

## CARACTERIZACIÓN GENÉTICA Y ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD INTRARACIAL DEL CABALLO LOSINO

MOLINA, A.<sup>1</sup>, VALERA, M.<sup>1</sup>, MARTÍNEZ-SÁIZ, J.<sup>2</sup>, VEGA, J.L.<sup>3</sup>, MARTÍNEZ, A.<sup>1</sup>, PEÑA, F.<sup>4</sup>, y RODRÍGUEZ-GALLARDO, P.P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> *Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba.*

<sup>2</sup> *Sociedad para el estudio y defensa de las razas autóctonas de Castilla y León*

<sup>3</sup> *Laboratorio de Grupos Sanguíneos de Córdoba. Cria Caballar Ministerio de Defensa*

<sup>4</sup> *Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba*

El caballo Losino es una de las razas autóctonas equinas españolas en mayor peligro de extinción. Su población actual es inferior a los 300 animales, contando con dos núcleos independientes localizados en el norte de la provincia de Burgos (Pancorbo y Quincoces).

Con el fin de contribuir al establecimiento de estrategias de recuperación de la raza, se inició en el año 2.000 un proyecto de investigación titulado "Programa de Recuperación y Mejora de la Raza Equina Losina" (Programa Nacional de Recursos y Tecnologías Agroalimentarias: Acción Estratégica "Conservación de Recursos Genéticos de Interés Agroalimentario") que incluía la caracterización morfológica y genética de la raza.

Hasta el inicio del año 2002 se ha realizado la valoración zoométrica de 75 animales adultos (40 de Pancorbo y 35 de Quincoces), y se ha caracterizado mediante el polimorfismo de 13 microsatélites del ADN a 90 animales. En la actualidad se están poniendo a punto otros 17 microsatélites más, con la finalidad de tener genotipados a los animales mediante unos 25-30 microsatélites, cifra recomendada por la FAO para el estudio de la variabilidad intrapoblacional en las razas en peligro de extinción.

Los resultados obtenidos hasta el momento muestran una buena variabilidad genética a pesar del bajo número efectivo y unas claras diferencias tanto a nivel morfológico (diferencias estadísticamente significativas en 17 de las 20 variables analizadas) como a nivel genético (ADN), encontrándose una mayor distancia de lo que podíamos esperar al tratarse de dos núcleos pertenecientes a la misma raza. La formación de ambas subpoblaciones, su dinámica poblacional, junto con el aislamiento diferencial y la selección realizada pueden explicar estos resultados, que tienen una gran importancia para el establecimiento de medidas para su recuperación.