



MEMORIAS

Resúmenes del Simposio sobre Conservación y
Utilización de Recursos Zoogenéticos

DIVERSIDAD Y RELACIONES GENÉTICAS ENTRE POBLACIONES ASNALES IBEROAMERICANAS

^{1*}Jordana J., ¹Ferrando A., ¹Casas M., ²Loarca A., ³Martínez López O.R., ⁴Canelón J.L., ⁵Stemmer A., ⁶Aguirre L., ⁷Lara M.A.C., ⁸Álvarez L.A., ⁹Llambí S., ¹⁰Gómez N., ¹¹Gama L.T., ¹²Martínez R.D., ¹³Pérez E., ¹⁴Guastella A.M., ¹⁴Marletta D., ¹⁵Landi V., ¹⁵Martínez A. y ¹⁵Delgado, J.V.

¹*Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra, Barcelona, Spain Jordi.Jordana@uab.cat*

²*Ministerio de Agricultura, Ganadería y Alimentación. Quetzaltenango, Guatemala.* ³*Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológica. Dirección General de Investigación Científica y Tecnológica. Universidad Nacional de Asunción. Paraguay.* ⁴*Departamento de Producción e Industria Animal. Decanato de Ciencias Veterinarias. Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado Barquisimeto. Venezuela.* ⁵*Facultad de Ciencias Agrícolas, Pecuarias, Forestales y Veterinaria. Universidad Mayor de San Simón. Cochabamba, Bolivia.* ⁶*Centro Biotecnología Reproductiva Animal. Universidad Nacional de Loja. Ecuador.* ⁷*Instituto de Zootecnia. 13.460-000 Nova Odessa-SP, Brasil.* ⁸*Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira, Cra. 32 No 12-00, Palmira, Valle del Cauca, Colombia.* ⁹*Instituto de Producción Animal, Área Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de la República (UdelaR). CP11600 Montevideo, Uruguay.* ¹⁰*Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac. Abancay, Perú.* ¹¹*Departamento de Genética e Melhoramento Animal, Instituto Nacional dos Recursos Biológicos, Fonte Boa, 2005-048 Vale de Santarém, Portugal.* ¹²*Genética Animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Ruta 4 - Km. 2. 1836-Llavallol, Argentina.* ¹³*Departamento de Salud y Explotación Animal. Universidad de Granma. 85100-Bayamo, Cuba.* ¹⁴*DISPA, Sezione di Scienze delle Produzioni Animalí, Università degli studi di Catania, Via Valdisavoia 5, 95123-Catania, Italy.* ¹⁵*Departamento de Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba. 14071-Córdoba, Spain.*

Resumen

En el presente trabajo se muestran los resultados de la caracterización genética para un total de 22 poblaciones asnales correspondientes a 14 países de Europa (3) e Iberoamérica (11) asociados a la Red CONBIAND, dentro de un proyecto de colaboración promovido por la misma Red. Al no estar estructuradas por razas, las poblaciones americanas se han definido como poblaciones únicas de país, y han sido comparadas con razas asnales europeas originarias de España (6), Italia (3) y Portugal (2), con el fin de establecer las relaciones genéticas existentes entre ellas y poder clarificar el proceso de formación de las distintas poblaciones. Para ello, se ha utilizado un panel de 13 marcadores de ADN de tipo microsatélite, comunes a todas las poblaciones. Los resultados muestran que la gran mayoría de las poblaciones americanas analizadas no se agrupan con las razas europeas, sino que se diferencian genéticamente de éstas. Por otro lado, dentro de la propia metapoblación americana, se distinguen dos grandes grupos: uno que englobaría las zonas de influencia más atlántica, y otro que agruparía las poblaciones del sur y la zona andina de Sudamérica. Los resultados sugieren que el aislamiento geográfico y el casi nulo intercambio de reproductores entre continentes, conjuntamente con los efectos manifiestos de la deriva genética, habrían promovido la diferenciación existente entre las poblaciones, creando asimismo grupos singulares y claramente diferenciados entre sí.

Palabras claves: microsatélites, subestructura poblacional.