

## ANÁLISIS GENÉTICO POBLACIONAL DE ALPACAS HUACAYA (*VICUGNA PACOS*) DE LA REGION PUNO UTILIZANDO SSR

(Population Genetic Analysis of Alpacas Huacaya (*Vicugna Pacos*) of the Puno Region using SSR).

Yalta, C.E<sup>1</sup>. Vivanco, H.W<sup>1</sup>. Veli, E.A<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Lima, Perú. E-mail: cyalta@inia.gob.pe

**INTRODUCCIÓN:** Las alpacas en el Perú se ubican en las zonas alto andinas a más de 4000 msnm y son la principal fuente de ingresos de las comunidades. Debido a esto, la Sociedad Peruana de Criadores de Alpacas Registrada (SPAR) de Macusani con el objetivo de mejorar la productividad en la región, seleccionaron reproductores basados en rasgos fenotípicos, formando dos núcleos de reproducción: (1) Munay Paqocha y (2) Fundo Itita; sin embargo, no existe información de la variabilidad genética de sus rebaños, además de no contar con registro genealógicos confiables; información necesaria para adecuadas estrategias de mejoramiento y de conservación. Por otro lado, los microsatélites (SSR) son una herramienta molecular altamente informativa y útil en estos casos (Aranguren-Méndez *et al.*, 2001). El objetivo de la presente investigación, es evaluar la variabilidad genética y obtener el perfil genéticos de cada uno de los reproductores formadores de los núcleos como herramienta de apoyo al mejoramiento.

**MATERIAL Y MÉTODO:** El estudio se realizó en el distrito de Macusani región Puno a 4600 msnm. Se evaluaron 183 individuos reproductores de color blanco. El ADN se obtuvo de muestras de sangre y pelo, obtenidos según Sambrook *et al.* 2001 (modificado). Se utilizaron 10 marcadores microsatélites fluoromarcados: LCA05, LCA66, LCA08, LCA94, LCA37, YWLL36, YWLL08, YWLL44, VOLP92 y LCA90. Los fragmentos fueron amplificados por PCR y separados por electroforesis capilar ABI 3130 XL (*Applied Biosystem*). Se determinó el número de alelos, la Heterocigosidad esperada (He), Heterocigosidad observada (Ho), el equilibrio de Hardy-Weinberg y el desequilibrio de ligamiento empleando el programa GENEPOP v. 3.1 (Raymond y Rousset, 1995), así como el coeficiente de endogamia, Fis (Weir y Cockerham, 1984) con el programa Fstat v. 2.9.3.; además de los parámetros forenses y de paternidad obtenidos a partir del programa PowerStat.

**RESULTADOS Y DISCUSIÓN:** Los 10 microsatélites amplificaron correctamente logrando genotipificar al núcleo reproductor. El número total de alelos en los 10 locus fue de 134, el número de alelos varío de 8 en el locus LCA94, y 26 en el locus YWLL08, siendo el número promedio de alelos de 13.4. La Ho promedio fue de  $0.8344 \pm 0.063$ , la He promedio fue de  $0.849 \pm 0.043$ . El PIC fue  $0.8301 \pm 0.049$ , el Fis promedio fue de 0.017, se obtuvo Fis negativos para 4 marcadores: LCA37, LCA94, YWLL36, YWLL8, indicándonos exceso de Heterocigosidad; esto podría ser explicado por la constante introducción de machos no emparentados en los núcleos reproductores. Los marcadores VOLP92 y YWLL44 bajo la hipótesis alterna de déficit de heterocigotos presentaron desviación del equilibrio de Hardy-Weinberg ( $p < 0.05$ ), posiblemente por la presencia de alelos nulos no detectados. En el análisis de desequilibrio de ligamiento de las 45 combinaciones los marcadores YWLL36, LCA66, YWLL44, LCA94 y LCA08 mostraron asociaciones significativas ( $p < 0.05$ ). También se calcularon los datos de ámbito forense, encontrándose un poder de discriminación acumulado de 99.9% y una probabilidad de coincidencia acumulado 0.9999 y la probabilidad de exclusión acumulado 0.99847. El locus YWLL08 presentó un alto poder de exclusión 0.922.

**CONCLUSIONES:** El promedio de alelos y los valores de Heterocigosidad indican que las alpacas en el centro Munay Paqocha y el Fundo Itita presentan una diversidad genética alta, producto del flujo genético elevado generado de manera artificial por el manejo de los rebaños. Los 10 marcadores ofrecen una alta confiabilidad para la determinación de paternidad aplicable en programas de mejoramiento genético especialmente el locus YWLL08, por su alto nivel polimórfico y de discriminación poblacional por lo que se recomienda su uso en futuros estudios poblacionales.

### REFERENCIAS:

Agapito, J., Rodríguez, J., Herrera-Velít, P., Timoteo, O., Rojas, P., Boettcher, P. J., García, F., Espinoza, J. R. 2008. Parentage testing in alpacas (*Vicugna pacos*) using semi-automated fluorescent multiplex PCRs with 10 microsatellite markers. *Animal Genetics*, April 39(2), pp. 201-203(3).

