

ANÁLISIS PRELIMINAR: CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LAS LLAMAS (*LAMA GLAMA*) DEL BANCO DE GERMOPLASMA QUIMSACHATA ILLPA-INIA (PUNO), USANDO MARCADORES SSR

(Preliminary analysis: Molecular characterization of Lama (*Lama glama*) from the germplasm bank Quimsachata ILLPA-INIA (Puno), using microsatellite markers SSR)

Paredes, F.G.¹, Gutiérrez, G.², Veli, E.¹, Yalta, C.¹

¹Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA). Av. La Molina 1981, Lima, Perú.

E-mail: paredesgab@gmail.com, eveli@inia.gob.pe, claya_ma@hotmail.com

²Facultad de Zootecnia-Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Av. La Molina s/n, Lima, Perú. E-mail: gustavogr@lamolina.edu.pe

INTRODUCCIÓN: En los últimos años, en la industria textil nacional e internacional se ha generado un aumento por la demanda de fibra blanca de alpaca a causa de su fácil proceso de tinción, esto ha conllevado a una mayor saca de las llamas para incrementar la población de alpacas blancas. Debido a este problema, en 1987 con el apoyo técnico, financiero del Proyecto Alpacas (PAL), Convenio de Cooperación Técnica del Gobierno Suizo COTESU INIA, se estableció en la Estación Experimental Illpa Puno, Anexo Quimsachata, un Banco de Germoplasma de Alpacas y Llamas orientado a la recuperación de alpacas de color y llamas Chaku y Q'ara, y a contribuir al incremento de los niveles de producción y productividad de su crianza y conservación de su biodiversidad genética. Sin embargo, no se han desarrollado aún trabajos de caracterización en estos rebaños, datos que son básicos para establecer un programa de mejoramiento genético y garantizar la preservación de sus recursos genéticos. El presente trabajo analiza la diversidad genética de las dos razas de llamas, *Lama glama*, Ch'aku y Q'ara del banco de germoplasma de Quimsachata, mediante la aplicación y análisis de 13 loci microsatélites (SSR) específicos de camélidos sudamericanos, reportados internacionalmente.

MATERIAL Y MÉTODO: El estudio se realizó en el centro experimental de Quimsachata ILLPA-INIA (Puno). Se eligió 205 individuos no relacionados de los cuales 88 eran de raza Chaku y 117 de raza Q'ara. Los 13 marcadores SSR utilizados son: LCA82, LCA54, LCA65, LCA83, LCA77, LCA85, YWLL08, YWLL44, YWLL59, LAB1, GLM4, Lgu76, Volp03. Se amplificó en dos reacciones en multiplex con cebadores fluorescentes. Se calculó los parámetros de diversidad genética y el contenido de información polimórfica (PIC) para cada marcador usando Cervus 3.0.3. Los F-estadísticos FIS, FIT, FST fueron estimados usando el programa GENEPOP 4.0.11 y los resultados se rectificaron con el programa FSTAT.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN: Se encontró que los 13 SSR analizados, amplificaron y fueron polimórficos en llamas. Se observó 153 alelos en total con un promedio de 11.77 alelos por locus. Los marcadores con mayor polimorfismo son: YWLL44, YWLL59, YWLL08 y Lgu76 cuyos valores del PIC van entre 0.875 a 0.787 y son altamente significativos para una diferenciación entre las dos poblaciones de llamas. Los valores de diversidad genética por loci son: LCA82(0.7507), LCA54(0.5980), LCA65(0.6503), LCA83(0.7525), LCA77(0.6758), LCA85(0.8204), YWLL08(0.8870), YWLL44(0.8889), YWLL59(0.8438), LAB1(0.7543), GLM4(0.7864), LGU76(0.8102), VOLP03(0.6544). Solamente 3 loci estuvieron en equilibrio Hardy-Weinberg (EHW), $P > 0.05$, (LCA65, LCA77 y Volp03) bajo la hipótesis nula de unión aleatoria de gametos. Todas las desviaciones del EHW estuvieron explicadas por deficiencia de heterocigosidad de acuerdo al programa Genepop 3.0.3. Esto se sustenta con el coeficiente de endogamia $F_{is} = 0.1185$, que sugiere que hay déficit de heterocigotos a través de los loci en las muestras de la población total de llamas. El índice de diferenciación genética es bajo ($F_{st} = 0$) lo que sugiere que no hay diferenciación genética entre las poblaciones de llamas Chaku y Q'ara a pesar de ser consideradas como razas diferentes.

CONCLUSIONES: Los resultados indican que los 13 loci utilizados son altamente polimórficos. Sin embargo, ya que los marcadores YWLL44, YWLL59, YWLL8 y Lgu76 logran diferenciar significativamente ambas poblaciones de llamas, estos son útiles para posteriores estudios genéticos en conservación, identificación individual, pruebas de filiación e intensificación de la producción así como estudios de la diversidad genética en individuos cercanamente relacionados, razas y especies de la familia Camelidae.

REFERENCIAS:

Wheeler, J; Lounes, C; Bruford, W. 2004. Genetic Analysis of the Origin of Domestic South American Camelids. Chapter 23.

