

XIV CONGRESSO IBÉRICO sobre RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS

VILA REAL

ESCOLA DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
UNIVERSIDADE DE TRÁS-OS-MONTE E ALTO DOURO

12 a 14 de Setembro



2024

LIVRO DE RESUMOS

ISBN: 978-989-336718



Sociedade Portuguesa
de Recursos Genéticos
Animais
sprega.pt@gmail.com
www.sprega.com.pt

SERGA utad





ESTUDIO POBLACIONAL DE RAZAS OVINAS ESPAÑOLAS

Martínez A.¹, Ginja C.², Canales A., Adán S., Amills M., Bermejo L.⁶, Calvo J.H.⁷, Cañón J.⁸, Cortés O.⁸, Delgado J.V.¹, Dunner S.⁸, Gascón E.⁹, Jordana J.¹⁰, Macri M.³, Martín-Burriel I.⁹, Puntas J. A.¹¹, Sevane N.⁸, Sousa C.², Gama L.T.¹², Zaragoza P.⁹, Pons Á.¹³

¹Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Córdoba, España.

²BIOPOLIS/CIBIO/InBIO, Universidade do Porto, Vairão, Portugal

³Animal Breeding Consulting SL. Universidad de Córdoba, Córdoba, España.

⁴Federación de Razas Autóctonas de Galicia (BOAGA), España

⁵Centre for Research in Agricultural Genomics, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, España

⁶Universidad de La Laguna. España.

⁷ARAIID - Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA)-IA2

⁸Departamento de Producción Animal, Universidad Complutense de Madrid, España.

⁹Laboratorio de Genética Bioquímica, Universidad de Zaragoza, España.

¹⁰Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, España

¹¹Asociación Nacional de Criadores de Ovino Segureño. Huéscar. España

¹²CIISA, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal.

¹³IRFAP, Illes Balears, España.

Palabras clave: ovino, microsatélites, estructura genética, distancia genética, biodiversidad.

El proyecto Biovis se desarrolla en el seno de la red CONBIAND y de la red REZGEN-IBA financiada por el Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED). Los objetivos de este proyecto son conocer la diversidad genética de las razas ovinas Iberoamericanas, su estructura poblacional y las relaciones genéticas entre ellas. En este estudio se han analizado 34 microsatélites recomendados por la FAO en 1402 muestras de sangre o pelo de 32 razas de ovejas españolas distribuidas por toda la península, las islas Baleares y las Canarias. El ADN de las muestras se ha obtenido mediante la utilización de resina Chelex. Se han calculado los parámetros de diversidad genética de cada población con el programa Genetix, se han establecido las relaciones filogenéticas mediante el cálculo de las distancias genéticas de Reynolds entre pares de poblaciones con el software Populations y la estructura genética mediante el programa Structure. Los resultados muestran que en todas las razas la heterocigosidad esperada es superior a 0,500, oscilando entre 0,565 en la Churra Lebrijana y un máximo de 0,734 en la oveja Castellana. El valor más alto de la heterocigosidad observada se ha encontrado en la Rasa Aragonesa (0,725). El número medio de alelos varía entre 4,29 y 9,21 en Churra Lebrijana y Rasa Aragonesa respectivamente. Los valores de F_{IS} encontrados han mostrado que 9 de las 32 razas presentan un exceso significativo de homocigotos. En el árbol de distancias NJ se han obtenido varios agrupamientos bien diferenciados, siendo uno de ellos el de las ovejas de Canarias. Destacan las razas Churra Lebrijana y Palmera por su elevada distancia genética respecto al resto de las razas, probablemente debido al efecto de la deriva genética. Los resultados de la estructura genética de las razas de España incluidas en el estudio muestran que las razas filogenéticamente más distantes en el árbol de distancias son las que se agrupan en un mismo clúster cuando $K=2$ y que la raza Churra Lebrijana, se diferencia del resto en $K=3$. El K óptimo obtenido mediante el método de Evanno es $K=25$. Las razas ovinas españolas tienen niveles elevados de diversidad genética, se diferencian bien unas de otras, aunque en algunas de ellas se observa un alto grado de heterogeneidad genética de los individuos que la componen.

