



Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar, Ciudad de México, México.
ISSN 2707-2207 / ISSN 2707-2215 (en línea), julio-agosto 2025,
Volumen 9, Número 4.

https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v9i2

RELACIONES FILOGENÉTICO ENTRE LAS FAMILIAS BOVIDAE Y CERVIDAE MEDIANTE LA SECUENCIACIÓN DEL GEN MITOCONDRIAL CITOCROMO B

**NAME PHYLOGENETIC ANALYSIS BETWEEN THE
BOVIDAE AND CERVIDAE FAMILIES BASED ON
MOLECULAR DATA (NUCLEOTIDES)**

Blanca Germania Tirado Valladares
Universidad Estatal Amazónica

Jhonatan Fabian Chamba Japon
Investigador Independiente

Relaciones filogenético entre las familias Bovidae y Cervidae mediante la secuenciación del gen mitocondrial citocromo b

Blanca Germania Tirado Valladares¹

bg.tiradov@uea.edu.ec

<https://orcid.org/0009-0009-5193-689X>

Universidad Estatal Amazónica
Ecuador

Jhonatan Fabian Chamba Japon

fabichamba@gmail.com

<https://orcid.org/0009-0000-3483-0270>

Investigador Independiente
Ecuador

RESUMEN

La familia Bovidae, ampliamente distribuida y representada dentro del orden Artiodactyla, ha sido objeto de numerosos estudios evolutivos debido a su notable diversidad morfológica y genética. En este estudio se realizó un análisis filogenético utilizando secuencias del gen mitocondrial citocromo b de 15 especies pertenecientes principalmente a Bovidae, con *Odocoileus virginianus* (familia Cervidae) como grupo externo. Las secuencias fueron obtenidas de la base de datos NCBI y analizadas mediante herramientas bioinformáticas, empleando el software MEGA y los métodos de Neighbor-Joining, Máxima Verosimilitud y Máxima Parsimonia para la construcción de árboles filogenéticos. Los resultados evidenciaron una alta conservación del gen citocromo b entre las especies analizadas, permitiendo establecer agrupamientos coherentes con su clasificación taxonómica. Se observó una estrecha relación entre las especies de los géneros Bos y Bison, así como entre Bubalus y Syncerus, mientras que *Odocoileus virginianus* presentó la mayor distancia genética, ubicándose como grupo basal. Este análisis filogenético aporta a la comprensión de los patrones de evolución y divergencia genética dentro de los bóvidos, con implicaciones relevantes para la taxonomía, la conservación y los estudios de biología evolutiva.

Palabras clave: Citocromo b, alineamiento, gen mitocondrial, MEGA, Bovidae, Cervidae

¹ Autor principal

Correspondencia: bg.tiradov@uea.edu.ec

Name Phylogenetic analysis between the Bovidae and Cervidae families based on molecular data (nucleotides)

ABSTRACT

The Bovidae family, widely distributed and represented within the Artiodactyla order, has been the subject of numerous evolutionary studies due to its remarkable morphological and genetic diversity. In this study, a phylogenetic analysis was performed using mitochondrial cytochrome b gene sequences from 15 species belonging mainly to Bovidae, with *Odocoileus virginianus* (Cervidae family) as an outgroup. The sequences were obtained from the NCBI database and analysed using bioinformatic tools, employing MEGA software and the Neighbour-Joining, Maximum Likelihood and Maximum Parsimony methods to construct phylogenetic trees. The results showed a high degree of conservation of the cytochrome b gene among the species analysed, allowing the establishment of groupings consistent with their taxonomic classification. A close relationship was observed between the species of the genera *Bos* and *Bison*, as well as between *Bubalus* and *Syncerus*, while *Odocoileus virginianus* presented the greatest genetic distance, placing it as a basal group. This phylogenetic analysis contributes to the understanding of patterns of evolution and genetic divergence within bovids, with relevant implications for taxonomy, conservation, and evolutionary biology studies.

Keywords: Cytochrome b, alignment, mitochondrial gene, MEGA, Bovidae, Cervidae

Artículo recibido 10 julio 2025

Aceptado para publicación: 16 agosto 2025



INTRODUCCIÓN

La familia Bovidae es una de las más representativas y diversas dentro del orden Artiodactyla, incluyendo más de 140 especies como vacas, búfalos, antílopes, ovejas, cabras y bisontes (Lladó, 2020; Vargas et al., 2017). Estos mamíferos presentan una amplia distribución geográfica en África, Asia, Europa y América, y han sido objeto de numerosas investigaciones desde disciplinas como la zoología, la ecología, la ganadería y, especialmente, la biología evolutiva (Hassanin, 2019; Merino, 2011).

En este contexto, el análisis filogenético se ha consolidado como una herramienta fundamental para reconstruir relaciones evolutivas entre organismos, permitiendo identificar linajes comunes, estimar divergencias temporales y comprender los patrones de especiación mediante el estudio de secuencias moleculares (Ramírez, 2020; Serrato et al., 2013; Velo, 2008). La familia Bovidae, por su notable diversidad taxonómica, su importancia ecológica y económica, y la disponibilidad de secuencias genéticas bien documentadas, representa un modelo ideal para estudios filogenéticos (Gillet et al., 2017; Igea, 2013). Además, la variación morfológica y genética entre sus subfamilias ofrece una oportunidad valiosa para analizar procesos evolutivos con alta resolución (Marcuzzi, 2025; Matthe, 2019; Ortiz, 2015).

Para contextualizar adecuadamente la evolución del grupo, es habitual incluir un grupo externo en los análisis filogenéticos (Cotrino, 2022; López, 2012). En este caso, se considera a la familia Cervidae también parte del orden Artiodactyla, como grupo externo (Alcaraz, 2010). Esta familia, que incluye especies como el venado de cola blanca (*Odocoileus virginianus*) y el ciervo rojo (*Cervus elaphus*), presenta características morfológicas y genéticas diferenciadas respecto a Bovidae, lo que permite evaluar con mayor precisión la distancia evolutiva entre ambas familias (Groves, 2017; Ropiquet & Hassanin, 2004).

El objetivo de este estudio es realizar un análisis filogenético entre las familias Bovidae y Cervidae a partir de datos moleculares (nucleótidos), y como objetivos específicos 1. Construir árboles filogenéticos utilizando las secuencias del gen citocromo b, aplicando los métodos Neighbor-Joining (NJ), Máxima Verosimilitud (ML) y Máxima Parsimonia, con el propósito de comparar los patrones de agrupamiento y relaciones evolutivas entre especies. 2. Incorporar especies de la familia Cervidae

como grupo externo para evaluar la distancia evolutiva entre ambas familias del orden Artiodactyla, y analizar la consistencia de los resultados obtenidos con cada uno de los métodos filogenéticos utilizados.

METODOLOGÍA

El área de estudio se enfocó en la comparación de las relaciones filogenéticas entre especies de la familia Bovidae y un grupo externo perteneciente a la familia Cervidae, utilizando secuencias del gen mitocondrial citocromo b, las cuales fueron obtenidas de la base de datos del National Center for Biotechnology Information (NCBI). El análisis se realizó mediante herramientas bioinformáticas utilizando computadoras equipadas con software especializado, particularmente el programa MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis), que permitió realizar los alineamientos de secuencias y la construcción de árboles filogenéticos. Adicionalmente, se consultó bibliografía científica relacionada con genética molecular y evolución de mamíferos del orden Artiodactyla para contextualizar los resultados.

En total, se analizaron 15 secuencias del gen citocromo b, correspondientes a especies representativas de la familia Bovidae: *Bos taurus*, *Bos indicus*, *Bos grunniens*, *Bos mutus*, *Bison bison*, *Bison bonasus*, *Capra hircus*, *Ovis aries*, *Ovis canadensis*, *Bos javanicus*, *Syncerus caffer*, *Bubalus arnee* y *Bubalus bubalis*; así como una especie de la familia Cervidae (*Odocoileus virginianus*), empleada como grupo externo.

Estas secuencias fueron alineadas en el software MEGA, asegurando la correcta identificación de regiones conservadas y variables.

Posteriormente, se construyeron árboles filogenéticos aplicando los métodos de Neighbor-Joining (NJ), Máxima Verosimilitud (ML) y Máxima Parsimonia (MP), con el fin de analizar las relaciones evolutivas entre las especies seleccionadas. Finalmente, se realizaron análisis estadísticos de soporte mediante el método de bootstrap, lo cual permitió evaluar la robustez y consistencia de las agrupaciones filogenéticas obtenidas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La tabla 1 muestra las secuencias del gen citocromo b de 15 especies, principalmente del orden Artiodactyla, obtenidas del NCBI, con longitudes que oscilan entre 1450 y 1483 nucleótidos. La



mayoría de las especies (73.3%) comparten una longitud de 1482 nt, lo que refleja una alta conservación de este gen mitocondrial esencial para la cadena respiratoria, *Bos grunniens* (yak doméstico) presenta la secuencia más corta (1450 nt), posiblemente por deleciones o diferencias en el segmento reportado, mientras que *Bos frontalis* (gayal) y *Odocoileus virginianus* (venado de cola blanca) presentan una longitud ligeramente mayor (1483 nt), lo cual podría deberse a inserciones propias de la especie. Esta mínima variación entre secuencias resalta la utilidad del gen citocromo b en los análisis filogenéticos, ya que permite construir árboles evolutivos, calcular distancias genéticas y realizar alineamientos para identificar tanto regiones conservadas como divergentes entre especies, tanto cercanas como de diferentes familias, como Bovidae y Cervidae.

Tabla 1 De las especies con los códigos del NCBI

Nº	Código del NCBI	Especies	Numero de nucleótidos
1	ID del gen: 3283889	<i>Bos taurus</i> (ganado)	1481 nt
2	ID del gen: 2885974	<i>Bos indicus</i> (ganado cebú)	1482 nt
3	ID del gen: 3119746	<i>Bos grunniens</i> (yak doméstico)	1450 nt
4	ID del gen: 22161778	<i>Bos mutus</i>	1482 nt
5	ID del gen: 7668461	<i>Bisonte bisonte</i> (bisonte americano)	1482 nt
6	ID del gen: 9072772	<i>Bisonte Bonasus</i> (Europeobisonte)	1482 nt
7	ID del gen: 1485868	<i>Capra hircus</i> (cabra)	1482 nt
8	ID del gen: 808260	<i>Ovis Aries</i> (oveja)	1482 nt
9	ID del gen: 11030007	<i>Ovis canadensis</i> (borrego cimarrón)	1482 nt
10	ID del gen: 7901819	<i>Jefe javanicus</i> (banteng)	1482 nt
11	ID del gen: 14841529	<i>Syncerus caffer</i> (Búfalo africano)	1482 nt
12	ID del gen: 67263522	<i>Búbalo Arnee</i> (búfalo de agua salvaje)	1482 nt
13	ID del gen: 34683189	<i>Bos frontalis</i> (gayal)	1483 nt
14	ID del gen: 56055863	<i>Bubalus bubalis</i> (búfalo de agua)	1482 nt
15	ID del gen: 10322924	<i>Odocoileus virginianus</i> (venado de cola blanca)	1483 nt

Una vez obtenidas las secuencias, se procedió a realizar el alineamiento de nucleótidos, en el cual cada columna representa una posición específica del ADN, y las letras A, T, C y G corresponden a las bases nitrogenadas adenina, timina, citosina y guanina, respectivamente. Para facilitar la identificación visual de patrones, estas bases suelen estar codificadas por colores: verde para A, rojo para T, azul para C y púrpura para G.

El propósito del alineamiento es comparar las secuencias de diferentes especies con el fin de analizar sus relaciones evolutivas. Cada columna representa una posición homóloga entre las especies, y la conservación de una misma base en esa posición sugiere una función biológica importante, indicando regiones evolutivamente conservadas. En cambio, las variaciones entre bases en una misma columna reflejan posibles sitios de mutación o evolución divergente, útiles para identificar diferencias genéticas, reconstruir árboles filogenéticos o delimitar linajes evolutivos.

En el análisis realizado, se identificaron múltiples columnas con patrones conservados, como aquellas dominadas por las bases A o T, así como zonas con alta variabilidad. Esta combinación sugiere la presencia de regiones altamente conservadas junto a otras más susceptibles a cambios. Específicamente, se observó que especies como *Bos taurus*, *Bos indicus* y *Bos grunniens* comparten secuencias muy similares en gran parte del alineamiento, lo cual es coherente con su pertenencia al mismo género y su cercanía filogenética.

Este tipo de análisis es fundamental en genética comparada, ya que permite identificar relaciones evolutivas, detectar posibles eventos de especiación y estudiar la conservación de genes entre especies.

Árbol filogenético de Neighbor-Joining.

En la figura 1 se presenta el árbol filogenético construido mediante el método Neighbor-Joining (NJ). Para este análisis se utilizaron secuencias del gen mitocondrial citocromo b de diversas especies pertenecientes al orden Artiodactyla, incluyendo representantes de las familias Bovidae y Cervidae. El resultado permitió evidenciar los agrupamientos filogenéticos y estimar los niveles de similitud genética entre las especies analizadas.

Las especies del género *Bos* (*Bos taurus*, *Bos indicus*, *Bos grunniens*, *Bos mutus* y *Bos javanicus*) formaron un clado bien definido, respaldado por un valor de bootstrap del 99 %, lo que indica una alta confiabilidad estadística en la agrupación y una elevada similitud entre las secuencias analizadas. Este



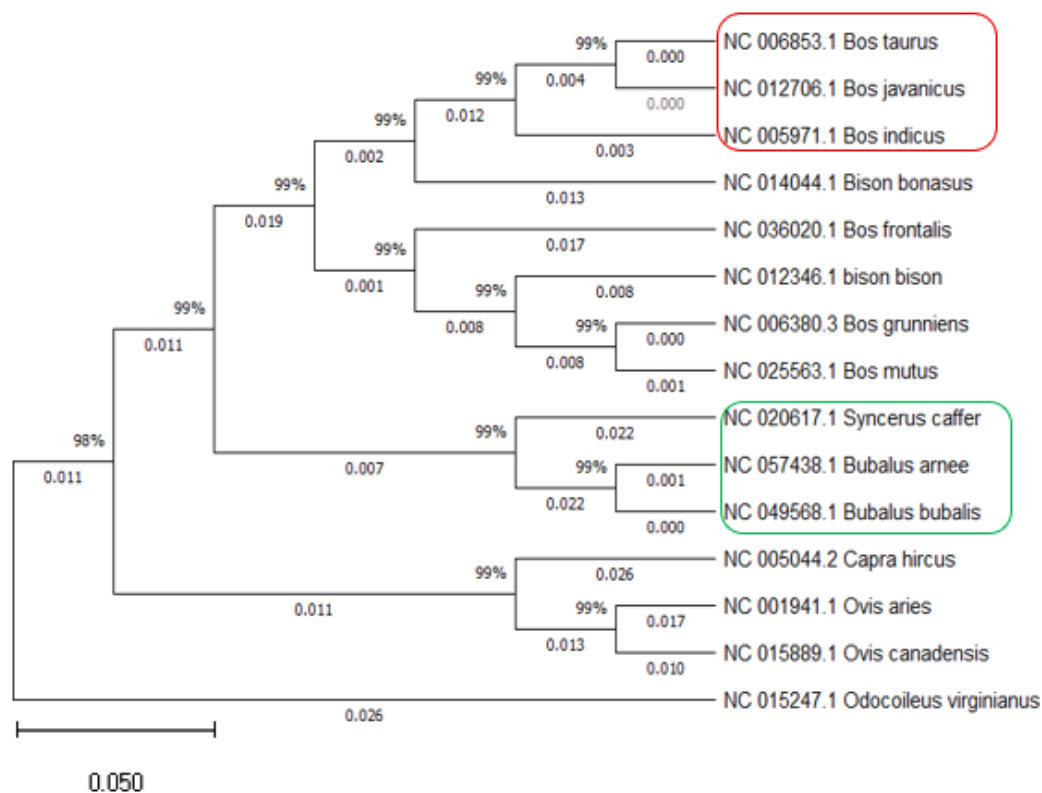
clado mostró una estrecha relación con las especies del género Bison (*Bison bison* y *Bison bonasus*), lo cual es coherente desde el punto de vista taxonómico, ya que ambos géneros comparten un ancestro común reciente dentro de la subfamilia Bovinae.

Los valores numéricos mostrados en las ramas del árbol representan distancias genéticas, es decir, la cantidad de cambios acumulados en las secuencias a lo largo del tiempo, mientras que los porcentajes de bootstrap indican el nivel de soporte estadístico para cada nodo del árbol. Valores iguales o superiores al 99 % evidencian un alto grado de confianza en las bifurcaciones representadas, lo cual refuerza la solidez de las relaciones filogenéticas inferidas.

En otra sección del árbol, se identificó un clado compuesto por *Syncerus caffer* (búfalo cafre), *Bubalus arnee* y *Bubalus bubalis* (búfalos de agua), que forman una sub rama bien definida dentro de Bovidae. Este agrupamiento también refleja coherencia filogenética, dado que estas especies comparten características morfológicas y ecológicas similares, y se clasifican dentro Bovini. Asimismo, *Capra hircus* (cabra doméstica) y *Ovis aries* (oveja doméstica) se agruparon estrechamente, lo cual es consistente con su cercanía evolutiva, ya que las dos pertenecen a la subfamilia Caprinae y presentan una historia filogenética compartida.

Finalmente, *Odocoileus virginianus* (venado cola blanca), representante de la familia Cervidae, se ubicó como grupo externo o basal en el árbol filogenético. Esta posición refleja su mayor distancia genética en relación con las especies de Bovidae, con un valor de divergencia de **0.026**, indicando una separación evolutiva más temprana. El árbol en su totalidad muestra un valor acumulado de cambios evolutivos de **0.050**, lo cual resume la magnitud de divergencia genética observada entre los taxones analizados.

Figura 1. Árbol de Neighbor Joining (NJ).



En la sección “MODELS”

La tabla 2 muestra los resultados del ajuste de 24 modelos distintos de sustitución de nucleótidos, evaluados mediante el método de máxima verosimilitud, son modelos fundamentales en biología evolutiva, permitiendo describir la probabilidad de sustitución de un nucleótido por otro lado el tiempo, lo cual es crucial para obtener la reconstrucción precisa de relaciones filogenéticas obteniendo una representación de un modelo específico, identificado por su denominación estándar.

Estos modelos evaluados difieren en el número de parámetros estimados, lo que refleja el grado de complejidad y las distintas suposiciones que realizan sobre el proceso de evolución molecular. Cabe señalar que, en esta evaluación, el modelo TN93+G no fue seleccionado entre los más ajustados según los criterios aplicados, a pesar de su uso frecuente en estudios comparativos. La selección del modelo óptimo permitió mejorar la precisión en la inferencia filogenética, al adaptar el análisis a las características evolutivas específicas del conjunto de datos.

Tabla 2. En la sección “MODELS”

Table. Maximum Likelihood fits of 24 different nucleotide substitution models

Model	Parameters	BIC	AICc	lnL	(+I)	(+G)	R	$\hat{\pi}(A)$	$\hat{\pi}(T)$	$\hat{\pi}(C)$	$\hat{\pi}(G)$	$\hat{\pi}(AT)$	$\hat{\pi}(AC)$	$\hat{\pi}(AG)$	$\hat{\pi}(TA)$	$\hat{\pi}(TC)$	$\hat{\pi}(TG)$	$\hat{\pi}(CA)$	$\hat{\pi}(CT)$	$\hat{\pi}(CG)$	$\hat{\pi}(GA)$	$\hat{\pi}(GT)$	$\hat{\pi}(GC)$
TN93+G	33	9542.968	9287.445	-4610.657	n/a	0.24	8.59	0.316	0.261	0.291	0.131	0.014	0.015	0.079	0.017	0.329	0.007	0.017	0.296	0.007	0.191	0.014	0.015
TN93+G+I	34	9544.465	9281.202	-4606.531	0.55	1.70	8.44	0.316	0.261	0.291	0.131	0.014	0.015	0.078	0.017	0.330	0.007	0.017	0.297	0.007	0.189	0.014	0.015
TN93+I	33	9548.777	9293.253	-4613.561	0.61	n/a	7.36	0.316	0.261	0.291	0.131	0.016	0.017	0.087	0.019	0.308	0.008	0.019	0.277	0.008	0.209	0.016	0.017
HKY+G	32	9549.901	9302.117	-4618.996	n/a	0.22	8.18	0.316	0.261	0.291	0.131	0.014	0.015	0.117	0.016	0.261	0.007	0.016	0.234	0.007	0.283	0.014	0.015
GTR+G	36	9550.080	9271.340	-4599.592	n/a	0.25	9.02	0.316	0.261	0.291	0.131	0.013	0.025	0.079	0.015	0.338	0.001	0.027	0.304	0.001	0.191	0.003	0.003
GTR+G+I	37	9551.234	9264.755	-4595.295	0.54	1.64	8.97	0.316	0.261	0.291	0.131	0.013	0.025	0.078	0.016	0.341	0.002	0.027	0.306	0.001	0.187	0.003	0.002
HKY+I	32	9551.509	9303.724	-4619.800	0.63	n/a	7.36	0.316	0.261	0.291	0.131	0.015	0.017	0.116	0.018	0.258	0.008	0.018	0.231	0.008	0.280	0.015	0.017
HKY+G+I	33	9552.319	9296.795	-4615.332	0.58	2.42	7.98	0.316	0.261	0.291	0.131	0.014	0.015	0.117	0.017	0.260	0.007	0.017	0.234	0.007	0.283	0.014	0.015
GTR+I	36	9555.813	9277.073	-4602.458	0.61	n/a	7.86	0.316	0.261	0.291	0.131	0.016	0.026	0.086	0.019	0.320	0.003	0.028	0.287	0.001	0.208	0.006	0.002
T92+G	30	9743.828	9511.523	-4725.707	n/a	0.28	6.70	0.289	0.289	0.211	0.211	0.018	0.013	0.184	0.018	0.184	0.013	0.018	0.252	0.013	0.252	0.018	0.013
T92+G+I	31	9750.555	9510.510	-4724.197	0.52	1.65	6.68	0.289	0.289	0.211	0.211	0.018	0.013	0.184	0.018	0.184	0.013	0.018	0.252	0.013	0.252	0.018	0.013
T92+I	30	9753.619	9521.315	-4730.603	0.61	n/a	6.29	0.289	0.289	0.211	0.211	0.019	0.014	0.183	0.019	0.183	0.014	0.019	0.250	0.014	0.250	0.019	0.014
K2+G	29	9772.662	9548.097	-4744.997	n/a	0.26	6.92	0.250	0.250	0.250	0.250	0.016	0.016	0.218	0.016	0.218	0.016	0.016	0.218	0.016	0.218	0.016	0.016
K2+G+I	30	9781.847	9549.542	-4744.717	0.52	1.37	6.90	0.250	0.250	0.250	0.250	0.016	0.016	0.218	0.016	0.218	0.016	0.016	0.218	0.016	0.218	0.016	0.016
K2+I	29	9786.017	9561.453	-4751.675	0.62	n/a	6.44	0.250	0.250	0.250	0.250	0.017	0.017	0.216	0.017	0.216	0.017	0.017	0.216	0.017	0.216	0.017	0.017
GTR	35	9994.836	9723.834	-4826.843	n/a	n/a	5.62	0.316	0.261	0.291	0.131	0.016	0.041	0.079	0.020	0.315	0.002	0.045	0.283	0.002	0.191	0.003	0.004
TN93	32	10014.224	9766.439	-4851.158	n/a	n/a	5.58	0.316	0.261	0.291	0.131	0.020	0.022	0.077	0.024	0.307	0.010	0.024	0.276	0.010	0.187	0.020	0.022
HKY	31	10042.588	9802.543	-4870.214	n/a	n/a	5.54	0.316	0.261	0.291	0.131	0.019	0.021	0.112	0.023	0.248	0.010	0.023	0.223	0.010	0.270	0.019	0.021
T92	29	10148.873	9924.309	-4933.103	n/a	n/a	5.47	0.289	0.289	0.211	0.211	0.022	0.016	0.179	0.022	0.179	0.016	0.022	0.245	0.016	0.245	0.022	0.016
K2	28	10202.778	9985.954	-4964.929	n/a	n/a	5.46	0.250	0.250	0.250	0.250	0.019	0.019	0.211	0.019	0.211	0.019	0.019	0.211	0.019	0.211	0.019	0.019
JC+I	28	10593.994	10377.169	-5160.537	0.61	n/a	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
JC+G	28	10595.368	10378.544	-5161.224	n/a	0.31	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
JC+G+I	29	10605.116	10380.551	-5161.224	0.00	0.31	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
JC	27	10960.968	10751.884	-5348.898	n/a	n/a	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083

Árbol filogenético por Máxima verosimilitud.

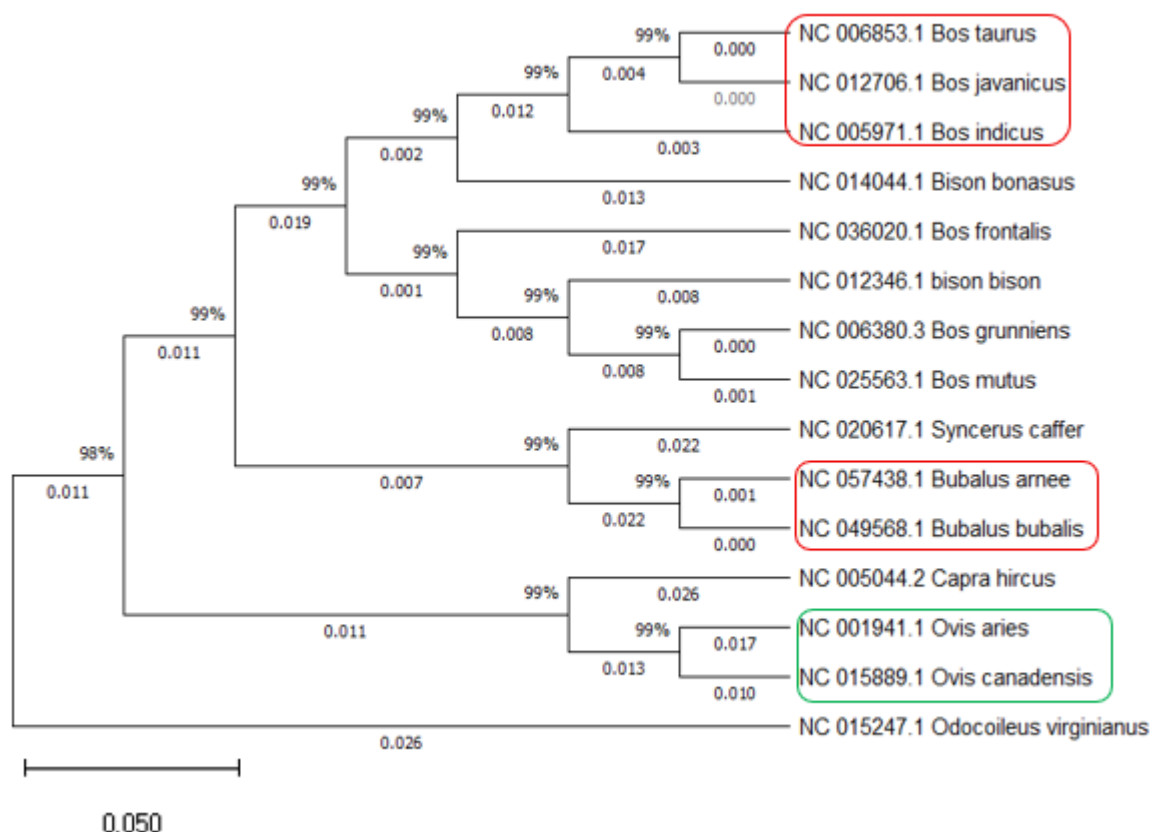
El árbol filogenético, construido mediante el método de Máxima Verosimilitud (Maximum Likelihood), se muestra en la Figura 2 y evidencia las relaciones evolutivas entre diversas especies de la familia Bovidae,, utilizando a *Odocoileus virginianus* (Cervidae) como grupo externo. Las longitudes de las ramas horizontales reflejan la magnitud de cambio evolutivo acumulado, mientras que los valores porcentuales en los nodos indican el soporte estadístico (bootstrap), el cual representa la confiabilidad de cada agrupación.

El análisis reveló agrupamientos bien definidos entre especies filogenéticamente cercanas, con altos valores de soporte. Por ejemplo, *Bos taurus* y *Bos indicus*; *Bubalus arnee* y *Bubalus bubalis*; así como *Ovis aries* y *Ovis canadensis*, mostraron relaciones estrechas con un 99 % de soporte bootstrap, lo cual indica una alta probabilidad de que compartan ancestros comunes recientes. Estas agrupaciones son coherentes con la taxonomía actual y refuerzan la robustez del modelo aplicado.

Por otro lado, especies como *Syncerus caffer*, *Capra hircus* y el grupo externo *Odocoileus virginianus* presentan mayores distancias genéticas, reflejadas en ramas más largas y valores de divergencia de

hasta 0.026, lo que sugiere una separación evolutiva más temprana. Cabe señalar que una mayor longitud de rama no implica un "avance evolutivo", sino simplemente una mayor acumulación de cambios en la secuencia genética. En conjunto, el árbol filogenético evidencia un total de cambios evolutivos acumulados de 0.050, proporcionando una visión clara de los patrones de divergencia dentro de Bovidae y su relación con el grupo externo considerado.

Figura 2. Árbol de Máxima verosimilitud (ML).

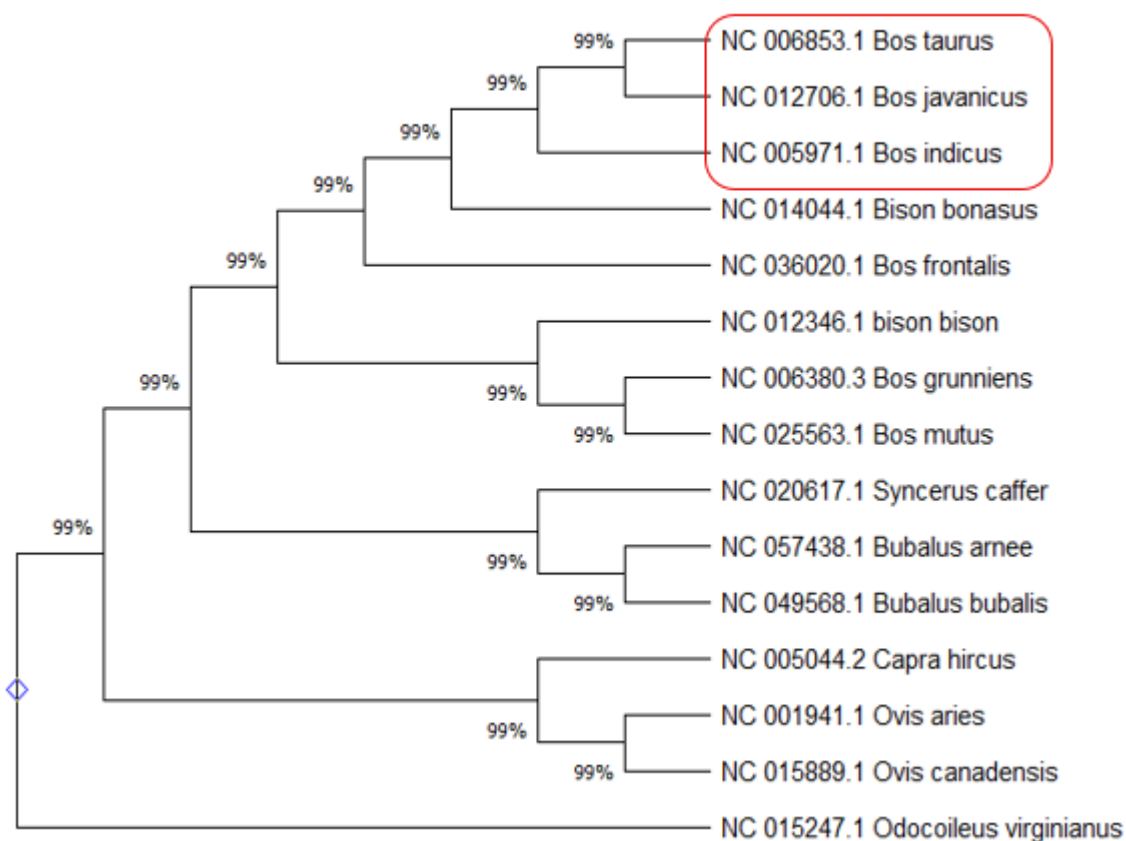


Árbol filogenético por Máxima Parsimonia.

El árbol filogenético construido mediante el método de Máxima Parsimonia (figura 3), revela relaciones evolutivas consistentes entre diversas especies de la familia Bovidae, con un alto soporte estadístico del 99 % en todos los nodos, lo que indica una elevada confiabilidad en las agrupaciones inferidas. Se observa una agrupación clara y robusta de especies del género *Bos* (*Bos taurus*, *Bos indicus* y *Bos javanicus*), así como la formación de clados bien definidos para los géneros *Bison* y *Bubalus*, reflejando su estrecha afinidad filogenética y coherencia con la clasificación taxonómica actual.

La posición externa de *Odocoileus virginianus*, representante de la familia Cervidae, destaca su clara divergencia con respecto a las especies bóvidas, actuando como un grupo basal en el árbol. Esta separación filogenética confirma su utilidad como grupo externo y refuerza la distinción evolutiva entre ambas familias dentro del orden Artiodactyla. En conjunto, el árbol de Máxima Parsimonia proporciona una representación clara y respaldada de la historia evolutiva de las especies analizadas, permitiendo visualizar con precisión las relaciones filogenéticas dentro de Bovidae y su divergencia respecto al grupo externo considerado.

Figura 3. Árbol de Máxima parsimonia (MP).



Los árboles filogenéticos construidos en este estudio mediante los métodos de *Neighbor-Joining* (NJ), *Máxima Verosimilitud* (ML) y *Máxima Parsimonia* (MP) mostraron una alta congruencia con investigaciones recientes enfocadas en la filogenia molecular de bóvidos y cérvidos. En todos los análisis, se observó una sólida agrupación de especies del género *Bos* (*Bos taurus*, *Bos indicus*, *Bos javanicus*), formando un clado bien definido respaldado por elevados valores de soporte bootstrap ($\geq 99\%$), lo que confirma una estrecha relación evolutiva entre estas especies.

Este hallazgo es consistente con los resultados reportados por Bibi (2021), quien, mediante un enfoque de “total evidence”, identificó un soporte robusto para la monofilia de la subfamilia Bovinae, incluyendo a los géneros *Bos* y *Bison* dentro de un clado fuertemente sustentado. En su estudio, la proximidad filogenética entre *Bos taurus* y *Bison bison* se atribuyó a un ancestro común reciente, concordando plenamente con los resultados, donde ambas especies aparecen estrechamente relacionadas en todos los métodos aplicados (Igea, 2013).

Asimismo, los géneros *Bubalus* (*Bubalus bubalis* y *Bubalus arnee*) y *Syncerus caffer* formaron un clado compacto y separado del grupo *Bos-Bison*, pero dentro de la familia *Bovidae*. Esta estructura filogenética coincide con lo descrito por Zhang et al. (2022), quienes, a partir del análisis de genomas mitocondriales completos, identificaron subestructuras filogenéticas claras dentro de la subfamilia Bovinae, diferenciando a los búfalos del grupo taurino tradicional.

El agrupamiento cercano de *Ovis aries* (oveja) y *Capra hircus* (cabra) también fue evidenciado en este estudio, replicando hallazgos previos como los de Hassanin et al. (2019), quienes destacaron la fuerte relación filogenética entre estos individuos de la subfamilia Caprinae, sugiriendo una evolución común a partir de un ancestro compartido durante el Mioceno temprano.

Por último, la ubicación de *Odocoileus virginianus* como grupo externo o basal en todos los árboles filogenéticos concuerda con estudios previos, dado que los cérvidos están filogenéticamente más distantes de los bóvidos. Estudios como el de Meredith et al. (2019), que utilizaron secuencias genómicas completas, también posicionan a los cérvidos como grupos externos respecto a los bóvidos, confirmando la separación temprana entre Cervidae y Bovidae en la historia evolutiva de los Artiodáctilos (Zvychainaya, 2011).

En cuanto a los valores de distancia genética observados (0.026 para *O. virginianus* y hasta 0.050 de cambio total), estos se encuentran dentro del rango reportado en estudios moleculares previos, reforzando la fiabilidad de los datos obtenidos. Una investigación realizada por Zhou et al. (2020), se reportan distancias similares entre especies de familias distintas dentro del orden Artiodactyla usando marcadores mitocondriales (Valenzuela, 2016).



CONCLUSIONES

- Los tres métodos filogenéticos utilizados Neighbor-Joining (NJ), Máxima Verosimilitud (ML) y Máxima Parsimonia (MP) mostraron una alta consistencia en la agrupación de especies, destacando la formación de clados claramente definidos para géneros como Bos, Bison, Bubalus y el grupo Ovis-Capra. Esta coherencia metodológica fortalece la solidez y confiabilidad de las inferencias evolutivas obtenidas, respaldando la idoneidad de los algoritmos empleados en el análisis molecular.
- Dicha congruencia se refleja en los árboles filogenéticos generados, que presentan relaciones evolutivas claras y concordantes con la clasificación taxonómica actual, todas sustentadas con elevados valores de soporte estadístico ($\geq 99\%$). Esto confirma la alta fidelidad del gen mitocondrial citocromo b como marcador molecular para estudios filogenéticos dentro de la familia Bovidae, además de resaltar la calidad y consistencia de las secuencias empleadas.
- Por último, los resultados obtenidos proporcionan información valiosa sobre la divergencia genética y la evolución de la familia Bovidae, constituyendo un marco sólido para futuras investigaciones en biología evolutiva. Asimismo, estos hallazgos poseen importantes implicaciones prácticas para la conservación, al facilitar un entendimiento más preciso de las conexiones y distancias genéticas entre especies, lo cual es fundamental para el diseño de estrategias destinadas a preservar la diversidad biológica a largo plazo.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alcaraz, M. (2010). *Sistemática y evolución de los cérvidos (Mammalia, Artiodactyla) del Pleistoceno de las áreas extraandinas de Argentina* [Tesis, Universidad Nacional de La Plata].
<https://doi.org/10.35537/10915/55174>
- Bibi, F. (2021). A Total-Evidence Phylogenetic Analysis of the Extant and Extinct Bovidae (Artiodactyla, Mammalia). *American Museum Novitates*, 3970, 1–102.
<https://doi.org/10.1206/3970.1>
- Cotrino, J. (2022). *La enseñanza de la evolución y su incidencia en la construcción de ciudadanía una revisión documental una perspectiva latinoamericana (Colombia)*.
<http://hdl.handle.net/11349/30372>



- Gillet, F., Cabria, M. T., Blanc, F., Fournier, C., Némoy, M., Sourp, E., Vial-Novella, C., Zardoya, R., Aulagnier, S., & Michaux, J. R. (2017). *Evidence of fine-scale genetic structure for the endangered Pyrenean desman (Galemys pyrenaicus) in the French Pyrenees*. 98. <https://dx.doi.org/10.1093/jmammal/gyx002>
- Groves, P. (2017). Phylogenetics of the Caprinae Based on Cytochrome b Sequence. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 5(3), 467–476. <https://doi.org/10.1006/mpev.1996.0043>
- Hassanin, A. (2019). The Tribal Radiation of the Family Bovidae (Artiodactyla) and the Evolution of the Mitochondrial Cytochrome b Gene. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 13(2), 227–243. <https://doi.org/10.1006/mpev.1999.0619>
- Hassanin, A., Ropiquet, A., Couloux, A., & Cruaud, C. (2021). Evolution of the mitochondrial genome in Caprini (Bovidae, Antilopinae) and the phylogenetic position of the Takin (*Budorcas taxicolor*). *BMC Genomics*, 20, 100. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5957-5>
- Igea, J. (2013). Desarrollo de nuevos marcadores genómicos y su aplicación a la filogenia y variabilidad genética de mamíferos. *Tesis Doctorals - Departament - Genètica*. <https://diposit.ub.edu/dspace/handle/2445/41953>
- Lladó, A. (2020). Animales salvajes en Mesopotamia: Los grandes mamíferos en el tercer milenio a. C. *Tesis Doctorals - Departament - Filologia Clàssica, Romànica i Semítica*. <https://diposit.ub.edu/dspace/handle/2445/149569>
- López, J. (2012). *Análisis evolutivos y ecológicos de rumiantes basados en datos filogenéticos*. <https://hdl.handle.net/20.500.14352/48378>
- Marcuzzi, O. (2025). *Caracterización genómica de razas bovinas criollas de Argentina y Bolivia* [Tesis, Universidad Nacional de La Plata]. <https://doi.org/10.35537/10915/180126>
- Mathe, C. (2019). Cytochrome b Phylogeny of the Family Bovidae: Resolution within the Alcelaphini, Antilopini, Neotragini, and Tragelaphini. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 12(1), 31–46. <https://doi.org/10.1006/mpev.1998.0573>
- Merino, M. (2011). XXIV Jornadas Argentinas de Mastozoología: Libro de resúmenes. La Plata, 8 al 11 de noviembre de 2011. *Revista del Museo de La Plata*, 1–171.



- Ortiz, H. (2015). *Variabilidad genética y relación filogeográfica de subespecies de venado Cola Blanca (Odocoileus virginianus) en la región Golfo de México*.
<http://colposdigital.colpos.mx:8080/xmlui/handle/10521/2889>
- Ramírez, T. (2020). La La filogenómica como herramienta fundamental en el estudio de la diversidad biológica. *Revista Latinoamericana de Herpetología*, 3(1), 33–48.
<https://doi.org/10.22201/fc.25942158e.2020.1.116>
- Ropiquet, A., & Hassanin, A. (2004). *Molecular phylogeny of caprines (Bovidae, Antilopinae): The question of their origin and diversification during the Miocene*.
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1439-0469.2004.00290.x>
- Serrato, A., Cornejo, A., & Amilpa, O. (2013). La biodiversidad y evolución en ambientes acuáticos analizadas con herramientas moleculares. *Hidrobiológica*, 23(3), 275–286.
- Valenzuela. (2016). Genética de poblaciones y evolución. *BAG. Journal of Basic and Applied Genetics*, 27, 133–161.
- Vargas, J., Zaragoza, L., Delgado, J., & Rodríguez, G. (2017). *Biodiversidad caprina iberoamericana*.
<http://dx.doi.org/10.16925/9789587600674>
- Velo, G. (2008). *Sistemática, evolución y conservación a través de marcadores moleculares: Especies modelo en herpetología* [Http://purl.org/dc/dcmitype/Text, Universidad de Vigo].
<https://dialnet.unirioja.es/servlet/tesis?codigo=221780>
- Zhang, Y., Liu, C., Li, H., Wang, Y., & Wang, W. (2022). Comparative mitogenomic analysis and evolutionary insights into the subfamily Bovinae (Bovidae, Cetartiodactyla). *Genome Biology and Evolution*, 14(6), evac084. <https://doi.org/10.1093/gbe/evac084>
- Zhou, Y., Sun, Y., Wang, H., Fan, G., Zhu, X., & Zhang, Y. (2020). Mitochondrial genome evolution in Artiodactyla and its implications for phylogeny and adaptation. *Scientific Reports*, 10, 14533. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-58480-w>
- Zvychainaya, E. Y. (2011). Behavior and phylogenetic relations among artiodactyla families (Artiodactyla, Mammalia). *Biology Bulletin Reviews*, 1(4), 345–357.
<https://doi.org/10.1134/S2079086411040062>

