura 2A).

A estas conclusiones llegaron en el año 2009 dos investigaciones totalmente independientes. Por un lado, un equipo descubrió en el yacimiento calcolítico de Botai (Kazajistán) evidencias indirectas de caballos domésticos en los restos óseos y en los materiales arqueológicos. Al estudiar un conjunto de segundos premolares inferiores, se encontraron señales de abrasión que asociaron a la acción de desgaste por algún tipo de bocado. Otra evidencia fue hallada al analizar los residuos orgánicos de ácidos grasos en cerámicas, al ponerse de manifiesto que algunos recipientes sirvieron para contener leche de yegua.

El otro equipo de investigación llegó a una conclusión similar analizando ADN antiguo. A partir de la información de seis genes responsables del color de la capa, aislaron estos genes en una gran cantidad de restos fósiles de caballos procedentes de diferentes yacimientos euroasiáticos, y observaron que el color de las capas había sido bastante homogéneo hasta un momento, hace unos 5000 años, en el que empezaron

a aparecer nuevas coloraciones en caballos de Siberia y Europa del Este. Se propuso que estos cambios en la coloración de las capas se debían al efecto producido por la presión de selección del hombre sobre la cría caballar.

#### 4. ¿Domesticación del caballo en Europa?

La información sobre la aparición de los primeros caballos en Europa es muy limitada. Por un lado, se ha planteado la posibilidad de que los ejemplares domésticos llegaran a Europa procedentes del Este. Por otro, se ha propuesto que su domesticación hubiese sido un proceso más complejo, donde —además del foco primario de domesticación de las estepas euroasiáticas (figura 2B)— hubiera otros escenarios geográficos en los que tuvieron lugar eventos de domesticación independiente, localizados en Europa Central y Occidental (figura 2C).

Pero el hecho es que, tanto teniendo en cuenta la hipótesis de un único origen como la multirregional, poco se sabe sobre el origen de los primeros caballos europeos. Algunos investigadores han propuesto que la península ibérica fue un foco de domesticación del caballo y, durante muchos años, han intentado encontrar evidencias de esta domesticación independiente analizando los restos faunísticos aparecidos en diversos yacimientos ibéricos.

Se ha considerado que uno de los factores discriminantes para poder reconocer animales domésticos está relacionado con la variación del tamaño corporal. Bajo esta premisa, los animales domésticos presentarían un tamaño más pequeño que sus parientes salvajes, criterio que ha recibido críticas al aplicarlo a las poblaciones de ovicápridos del Creciente Fértil. No obstante, los es-

tudios sobre la determinación de caballos domésticos han trabajado sobre el criterio de disminución de tamaño asociado a un aumento en el grado de variación del tamaño corporal. De este modo, se ha considerado que los caballos domésticos podrían reconocerse por presentar, en promedio, un tamaño corporal inferior y un mayor rango de variación del que podría observarse en las poblaciones salvajes. Igualmente, se ha propuesto que este aumento en el rango de variación del tamaño corporal de las poblaciones domésticas habría sido una consecuencia de la presión de selección de los grupos humanos sobre los animales.

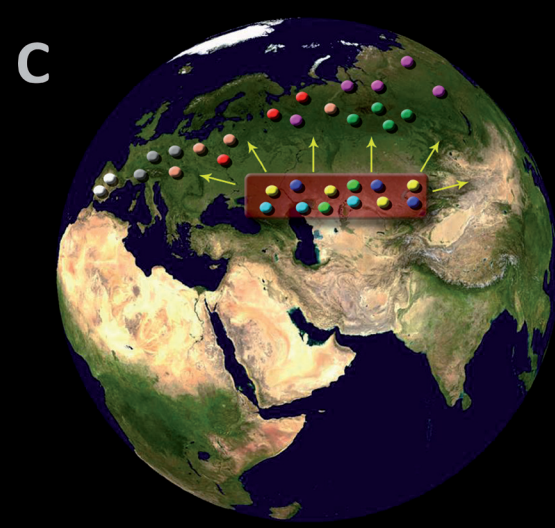
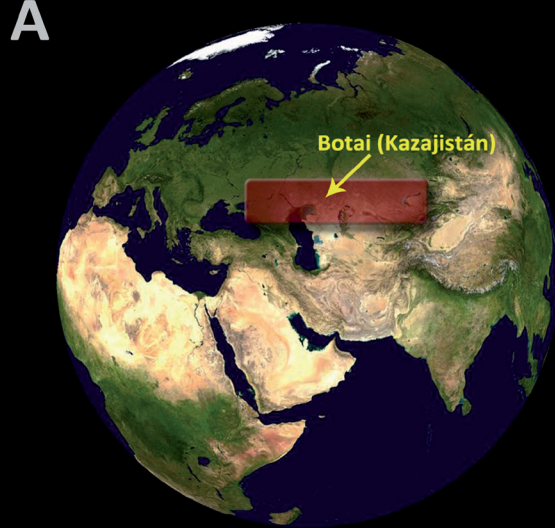
#### 5. La domesticación del caballo en la península ibérica

##### 5.1 Evidencias zooarqueológicas

En la búsqueda del origen de los animales domésticos, los restos óseos ofrecen muchísima información. Hay marcadores morfológicos, como las diferencias en los cuernos de los bóvidos o en el tamaño de los dientes de los suidos que permiten diferenciar claramente entre animales salvajes y domésticos.

En relación a los estudios sobre la domesticación del caballo es interesante resaltar que no es posible utilizar ninguno de los marcadores tradicionalmente empleados para determinar los orígenes de la domesticación de otros animales. No existen marcadores morfológicos aparentes que puedan usarse para diferenciar los caballos domésticos de los salvajes.

Ante esta dificultad, se han estudiado los indicios de domesticación a partir de evidencias indirectas. Es posible determinar animales domésticos analizando el aprovechamiento diferencial que los grupos humanos pudieron hacer de ellos. Una vía para



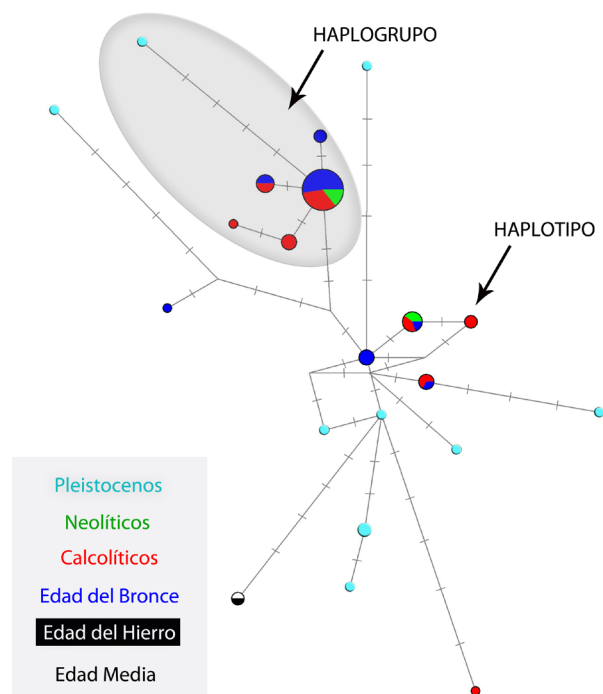
**Figura 2.** Hipótesis sobre la domesticación del caballo. **A)** Las estepas euroasiáticas (franja en rojo) y la localización del yacimiento de Botai en Kazajistán (flecha). **B)** Hipótesis de un «único origen» de domesticación del caballo: los círculos representan linajes genéticos y las flechas la expansión de los caballos domésticos. **C)** Hipótesis de «múltiples orígenes»: los círculos representan linajes genéticos y las flechas la expansión desde el foco primario de los caballos domésticos. Esta hipótesis contempla otros focos secundarios y muchos más linajes de diferentes poblaciones implicados en la domesticación del caballo

obtener esta información ha consistido en analizar los perfiles demográficos de los animales recuperados en los yacimientos. Pero, en el caso de los caballos, tampoco hay perfiles demográficos diferenciales que permitan distinguir los patrones de gestión de caballos domésticos de los patrones de caballos salvajes.

Encontrar caballos domésticos estudiando los restos óseos que aparecen en los yacimientos se ha convertido en una tarea de gran complejidad. Por ese motivo, a partir del Calcolítico, la determinación de caballos domésticos se suele llevar a cabo estudiando la mayor cantidad de evidencias posibles: analizando la abundancia de restos, la cantidad porcentual del peso de este taxón comparado con otros taxones domésticos presentes en la muestra y su relación con el patrón de aprovechamiento. Estos análisis se complementan con estudios de los perfiles demográficos y de la distribución de sexos, además de investigarse determinadas patologías que pudieran estar relacionadas con el uso de bocados o el empleo de estos animales como bestias de carga.

Aunando todas estas vías de actuación, se ha sugerido que los caballos domésticos aparecieron en Iberia en algún momento comprendido entre el Neolítico final, el Calcolítico y la Edad del Bronce. La horquilla temporal que se baraja supera los 1.500 años. Además, algunos estudios han apuntado la posibilidad de que los caballos domésticos se originaran a partir de poblaciones ibéricas salvajes. Es decir, que se hubieran domesticado de manera independiente a los episodios ocurridos en las estepas euroasiáticas.

**Figura 3.** Haplotipos y haplogrupos. Cada círculo representa un haplotipo. Las mutaciones que diferencian unos haplotipos de otros aparecen reflejadas en las longitudes de las ramas. Los haplogrupos son conjuntos de haplotipos que están relacionados entre sí. Diferentes individuos pueden ser genéticamente idénticos para el ADN mitocondrial, presentan el mismo haplotipo. El tamaño de cada haplotipo representa su frecuencia de aparición en una población determinada. Este esquema muestra la frecuencia de determinados haplotipos en individuos de distintas cronologías desde el Pleistoceno superior hasta la Edad Media. El haplogrupo se caracteriza por incluir individuos desde el Pleistoceno superior hasta la Edad del Bronce



Ésta es una hipótesis muy sugerente. De ser cierta, y de haber aparecido focos de domesticación independientes, añadiría más complejidad al ya, de por sí, difícil análisis del origen de la domesticación del caballo (figura 2C). Para contrastar esta hipótesis ha sido necesario encontrar nuevas evidencias, y las voces que han surgido desde el ámbito de la genética han ofrecido resultados sorprendentes.

### 5.2 El ADN mitocondrial de los caballos modernos

Los estudios sobre los procesos de domesticación animal también se han analizado desde la perspectiva genética. Uno de los marcadores moleculares más ampliamente utilizado ha sido el ADN mitocondrial. Su tasa de mutación mayor que la del ADN nuclear, su transmisión exclusivamente por vía materna, su aparente ausencia de recombinación y el gran número de genomas mitocondriales que pueden presentar las células, en contraposición a un único genoma nuclear, han sido las principales características que han convertido el ADN mitocondrial en el marcador de referencia en estudios sobre diversidad genética de mamíferos en general y sobre los procesos de domesticación en particular. En este tipo de estudios se han analizado los haplotipos de diferentes animales (es decir, la secuencia genética mitocondrial característica de cada individuo) y su asociación en haplogrupos (siendo un haplogrupo un conjunto de haplotipos con un mismo origen filogeográfico) (figura 3).

A modo de ejemplo, el ADN mitocondrial se ha utilizado para diferenciar pobla-

ciones de ganado vacuno y ganado cebú, asociándolas a distintas áreas geográficas que se han considerado como focos potenciales de domesticación. Asimismo, ha permitido conocer la diversidad genética de distintas poblaciones de suidos salvajes y domésticos distribuidas por toda Eurasia; definiendo, además, cómo fue el patrón de reemplazamiento de las poblaciones salvajes por las domésticas en Europa durante el Neolítico y el Calcolítico.

Numerosos estudios sobre las razas actuales de caballos domésticos han puesto de manifiesto que la mayoría se caracteriza por un origen múltiple y por su heterogeneidad genética desde el punto de vista del ADN mitocondrial. Este patrón se ha encontrado, por ejemplo, en los caballos de la raza Lipizana, los de raza Árabe, el Pura Sangre Inglés, el Pura Sangre Lusitana, el Pura Raza Español y en las razas autóctonas de zonas geográficas concretas de China y Japón, entre otras. Además, con algunas razas se ha cotejado la información del ADN mitocondrial con la procedente de los pedigrís, apareciendo inconsistencias notables.

El análisis del ADN mitocondrial de gran cantidad de individuos de distintas



**Figura 4.** Ejemplar de la raza Sorraia (Selona, cortesía de Wikipedia)

razas distribuidas por todo el mundo ha permitido conocer que en el proceso de domesticación del caballo estuvieron involucradas una gran cantidad de líneas maternas, llegándose a diferenciar, por lo menos, hasta 17 haplogrupos. Estos haplogrupos se han interpretado como diferentes eventos de domesticación o, al menos, eventos en los que se utilizaron individuos de poblaciones salvajes locales para *mezclar la sangre* con los caballos domésticos que procedían de otro punto de origen.

Por otra parte, también se ha observado la peculiaridad de que caballos de diferentes razas pueden ser mitocondrialmente iguales, considerándose que estas situaciones son un reflejo del uso de individuos del mismo linaje para la constitución de razas caballares diferentes. Y, por último, al estar las razas mitocondrialmente tan mezcladas, ha sido muy difícil asociar el origen de los haplogrupos a regiones geográficas concretas.

Estos estudios han corroborado que el caballo es la especie doméstica con mayor

diversidad mitocondrial, además de presentar un patrón filogeográfico muy bajo. Estos resultados no apoyan la hipótesis de un único evento de domesticación para esta especie, originado en las estepas euroasiáticas (figura 2B).

En realidad, los datos mitocondriales sugieren un proceso de selección artificial mucho más complejo. Así, el caballo habría pasado por numerosos eventos de domesticación, en numerosas áreas geográficas y en diferentes momentos cronológicos (figura 2C). Aparte, su gran diversidad mitocondrial ha convertido en una tarea bastante complicada, si no imposible, la búsqueda de asociaciones filogeográficas de las razas. Sin embargo, para algunos haplogrupos, sí se han podido delimitar áreas geográficas concretas donde proponer posibles eventos de domesticación. Es el caso del haplogrupo mitocondrial D1, determinado a partir de un estudio a nivel global con más de 600 caballos de, por lo menos, 25 razas. Este haplogrupo D1 englobaba animales de di-



**Figura 5.** Excavaciones en el yacimiento de El Portalón (J. Lira. Equipo de Investigación de Atapuerca, EIA))



ferentes razas, la mayoría procedentes del norte de África, de la península ibérica, o razas americanas que presentan un origen ibérico. Aunque se habían diferenciado otros haplogrupos que incluyen caballos de origen ibérico, la mayor parte de los caballos Pura Raza Española o Pura Sangre Lusitana se distribuye en este haplogrupo D1. De este modo se propuso que este haplogrupo era

el resultado de un evento de domesticación que podría haber ocurrido o bien en el norte de África, o bien en la península ibérica.

En trabajos posteriores en los que se analizó el ADN mitocondrial de razas exclusivamente ibéricas, se obtuvieron resultados similares. El análisis del ADN mitocondrial del caballo Pura Sangre Lusitana puso de manifiesto que todos los caballos estudiados



**Figura 6.** Fragmento de epifisis distal de un húmero derecho de un caballo, durante el momento de su excavación en El Portalón (J. Lira, EIA)

de esta raza se distribuían en cuatro grupos mitocondriales diferentes, denominados A, B, C y D, con frecuencias desiguales. El grupo A presentó una frecuencia mucho mayor que la de los tres grupos restantes, y se identificó con el previamente definido haplogrupo D1.

Por otra parte, el análisis de una muestra de caballos de Pura Raza Española diferenció hasta cinco grupos mitocondriales (denominados con números romanos de I a V), también caracterizados por presentar frecuencias desiguales. El grupo formado por más individuos era el que se había denominado como Ia, también identificado con el haplogrupo D1.

De este modo se comprobó que, en las dos de caballos más famosas de las tierras ibéricas, el haplogrupo D1 era el dominante. Esto permitió sugerir que este haplogrupo se había originado en Iberia o podía haber llegado procedente del norte de África y posteriormente expandirse en territorio ibérico.

En la búsqueda de los ancestros de los caballos domésticos ibéricos también se había propuesto, como posible candidato, la raza portuguesa Sorraia (figura 4). Los caballos de Sorraia se descubrieron en la década de los años 20 del siglo pasado cerca de Coruche (Alentejo, Portugal), entre los ríos Sor y Raia, y destacaban por su morfológica primitiva, sugiriéndose que pudiesen ser antepasados de algunas razas ibéricas.

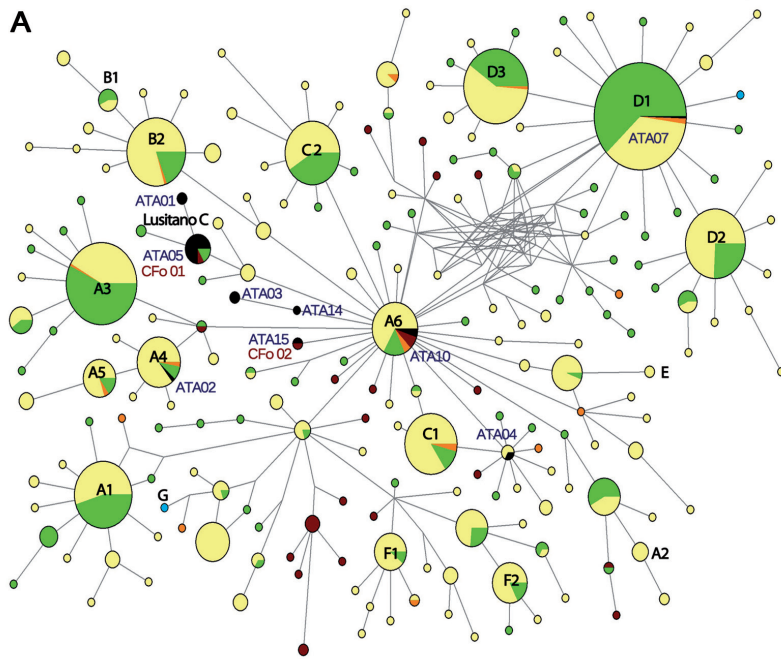
La raza Sorraia se estableció en 1937 a

partir de 12 individuos: cinco machos y siete hembras. Posteriores análisis genéticos pusieron de manifiesto su alta endogamia, además de una diversidad mitocondrial muy baja. Todos los caballos de Sorraia se distribuyen en tres linajes maternos distantes entre sí, denominados Azambuja, Cigana y Pomba. Solo el último linaje está relacionado con el haplogrupo D1.

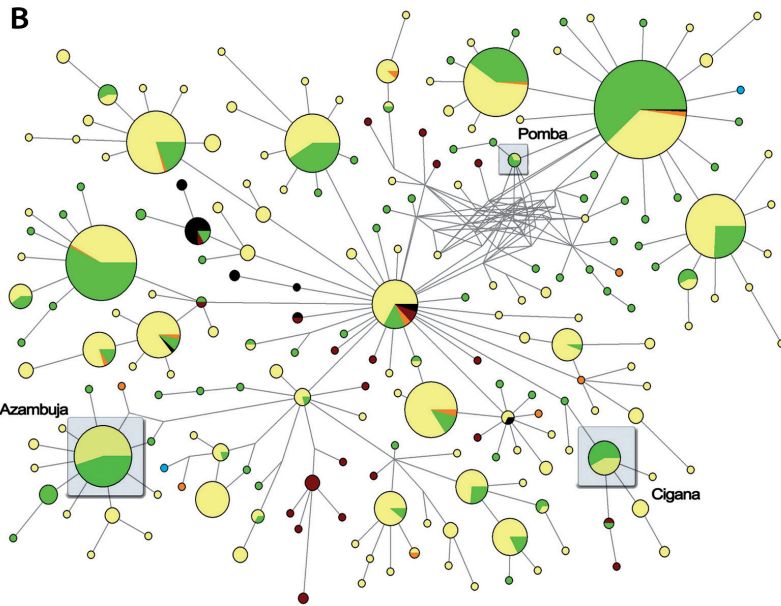
### 5.3 Los estudios con ADN mitocondrial antiguo

Con el fin de conocer si el haplogrupo D1 estaba presente en caballos salvajes de la península ibérica que, posteriormente, pasaron a formar parte del embrión de las poblaciones domésticas, se llevaron a cabo análisis de ADN antiguo de muestras de diferentes cronologías. Un primer estudio analizó seis muestras cronológicamente asociadas al Pleistoceno superior, la Edad del Hierro y a la batalla de Aljubarrota (que se libró en territorio portugués en el año 1385 entre tropas portuguesas y castellanas). Ninguna de estas seis muestras se asoció al haplogrupo D1. En su lugar se distribuyeron entre haplogrupos caracterizados por presentar caballos de muchas razas diferentes.

Investigadores del equipo de Atapuerca hemos realizado un análisis ulterior del ADN mitocondrial de 22 muestras procedentes de dos yacimientos. Dos de las muestras analizadas procedían del yacimiento de Cova Fosca (Ares del Maestre, Castellón) y estaban asociadas al Neolítico. Estos caballos galoparon por Castellón hace unos 5300-5010 años cal. aC. Asociamos las muestras con caballos salvajes por criterios cronológicos y culturales, debido a que los ejemplares presumiblemente domésticos más antiguos pertenecían a cronologías de hace unos 3500 años cal. aC., asociados al Calcolítico del yacimiento de Botai (Kazajistán).



**Figura 7.** Distribución de muestras ibéricas antiguas. Color verde: muestras modernas ibéricas o de origen ibérico; color amarillo: muestras modernas no ibéricas; color marrón: muestras de équidos salvajes pleistocenos y holocenos; color naranja: muestras antiguas de caballos domésticos, y color negro: muestras de El Portalón y de Cova Fosca. **A)** Nomenclatura de los haplogrupos. En letras azules aparecen los nombres de algunas muestras de El Portalón. En letras marrones aparecen los nombres de las muestras de Cova Fosca. **B)** Distribución de los haplotipos Azambuja, Cigana y Pomba, característicos de los caballos de la raza Sorraia (tomada de J. Lira, et al. 2010)



Las 20 muestras restantes procedían del yacimiento de El Portalón de Cueva Mayor (sierra de Atapuerca, Burgos) (figura 5); 19 de ellas pertenecían a la Edad del Bronce y la otra a la Edad Media, utilizando criterios estratigráficos, por datación directa de las muestras mediante radiocarbono, o por ambos métodos. Los caballos de la Edad del Bronce que analizamos vivieron entre hace 2480-1530 años cal. aC., mientras que la datación por carbono 14 de la muestra

de la Edad Media arrojó una fecha en torno al año 1100.

La Edad del Bronce ha sido el periodo cultural que se ha establecido como momento más probable para la domesticación del caballo en Iberia. Sin embargo, para las muestras de la Edad del Bronce del yacimiento de El Portalón todavía no se ha podido dar un resultado concluyente sobre su estado doméstico (por las dificultades comentadas en el apartado 5.1) (figura 6).

Si el haplogrupo D1 se hubiese domesticado en la península ibérica, lo esperable hubiese sido encontrar individuos salvajes de cronología neolítica de

Cova Fosca en este haplogrupo D1. A su vez, deberían compartir haplogrupo con los caballos de la Edad del Bronce de El Portalón, que probablemente estaban en proceso de domesticación. Y, para finalizar, el caballo medieval de El Portalón debería compartir también este haplogrupo con el resto de sus antepasados. Pero los resultados que arrojaron los análisis de ADN antiguo mostraron un patrón totalmente diferente.

De las 20 muestras analizadas, únicamente la de procedencia medieval (ATA07) apareció asociada al haplogrupo D1 (figura 7A). Las restantes se distribuyeron en diferentes haplogrupos con frecuencias distintas. Uno de los especímenes neolíticos y la mayor parte de las muestras de la Edad del Bronce se asociaron al grupo C de los caballos Lusitanos, definido en el estudio de los caballos de Pura Sangre Lusitana (figura 7A). En este estudio, el grupo C se definió a partir de un número reducido de individuos. En nuestra investigación aparecieron asociados a este haplogrupo, además, caballos actuales de las razas Criolla Argentina y Paso Fino de Puerto Rico. La presencia de ejemplares de estas razas americanas en un haplogrupo con individuos de origen exclusivamente ibérico corrobora los registros históricos sobre el transporte de caballos ibéricos al Nuevo Mundo.

Los análisis de diversidad genética de los caballos de la Edad del Bronce pusieron de manifiesto que estos ejemplares presentaban una diversidad nucleotídica significativamente más baja que la obtenida para las muestras de caballos modernos y antiguos con las que se habían comparado. El intervalo cronológico comprendido entre hace unos 2480-1530 años cal. aC. que presentaban las muestras sugería la posibilidad de que pertenecieran a una población que estuviese pasando por un cuello de botella provocado por un proceso de domesticación. Además, la presencia de caballos salvajes en el haplogrupo C de caballos Lusitanos evidenciaba que, en algún momento, caballos salvajes ibéricos habían pasado a formar parte de las poblaciones domésticas peninsulares. Posteriormente, representantes ibéricos de este haplogrupo se seleccionaron para viajar a América y contribuir en la formación de algunas razas americanas.

De este modo, se confirma que en la península ibérica las poblaciones de ca-

ballos salvajes autóctonos contribuyeron a la formación de las poblaciones caballares domésticas. Recordemos que el marcador molecular que habíamos analizado, el ADN mitocondrial, se transmite exclusivamente por línea materna generación tras generación. Por lo tanto, la información que habíamos obtenido tenía exclusivamente en cuenta la historia de los linajes femeninos. Nuestra investigación confirma que, cuando menos, las yeguas salvajes ibéricas habían contribuido con su ADN a conformar las poblaciones domésticas ibéricas.

No sabemos todavía si los machos que las fecundaron eran también ibéricos o, por el contrario, eran animales domésticos traídos de otros lugares. Para poder establecer una diferencia entre los machos peninsulares y el resto de los machos euroasiáticos sería necesario realizar un análisis análogo al que hemos descrito, pero utilizando el cromosoma Y (que se caracteriza por tener una transmisión exclusivamente paterna).

El hecho de que ni los caballos salvajes neolíticos ni los de la Edad del Bronce, se asocien en el haplogrupo D1 no permite descartar por completo la hipótesis de que este haplogrupo fuera autóctono de la península ibérica, pero aumenta la probabilidad de la hipótesis alternativa: que este haplogrupo se hubiese originado en el norte de África y hubiese entrado en Iberia con otros caballos domésticos en distintos momentos históricos, expandiéndose posteriormente por el territorio peninsular.

Por otro lado, se analizó de manera paralela la posibilidad de que los linajes maternos Cigana, Azambuja y Pomba de la raza Sorraia pudiesen ser linajes ibéricos antiguos. Aunque se descartó su asociación con los haplotipos de los caballos neolíticos y de la Edad del Bronce, se observó que los linajes Azambuja y Pomba se relacionaban con caballos de la época medieval. El linaje de Azambuja se asoció con uno

de los ejemplares procedentes de la batalla de Aljubarrota, mientras que el Pomba se relacionó con el caballo medieval de El Portalón de Cueva Mayor de la sierra de Atapuerca (figura 7B), y el resto de los caballos del haplogrupo D1. De este modo, se ha considerado la posibilidad de que esta raza se hubiera originado en la península ibérica en tiempos históricos.

Sin embargo, la diversidad genética de la raza Sorraia ha sufrido una importante disminución a lo largo del siglo xx, con pérdidas de linajes maternos. Por lo tanto, la única manera de averiguar si esta raza ha presentado haplotipos similares a los obtenidos en los caballos ibéricos del Neolítico y la Edad del Bronce sería analizando restos de caballos de Sorraia muertos durante el siglo pasado.

## 6. Conclusión

Los resultados actuales obtenidos tanto con ADN mitocondrial de individuos modernos como con restos de diferentes cronologías, han puesto de manifiesto que el patrón mostrado por las poblaciones domésticas actuales no ha permanecido estable a lo largo del tiempo. Los nuevos resultados proponen

que el haplogrupo D1, actualmente dominante en la península ibérica, posiblemente no estaba presente en las poblaciones salvajes y que, además, éstas pasaron por algún grado de selección artificial. Este fenómeno se ha podido comprobar principalmente en el haplogrupo C de los caballos Lusitanos, que comparten individuos salvajes de la época neolítica, ejemplares posiblemente domésticos de la Edad del Bronce y otros modernos de origen ibérico.

Por otro lado, es necesario recalcar que este haplogrupo se ha definido con muy pocos individuos modernos de la raza Pura Sangre Lusitana. Por este motivo sería interesante gestionar su conservación, con la finalidad de no perder un haplogrupo milenar, que parece ser un buen testigo de que los caballos salvajes ibéricos estuvieron involucrados en el complicado proceso de la domesticación del caballo.

## Agradecimientos

Al Equipo de Investigación de Atapuerca (EIA), por su trabajo en las campañas de excavación de El Portalón. A Ana Gracia Téllez, por la revisión crítica del texto.



## Bibliografía

1. Un estudio muy completo sobre el origen de los animales domésticos y la aclimatación de cultivos en la zona del Creciente Fértil y su posterior expansión hacia Europa, lo pueden encontrar en: Zeder, Melinda A. (2008) Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact. *PNAS*, 105: 11597-11604.
2. El estudio sobre los análisis de ADN antiguo en los caballos de El Portalón y Cova Fosca tiene la siguiente referencia: Lira, J., *et al.* (2010) Ancient DNA reveals traces of Iberian Neolithic and Bronze Age lineages in modern Iberian horses. *Molecular Ecology* 19: 64-78.