

SESIÓN 1: GENÉTICA Y BIOTECNOLOGÍA EN RAZAS LOCALES

A1-32 CARACTERIZACIÓN GENÓMICA DE UNA POBLACIÓN DE OVINOS CRIOLLOS DE URUGUAY

GENOMIC CHARACTERIZATION OF A CREOLE SHEEP POPULATION FROM URUGUAY

Carracelas B^{1*}, Peraza P¹, Vera B¹, Ciappesoni G¹

¹Sistema Ganadero Extensivo, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Las Brujas (Uruguay)

Palabras clave: criollo uruguayo, SNPs, PCA, Fst, Reynolds

El ovino criollo del Uruguay es un recurso zoogenético localmente adaptado, registrado en el Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos donde actualmente está catalogado en situación de riesgo (www.fao.org/dad-is). La raza, se originó en el siglo XVIII a partir de la llegada de ovinos procedentes de Buenos Aires, que descendían de los ovinos españoles introducidos durante la colonización. Posteriormente, se produjeron cruzamientos entre estas majadas criollas con diferentes razas laneras y carniceras (Fernández, 2000). Desde el año 2020, el Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA) localizado en Las Brujas, departamento de Canelones, cuenta con una población de ovinos criollos (CLB) compuesta por 139 animales. El objetivo de este trabajo fue realizar una caracterización genómica de estos ovinos criollos pertenecientes al INIA Las Brujas (CLB, n=139) en contraposición a otra población de la raza Criolla proveniente del Parque Nacional San Miguel del Ejército Uruguayo (CSM, n=170), a una población de ovinos criollos de productores comerciales (COM, n=16), y una población de la raza Corriedale (COR, n=252) dado que es la raza comercial de mayor presencia en el Uruguay. El análisis incluyó un total de 577 individuos y 29.813 SNPs autosómicos compartidos entre 2 plataformas diferentes (Illumina 606K y Affymetrix 54K) donde se evaluó la estructura poblacional por medio de la técnica de análisis de componentes principales (PCA) y se estimaron las distancias genéticas entre poblaciones calculando el índice de diferenciación genética (Fst) y las distancias de Reynolds. El PCA logró separar las poblaciones en función de la información genómica. El primer componente explicó el 27,48% de la varianza total, evidenciando un distanciamiento entre CLB tanto de la COR como de CSM, pero no se diferenció de la población COM. El segundo componente, que explicó el 24,68% de la varianza, separa la población de CLB de las otras tres. El análisis de las distancias genéticas muestra una diferenciación de moderada a alta entre CLB con el resto, con valores entre 0,134 y 0,180 y valores entre 0,135 y 0,187 para los índices Fst y Reynolds respectivamente. También pudo observarse que genéticamente la población de CLB es más cercana a COR y COM (diferenciación moderada), y más alejada de CSM (diferenciación alta). Estos resultados preliminares muestran una estrecha relación genética entre CLB, COM y COR, y esto se explica debido a que históricamente estas razas se han manejado de manera conjunta dentro de los establecimientos y que la Corriedale se introdujo por absorción de la Criolla. La alta diferenciación de estas tres poblaciones con CSM se explica debido a que esta última es una población endogámica, limitando su variabilidad genética desde mucho tiempo atrás. Este trabajo fue parcialmente financiado por FAO y el proyecto SMARTER (Horizon 2020, N°772787).

