

DIVERSIDAD DEL ADN MITOCONDRIAL EN LA RAZA BOVINA DE LIDIA

OSCAR CORTÉS, YLENIA MINGUEZ, SUSANA DUNNER, JAVIER CAÑÓN

Laboratorio de Genética Animal. Facultad de Veterinaria. 28040 Madrid

La cría y selección del toro de lidia se inicia a principios del XVIII a partir de seis castas fundacionales que constituyen los ancestros de los encastes actuales. Como consecuencia del aislamiento reproductivo entre estos encastes es esperable que la variabilidad genética de esta raza sea atribuible a diferencias entre encastes. De un total de 37 ganaderías pertenecientes a 16 encastes, se seleccionaron 15 individuos de cada encaste, representando todas las ganaderías. De la zona central del d-loop en el ADN mitocondrial, descrita como la región de mayor poliformismo, realizamos la secuenciación de dos fragmentos solapantes con una longitud total de 521 bases. La tasa de sustitución nucleotídica de las secuencias analizadas hasta el momento es del 10%, variando la frecuencia de los polimorfismos entre un 1 y un 35%. El número de transiciones es mayor al de transversiones identificadas y no se han detectado inserciones ni deleciones. Entre los diferentes haplotipos identificados hasta el momento, aparece en un porcentaje relativamente alto de los individuos el haplotipo de origen africano.