

## DIVERSIDAD Y ESTRUCTURACIÓN GENÉTICA DE ALPACAS DE COLOR DE LA REGIÓN PUNO (PERÚ)

Genetic diversity and population structure of color Alpacas (*Vicugna pacos*) of the Puno Region (Perú):  
Contributions for Conservation

Vallejo, A.R.<sup>1</sup>, Yalta, C.<sup>1</sup>, Veli, E.<sup>1</sup>, Cerna, D.<sup>1,2,†</sup>

<sup>1</sup> Subdirección de Recursos Genéticos y Biotecnología – SUDIRGEB. Instituto Nacional de Innovación Agraria – INIA. Lima, Perú. <sup>2</sup> Facultad de Ciencias. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú. Email: [avalaje@inia.gob.pe](mailto:avalaje@inia.gob.pe)

**INTRODUCCIÓN:** La fibra de alpaca (*Vicugna pacos*) constituye una de las principales fuentes de ingresos económicos en los Andes del Perú, especialmente en la Región de Puno en donde se concentra la mayor población. Actualmente la demanda de fibra fina blanca se ha incrementado a diferencia de la fibra de colores naturales, generando el blanqueamiento de los rebaños y la disminución de animales de color. Reportes recientes indican una mayor rusticidad a diferencia de las alpacas blancas, lo que las convierte en un recurso genético importante como fuente de variación y reservorio de genes para futuros programas de mejoramiento y desarrollo de estrategias para afrontar el cambio climático. La presente investigación, analizó la diversidad genética y estructuración poblacional de alpacas de color en la región Puno y su ámbito en la región de Cusco, con el fin generar información útil para el desarrollo de estrategias de conservación y manejo.

**MATERIAL Y MÉTODO:** Se colectaron 510 muestras en 53 diferentes rebaños de alpacas de color de la Región Puno (Sur y Norte) y Cusco en tarjetas FTA. Las muestras se analizaron empleando 15 marcadores microsatélites (VOLP04, VOLP32, VOLP55, VOLP72, VOLP77, YWLL44, YWLL36, LCA5, LCA66, YWLL8, VOLP92, LCA8, LCA37, LCA94 y LCA90). Se realizaron análisis genético poblacionales de diversidad genética, heterocigocidad, flujo génico y Eq. Hardy-Weimberg empleando el programa GENEPOP 4, además, se realizaron análisis de estructuración genética empleando el programa ARLEQUIN 3.5.1.2, GENETIX y STRUCTURE.

**RESULTADOS Y DISCUSIÓN:** El análisis de los 15 loci microsatélites reveló una alta diversidad genética y similar a lo reportado en estudios previos realizados en alpacas. Esta alta diversidad, se sustenta por la identificación de 213 alelos que están entre los 12 y 25 alelos por locus con altos niveles de heterocigocidad observada con un rango entre 0,79 y 0,90. El coeficiente de endogamia ( $F_{is}$ ) fue positivo y significativamente diferente de cero para todas las poblaciones, sin embargo el marcador LCA66 arrojó valores negativos. La diferenciación genética entre poblaciones ( $F_{st}$ ) fue baja a moderada con estimas que van de 0,0068 para Puno (Sur) – Puno (Norte), 0,0121 para Puno (Sur) – Cusco y 0,0144 para Puno (Norte) – Cusco. El análisis de varianza molecular (AMOVA) indicó que el total de la variación observada entre diferentes poblaciones fue de 1,034%, mientras que el 86,84% de la variación fue encontrada entre individuos dentro de las poblaciones. El análisis de estructuración poblacional reveló que las tres poblaciones estudiadas pueden ser agrupadas en dos grupos (Puno Norte y Sur) - (Cusco). De acuerdo con el análisis factorial de correspondencia sustentada por un análisis de bootstrap para ajustar las diferencias en el tamaño poblacional de los grupos, la población de Cusco muestra un agrupamiento diferenciado en relación a Puno Norte y Sur que aunque tiene un agrupamiento más cercano, muestran niveles de variación genética diferentes, siendo Puno Sur la población con mayor variabilidad.

**CONCLUSIONES:** Los resultados obtenidos evidencian una alta diversidad genética en las poblaciones analizadas especialmente en Puno (Sur), con una mayor diferenciación entre Cusco y Puno (Norte y sur). Así mismo, indica que la fuente de variación genética mayor se encuentre entre individuos al interior de las poblaciones y no entre poblaciones. Este estudio, provee el primer estudio de diversidad genética en alpacas de color de la Región Puno, lo que será de gran valor para futuros programas de conservación, mejora genética y/o repoblamiento.

### REFERENCIAS

Marín J. C., B. Zapata, B. A. Gonzalez, C. Bonacic, J. C. Wheelers, C. Casey, M. W. Bruford, R. Palma, E. Poulin, M. Alliende & A. Spotorno. 2007. Sistemática, taxonomía y domesticación de alpacas y llamas: nueva evidencia cromosómica y molecular. Revista Chilena de Historia Natural. 80: 121-140

