

Diversidad genética y estructura poblacional en ovinos de pelo de la Región Caribe colombiana

Genetic diversity and population structure in hair sheep from the Colombian Caribbean Region

Jhon Jacobo Cañas-Alvarez^{1*}, Erly Luisana Carrascal-Triana², Natalia Herrera Perez², Clara Viviana Rua Bustamante¹, William Burgos-Paz³

RESUMEN

Las poblaciones ovinas de la Región Caribe colombiana se caracterizan por tener una alta heterogeneidad fenotípica debido principalmente al uso de animales criollos en cruzamiento con razas exóticas. El presente estudio tuvo como objetivo estimar la diversidad genética y la estructura poblacional de ovinos de esta región. Se seleccionaron 459 animales ovinos de 26 granjas de 19 municipios. Las muestras de ADN fueron genotipadas con el chip ovino de baja densidad (15K). Se realizaron análisis de varianza molecular, diversidad genética y estructura poblacional. A nivel fenotípico, se asignó el 65.8% de los animales muestreados a la población Criollo mientras que 15.7% presentaron señales de introgresión con otras razas comerciales (mestizos). Las poblaciones presentaron un alto grado de diversidad genética dentro de los individuos (90.6%) y bajos niveles de variación genética entre poblaciones ($F_{ST} = 0.075$). Esta baja diferenciación, junto con los bajos niveles de variación genética entre poblaciones podría atribuirse a una falta de presión de selección y a la existencia de un flujo genético (mestizaje) entre las poblaciones.

Palabras clave: diversidad genética, estructura poblacional, mestizaje, ovinos

¹ Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – AGROSAVIA, Centro de Investigación Motilonia, Cesar, Colombia

² Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - AGROSAVIA. Centro de Investigación Turipaná, Córdoba, Colombia

³ Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - AGROSAVIA. Centro de Investigación Tibaitatá, Bogotá, Colombia

* E-mail: jcanas@agrosavia.co

Recibido: 23 de octubre de 2022

Aceptado para publicación: 10 de mayo de 2023

Publicado: 29 de junio de 2023

©Los autores. Este artículo es publicado por la Rev Inv Vet Perú de la Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Este es un artículo de acceso abierto, distribuido bajo los términos de la licencia Creative Commons Atribución 4.0 Internacional (CC BY 4.0) [<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.es>] que permite el uso, distribución y reproducción en cualquier medio, siempre que la obra original sea debidamente citada de su fuente original

ABSTRACT

The sheep populations of the Colombian Caribbean Region are characterized by having a high phenotypic heterogeneity mainly due to the use of Creole animals in crossbreeding with exotic breeds. The aim of this study was to estimate the genetic diversity and the population structure of sheep in this region. In total, 459 sheep from 26 farms in 19 municipalities were selected. The DNA samples were genotyped with the ovine low-density chip (15K). Analyses of molecular variance, genetic diversity and population structure were performed. At the phenotypic level, 65.8% of the sampled animals were assigned to the Criollo population, while 15.7% showed signs of introgression with other commercial breeds (mestizos). The populations presented a high degree of genetic diversity within individuals (90.6%) and low levels of genetic variation between populations ($F_{ST} = 0.075$). This low differentiation, together with the low levels of genetic variation between populations, could be attributed to a lack of selection pressure and the existence of gene flow (crossbreeding) between populations.

Key words: genetic diversity, population structure, crossbreeding, sheep

INTRODUCCIÓN

La cría de rumiantes menores crece constantemente a nivel mundial (FAO, 2017). Sin embargo, en Colombia esta actividad aún muestra un bajo desarrollo, debido entre otras razones al desconocimiento de los parámetros productivos de los ovinos por la limitada generación de registros de datos, la baja disponibilidad de unidades productivas tecnificadas (Parra *et al.*, 2014), o simplemente por la resistencia de los productores al cambio.

La población ovina en Colombia se concentra principalmente en la Región Caribe con 1 339 480 ovinos correspondientes al 74.2% del inventario nacional (ICA, 2022). El sistema de producción de ovinos en esta región es predominantemente extensivo, de gran aporte a la agricultura familiar y manejado generalmente por pequeños productores de bajo acceso tecnológico, por lo que se ha considerado tradicionalmente como una «economía de subsistencia» (Bustamante *et al.*, 2022). De hecho, Mestra-Vargas *et al.* (2019) identificaron que un ejercicio de manejo técnico y seguimiento de información permitiría alcanzar un sistema ovino eficiente y renta-

ble. No obstante, la variabilidad ambiental juega un papel preponderante en la Región Caribe y, por tanto, el seguimiento productivo favorecería el reconocimiento de las características genéticas de cada población o raza ovina para su sostenibilidad.

A nivel de campo se observa una alta heterogeneidad fenotípica y posiblemente presencia de altos niveles de consanguinidad en las poblaciones, debido al interés de los productores por mantener núcleos de animales foráneos con fenotipos raciales asociados a Dorper, Katahdin, Santa Inés, Sudán y Pelibuey, entre otros (Leymaster, 2002). Esto puede ser contraproducente puesto que, la presencia de fenotipos «aparentes», la alta heterogeneidad y consanguinidad pueden llevar a una disminución drástica de los parámetros productivos, disminución de la alzada, menores pesos y mayor susceptibilidad a parásitos y enfermedades (Wilson *et al.*, 2022).

La ausencia de una estructura de recolección de información, del manejo de registros de carácter productivo y reproductivo, además de la falta de caracterizaciones de tipo molecular y morfológico de la especie,

han llevado a la imposibilidad de estructurar algún tipo de estrategia de manejo genético que permita mejorar la eficiencia productiva de los ovinos y, con ello, generar alternativas económicas para proteger la seguridad alimentaria del país. Con esta problemática, el presente estudio tuvo como objetivo estimar la diversidad genética y la estructura poblacional en las poblaciones ovinas de pelo de la Región Caribe colombiana.

MATERIALES Y MÉTODOS

Animales y Muestreo

Mediante conversaciones con representantes de asociaciones de productores se identificaron municipios que permitieran generar una representación de la diversidad de las poblaciones ovinas de pelo dentro de la región geográfica del Caribe colombiano. Posteriormente, se realizaron visitas técnicas donde se evaluaron fenotípicamente los animales y se definieron a partir de sus rasgos y la comunicación con el criador, la raza o posible grupo poblacional al que pertenecían. No se contaba con un número determinado de grupos poblacionales o de animales dentro de grupo, dado que se buscó identificar la diversidad genética de los ovinos en los departamentos visitados. Finalmente, se seleccionaron 459 animales en 26 granjas distribuidas en 19 municipios ubicados en los departamentos de Córdoba, Sucre, Bolívar, Cesar, La Guajira y Magdalena. Se colectaron entre 10 y 30 muestras por aprisco y se consideró la relación de parentesco entre individuos a fin de reducir los sesgos por representación de marcadores idénticos por descendencia.

A cada individuo se recolectó una muestra de sangre en tubos con EDTA con anticoagulante que fueron remitidas al Laboratorio de Genética Molecular del Centro de Investigación Tibaitatá de AGROSAVIA para los análisis moleculares. Las 459 muestras de sangre recolectadas correspondieron a los

siguientes grupos poblacionales: Criollo (n=302, 65.8%), Mestizo (n=72, 15.7%), Pelibuey (n=34, 7.4%), Santa Inés (n=32, 7.0%), Dorper (n=12, 2.6%) y Katahdin (n=7, 1.5%)

Extracción y Cuantificación de ADN

Los procesos de extracción y cuantificación del ADN, al igual que el genotipado, se realizaron en el laboratorio de Genética Molecular del Centro de Investigación Tibaitatá de AGROSAVIA (Mosquera, Colombia).

La extracción de ADN se realizó a partir de 300 μ l de sangre utilizando el kit comercial UltraClean® Blood DNA Isolation Kit de Mo-BIO (Cat. 12000-100) acorde al procedimiento descrito por el fabricante. Las muestras de ADN fueron cuantificadas por el método de espectrofotometría con el equipo Nanodrop 2000 (Thermo Scientific). Las muestras de ADN con menor concentración a 100 ng/ μ l y calidad 1.8-2.0 en las relaciones de absorbancia 260/280 y 260/230, fueron concentradas en el equipo Speedvac (Vacufuge plus, Eppendorf) y diluidas a una concentración de 100 ng/ μ l, con agua grado molecular.

El genotipado se realizó con el chip Ovine LD 15K (Illumina. <https://www.illumina.com/>), obteniéndose los genotipos de 15 000 Polimorfismos de Nucleótido Simple (SNPs) distribuidos en el genoma. Los chips fueron escaneados en el equipo HiScan de Illumina a través del módulo IScan, y la lectura se realizó con el programa Hiseq Control v. 1.5.15.1. La calidad de la lectura fue evaluada en el programa Genome Studio v2011.1 (Illumina. <https://www.illumina.com/>).

Control de Calidad de la Información

Se incluyeron SNPs asignados a los cromosomas autosómicos a partir de información de posición de los marcadores en el

genoma ovino (https://www.ensembl.org/Ovis_aries/Info/Annotation). Se eliminaron marcadores monomórficos y aquellos que presentaron una misma ubicación genómica. De este modo, la base de datos empleada en el análisis de diversidad y estructura poblacional incluyó 10 929 SNP en 459 muestras.

Adicionalmente, se incluyeron 23 muestras de la raza Wiltshire (Kijas *et al.*, 2012) como grupo control (*outgroup*), para un total de 482 muestras de ovinos. Con la información agrupada se estimó: 1) Porcentaje de marcadores genotipados en más del 95% de las muestras; 2) Porcentaje de marcadores con una frecuencia de alelos menores (MAF) >0.05; 3) Heterocigosidad esperada; 4) Porcentaje de loci en el equilibrio de Hardy-Weinberg ($p > 0.01$) utilizando una prueba exacta de equilibrio de Hardy-Weinberg (Wigginton *et al.*, 2005). Finalmente, se descartó un animal del grupo poblacional de Criollo debido a bajo *call rate* y se eliminaron los SNPs que presentaron más de 5% de datos perdidos, dejándose para los análisis 10 908 SNP en 481 muestras. Todos los controles de calidad y depuración de datos se realizaron con el software PLINK v. 1.9 (Purcell *et al.*, 2007).

Varianza Molecular y Divergencia entre Poblaciones

Los niveles de variación genética dentro y entre poblaciones se estimaron mediante un análisis de varianza molecular (AMOVA; Excoffier *et al.*, 1992), con el software Arlequin v. 3.5 (Excoffier & Lischer, 2010). La significancia de los componentes de varianza se estimó mediante 1000 permutaciones no paramétricas.

Para evaluar la divergencia entre los grupos poblacionales se calcularon dos medidas de distancia utilizando las frecuencias alélicas de las poblaciones. En primer lugar, los índices de fijación de diferenciación

genética entre poblaciones (F_{ST}) se calcularon a través del software Arlequin v. 3.5 (Excoffier y Lischer, 2010), utilizando 20 000 permutaciones y con un nivel de significación de 0.05. A continuación, se estimaron las distancias genéticas D de Nei (Nei, 1972) entre todos los pares de grupos poblacionales y se construyó un dendrograma con el método de agrupamiento *neighbor joining* (NJ) (Saitou y Nei, 1987) con ayuda de los paquetes *seqboot*, *gendist* del software PHYLIP (Felsenstein, 2005). Para evaluar la consistencia en las relaciones de las poblaciones a través del dendrograma, se realizó un *bootstrap* de 1000 repeticiones. El dendrograma se trazó en un entorno R (R Development Core Team, 2018) con los paquetes *ape* (Paradis *et al.*, 2004) y *ggtree* v. 1.12.7 (Yu *et al.*, 2017).

Componentes Principales y Análisis de Ancestría

Para lograr un enfoque diferente con el fin de caracterizar la divergencia, se aplicó un análisis de componentes principales (ACP) a la matriz de relaciones construida a partir de la identidad por estado (IBS) entre todos los individuos. Todas las estimaciones y diagramas se realizaron a través de scripts de lenguaje *bash* y R (R Development Core Team, 2018) con el paquete *ggplot2* (Wickham, 2016).

Se realizó un análisis de ancestría con el software ADMIXTURE v. 1.3 (Alexander *et al.*, 2009) para identificar la conformación de grupos genéticos en todas las poblaciones. El programa implementa un método de máxima probabilidad para inferir la ascendencia genética de cada individuo a partir de una mezcla de K grupos ancestrales predefinidos. El número de agrupaciones (K) analizadas varió de 2 a 7. Un valor preferible de K exhibirá un bajo error de validación cruzada en comparación con otros valores de K .

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Diversidad Genética

La proporción de marcadores genotipados en más del 95% de las muestras fue superior al 99% en todos los grupos poblacionales, con excepción de Katahdin que fue de 97.95% (Cuadro 1). Esto sugiere la idoneidad del chip para genotipar las poblaciones estudiadas. La proporción de SNP con un MAF >0.05 osciló entre 92 y 98% (con excepción de los animales Wiltshire) lo que indica que la mayoría de los SNP se están segregando en todos los grupos poblacionales.

No se observaron desviaciones significativas del equilibrio de Hardy-Weinberg de los marcadores en las poblaciones evaluadas, pues el porcentaje de marcadores en el equilibrio de Hardy-Weinberg ($p > 0.01$) fue superior al 98%, a excepción de los animales criollos, los cuales presentaron un porcentaje del 96%.

La heterocigosidad esperada en todas las poblaciones fue 0.378, con estimaciones que van desde 0.303 en la raza Wiltshire (empleada como *outgroup*) hasta 0.431 en animales mestizos, lo que indica que existe una

gran diversidad dentro de los grupos poblacionales. En ovinos criollos de pelo colombiano (OPC), Ortiz *et al.* (2021) encontraron una heterocigosidad esperada de 0.374, inferior al valor de 0.416 para la población criolla en este estudio. Los valores más altos de heterocigosidad se determinaron en las poblaciones criollas y mestizas, pudiendo ser el resultado del limitado proceso de selección en estos grupos genéticos. Por tanto, la gestión de dicha variabilidad a través de apareamientos dirigidos puede contribuir a definir esquemas de contribución óptima, donde se conserve la variabilidad al mismo tiempo que se identificarían animales con mérito genético superior. No obstante, es necesario definir poblaciones de grupos genéticos relacionados para establecer aspectos ambientales que mejoren la respuesta productiva de los individuos.

Para conocer con más detalle el grado de polimorfismo observado en todas las poblaciones, se representó la proporción promedio de SNP para diferentes rangos de MAF. El porcentaje de loci monomórficos fue inferior al 10% en todos los grupos poblacionales, siendo Katahdin, Pelibuey y las mestizas las poblaciones con los valores más altos de alelos fijados (Figura 1).

Cuadro 1. Diversidad genética dentro de poblaciones ovinas de pelo en la Región Caribe colombiana

Grupo poblacional	Marcadores genotipados en más del 95% de las muestras (%)	Marcadores con un MAF ¹ >0.05 (%)	Marcadores en equilibrio de Hardy-Weinberg ($p > 0.01$) (%)	Heterocigosidad observada y desviación estándar (DE)	Heterocigosidad esperada y desviación estándar (DE)
Criolla	99.78	98.20	96.27	0.401 (0.102)	0.416 (0.102)
Dorper	99.53	92.10	99.77	0.371 (0.184)	0.382 (0.138)
Katahdin	97.95	94.49	100.0	0.398 (0.216)	0.365 (0.142)
Mestiza	99.69	98.92	98.96	0.431 (0.106)	0.433 (0.090)
Pelibuey	99.83	92.25	99.44	0.374 (0.162)	0.362 (0.143)
Santa Inés	99.65	96.83	99.13	0.412 (0.141)	0.401 (0.113)
Wiltshire	99.99	81.89	99.30	0.311 (0.190)	0.303 (0.167)

¹ MAF = Frecuencia de alelos menores (*Minor allele frequency*)

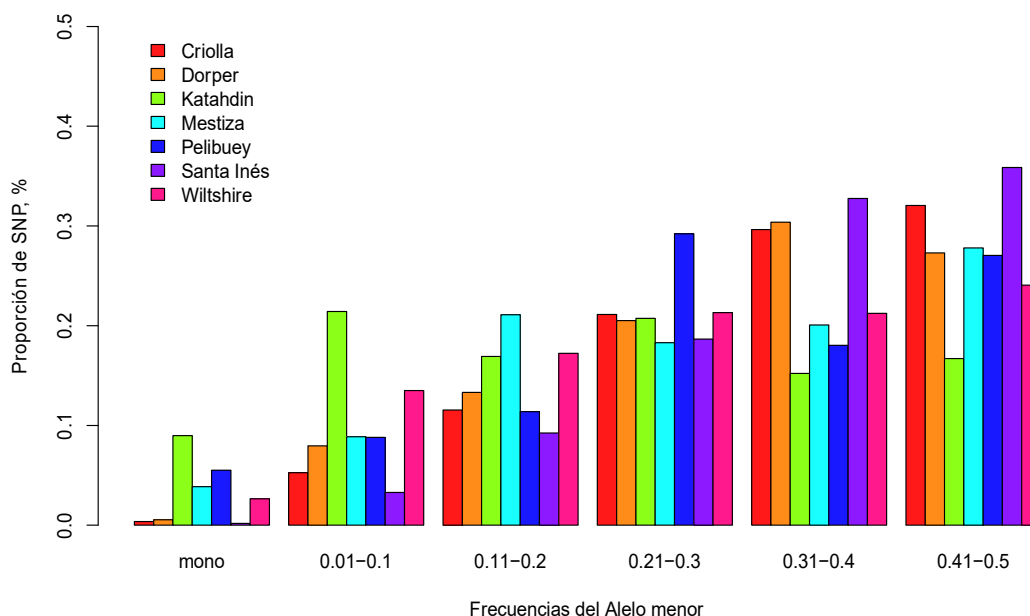


Figura 1. Proporciones promedio de Polimorfismos de Nucleótido Simple (SNP) dentro de diferentes rangos de MAF para los grupos poblacionales de la región Caribe Colombiana (la raza Wiltshire fue empleada como *outgroup*)

Varianza Molecular e Índices de Fijación

La parte más importante de la variación molecular (90.58%; $p < 0.001$) fue atribuible a la variación dentro de los individuos. La variación entre poblaciones representó el 7.45% ($p < 0.001$) y la variación entre individuos dentro de las poblaciones fue incluso menor (1.97%; $p < 0.05$) (Cuadro 2). Los resultados indican que estos grupos tienen bajos niveles de variación genética entre poblaciones, lo que podría ser explicado por el alto mestizaje entre poblaciones.

El AMOVA permitió estimar los índices de fijación F_{IT} , F_{IS} y F_{ST} en todos los loci (Cuadro 2). Se encontró una endogamia total (valor F_{IT}) de 0.094, una endogamia dentro de la población (valor F_{IS}) de 0.021 y una diferenciación genética entre razas (valor F_{ST}) de 0.075. El bajo valor de F_{IS} confirma que las frecuencias alélicas de las poblaciones se

encuentran en las proporciones esperadas de Hardy-Weinberg. El valor F_{ST} de 0.075 indicó la existencia de una estructura poblacional limitada entre los grupos poblacionales estudiados, según la calificación de Wright (1965). Esta baja diferenciación entre poblaciones podría atribuirse a una falta de presión de selección o la existencia de un flujo genético (mestizaje) entre estas.

De acuerdo con Meyermans *et al.* (2020), la evaluación de las relaciones entre las poblaciones permite identificar si los reproductores tienen la misma oportunidad de contribuir al acervo genético de la población. El resultado muestra que existe oportunidad para realizar gestión de la población, pero en especial, definir con mayor precisión la combinación de razas o grupos de individuos dentro de cada población para mantener la variabilidad. En un muestreo de 362 individuos de tres poblaciones criollas en Colombia 2017,

Cuadro 2. Análisis de varianza molecular (AMOVA) en seis grupos poblacionales de la región Caribe Colombiana¹

Fuente de variación	gl	Componentes de varianza	Porcentaje de variación	Índices de fijación
Entre poblaciones	6	174.827	7.45	$F_{ST} = 0.075^{***}$
Entre individuos dentro de poblaciones	474	46.100	1.97	$F_{IS} = 0.021^*$
Dentro de individuos	481	2124.299	90.58	$F_{IT} = 0.094^{***}$
Total	961	2345.226		

¹ La raza Wiltshire fue empleada como *outgroup*

* p value <0.05; ***p-value < 0.001

empleando marcadores microsatélites, se encontraron valores promedio de $F_{IS} = 0.107$ y $F_{ST} = 0.054$, presentando razas de ovejas con niveles moderados de consanguinidad y bajo grado de diferenciación genética entre las distintas razas (Ocampo *et al.*, 2017).

Los índices F_{IS} específicos en cada grupo poblacional mostraron valores cercanos a 0, que van desde -0.018 en Pelibuey a 0.036 en la población Criolla (Cuadro 3). Estos resultados coinciden con las diferencias encontradas entre la heterocigosidad observada y esperada en el Cuadro 1, e indican una mayor proporción de heterocigotos principalmen-

Cuadro 3. Estimaciones de los valores de F_{IS} (coeficiente de endogamia) para seis grupos poblacionales de ovinos de pelo en la Región Caribe colombiana (La raza Wiltshire fue empleada como *outgroup*) (1023 permutaciones)

Grupo poblacional	Valor de F_{IS}	Valor P
Criolla	0.0357	0.0000
Dorper	0.0123	0.4448
Katahdin	-0.0165	0.5699
Mestiza	0.0003	0.5044
Pelibuey	-0.0181	0.6862
Santa Inés	-0.0124	0.6266
Wiltshire	-0.0058	0.5337

te en las poblaciones Pelibuey y Katahdin, y mayor proporción de homocigotos en las poblaciones Criolla y Dorper.

El exceso de homocigotos en la población Criolla fue similar, aunque no tan altos, a los valores reportados por Ortiz *et al.* (2021) en el OPC de entre 0.075 y 0.089, lo que puede ser indicio de algún grado de consanguinidad en estas poblaciones.

Medidas de Distancia y Árbol Filogenético

Los estadísticos F_{ST} entre pares de poblaciones fueron empleados como una medida de la distancia genética entre los grupos poblacionales evaluados. Estos mostraron valores que variaron de 0.015 a 0.251 (Cuadro 4). Como era de esperarse, las estimaciones más bajas de F_{ST} se observaron entre animales mestizos y las demás poblaciones y las más altas se encontraron entre la raza empleada como *outgroup* y todas las demás. La distancia genética D de Nei (1972) mostró un patrón similar al obtenido con las estadísticas de F_{ST} con valores que van desde 0.011 a 0.069.

En el dendrograma, a partir de las distancias genéticas (Figura 2), se observa como el *outgroup* (raza Wiltshire) y la población de Katahdin fueron colocadas muy separa-

Cuadro 4. Estimaciones de las estadísticas de F_{ST} (por debajo de la diagonal) y las distancias genéticas D de Nei (por encima de la diagonal) entre pares de poblaciones (20022 permutaciones) de ovinos de pelo de la Región Caribe colombiana

Grupo poblacional	Criolla	Dorper	Katahdin	Mestiza	Pelibuey	Santa Inés	Wiltshire
Criolla		0.0455	0.0477	0.0110	0.0334	0.0290	0.0674
Dorper	0.0985		0.0559	0.0418	0.0546	0.0477	0.0657
Katahdin	0.0877	0.1374		0.0409	0.0518	0.0492	0.0620
Mestiza	0.0147	0.0712	0.0448		0.0366	0.0227	0.0694
Pelibuey	0.0627	0.1602	0.1214	0.0647		0.0457	0.0651
Santa Inés	0.0586	0.1103	0.1015	0.0342	0.1170		0.0660
Wiltshire ¹	0.1883	0.2488	0.2173	0.1700	0.2506	0.2142	

¹ Empleada como *outgroup*

das de los demás grupos. En un punto medio se ubicaron las poblaciones Dorper y Pelibuey, en tanto que los grupos poblacionales Santa Inés, Criolla y los mestizos se ubicaron con mucha cercanía indicando una estrecha relación entre ellas. Es importante resaltar que los porcentajes de *bootstrap* representados en los nodos internos de la Figura 2, mostraron valores del 100%. El dendrograma muestra como los animales mestizos y criollos comparten el mismo nodo, lo cual puede asociarse a que la mayoría de los cruzamientos emplean la población Criolla como base.

Análisis de Componentes Principales

El ACP para datos de SNPs (Figura 3) se ha utilizado ampliamente para resumir la estructura de la variación genética (Wang *et al.*, 2012) y puede guardar relación con la distribución geográfica de las muestras. Por esta razón, se realizó un ACP empleando la matriz de distancia construida a partir de la matriz de relaciones conocida como Idénticos por Estado (IBS, por sus siglas en inglés). Este análisis permitió representar a cada animal en particular sobre la base de las coordenadas del ACP.

El primer y segundo eje de ACP representaron el 40.7 y 5.1% de la varianza total, respectivamente. En general, las agrupaciones de APC sugirieron un patrón de clasificación similar al observado en el árbol N-J. Sin embargo, se deben resaltar varias características de los resultados. Primero, los animales Wiltshire se distanciaron en una alta proporción de los demás grupos raciales, lo que confirma los valores altos de F_{ST} y las distancias D de Nei. En segundo lugar, los animales mestizos presentan alto grado de mezcla con individuos de las poblaciones Criollas y Santa Inés, indicando cercanía genética. Tercero, hay una clara dispersión de los animales del grupo poblacional Pelibuey, coincidiendo justamente con la alta proporción de heterocigotos reflejado en el valor más bajo de F_{IS} de todas las poblaciones (Cuadro 3).

Estructura Genética y Niveles de Mezclaje

El análisis de conglomerados permitió caracterizar la divergencia entre los grupos poblacionales, método de máxima probabilidad que infiere la ascendencia genética de cada individuo a partir de grupos ancestrales predefinidos.

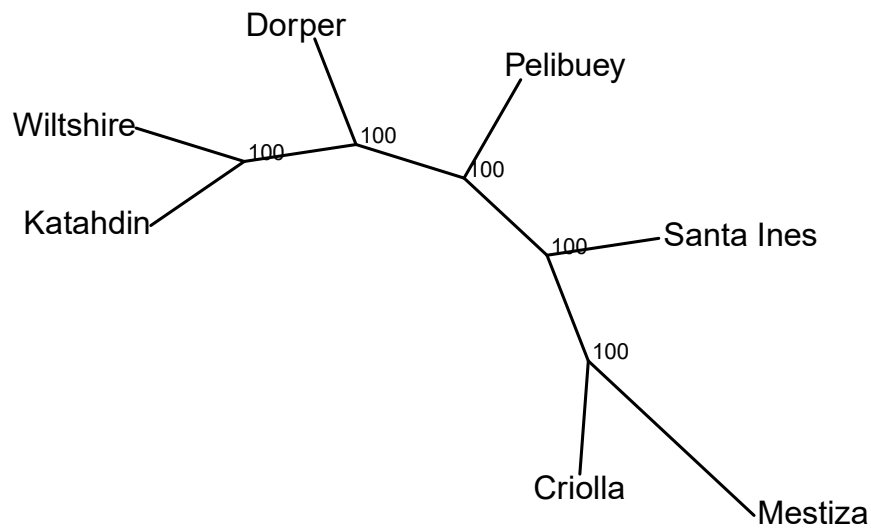


Figura 2. Representación de Neighbor-joining de las distancias genéticas de Nei D entre pares de poblaciones ovinas de la Región Caribe colombiana (La raza Wiltshire fue empleada como *outgroup*)

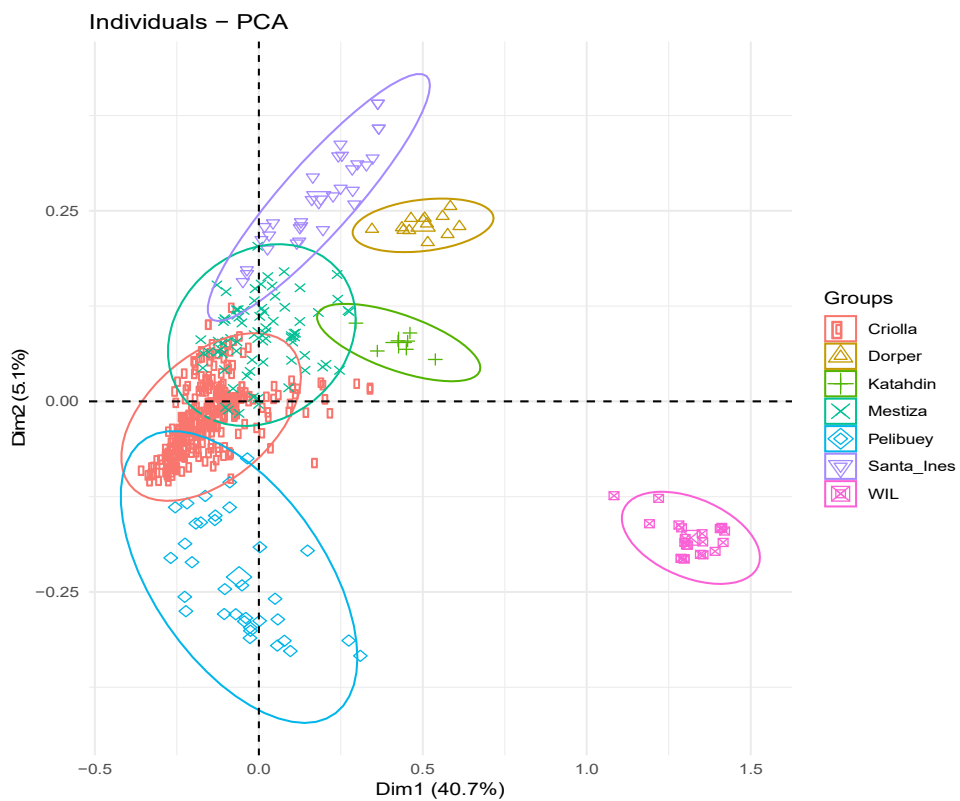


Figura 3. Representación de siete grupos poblacionales ovinos de la Región Caribe colombiana definidos por medio del análisis de componentes principales

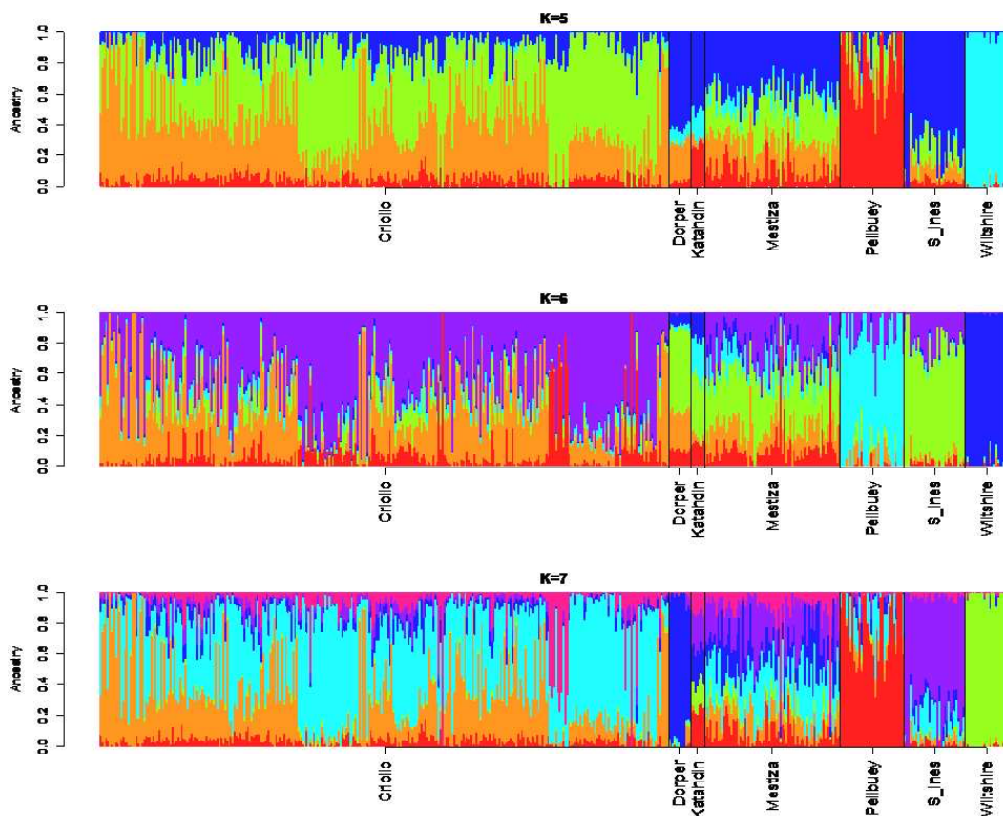


Figura 4. Coeficientes de ancestría estimados para cada individuo con K=5-7 en los siete grupos poblacionales ovinos de la Región Caribe colombiana (La raza Wiltshire fue empleada como *outgroup*)

Los grupos ancestrales probados variaron de K=2 a K=7. Los errores de validación cruzada más bajos obtenidos fueron de 0.62558 para K=7 y de 0.62899 para K=6, lo que indica que estos fueron los grupos más parsimoniosos. Tanto para K=6 como para K=7, la estimación de probabilidad máxima de ancestros asignó a todos los individuos a grupos que coinciden con la población de origen, aunque también se reveló alto grado de mezcla entre las poblaciones, lo que se observa en gran medida en la población de mestizos (Figura 4). Para K=6, se observó una proximidad en las poblaciones Criollo, Santa Inés y Mestiza, lo cual confirma los resultados de la ACP y NJ (Figuras 2 y 3).

En la población Criolla, a pesar de que la mayoría de los animales presentan diferenciación con los demás grupos poblacionales, se observa alto grado de mestizaje, lo que pudo generar la asignación errónea frente al grupo genético.

CONCLUSIONES

- Se encontró un alto grado de diversidad genética dentro de los individuos y bajos niveles de variación genética entre grupos poblacionales.
- La estructura poblacional fue limitada entre las poblaciones debido principalmente a la falta de presión de selección

y a la existencia de un alto grado de mestizaje.

- Los análisis de distancias genéticas mostraron una proximidad en las poblaciones Criollo, Santa Inés y animales mestizos con alto grado de mezcla entre los individuos, indicando cercanía genética.

Agradecimientos

A la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – AGROSAVIA, por la inclusión de este trabajo en la agenda de investigación (Proyecto: Base de información reproductiva y genética en la especie ovina para uso en mejoramiento genético y reproductivo), al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural de Colombia (MADR) por la financiación, y a los productores de ovinos quienes permitieron el acceso a la recolección de muestras e información sobre el origen de los individuos.

LITERATURA CITADA

1. **Alexander DH, Novembre J, Lange K. 2009.** Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Res* 19: 1655-1664. doi: 10.1101/gr.094052.109
2. **Bustamante CV, Cortés-Alcaide P, Ortiz RE, Cañas-Alvarez JJ, Ríos de Alvarez L. 2022.** Typification of ovine and caprine production systems in the Colombian dry tropic. *Small Ruminant Res* 213: 106730. doi: 10.1016/j.smallrumres.2022.106730
3. **Excoffier L, Smouse PE, Quattro JM. 1992.** Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131: 479-491. doi: 10.1093/genetics/131.2.479
4. **Excoffier L, Lischer HEL. 2010.** Arlequin suite: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol Ecol Resour* 10: 564-567. doi: 10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x
5. **[FAO] Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. 2017.** [Internet]. Disponible en: <http://www.fao.org/faostat/es/#data>
6. **Felsenstein J. 2005.** PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Seattle, USA: University of Washington, Seattle, USA. [Internet]. Available in: <https://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>
7. **[ICA] Instituto Colombiano Agropecuario. 2022.** Censo ovino nacional. [Internet]. Disponible en: <https://www.ica.gov.co/areas/pecuaria/servicios/epidemiologia-veterinaria/censos-2016/censo-2018>.
8. **Kijas JW, Lenstra JA, Hayes B, Boitard S, Porto Neto LR, San Cristobal M. et al. 2012.** Genome-wide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection. *Plos Biol* 10: e1001258. doi: 10.1371/journal.pbio.1001258
9. **Leymaster KA. 2002.** Fundamental aspects of crossbreeding of sheep: use of breed diversity to improve efficiency of meat production. *Sheep Goat Res J* 17: 50-59.
10. **Mestra-Vargas LI, Martínez-Reina AM, Santana-Rodríguez MO. 2019.** Caracterización técnica y económica de la producción de carne ovina en Córdoba, Colombia. *Agron Mesoam* 30: 871-84. doi: 10.15517/am.v30i3.36931
11. **Meyermans R, Gorssen W, Wijnrocx K, Lenstra JA, Vellema P, Buys N, Janssens S. 2020.** Unraveling the genetic diversity of Belgian Milk Sheep using medium-density SNP genotypes. *Anim Genet* 51: 258-265. doi: 10.1111/age.12891
12. **Nei M. 1972.** Genetic distance between populations. *Am Nat* 106: 283-292.

13. **Ocampo RJ, Martínez RA, Rocha JF, Cardona H. 2017.** Genetic characterization of Colombian indigenous sheep. *Rev Colomb Cienc Pec* 30: 116-125. doi: 10.17533/udea.rccp.v30n2a03
14. **Ortiz YS, Martínez MG, Kübler I, Ariza MF, Castro SM, Infante-González J. 2021.** Diversidad genética del Ovino Criollo de Pelo Colombiano mediante el uso del marcador molecular de tipo polimorfismos de nucleótido simple (SNP). *Rev Inv Vet Perú* 32: e19487. doi: 10.15381/rivep.v32i1.19487
15. **Parra RI, Magaña MA, Duarte JH, Téllez GI. 2014.** Caracterización técnica y rentabilidad de granjas ovinas con visión empresarial del departamento del Tolima. *Rev Colomb Cienc Anim* 7: 64-72.
16. **Paradis E, Claude J, Strimmer K. 2004.** APE: Analyses of phylogenetics and evolution in R language. *Bioinformatics* 20: 289-290. doi: 10.1093/bioinformatics/btg412
17. **Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira M, Bender D, Maller J, et al. 2007.** PLINK: a tool set for whole-genome and population-based linkage analyses. *Am J Hum Genet* 81: 559-575. doi: 10.1086/519795
18. **R Development Core Team. 2018.** R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. [Internet]. Disponible en: <http://www.R-project.org>.
19. **Saitou N, Nei M. 1987.** The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 4: 406-425. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454
20. **Wang C, Zöllner S, Rosenberg NA. 2012.** A quantitative comparison of the similarity between genes and geography in worldwide human populations. *Plos Genet* 8: e1002886. doi: 10.1371/journal.pgen.1002886
21. **Wickham H. 2016.** ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. New York. Springer-Verlag. [Internet]. Available in: Welcome | ggplot2 (ggplot2-book.org)
22. **Wigginton JE, Cutler DJ, Abecasis GR. 2005.** A note on exact tests of Hardy-Weinberg equilibrium. *Am J Hum Genet* 76: 887-893. doi: 10.1086/429864
23. **Wilson CS, Petersen JL, Blackburn HD, Lewis RM. 2022.** Assessing population structure and genetic diversity in US Suffolk sheep to define a framework for genomic selection. *J Hered* 113: 431-443. doi: 10.1093/jhered/esac026
24. **Wright S. 1965.** The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 19: 395-420. doi: 10.2307/2406450
25. **Yu G, Smith DK, Zhu H, Guan Y, Lam TTY. 2017.** ggtree: an R package for visualization and annotation of phylogenetic trees with their covariates and other associated data. *Methods Ecol Evol* 8: 28-36. doi: 10.1111/2041-210X.12628