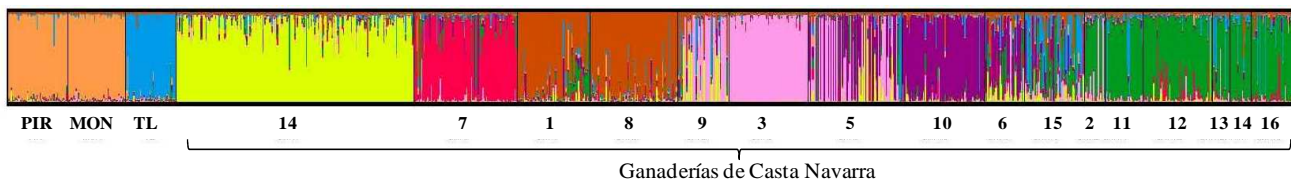








Pirenaica y Monchina. [*Neighbor-Joining tree based on Reynolds genetic distances showing the phylogenetic relationships of the Casta Navarra farms and Pirenaica, Monchina and Toro de Lidia breeds*]



**Figura 2.** Representación gráfica de la estructura genética de las poblaciones Pirenaica (PIR), Monchina (MON), Toro de Lidia (TL) y las 16 ganaderías de Casta Navarra [*Graphical representation of the genetic structure of Pirenaica (PIR), Monchina (MON), Toro de Lidia (TL) and the 16 Casta Navarra herds*]

### Conclusiones

El estudio de la estructura genética de Casta Navarra ha mostrado que la población está subdividida de acuerdo al origen histórico de las actuales ganaderías. A pesar de esta subdivisión las ganaderías mantienen bajos índices de consanguinidad y están diferenciadas de la población de Lidia usada como control.

### Bibliografía

- Canon J., Tupac-Yupanqui I., Garcia-Atance M.A., Cortes O., Garcia D., Fernandez J. & Dunner S. (2008) Genetic variation within the Lidia bovine breed. *Anim Genet* 39, 439-45.
- Falush D., Stephens M. & Pritchard J.K. (2003) Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164, 1567-87.
- Falush D., Stephens M. & Pritchard J.K. (2007) Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Mol Ecol Notes* 7, 574-8.
- Goudet J. (2001) FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). Available from <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>.
- Langella O. (1999) *Populations*, 1.2.28. .
- Martin-Burriel I., Rodellar C., Lenstra J.A., Sanz A., Cons C., Osta R., Reta M., De Arguello S. & Zaragoza P. (2007) Genetic diversity and relationships of endangered Spanish cattle breeds. *J Hered* 98, 687-91.
- Page R.D. (1996) TreeView: an application to display phylogenetic trees on personal computers. *Comput Appl Biosci* 12, 357-8.
- Pritchard J.K., Stephens M. & Donnelly P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-59.
- Raymond M. & Rousset F. (1995) GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. . *J. Heredity* 86, 248-9.
- Reynolds J., Weir B.S. & Cockerham C.C. (1983) Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics* 105, 767-79.
- Rodríguez Montesinos A. (2002) *Prototipos raciales del vacuno de lidia*. Ministerio de Agricultura., Madrid