

Caracterización genética de los equinos nativos de los humedales del Ñeembucú y su área de influencia.

Núñez, Lorena^{1,2y3}; Castro, Liz²; Ramírez, Lino³; Martínez, Roberto^{1,2y3}

lorenanu89@gmail.com; rzgpy.invest@gmail.com

¹Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas, DGICT, UNA

²Facultad de Ciencias Veterinarias, UNA

³Grupo de investigación Recursos Zoogenéticos del Paraguay

Programa de Becas de corta duración para formación no conducente a títulos para instituciones de educación superior y centros de investigación nacional, Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT)

RESUMEN

Los marcadores genéticos equinos, proporcionan un medio apropiado para la identificación y control de filiación de los individuos. También son útiles para el estudio de la diversidad genética intra-racial y del establecimiento de relaciones genéticas entre razas. Para conocer cuáles son las expectativas de futuro de muchas razas, es necesario conocer profundamente cual es su situación actual, siendo éste un trabajo que engloba numerosas materias, y entre ellas una muy importante, que es su *estado genético*.

INTRODUCCION

El objetivo de este estudio fue identificar y caracterizar genotipos equinos nativos existentes en la zona de los humedales del Ñeembucú y su área de influencia. En Paraguay existen ecosistemas con características edafo-climáticas particulares, como los humedales y semiáridos, que sumados representan más del 50 % del territorio nacional. Los humedales del Ñeembucú y áreas de influencia son habitados por equinos nativos exóticos y locales (criollos). Este último, en situación de riesgo de extinción pero que pueden constituirse en patrimonio zoogenético importante del Paraguay

MATERIALES Y METODOS

Se analizaron 26 marcadores microsatelites recomendados por la International Society of Animal Genetic (ISAG): VHL20, HTG4, AHT4, HMS7, ASB2, ASB17, AHT5, HMS6, ASB23, HTG10, HMS3, LEX33, TKY344, TKY343, TKY321, TKY287, TKY312, TKY301, TKY297, TKY333, TKY341, TKY325, TKY294

Software utilizado: Population, Genetix, Treeview, Structure v 2.2.

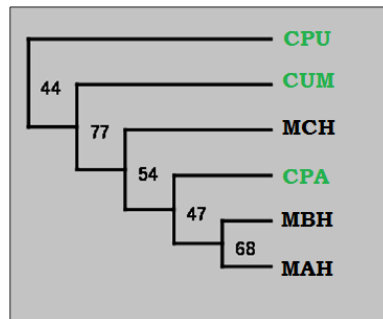


Figura 2. Dendrograma obtenido por el método de agrupamiento UPGMA a partir de la matriz de distancias genéticas DA.



RESULTADOS

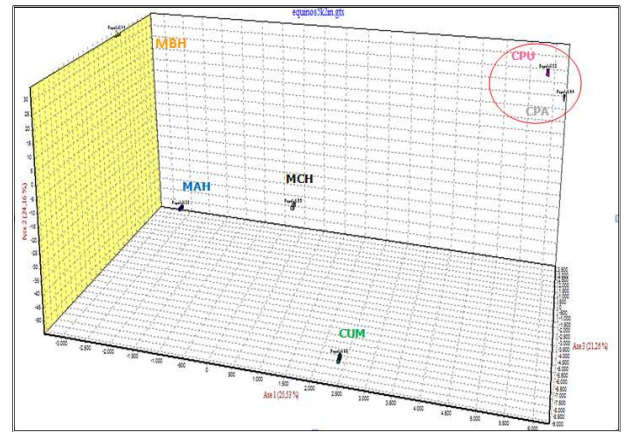


Figura 1: Análisis Factorial de Correspondencia de 6 poblaciones equinas estudiadas. Imagen en tres dimensiones (3D). MBH, Mestizo Bajo Humedal; MAH, Mestizo Alto Humedal; MCH, Mestizo Chaco; CPA, Criollo Puro Argentino; CPU, Criollo Puro Uruguayo; CUM, Cuarto de Milla.

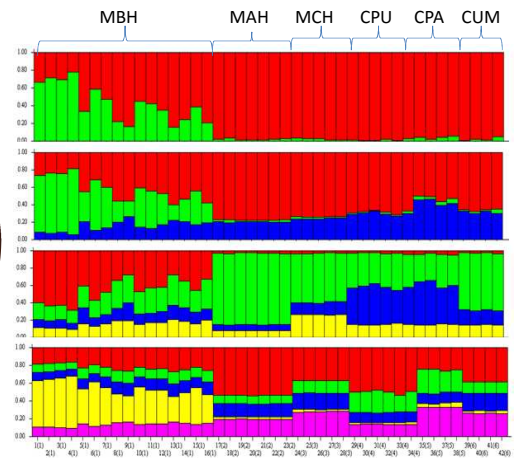


Figura 3. Proporción de individuos asignados a cada población estudiada mediante el programa STRUCTURE.

CONCLUSIONES

La población Mestizo Bajo Humedal mostro gran variabilidad en su estructura, tornándose un patrimonio genético valioso que debe ser salvaguardado para su utilización en futuros programas de conservación y recuperación.

REFERENCIAS

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido realizado gracias a la cooperación del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), la ITAIPU Binacional y la RED CONBIAND Paraguay.