Genómica aplicada al estudio de las poblaciones de llamas argentinas: implicancias para la conservación y producción sustentable

Wolfenson LI[1,2], *Silbestro MB*[1], *Sosa FE*[3], *Romero SR*[3], *Muzzio M*[1], *Anello M*[1,4]

1. Instituto Multidisciplinario de Biología Celular, CONICET-UNLP-CIC, La Plata, Argentina. 2. Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia", CABA, Argentina. 3. Instituto de Investigación y Desarrollo Tecnológico para la Agricultura Familiar – Región NOA, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Posta de Hornillos, Argentina. 4. Grupo de Investigaciones en Ecología y Fisiología de Fauna Silvestre, Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medio Ambiente, AUSMA GIEFAS-INIBIOMA-CONICET, San Martín de los Andes, Argentina. Email: laura.wolfenson@gmail.com

RESUMEN

La llama, *Lama glama*, es una especie autóctona de importancia económica y sociocultural para las poblaciones puneñas del noroeste argentino. Mantener su diversidad genética y fenotípica es fundamental, no sólo para conservar la especie sino también para promover una producción sustentable. La información disponible sobre la diversidad genética de las poblaciones de llamas en Argentina es limitada. En este estudio, utilizamos genotipado por secuenciación (GBS), un enfoque genómico, para estimar la diversidad genética, evaluar su estado de conservación y niveles de endogamia. Para ello se genotiparon 155 muestras de ADN de 8 sitios de Jujuy y 4 de Catamarca. Las secuencias se analizaron siguiendo el flujo de trabajo TASSEL5.0v2 y usando el genoma de *Camelus ferus* (BCGSAC_Cfer_1.0) como referencia. Para estudiar la diversidad y la estructura genética se empleó R y los softwares PLINK y ADMIXTURE. Luego de los filtrados de calidad, se obtuvieron 11.153 SNPs en 138 muestras, con un promedio de 301 marcadores por cromosoma. Las poblaciones de ambas provincias se diferencian genéticamente entre sí. No hay diferenciación dentro Catamarca pero sí en Jujuy, donde se distinguen al menos 4 grupos. Predominaron segmentos de homocigosis (ROH) cortos, indicando consanguinidad antigua. Sin embargo, en Pozuelos, Jujuy, se evidenciaron eventos recientes de homocigosidad en llamas con defectos congénitos. Investigamos la región cromosómica en busca de posibles genes candidatos asociados a estos rasgos y proponemos los genes *MYO15A* y *USH1G* como candidatos vinculados a la sordera asociada a la pigmentación, aunque se requieren estudios adicionales para confirmar esta relación. Este estudio constituye un primer paso para comprender la diversidad genética de las llamas argentinas, y subraya la necesidad de reducir los niveles actuales de endogamia e implementar un monitoreo continuo que permita mejorar las decisiones de manejo y respaldar un sistema de producción sostenible para la especie.

Palabras Clave: Camélidos Sudamericanos; Diversidad genética; Estructura poblacional; Anomalías congénitas; *Genome-Wide Analysis*

Financiamiento: Fundación Bunge y Born y fondos de los PICT-2020-SERIEA-01418 y PICT-2014-0396 otorgados por la Agencia Nacional de Promoción de la Investigación, el Desarrollo Tecnológico y la Innovación (AGENCIA I+D+i)

IR AL ÍNDICE